



UNIVERSIDAD DE VALLADOLID

ESCUELA TÉCNICA SUPERIOR

INGENIEROS DE TELECOMUNICACIÓN

TRABAJO FIN DE MASTER

MASTER UNIVERSITARIO EN INVESTIGACIÓN

EN TECNOLOGÍAS DE LA INFORMACIÓN Y LAS COMUNICACIONES

**Inicialización Robusta de *Active Shape*
Models para Ecografías 3D**

Autor:

Gabriel Ramos Llordén

Tutores:

**Dr. Gonzalo Vegas Sánchez-Ferrero
Dr. Santiago Aja Fernández**

Valladolid, 25 de julio de 2013

TÍTULO: **Inicialización Robusta de *Active Shape Models* para Ecografías 3D**

AUTOR: **Gabriel Ramos Llordén**

TUTORES: **Dr. Gonzalo Vegas Sánchez-Ferrero
Dr. Santiago Aja Fernández**

DEPARTAMENTO: **Teoría de la Señal y Comunicaciones e
Ingeniería Telemática**

Tribunal

PRESIDENTE: **Dr. César Palencia de Lara**

VOCAL: **Dr. Carlos Alberola López**

SECRETARIO: **Dr. Marcos Martín Fernández**

FECHA: **25 de julio de 2013**

CALIFICACIÓN:

Resumen

Los modelos activos de forma, conocidos por sus siglas ASM *Active Shape Models*, se utilizan en segmentación de imágenes ultrasónicas como paso previo a la etapa de análisis. El método consiste en que dado un modelo estadístico de la forma de un objeto (normalmente Análisis por Componentes Principales) se busca la región de la imagen que mejor se ajusta al modelo. Este procedimiento se realiza de forma iterativa: determinada una forma en la imagen, se busca la mejor aproximación utilizando los modos principales del modelo. Posteriormente se refina la segmentación en la imagen con esta nueva forma generada.

El uso de los ASMs se ha utilizado extensamente en el caso de imágenes ecográficas 3D con el fin de proporcionar medidas derivadas del volumen o del movimiento cardíaco como son la fracción de eyección o el seguimiento del endocardio en una secuencia temporal. La principal ventaja de los ASMs frente a otras técnicas comúnmente utilizadas para segmentar, tales como level-sets o modelos de contornos activos, reside en que las formas obtenidas obedecen a una anatomía aprendida en la propia construcción del ASM. No obstante, la inicialización supone un problema debido a la acumulación de desviaciones en el ajuste del ASM. Si la inicialización no es adecuada, la nueva forma generada que mejor se adapta a la imagen presentará un aspecto muy poco realista que repercutirá negativamente en la búsqueda en las siguientes iteraciones, provocando resultados anatómicamente poco realistas y de escasa utilidad médica.

En este trabajo se propone un método de inicialización para ASM cuyo objetivo es la segmentación del ventrículo izquierdo en ecografías 3D. La inicialización utiliza los mapas de probabilidad derivados de los modelos probabilísticos que caracterizan el *speckle* en la adquisición ultrasónica para estimar la transformación geométrica que sitúa la forma promedio en la posición donde se encuentra el ventrículo izquierdo. El método propuesto, de naturaleza iterativa y que obtiene los mapas directamente del modelo probabilístico de la imagen inicial o tras ser filtrada con filtros de preservación de tejido (filtro de difusión con memoria y filtro Gaussiano variante), presenta una buena convergencia y una robustez respecto a variaciones en la condición inicial. Esta robustez hace que el método sea idóneo para asistir en el proceso automático del cálculo del tensor de esfuerzo o de la dinámica funcional cardíaca.

Palabras clave

ASM, speckle, ventrículo, mapas de probabilidad, filtrado.

Abstract

The Active Shape Models (ASM) are used extensively in ultrasonic segmentation as a previous step to analysis-based techniques. ASM are based on a Statistical Shape Models (commonly using Principal Component Analysis) combined with a search process to obtain the image region which best fits the model. This approach is carried out in an iterative way: Once a plausible shape is locating at the image, the best approximation is obtained through model principal modes. Then, the region segmentation is improved with the generated new shape.

ASM plays an important role in ecocardiography 3D segmentation. Some applications are obtained from volumetric and movement measures, e.g., ejection fraction or endocardium tracking in a temporal sequence. The main advantage of ASMs when compared to other commonly used methods such as level-sets or active contour models is the fact that the obtained shapes are restricted to lie in a special set of shapes where the anatomical structure has been learned through the Statistical Shape Model. If the initialization is not accurate enough, the generated shape which better fits the initial image structure is likely to show an unrealistic appearance. This leads to an error propagation in the further iterations which results in anatomically unrealistic shapes with no interest for clinical applications.

In this work, an initialization method for ASMs focused on left ventricle segmentation in eco 3D is proposed. The probability maps deriving for speckle models are used in the initialization method to estimate the geometric transformation which locates the average shape on the left-ventricle position. The proposed method, iteratively designed, uses probability maps of the filtered image, apart from the natural direct estimation (noisy initial image). Specifically, two tissue preserving filters are used to estimate a regularized version of probability maps: an anisotropic diffusion filter with memory and a Gaussian spatially variant filter. In both cases, the proposed method shows a good convergence and considerable robustness against perturbations in the initial condition. Precisely, robustness makes the proposed method suitable for guiding automatically the process of the analysis of the strain rate tensor or the cardiac functional dynamics.

Keywords

ASM, speckle, ventricle, probability maps, filtering.

Agradecimientos

Si bien el Proyecto Fin de Carrera cerraba un ciclo largo de 6 años que hacía que mis agradecimientos fuesen variados, no ocurre lo mismo en este año intenso de Máster. Los que hoy se escriben en esta hoja van destinados al conjunto de miembros del LPI, con los que he tenido el placer de compartir cuatro meses de trabajo.

Quiero comenzar mis agradecimientos nombrando a la persona más importante en mi formación profesional y académica desde que tengo uso de razón y el principal artífice de este Trabajo Fin de Máster: Gonzalo Vegas Sánchez-Ferrero. No puedo expresar en un espacio razonable lo que he aprendido en casi estos dos años. Además de la dedicación continua y el interés en mi progreso formativo, no puedo dejar de alabar sus enormes valores humanos que lo convierten en un mentor fuera del ámbito profesional. Sigo aprendiendo y seguro que seguiré aprendiendo de él en el futuro.

No me olvido de Santiago Aja Fernández, que además de un gran profesor, se ha preocupado por mi futuro profesional y me ha proporcionado toda la ayuda que estaba en su mano. Ni tampoco me olvido de Carlos Alberola López, que desde el principio mostró su interés por mi futuro proporcionándome toda la ayuda necesaria para comenzar una carrera investigadora. Lo mismo opino de Marcos Martín Fernández, siempre dispuesto a echar una mano. Espero que nos volvamos a encontrar.

Aunque mi periplo en el LPI ha sido breve me llevo un buen recuerdo de Susana, Javi, Gonzalo, Diego, Lucilio, Dani, Fede, Pablo y Ariel. Quiero agradecer a este último por proporcionarme las imágenes utilizadas en este trabajo y por ayudarme en los primeros días del Trabajo Fin de Máster proporcionándome el código necesario para leerlas.

Fuera del LPI han existido algunos profesores de este Máster a los que aquí quiero incluir. Al final, cuando las clases quedan como un recuerdo lejano, en la memoria quedan los que proporcionaban una docencia diferente e interesante. De este Máster cito a César Palencia y a Yannis Dimitriadis. Especial gracias a éste último por su interés en mi futuro y por sus sabios consejos.

A todos los que he nombrado y alguno más que se escapa, de verdad, Gracias.

*“No se puede enseñar nada a un hombre
sólo se le puede ayudar a encontrar la respuesta en sí mismo”.*

Galileo Galilei

Índice general

1. Introducción	1
1.1. Motivación y Descripción del Problema	1
1.2. Objetivos	3
1.3. Materiales	3
1.4. Fases y métodos	3
1.5. Publicaciones derivadas de este trabajo	5
1.6. Estructura	7
2. Fundamentos teóricos previos	9
2.1. Imágenes Ultrasónicas Tridimensionales	9
2.1.1. Sistema de Adquisición 3D	10
2.1.2. Tipos de adquisición 3D	10
2.2. Descripción de la Anatomía Cardíaca	13
2.2.1. Planos ecocardiográficos	14
2.2.2. Planos anatómicos	15
2.3. Ultrasonidos como Sistema Lineal Espacio-Temporal	16
2.3.1. De la convolución al Modelo Fasorial	21
2.4. Speckle como Random Walk	22
2.4.1. Speckle completamente formado	22
2.4.2. Speckle completamente resuelto	23
2.4.3. Speckle parcialmente formado	25
2.4.4. Speckle parcialmente resuelto	28
2.4.5. Resumen	28
2.4.6. Otros modelos para el Random Walk, Modelo α -estable	28
2.5. Modelo de Mezclas Gamma	29
2.5.1. Uso de Mezclas de Densidad	31
2.5.2. Estimación de los parámetros del modelo con el algoritmo <i>Expectation-Maximization</i>	32
3. Estimación de Mapas de Probabilidad 3D Filtrados	37
3.1. Mapas de Probabilidad	37
3.2. Filtros de preservación de tejidos	39
3.3. Filtro de Difusión Anisótropo con Memoria	40
3.3.1. Estructura Local de la Imagen, Tensor \mathbf{D}	40
3.3.2. Preservación de <i>speckle</i> en tejidos: Mecanismo de Memoria	41
3.3.3. Implementación	45

3.3.4.	Resultados: Mapas Estimados	47
3.4.	Filtro con Kernel Gaussiano Variante	48
3.4.1.	Motivación	48
3.4.2.	Formulación	49
3.4.3.	Descomposición eficiente: Choleski	50
3.4.4.	Implementación	51
3.4.5.	Resultados y Conclusión	52
4.	Segmentación de tejidos en Ecocardiografías 3D: Active Shape Models	55
4.1.	Estado del Arte de la Segmentación en US	55
4.2.	Active Shape Models	56
4.2.1.	Modelos de Forma Estadísticos: <i>Point Distribution Model</i>	57
4.2.2.	SSM como método de búsqueda: Active Shape Models	63
4.2.3.	Estimación de la Transformación óptima: Método de Cuaterniones de Horn	64
4.2.4.	Rotación óptima con cuaterniones	68
4.2.5.	Robustez de los ASM: Inicialización	69
4.3.	ASM en Ecocardiografías 3D	72
5.	Método de Inicialización Robusta de ASM	77
5.1.	Planteamiento del Problema	77
5.2.	Descripción del Método	78
5.2.1.	Etapas de guiado probabilístico con los Mapas de Probabilidad	78
5.2.2.	Posición automática para casos no supervisados	84
5.3.	Robustez y Velocidad de Convergencia	87
5.3.1.	Comparativa de convergencia	87
5.3.2.	Robustez al variar la condición inicial	89
5.3.3.	Desplazamientos aleatorios en la posición inicial	89
5.3.4.	Error en la estimación de $\mathcal{R}\{.\}$	94
5.4.	Conclusiones	96
6.	Conclusiones y Líneas Futuras	99
6.1.	Conclusiones	99
6.2.	Líneas Futuras	101
6.2.1.	Validación	101
6.2.2.	Segmentación multicavidad con ASMs	101
6.2.3.	Extensiones del ASM	102
A.	Publicaciones relacionadas	109

Índice de figuras

1.1. Esquema general del Trabajo Fin de Máster	6
2.1. Tipos de transductores Móviles	11
2.2. Diferentes imágenes 3D de ultrasonidos obtenidas con adquisición lineal, de inclinación y rotacional	11
2.3. Geometría típica y sistema de coordenadas del transductor lineal	12
2.4. Dos tipos de sistema Freehand: acústico y Magnético	13
2.5. Array 2D CMUT 16x16 a 5 Mhz.	13
2.6. Geometría del haz ultrasónico en un array 2D.	14
2.7. Anatomía del Ventrículo Izquierdo	15
2.8. Planos Coronal, Sagital y Axial	16
2.9. Equivalencia entre eco 3D y anatomía del corazón para Planos Coronal, Sagital y Axial	17
2.10. Sistema de coordenadas adoptado para derivar el sistema lineal espacio temporal	18
2.11. Funciones de densidad Gamma para diferentes valores de α y β	30
2.12. Interpolación trilineal	31
3.1. Mapas de Probabilidad para un corte $z = z_0$	38
3.2. Mapas de Probabilidad como superficies 3D	39
3.3. Elipsoides para el tensor $\mathbf{D}(\mathbf{r})$	42
3.4. Curvas $g_n(s)$ cociente de polinomios para el tiempo de relajación	44
3.5. Curvas $g_n(s)$ Butterworth para el tiempo de relajación	45
3.6. Esquema de procesado 3D del filtro de memoria utilizando cortes	46
3.7. Comparativa de Volumen Eco filtrado con el filtro de memoria y sin filtrar	48
3.8. Comparativa de Mapas Filtrados con el Filtro de Memoria y sin Filtrar	49
3.9. Comparativa de Mapas Filtrados con el Filtro de Memoria y sin Filtrar como superficies 3D	53
3.10. Comparativa de Mapas Filtrados con el Filtro de Memoria, Filtro de Kernel Gaussiano y sin Filtrar	54
4.1. Ejemplo de selección de <i>landmarks</i> para un SSM de manos	58
4.2. Ejemplo bidimensional de PCA	60
4.3. Ejemplo de variación de los tres primeros modos (2D)	62

4.4. Forma promedio y varias formas generadas para el SSM del corazón usado en este trabajo	63
4.5. Ejemplo de Buena Inicialización de un ASM	65
4.6. Ejemplo de Mala Inicialización de un ASM	65
4.7. Inicialización del ASM a través de la derivada normal	70
4.8. Inicialización del ASM a través de la dirección normal: Profiles	70
4.9. Esquema multirresolución: Imágenes Gaussianas piramidales	72
4.10. Esquema de inicialización de un ASM para eco 3D	73
4.11. <i>Profile</i> de intensidad y derivada a lo largo de una recta en un corte axial de ecografía	74
5.1. Esquema del método de inicialización propuesto.	79
5.2. Direcciones normales a la forma promedio del SSM a través de los mapas de probabilidad.	81
5.3. <i>Profiles</i> de los mapas de probabilidad en dos direcciones normales	82
5.4. Representación de los landmarks de la forma promedio del SSM y sus puntos candidatos.	83
5.5. Correspondencia entre los puntos del volumen del SSM y los puntos objetivo en la ecografía 3D y centroide $p_{tejido}(x, y, z = 100)$ umbralizado.	85
5.6. Evolución del método de inicialización propuesto	86
5.7. Representación final de la inicialización finalizada: SSM del corazón completo	87
5.8. Evolución del Método de Inicialización Propuesto para los Mapas de Probabilidad sin filtrar, filtrados con memoria y filtrados con el Kernel Gaussiano.	88
5.9. Error cuadrático para los tres métodos como función temporal.	90
5.10. Ejes principales de inercia para el experimento con $\sigma = 2$	91
5.11. Representación de los 50 Centros de Masas obtenido junto a los ejes principales PCA, al CM promedio y al CM <i>ground truth</i>	91
5.12. Centro de Masas para el experimento con $\sigma = 2$ y Filtrado de Memoria.	92
5.13. Boxplot para el error en el CM y para los errores en los ejes principales. Caso $\sigma = 2$ y Filtrado de Memoria.	93
5.14. Error cometido para el caso $\sigma = 5$ y filtrado de memoria	93
5.15. Puntos manuales de referencia para la obtención del <i>ground truth</i>	94
5.16. Puntos manuales de referencia en el espacio de la imagen eco 3D.	94

Capítulo 1

Introducción

1.1. Motivación y Descripción del Problema

Las imágenes del ultrasonidos del corazón, más conocidas como ecocardiografías, se han venido utilizando en las últimas décadas para el análisis anatómico y funcional de dicho órgano. Esto se debe, principalmente, al bajo coste de los sistemas de adquisición ultrasónica en comparación con otras modalidades de imagen y, sobre todo, debido a su capacidad de funcionar en tiempo real. Una de las aplicaciones más utilizadas de las ecografías es el seguimiento del movimiento del endocardio (pared interna del miocardio) para determinar el volumen del ventrículo izquierdo en todo el ciclo cardíaco [1]. Esto permite determinar medidas de importancia clínica como la fracción de eyección, que requiere conocer el volumen sistólico y diastólico [2]. Para conocer estas medidas y en general, para derivar otras basadas en información regional de la ecografía, es necesario realizar una segmentación de la región de interés para el análisis posterior con fines clínicos. Mientras que en otras modalidades de imagen como MRI o CT los métodos de segmentación clásicos de procesamiento de imagen funcionan razonablemente bien, en el caso de las imágenes ultrasónicas esta afirmación deja de ser válida [1]. Esto es debido al bajo contraste que presentan las imágenes ultrasónicas, originado principalmente por la dispersión sufrida por la onda ultrasónica al propagarse por el organismo. La dispersión provoca una textura de apariencia granular o moteado de aspecto aleatorio conocido como *speckle*. Por tanto, los métodos de segmentación en ultrasonidos y en concreto en ecocardiografías 3D, suelen incluir información particular del modelo físico subyacente. Por ejemplo, Coppini *et.al.* [3] usan redes neuronales para clasificar como fronteras aquellos contornos creados utilizando un detector de bordes Gaussiano. De forma similar, Corsi *et.al.* [4] proponen un algoritmo basado en *level sets* cuya evolución depende de una función de velocidad para evitar una convergencia prematura a una región errónea. Otros métodos utilizan modelo de contornos activos como *snakes* o *balloons* para ajustarse al volumen del ventrículo izquierdo [5].

El problema de los métodos anteriores es que no tienen en cuenta la información anatómica del modelo del órgano a segmentar en el proceso de segmentación [6]. De esta forma, o son demasiado rígidos o segmentan regiones cuyo parecido con

el volumen a segmentar es exiguo. El *Active Shape Model*, ASM, propuestos por Cootes *et.al.* [6], es un método de segmentación basado en la deformación de un modelo estadístico de la anatomía del órgano. Por ello, los ASMs son métodos suficientemente flexibles para tener en cuenta las variaciones en la forma del órgano en diferentes pacientes e instantes del ciclo cardíaco restringiéndose a formas plausibles [6]. Específicamente, dado un conjunto \mathcal{A} que contiene las posibles formas del modelo anatómico, el primer paso es el de situar una forma candidata, típicamente la forma promedio, en la imagen eco 3D. Esta forma se ajusta lo más fielmente posible a la región donde se encuentra el órgano en el sistema de coordenadas de la eco. Para restringir la forma resultante al espacio generado por el conjunto de formas admisibles \mathcal{A} , ésta se proyecta en el dicho espacio para encontrar la forma plausible más próxima, que vuelve a ajustarse sobre la eco 3D [7]. Este proceso se repite hasta conseguir una segmentación suficientemente buena según un criterio dado. Su utilidad en segmentación de eco y en especial en 3D, ha sido probada en los trabajos de Bosch *et.al.* [8], Ma *et.al.* [9], Paragios *et.al.* [10], principalmente aplicados a la segmentación del ventrículo izquierdo.

Es preciso tener en cuenta que, por la naturaleza del método, la inicialización de la forma promedio es crucial. Si la transformación de dicha forma inicial proporciona una cuya similitud con el modelo anatómico del órgano es muy baja, la proyección sobre el espacio \mathcal{A} resultará en una mala aproximación. Este error tenderá a crecer en cada iteración, pues la nueva forma proyectada tendrá una similitud igual o peor que la inicial, por lo que de nuevo la búsqueda de la región candidata en la eco 3D será mala. En los tres trabajos citados donde se utilizan los ASM como segmentación del ventrículo izquierdo, la inicialización se realiza, además de con alineación manual, con información de la intensidad de la imagen en las direcciones perpendiculares del modelo o estableciendo las paredes del ventrículo con el ajuste de una elipse en el caso de [10]. El problema es que utilizar información de intensidad en imágenes ultrasónicas, debido al fenómeno del *speckle* comentado anteriormente, es poco robusto. La pretendida robustez que se desea obtener con los métodos de segmentación basados en ASM se ve limitada, precisamente, por la inicialización poco fiable debida al *speckle*.

Es en este punto donde se encuadra la propuesta de este trabajo: **proporcionar una inicialización robusta para la segmentación del ventrículo izquierdo con ASM en imágenes eco 3D**. En concreto, modelando el fenómeno del *speckle* como un proceso estocástico, se propone como espacio de búsqueda los mapas de probabilidad (obtenidos de los modelos probabilísticos del *speckle*) de la imagen (filtrada o sin filtrar) que proporcionan la probabilidad de pertenencia de un vóxel a sangre o tejido. Específicamente, dada una posición inicial, fijada por el usuario o estimada automáticamente, se realiza una búsqueda en las direcciones normales a los puntos que constituyen la forma promedio. La frontera entre la cavidad del ventrículo y el endocardio se obtiene con aquellos puntos que representen un cambio de probabilidad en el mapa de probabilidad de tejido. Al finalizar la inicialización se dispone de la transformación geométrica óptima que sitúa la forma promedio en

1.2. OBJETIVOS

la posición adecuada para comenzar el método de ASM.

1.2. Objetivos

Una vez analizadas las limitaciones de los ASMs respecto a su posición inicial y a su robustez en imágenes de eco, se puede establecer como objetivo fundamental de este trabajo:

Proporcionar una inicialización robusta para ASM en ecografías 3D haciendo uso de una búsqueda probabilística con los Mapas de Probabilidad

Para la consecución de dicho objetivo se establecen los siguientes objetivos secundarios:

1. Conocer los modelos de *speckle* que modelan de forma realista la información de tejido en Ultrasonidos.
2. Realizar la estimación de Mapas de Probabilidad considerando tres variantes: estimación directa de la imagen, estimación tras un filtrado de difusión basado en memoria y estimación tras una convolución variante con un Kernel Gaussiano.

1.3. Materiales

1. Se dispone de un modelo estadístico de forma (50 modos) del corazón obtenido con Tomografía Computarizada [11] en formato .vtk que ha sido importado a formato .mat para el manejo en Matlab©.
2. Se dispone de secuencias temporales de imágenes eco 3D del Hospital Río Hortega de Valladolid obtenidas con el sistema de ecocardiografía *Philips iE33 xMATRIX* con una resolución de 0,8223 mm × 0,8344 mm × 0,7255 mm.
3. Matlab© como software de cálculo para la implementación numérica de los métodos expuestos en el trabajo.

1.4. Fases y métodos

Para la consecución de los objetivos propuestos se establecen las siguientes fases de trabajo:

1. **Fundamentos teóricos de la ecografía 3D y revisión de los modelos probabilísticos de *speckle*.**

Las adquisiciones ultrasónicas en 3D, independientemente de los métodos de reconstrucción de imagen utilizados, sufren el mismo fenómeno (*speckle*) que

la adquisiciones 2D. La aproximación más utilizada y la que se desarrolla en este trabajo es la de considerar la imagen adquirida como un proceso aleatorio, puesto que el *speckle* se suele considerar como el resultado de una “*caminata al azar*” o *Random Walk* en el plano complejo. Se describen de forma breve los cuatro modelos clásicos de *speckle*, completamente formado, completamente resuelto, parcialmente formado y parcialmente resuelto y algunos modelos que van más allá de la hipótesis Gaussiana del Random Walk (modelos α -estables). Se justifica el uso de modelos probabilísticos basados en mezclas y que tengan en cuenta parte del procesado de señal en el sistema de adquisición, en especial, la interpolación. Se propone el uso de mezclas de distribuciones Gamma para modelar la intensidad de los vóxeles de la imagen final.

2. Obtención de Mapas de Probabilidad tras un proceso de filtrado.

Como el método de inicialización requiere de los mapas de probabilidad de la imagen para realizar una inicialización adecuada, un paso previo consiste en el desarrollo y evaluación de diferentes metodologías para su obtención. Se propone la estimación directa de la imagen eco 3D o tras una regularización con filtrado. Se utilizan dos filtros de preservación de tejido con filosofías diferentes en su diseño. Uno de ellos, el filtro de difusión anisótropo con memoria [12], tiene como objetivo la preservación del *speckle* en tejido, pues se considera información y permite derivar medidas funcionales. Al mismo tiempo, realiza un filtrado en zonas donde no se desea preservar información, como en sangre. Este filtro ha mostrado su utilidad en la preservación de tejido en ecografías y ha sido presentado en el Congreso Nacional de Ingeniería Biomédica de 2012(CASEIB2012). En concreto, se espera que los mapas de probabilidad de la imagen regularizada posean una mejor definición y mayor coherencia al eliminar el *speckle* en sangre. El otro filtro de preservación fue concebido teniendo en cuenta aspectos como la eficiencia computacional y la sencillez de implementación. Basado en una convolución variante con un Kernel Gaussiano cuya matriz de covarianza depende del tejido, este filtro elimina el *speckle* en sangre pero mantiene la definición en los bordes de los tejidos. Su utilidad también se ha demostrado y ha sido aceptado para publicación en las actas del XIII Congreso Internacional *Mediterranean Conference on Medical and Biological Engineering and Computing* (MEDICON2013) [13].

3. Problema de inicialización en *Active Shape Models*.

Para motivar la importancia del problema de inicialización en ASM, se describe en profundidad su funcionamiento haciendo especial hincapié en el método de búsqueda en la imagen frente a la deformación en el espacio de parámetros. Se muestra como los métodos de inicialización genéricos usados en procesado de imagen, aunque válidos para otras modalidades de imagen médica (MRI, CT), son ineficaces en el caso de ecografías. El bajo contraste que éstas presentan y la alta variabilidad espacial de la señal hace que los métodos basados en gradiente sean inútiles. Además se ilustra el efecto que tiene en la deformación del modelo una inicialización inadecuada.

4. Método de Inicialización Robusto basado en Mapas de Probabilidad.

En este punto se propone utilizar los mapas de probabilidad obtenidos con o sin filtrado para determinar una inicialización en un método de ASM del ventrículo izquierdo que cumplan los requisitos de robustez. Los puntos del modelo de forma se actualizan a través de una búsqueda en el espacio de candidatos, constituida por los vóxeles de los mapas de probabilidad en las direcciones normales que correspondan a un cambio de tejido. Este método se valida con las tres versiones de estimación de los mapas: sin filtrar, filtro de memoria y filtro de Kernel Gaussiano. Se realizan varios experimentos para comprobar la robustez así como la velocidad de convergencia en las tres versiones propuestas. También se determina el error en los parámetros de la transformación óptima que realizaría el registrado entre los puntos del modelo de forma y los puntos correctos del ventrículo en la eco 3D.

En la Figura 1.1 se representa el esquema general que describe el contexto del trabajo desarrollado, la identificación del problema así como el objetivo principal, las fases y métodos desarrollados para la consecución de los objetivos y finalmente las publicaciones que se han obtenido en el transcurso de este trabajo y que se detallan en la siguiente sección.

1.5. Publicaciones derivadas de este trabajo

A continuación, se citan los artículos en los que se publican algunos resultados obtenidos en este trabajo y que se adjuntan como apéndice:

1. **G. Ramos-LLordén**, G. Vegas-Sánchez-Ferrero, S. Aja-Fernández, M. Martín-Fernández, and C. Alberola-López, “Filtro de difusión anisótropo con memoria basado en imágenes intravasculares y cardíacas”, en *Congreso Anual de la Sociedad Española de Ingeniería Biomédica (CASEIB)*, San Sebastián, 2012.
2. **G. Ramos-LLordén**, G. Vegas-Sánchez-Ferrero, S. Aja-Fernández, M. Martín-Fernández, and C. Alberola-López, “Fast anisotropic speckle filter for ultrasound medical images”, en *XIII Mediterranean Conference on Medical and Biological Engineering and Computing (MEDICON 2013)*, 2013. Aceptado.
3. **G. Ramos-LLordén**, G. Vegas-Sánchez-Ferrero, S. Aja-Fernández, M. Martín-Fernández, and C. Alberola-López, “Anisotropic diffusion filter with memory based on speckle statistics for medical images”, en *IEEE Transactions on Image Processing*. En preparación.
4. G. Vegas-Sánchez-Ferrero, **G. Ramos-LLordén**, R. de Luis-García, A. Tristán-Vega and S. Aja-Fernández, “Anisotropic Diffusion Filtering for Correlated Multiple-Coil MRI”, *35th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, Osaka, 2013.



Figura 1.1: Esquema general del Trabajo Fin de Máster. Se muestra el contexto en el que se encuadra la propuesta del trabajo, la identificación del problema y el objetivo principal. Posteriormente se detallan las fases y métodos desarrollados para la consecución de los objetivos y finalmente las publicaciones que se han obtenido en el transcurso de este trabajo.

Los tres primeros artículos tratan del desarrollo de filtros de imágenes de eco con distintos enfoques. El primero presenta un filtro de difusión cuyo objetivo principal es preservar la estructura del speckle en regiones donde el tejido tiene especial interés médico para diagnóstico. El segundo filtro pretende proporcionar un esquema de filtrado rápido que se pueda adaptar espacialmente a la estructura de la imagen por medio de kernels Gaussianos variantes. El tercer artículo es la ampliación el primero de ellos para casos en los que se tiene en cuenta no sólo la selección de tejidos en la definición de las estructuras del tejido sino también en el grado de preservación de memoria. Finalmente, el cuarto artículo presenta un esquema de difusión que aprovecha la misma filosofía anisótropa que los anteriores para el caso de resonancia magnética. Todos estos artículos se adjuntan como apéndice.

1.6. Estructura

La estructura de este trabajo es como sigue: El capítulo 2 consiste un una recopilación de los fundamentos teóricos más importantes para la aplicación en los capítulos siguientes. En particular, se detalla el proceso de adquisición tridimensional, la relación entre la anatomía cardíaca y la imagen ecográfica 3D, el modelado del *speckle* como un sistema lineal espacio-temporal y el modelado probabilístico de éste con modelos clásicos y en especial con un modelo de mezclas Gamma. En el capítulo 3 se describe la estimación de los mapas de probabilidad basados en el modelo de mezclas anterior, así como el filtro de difusión anisótropo con memoria y el filtro de Kernel Gaussiano variante. El capítulo 4 describe los ASM como método de segmentación en ecografías 3D, mostrando la influencia de la inicialización, el procedimiento de deformación, las limitaciones así como el método de obtención de la transformación geométrica óptima (en mínimos cuadrados) entre dos conjuntos de puntos \mathbf{R}^3 usando el método de Horn [14] basado en cuaterniones.

El método de inicialización robusta propuesto se describe en el capítulo 5 donde se combinan experimentos para validar la robustez con una descripción clara y sencilla del método. Las limitaciones que se han encontrado se citan en el capítulo 6, junto a las conclusiones generales y a unas posibles líneas futuras. Finalmente, se adjuntan las publicaciones derivadas del trabajo.

Capítulo 2

Fundamentos teóricos previos

Las imágenes ultrasónicas utilizadas en este trabajo para validar el método de inicialización del Active Shape Models son tridimensionales. Por ello, un previo paso a la descripción del método propuesto y a la obtención de los mapas de probabilidad es la de proporcionar unos fundamentos teóricos básicos que permitan comprender la problemática de la segmentación en imágenes ultrasónicas 3D así como entender las principales suposiciones que se tienen en cuenta para el desarrollo de la propuesta. En particular, en este capítulo se proporciona una descripción de los sistemas de adquisición 3D y la relación entre los planos ecocardiográficos y los planos anatómicos utilizados para analizar la anatomía cardíaca. Además se describe el fenómeno de speckle a través de teoría de sistemas lineales teniendo en cuenta el proceso de dispersión. Debido a su naturaleza aleatoria, se describen los cuatro modelos típicos de speckle en función de las características estadísticas y se derivan las distribuciones de probabilidad resultantes. Se finaliza con la estimación de los parámetros en un modelo de mezclas Gamma con el objetivo de modelar la intensidad de la imagen final y así poder obtener los mapas de probabilidad.

2.1. Imágenes Ultrasónicas Tridimensionales

Las primeras imágenes tridimensionales ultrasónicas fueron realizadas a finales de la década de los 80 [15] y dicho campo ha ido creciendo gracias al rápido desarrollo de algoritmos de reconstrucción para renderizado de superficie o de volumen. Sin embargo, el uso en la práctica clínica de imágenes ultrasónicas 3D se hizo esperar debido a los problemas intrínsecos a la adquisición ultrasónica, magnificados en la adquisición en tres dimensiones: *speckle*, clutter, amplitud de los lóbulos secundarios, etc. y que han sido mitigados parcialmente con los nuevos sistemas de imagen ultrasónica en 3D.

2.1.1. Sistema de Adquisición 3D

Los sistemas de adquisición de imagen en 3D presenta varias ventajas frente al método clásico de obtención 2D. En una adquisición ultrasónica convencional el transductor se manipula para obtener una serie de imágenes 2D. Es el propio experto clínico el que obtiene una representación 3D del objeto que está siendo “insonificado”. Esta tarea depende mucho de la habilidad y experiencia del experto y también de la subjetividad en la observación[16]. En esta sección seguiremos de forma fidedigna el trabajo de Fenster *et.al.* [16] donde se realiza una interesante descripción de los métodos típicos de adquisición 3D.

Limitaciones de la Adquisición 2D

Además del problema de la subjetividad y la ineficiencia en la reconstrucción mental 3D de una serie de imágenes 2D se pueden citar como inconvenientes, además:

1. A menudo es necesario obtener estimaciones precisas del volumen de diferentes órganos o regiones, como el caso del ventrículo izquierdo. Esta operación es poco precisa si se utiliza imágenes 2D, donde se realiza dicha estimación a través de dos planos ortogonales, calculando las distancias máximas en las proyecciones 2D. En otras palabras, se está suponiendo un volumen elipsoidal.
2. La adquisición 3D es subóptima para la monitorización de procedimientos terapéuticos. Esto se debe a la dificultad en ajustar la posición del transductor de forma que la imagen 2D esté en la misma posición que en adquisiciones anteriores.
3. Debido a que la localización y la orientación en las adquisiciones 2D de ultrasonidos se encuentran fijos por el transductor, algunos puntos de vista son imposibles de alcanzar por restricciones anatómicas del paciente.

2.1.2. Tipos de adquisición 3D

La mayoría de los sistemas de adquisición 3D utilizan transductores unidimensionales, en el sentido de que la información de profundidad viene codificada en la variable temporal de la señal y pueden desplazar el haz ultrasónico en una dirección electrónica o mecánicamente. Por ejemplo realizando un barrido angular. La representación 3D se consigue, además, permitiendo desplazar el transductor en otra dirección, por ejemplo en la elevacional. Éste es el caso de los arrays lineales, del cual describiremos el proceso de formación ultrasónica en la sección 2.3. Existen transductores 2D constituidos básicamente por un array 2D de materiales piezoeléctricos que permiten orientar el haz en 2 direcciones. A continuación se describen con mayor profundidad estos tres tipos de sistemas de adquisición.

Móvil

Utilizando un sistema mecánico, el transductor se desplaza en posiciones conocidas realizando traslaciones, rotaciones o inclinaciones. Una ventaja de estos sistemas

2.1. IMÁGENES ULTRASÓNICAS TRIDIMENSIONALES

es la calidad de imagen ofrecida, similar a las obtenidas en adquisiciones 2D. La principal desventaja es el gran tamaño de las sondas y de la maquinaria necesaria. En la Figura 2.1 se muestran estos tipos de sistemas y en la Figura 2.2 las imágenes 3D obtenidas con cada tipo.

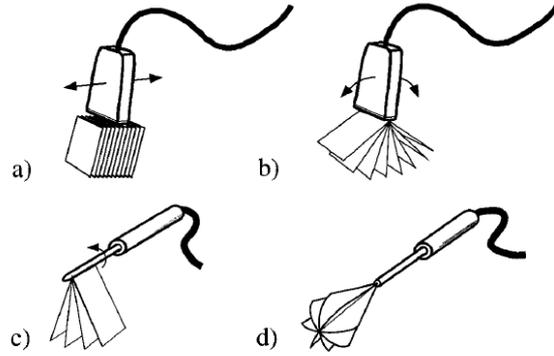


Figura 2.1: Tipos de transductores Móviles. (a) Lineal, (b) De inclinación, (c) De inclinación (usado en imagen de próstata), (d) Rotacional. Imagen obtenida de [16].

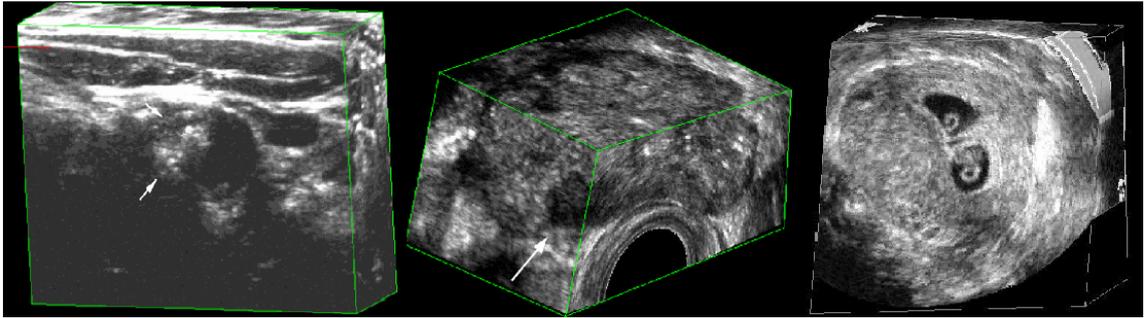


Figura 2.2: Diferentes imágenes 3D de ultrasonidos obtenidas con adquisición lineal, de inclinación y rotacional (Izquierda, Centro y Derecha). Imagen adaptada de [16].

A modo de detalle, a continuación se describe muy brevemente el método de reconstrucción 3D para el sistema móvil lineal. En el caso del transductor 3D lineal, éste se desplaza a intervalos equiespaciados en una de las direcciones, por ejemplo, la z .

En la Figura 2.3 se muestra la geometría de este tipo de transductor. Si el ángulo es $\phi = 0$, simplemente estaríamos desplazando el transductor a lo largo del eje z . Este es el caso que se detalla en la sección 2.3 salvo un cambio de notación en los ejes. La reconstrucción del volumen requiere realizar la siguiente transformación lineal:

$$\begin{bmatrix} x \\ y \\ z \end{bmatrix} = \begin{pmatrix} \cos \phi & \sin \phi \sin \theta & 0 \\ 0 & \cos \theta & 0 \\ -\sin \phi & \sin \theta \cos \phi & d \end{pmatrix} \begin{bmatrix} x' \\ y' \\ n \end{bmatrix} \quad (2.1)$$

donde x' , y' son las coordenadas de la imagen 2D obtenida, n los desplazamientos del transductor y x , y , z las coordenadas en el sistema 3D.

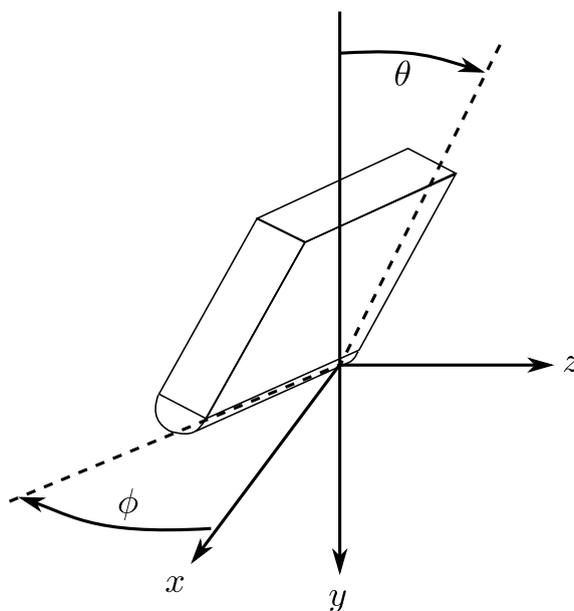


Figura 2.3: Geometría típica y sistema de coordenadas del transductor lineal. Imagen adaptada de [16].

Freehand

Los sistemas móviles anteriores tienen como ventaja una calidad similar a las adquisiciones 2D, tiempos de reconstrucción rápidos y una resolución temporal alta. Sin embargo, son aparatosos y en especial el transductor lineal. Los sistemas de adquisición 3D utilizan un sensor en combinación con el transductor. En todo momento se tiene estimada la posición del transductor en relación a un sistema de coordenadas fijado. Esto es posible gracias a la inclusión de un sensor en el transductor y un sistema externo para el cálculo de la posición. De esta forma, el clínico puede mover la sonda arbitrariamente alrededor de la piel del paciente, adquiriendo varias imágenes 2D. La reconstrucción 3D se obtiene con la información adicional de la posición del transductor en el sistema de referencia fijado por el sistema externo para el cálculo de posición. El término *Free-hand* viene precisamente de la libertad que se proporciona al clínico para el uso de la sonda. Los sensores de posición pueden ser acústicos o magnéticos. En el primer caso, un array de micrófonos continuamente recibe y envía pulsos de sonido para calcular la posición del transductor. En el segundo caso –el más utilizado– se estima la posición con un sistema de bobinas ortogonales sensibles a la intensidad de campo magnético. En la Figura 2.4 se muestran estos dos tipos de sistemas de posicionamiento.

2D Arrays

Los métodos anteriores usaban un transductor unidimensional independientemente de la forma de adquisición. El haz ultrasónico podía enfocarse variando una dirección angular. Los arrays 2D permiten enfocar dicho haz utilizando dos inclinaciones angulares. Por tanto, teniendo en cuenta la información de profundidad

2.2. DESCRIPCIÓN DE LA ANATOMÍA CARDÍACA

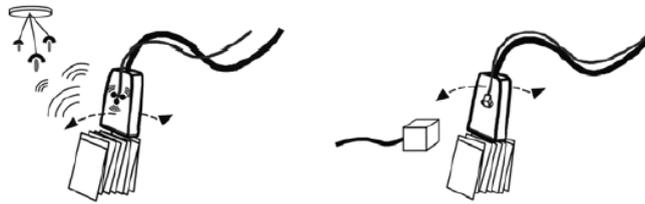


Figura 2.4: Dos tipos de sistema Freehand: acústico (Izquierda) y Magnético (Derecha). Imagen obtenida de [16].

contenida en la variable temporal de la señal, se puede obtener una representación 3D sin la necesidad de desplazar físicamente el transductor. En la Figura 2.5 se muestra la configuración de un array 2D, en concreto de un array CMUT (*Capacitive Micromachined Ultrasonic Transducer*) constituido por 16×16 transductores piezoeléctricos de 5 Mhz.

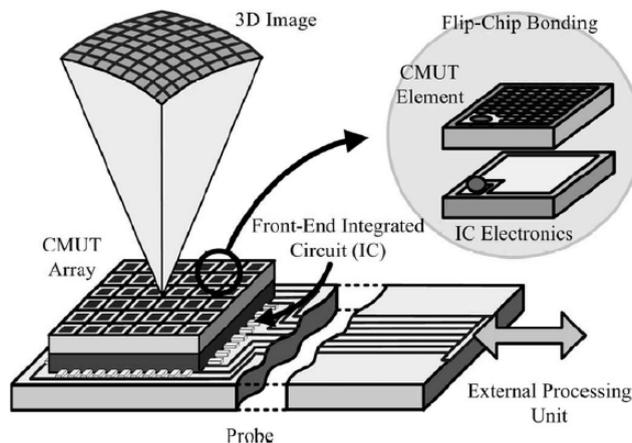


Figura 2.5: Array 2D CMUT 16x16 a 5 Mhz. Imagen tomada de [17].

En la Figura 2.6 se muestra la geometría de adquisición para el Array 2D.

Las imágenes de este trabajo han sido obtenidas con el sistema de ecocardiografía *Philips iE33 xMATRIX* cuyo sistema de adquisición 3D está basado en un Array 2D, en concreto en el transductor X5-1. Con un rango de operación entre 1 y 5 Mhz el X5-1 permite obtener imágenes 3D rotando electrónicamente el ángulo hasta 180 grados.

2.2. Breve descripción de la Anatomía Cardíaca y relación con la Ecografía 3D

El corazón posee cuatro cavidades: las superiores, que se denominan aurículas, y las inferiores, denominadas ventrículos. Las aurículas reciben sangre de las venas y

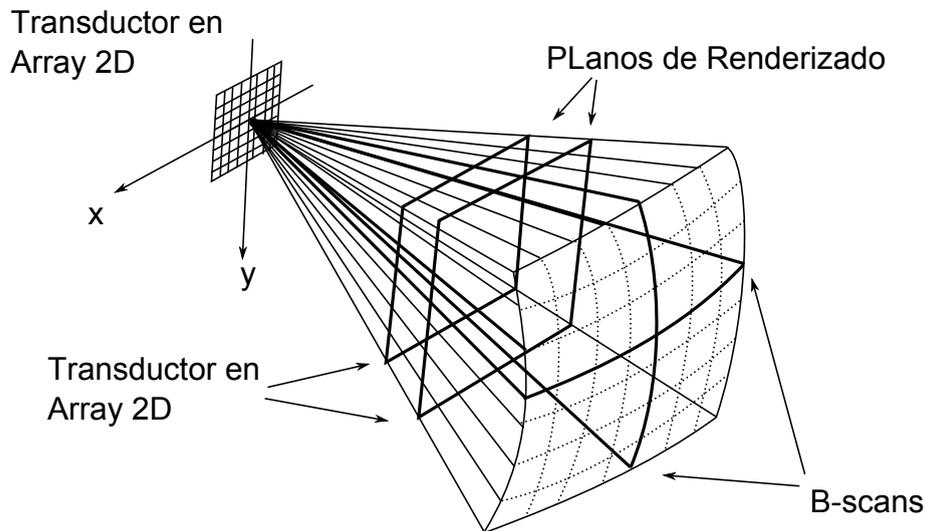


Figura 2.6: Geometría del haz ultrasónico en un array 2D, adaptado de <http://www.engineerdir.com/research/catalog/176>.

ésta es enviada a los órganos a través de la contracción de los ventrículos. La aurícula derecha envía la sangre hacia el ventrículo derecho a través de la válvula tricúspide. La aurícula izquierda envía la sangre hacia el ventrículo izquierdo a través de la válvula mitral [12]. Para la descripción anatómica del miocardio se ha seguido el trabajo de [18].

El miocardio del ventrículo izquierdo está delimitado por dos membranas: la externa denominada epicardio y la interna denominada endocardio. El epicardio realiza una función de protección y permite el paso de las arterias coronarias para irrigar el miocardio y el endocardio. El endocardio es un tejido liso y bastante suave, excepto por la presencia de dos músculos papilares que se originan en la pared del ventrículo izquierdo. El miocardio es un músculo prácticamente uniforme en grosor (aproximadamente 1 cm en el instante de máximo volumen de la cavidad). La zona del miocardio que separa el ventrículo izquierdo del derecho se conoce como pared septal. En la aurícula izquierda, el miocardio está delimitado por las válvulas aórtica y mitral en su zona basal que lo separan de la arteria aórtica y la aurícula izquierda respectivamente y cuya función es permitir el flujo de sangre en la dirección correcta, y por el ápice en su zona distal, que constituye el vértice donde se termina el ventrículo izquierdo. En la figura 2.7 se muestra la anatomía en detalle del ventrículo izquierdo.

2.2.1. Planos ecocardiográficos

Dependiendo de la orientación del haz ultrasónico se definen varios tipos de imágenes ecocardiográficas:

1. Área Apical: El haz es proyectado directamente al vértice de los ventrículos. Si en la región de barrido aparecen las cuatro cavidades, se trata de una imagen

2.2. DESCRIPCIÓN DE LA ANATOMÍA CARDÍACA

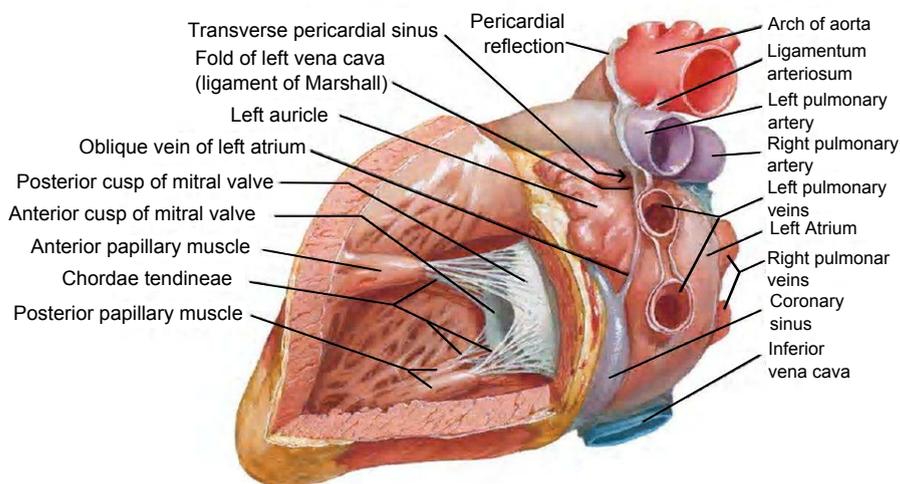


Figura 2.7: Anatomía del Ventrículo Izquierdo.

de cuatro cámaras. Por el contrario, si sólo aparece un lado del corazón, se trata de una imagen de 2 cámaras (aurícula y ventrículo).

2. Área Paraesternal: El haz es proyectado directamente a un lado del corazón: izquierdo o derecho.

2.2.2. Planos anatómicos

En anatomía es más común utilizar unos planos adaptados al sistema de referencia del cuerpo humano. Esto es importante para entender cómo están tomadas las imágenes ecocardiográficas 3D y, en particular, las utilizadas en este trabajo.

1. Plano Coronal: Orientado de manera vertical de forma que divide al cuerpo humano en dos zonas: posterior y anterior.
2. Plano Sagital: Orientado de manera horizontal de forma que es perpendicular al Plano Coronal y divide al cuerpo humano en dos zonas: izquierda y derecha.
3. Plano Axial o Transversal: Son perpendiculares a los dos planos anteriores, y dividen al cuerpo humano en superior e inferior.

En la Figura 2.8 se muestra la orientación de dichos planos sobre un cuerpo humano.

En la Figura 2.9 se representa una imagen ecocardiográfica 3D utilizada en este trabajo junto a tres cortes: axial, sagital y coronal, con las respectivas visualizaciones del corazón en la zona inferior de la imagen.

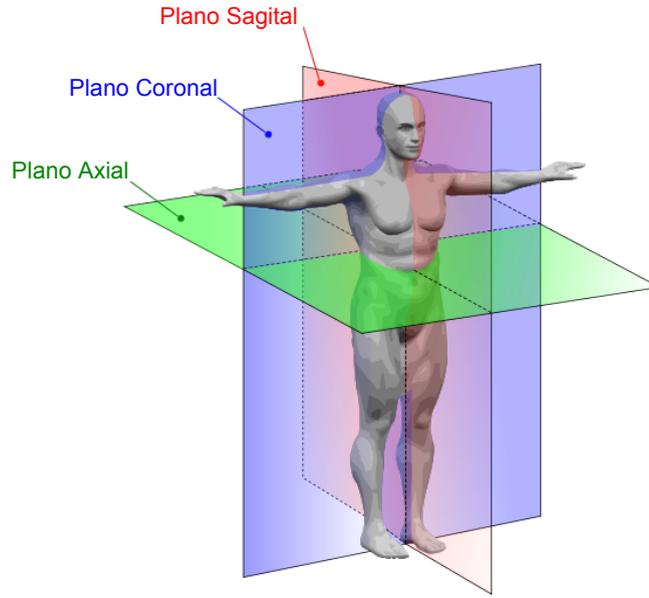


Figura 2.8: Planos Coronal, Sagital y Axial.

2.3. Ultrasonidos como Sistema Lineal Espacio-Temporal: Array Lineal Móvil

Las imágenes ultrasónicas 3D presentan una apariencia granular que dificulta el análisis visual y en especial el análisis automático utilizando métodos computacionales. Este fenómeno se denomina *speckle* y aparece debido a la dispersión inherente al método de adquisición ultrasónica basado en reflexiones. El modelado del *speckle* se suele realizar siguiendo el modelo fasorial de la señal compleja adquirida. Para su deducción recurriremos a la Teoría de Sistemas Lineales. La adquisición ultrasónica se puede modelar a través de la Teoría de Sistemas Lineales llegando a un sistema variante en el espacio pero invariante en el tiempo. Para llegar a modelar esta adquisición como un problema de Teoría de Sistemas Lineales seguiremos con gran fidelidad la sección desarrollada en [12]. A su vez, la mayor parte de la información que contiene dicha sección ha sido extraída del trabajo de Ng.et.al. [19].

Para el desarrollo del problema se adopta un sistema de coordenadas como el de la figura 2.10, exactamente igual al usado en el artículo de referencia [19].

Sea el vector variable que indica la posición del transductor, \mathbf{x}_0 . La ecuación de onda en el dominio frecuencial que da cuenta de la presencia de la dispersión es:

$$\nabla^2 P(\mathbf{x}, \omega) + \left(\frac{\omega}{c_0}\right)^2 P(\mathbf{x}, \omega) = -(\mathbf{S}P)(\mathbf{x}, \omega) \quad (2.2)$$

donde c_0 es la velocidad de la onda en el medio y \mathbf{x} representa el punto espacial

2.3. ULTRASONIDOS COMO SISTEMA LINEAL ESPACIO-TEMPORAL

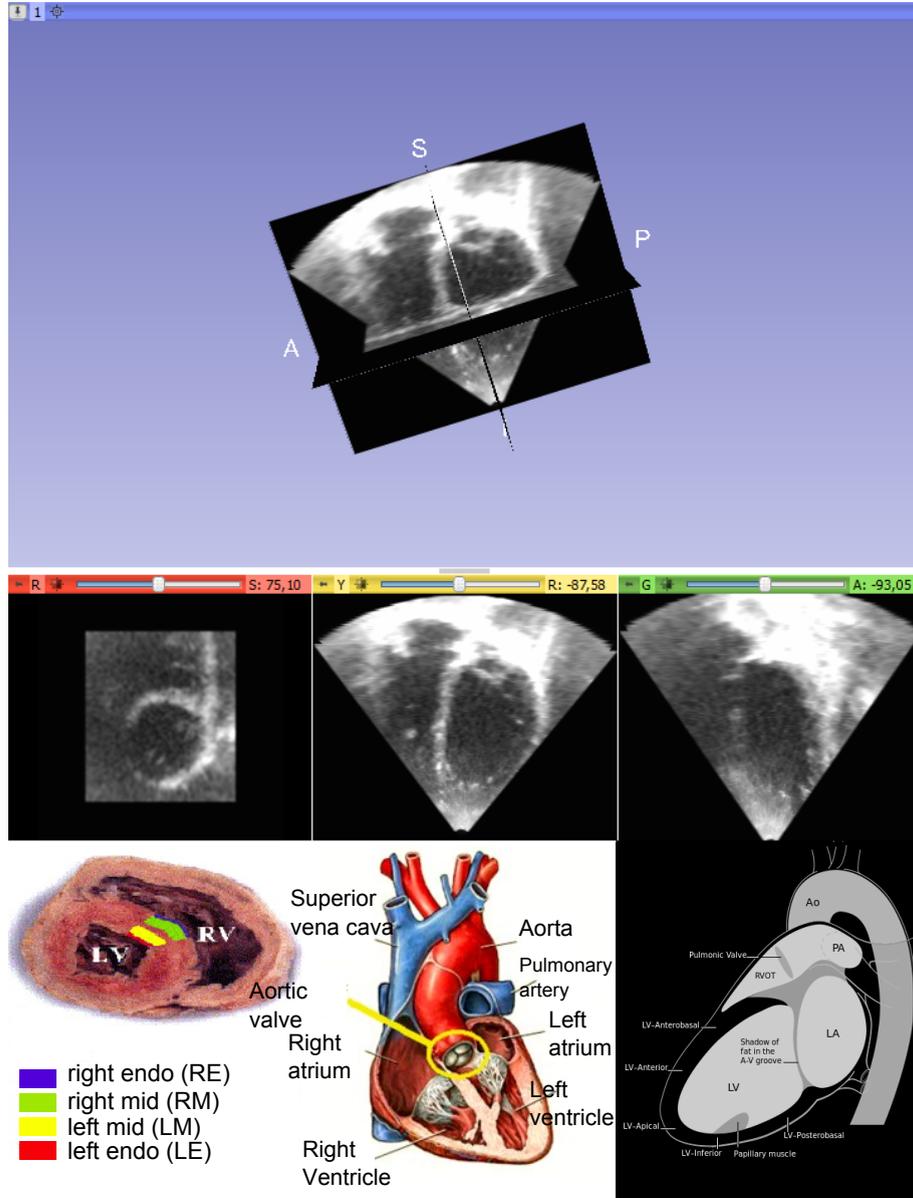


Figura 2.9: Equivalencia entre eco 3D y anatomía del corazón para Planos Coronal, Sagital y Axial.

(x, y, z) . El operador de dispersión \mathbf{S} , que actúa sobre la presión, se define como:

$$\mathbf{S} = \gamma(\mathbf{x})\left(\frac{\omega}{c_0}\right)^2 - \nabla \cdot \mu(\mathbf{x})\nabla \quad (2.3)$$

Los términos de dispersión $\gamma(\mathbf{x})$ y $\mu(\mathbf{x})$ dependen de las variaciones de presión $\Delta\rho(\mathbf{x})$ y de compresibilidad $\Delta\kappa(\mathbf{x})$ como:

$$\gamma(\mathbf{x}) = \frac{\Delta\kappa(\mathbf{x})}{\kappa_0} \quad \mu(\mathbf{x}) = \frac{\Delta\rho(\mathbf{x})}{\rho_0 + \Delta\rho(\mathbf{x})} \quad (2.4)$$

La solución a dicha ecuación diferencia lineal puede escribirse como suma de dos soluciones: la presión incidente $P_i(\mathbf{x}, \omega)$ y la presión dispersada $P_s(\mathbf{x}, \omega)$.

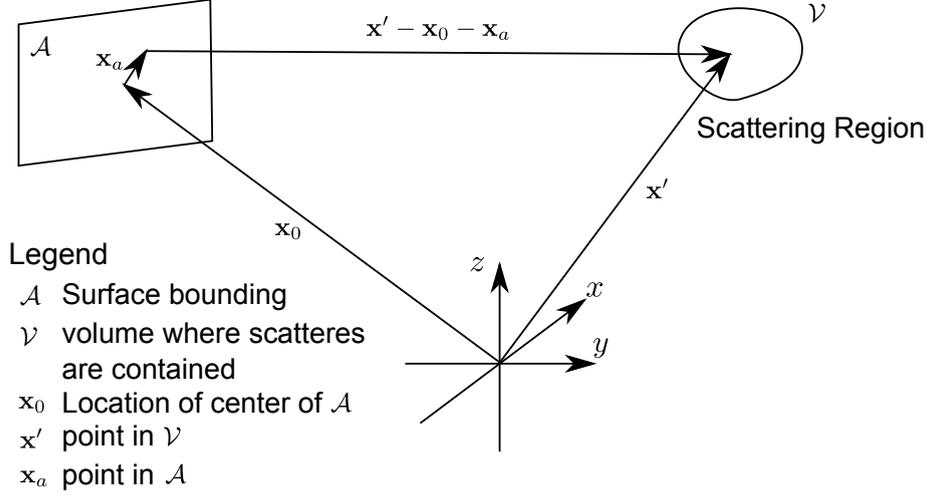


Figura 2.10: Sistema de coordenadas adoptado para derivar el sistema lineal espacio-temporal. Imagen adaptada de [19].

Si se supone que el radio de curvatura del transductor es suficientemente largo, este se puede aproximar por una región plana y se puede expresar la presión incidente en un punto \mathbf{x} a través de la integral de Rayleigh:

$$P_i(\mathbf{x}, \mathbf{x}_0, \omega) = \frac{\rho_0}{2\pi} \int_A i\omega V(\mathbf{x}_a, \omega) \frac{e^{-i\frac{\omega}{c_0}|\mathbf{x}-\mathbf{x}_0-\mathbf{x}_a|}}{|\mathbf{x}-\mathbf{x}_0-\mathbf{x}_a|} d\mathbf{x}_a \quad (2.5)$$

Los efectos de la formación del haz debido al transductor son incluidos en $V(\mathbf{x}_a, \omega)$, que es la transformada de Fourier temporal de la velocidad de la onda normal a la superficie del transductor. Se define una función de transferencia como:

$$H_t(\mathbf{x}, \omega) = \int_A V(\mathbf{x}_a, \omega) \frac{e^{-i\frac{\omega}{c_0}|\mathbf{x}-\mathbf{x}_a|}}{2\pi|\mathbf{x}-\mathbf{x}_a|} d\mathbf{x}_a \quad (2.6)$$

El subíndice t indica que la función de transferencia se refiere a la función de transferencia del transductor en transmisión. Entonces se tiene que:

$$P_i(\mathbf{x}, \mathbf{x}_0, \omega) = i\omega\rho_0 H_t(\mathbf{x}-\mathbf{x}_0, \omega) \quad (2.7)$$

Una vez hecho esto es necesario realizar la misma operación con la presión dispersada. Para ello se utiliza la función de Green. La solución se puede obtener integrando el producto del operador de dispersión y de la función de Green sobre la región de dispersión, denominada aquí \mathcal{V} . Si este tiene en cuenta que las variaciones de presión y de compresibilidad son nulas fuera de \mathcal{V} , la integral se puede calcular en todo \mathbb{R}^3 como:

$$P_s(\mathbf{x}, \mathbf{x}_0, \omega) = \int_{\mathbb{R}^3} (\mathbf{S}P)(\mathbf{x}', \mathbf{x}_0, \omega) \frac{e^{-i\frac{\omega}{c_0}|\mathbf{x}-\mathbf{x}'|}}{4\pi|\mathbf{x}-\mathbf{x}'|} d\mathbf{x}' \quad (2.8)$$

En esta situación se realiza la aproximación de Born que tiene en cuenta que la presión dispersada es despreciable frente a la incidente [20]. Esto es equivalente

2.3. ULTRASONIDOS COMO SISTEMA LINEAL ESPACIO-TEMPORAL

a suponer que puntos discretos dispersores contribuyen realizando una expansión esférica de la onda sin tener en cuenta dispersión múltiple [19]. De esta forma:

$$P(\mathbf{x}, \mathbf{x}_0, \omega) \approx P_i(\mathbf{x}, \mathbf{x}_0, \omega) \quad (2.9)$$

y el operador de dispersión se puede aplicar sobre la presión incidente. Así la integral anterior queda:

$$P_s(\mathbf{x}, \mathbf{x}_0, \omega) \approx \int_{R^3} (\mathbf{S}P_i)(\mathbf{x}', \mathbf{x}_0, \omega) \frac{e^{-i\frac{\omega}{c_0}|\mathbf{x}-\mathbf{x}'|}}{4\pi|\mathbf{x}-\mathbf{x}'|} d\mathbf{x}' \quad (2.10)$$

Introduciendo H_t en la integral se tiene:

$$P_s(\mathbf{x}, \mathbf{x}_0, \omega) \approx i\omega\rho_0 \int_{R^3} (\mathbf{S}H_t)(\mathbf{x}' - \mathbf{x}_0, \omega) \frac{e^{-i\frac{\omega}{c_0}|\mathbf{x}-\mathbf{x}'|}}{4\pi|\mathbf{x}-\mathbf{x}'|} d\mathbf{x}' \quad (2.11)$$

Al igual que se introdujo el efecto de la formación del haz en la transmisión del transductor en $V(\mathbf{x}_a, \omega)$, se puede hacer lo mismo para la recepción en el transductor de la onda. La función compleja $W(\mathbf{x}_a, \omega)$ es la que da cuenta de este hecho. La fuerza ejercida sobre el transductor se relaciona con la presión de la forma:

$$F(\mathbf{x}_0, \omega) = \int_A W(\mathbf{x}_a, \omega) P_s(\mathbf{x}_0 + \mathbf{x}_a, \mathbf{x}_0, \omega) d\mathbf{x}_a \quad (2.12)$$

Definiendo ahora una función de transferencia similar a la de la Ecuación 2.6, pero relacionada con la recepción:

$$H_r(\mathbf{x}, \omega) = \int_A W(\mathbf{x}_a, \omega) \frac{e^{-i\frac{\omega}{c_0}|\mathbf{x}-\mathbf{x}_a|}}{4\pi|\mathbf{x}-\mathbf{x}_a|} d\mathbf{x}_a \quad (2.13)$$

e introduciendo la expresión de $P_s(\mathbf{x}_0 + \mathbf{x}_a, \mathbf{x}_0, \omega)$ obtenida de (2.11) en (2.12) se llega a:

$$F(\mathbf{x}_0, \omega) \approx i\omega\rho_0 \int_{R^3} (\mathbf{S}H_t)(\mathbf{x}' - \mathbf{x}_0, \omega) H_r(\mathbf{x}' - \mathbf{x}_0, \omega) d\mathbf{x}' \quad (2.14)$$

Sustituyendo el operador de dispersión por su expresión funcional, y suponiendo una distancia suficientemente grande respecto a la posición del transductor, se pueden realizar aproximaciones sobre los operadores de gradiente y llegar a

$$F(\mathbf{x}_0, \omega) \approx \frac{i\omega^3\rho_0}{c_0^2} \int_{R^3} H_t(\mathbf{x}' - \mathbf{x}_0, \omega) H_r(\mathbf{x}' - \mathbf{x}_0, \omega) (\gamma(\mathbf{x}') - \mu(\mathbf{x}')) d\mathbf{x}' \quad (2.15)$$

Conocida la fuerza ejercida sobre el transductor, la señal de voltaje generada (en el dominio frecuencial $R(\mathbf{x}_0, \omega)$), se puede calcular a través de la función de transferencia electromecánica $E_m(\omega)$.

$$R(\mathbf{x}_0, \omega) = E_m(\omega) F(\mathbf{x}_0, \omega) \approx E_m(\omega) \frac{i\omega^3\rho_0}{c_0^2} \int_{R^3} H_t(\mathbf{x}' - \mathbf{x}_0, \omega) H_r(\mathbf{x}' - \mathbf{x}_0, \omega) (\gamma(\mathbf{x}') - \mu(\mathbf{x}')) d\mathbf{x}' \quad (2.16)$$

2.3. ULTRASONIDOS COMO SISTEMA LINEAL ESPACIO-TEMPORAL

Sustituyendo los valores de la compresibilidad y densidad; y definiendo

$$f_m(\mathbf{x}) = \frac{\kappa_0 \rho_0^2}{2} \left(\frac{\Delta \kappa(\mathbf{x})}{\kappa_0} - \frac{\Delta \rho(\mathbf{x})}{\rho_0 + \Delta \rho(\mathbf{x})} \right) \quad V_{pe}(\omega) = i\omega^3 E_m(\omega) \quad (2.17)$$

se tiene que

$$R(\mathbf{x}_0, \omega) \approx [V_{pe}(\omega) H_t(-\mathbf{x}, \omega) H_r(-\mathbf{x}, \omega) *_x f_m(\mathbf{x})]_{|\mathbf{x}=\mathbf{x}_0} \quad (2.18)$$

El subíndice x en el operador de convolución indica que se trata de una convolución espacial. Equivalentemente en el dominio del tiempo, la señal de voltaje para un instante t , y en una posición del transductor \mathbf{x}_0 :

$$r(\mathbf{x}_0, t) \approx [v_{pe}(t) *_t h_{pe}(-\mathbf{x}, t) *_x f_m(\mathbf{x})]_{|\mathbf{x}=\mathbf{x}_0} \quad (2.19)$$

con

$$\begin{aligned} v_{pe}(t) &= \mathcal{F}^{-1}\{V_{pe}(\omega)\} = -\frac{d^3 e_m}{dt^3} \\ h_{pe}(\mathbf{x}, t) &= \mathcal{F}^{-1}\{H_t(\mathbf{x}, \omega) H_r(\mathbf{x}, \omega)\} \\ e_m(t) &= \mathcal{F}^{-1}\{E_m(\omega)\} \end{aligned} \quad (2.20)$$

La ecuación 2.19 representa un sistema lineal en el que la entrada es $f_m(\mathbf{x})$, la salida es $r(\mathbf{x}_0, t)$ y la respuesta al impulso espacio-temporal es $h(-\mathbf{x}, t) = v_{pe}(t) *_t h_{pe}(-\mathbf{x}, t)$.

La información de la propagación del haz en la dirección z viene incluida en t , por tanto se puede restringir el punto \mathbf{x}_0 a el plano $z = 0$, $\mathbf{x}_0 = [x, y, 0]$. Variando x obtendríamos una representación sectorial, típica de las imágenes 2D. Si además se varía la posición elevacional, y , tendríamos una representación 3D del medio por el que se propaga el haz ultrasónico. En este caso, se tiene,

$$r(x, y, t) \approx \iiint_{R^3} h(x' - x, y', z', t) f_m(x', y', z') dx' dy' dz' \quad (2.21)$$

Para cada instante t , la señal de voltaje no tiene en cuenta la interacción de la onda acústica sobre todo el espacio, ya que la respuesta al impulso $h(x, y, z, t)$ concentra sus valores sobre $z = \frac{\omega t}{2k} \pm \epsilon \approx \frac{c}{2t} \pm \epsilon$, es decir, se tiene información sobre la reflexión del pulso a la distancia z , que es donde se refleja un pulso que viaja a una velocidad c tras tardar t más un pequeño margen que define, al igual que en análisis especular, una celda de resolución. La diferencia es que ahora se puede estudiar qué sucede cuando dentro de la celda de resolución existen estructuras más pequeñas que producen la dispersión, para ello sólo es necesario modelar $f_m(\mathbf{x})$. El tamaño de esta celda de resolución viene marcado por la longitud de la onda ultrasónica en las tres direcciones.

2.3.1. De la convolución al Modelo Fasorial

Sea la señal analítica positiva en tiempo de $r(x, t)$.

$$r_+(x, y, t) = r(x, y, t) - i\mathcal{H}_t\{r(x, y, t)\} \approx \iiint_{R^3} h_+(x' - x, y', z', t) f_m(x', y', z') dx' dy' dz' \quad (2.22)$$

Para obtener $h_+(x' - x, y', z', t)$, se supone en [19] que la frecuencia central del pulso así como la velocidad de éste en el medio es razonablemente constante. Suponiendo también que el ancho de banda del pulso inicial es estrecho se puede considerar que la propagación es equivalente a la de suponer un pulso de la forma $A(t)\cos(\omega_0 t)$, que tras incidir sobre un dispersor en z , vendrá retrasado un tiempo $t = \frac{2z}{c}$, y el pulso de llegada se puede aproximar por

$$P(t) = A\left(t - \frac{2z}{c}\right)\cos(\omega_0 t - 2k_0 z) = \Re\{\tilde{P}(t)e^{i(\omega_0 t - 2k_0 z)}\} \quad (2.23)$$

con $k_0 = \frac{\omega_0}{c}$ y donde \tilde{P} denota la envolvente.
Por ello

$$r_+(x, y, t) \approx \iiint_{R^3} \tilde{h}(x' - x, y', z', t)e^{i(\omega_0 t - 2k_0 z)} f_m(x', y', z') dx' dy' dz' \quad (2.24)$$

$$r_+(x, y, t) \approx e^{i\omega_0 t} \iiint_{R^3} \tilde{h}(x' - x, y', z', t)e^{i2k_0 z} f_m(x', y', z') dx' dy' dz' \quad (2.25)$$

Y la envolvente compleja de la señal de voltaje \tilde{r} es

$$\tilde{r} = |r_+(x, y, t)| \approx |e^{i\omega_0 t}| |s(x, y, t)| = |s(x, y, t)| \quad (2.26)$$

donde

$$s(x, y, t) = \iiint_{R^3} \tilde{h}(x' - x, y', z', t)e^{i2k_0 z} f_m(x', y', z') dx' dy' dz' \quad (2.27)$$

Se puede definir igualmente una celda de resolución, que consiste en el volumen donde la envolvente compleja $\tilde{h}(x, y, z, t)$ concentra toda la energía, de esta forma para un instante t fijo, sólo importa el contenido de las estructuras en esta región.

Nuestra suposición básica es que localmente se puede modelar la dispersión $f_m(x, y, z)$ por puntos discretos en la celda de resolución,

$$f_m(x, y, z) = \sum_{n=0}^{N-1} b_n \delta(x - x_n, y - y_n, z - z_n) \quad (2.28)$$

Esto hace que la señal $s(x, y, t)$ se simplifique en:

$$s(x, y, t) = \sum_{n=0}^{N-1} b_n \tilde{h}(x_n - x, y_n, z_n, t)e^{i2k_0 z_n} \quad (2.29)$$

Como t depende de z , $t = g(z)$ tenemos una señal tridimensional $s'(x, y, z) = s(x, y, g(z))$ que para x, y, z fijo, es una combinación de fasores,

$$S' = s'(x, y, z) = \sum_{n=0}^{N-1} a_n e^{i\alpha_n} \quad (2.30)$$

2.4. Speckle como Random Walk: Una descripción Probabilística

El modelo fasorial anterior que describe el *speckle* en imágenes ultrasónicas se suele considerar como un proceso estocástico, debido al modelado de a_n y α como variables aleatorias.

En función, de ciertas suposiciones del modelo, en especial del número de dispersores N en la celda de resolución, se derivan cuatro tipos de *speckle* que modelan la totalidad de tejidos presentes en el corazón. Aquí se describirá brevemente estos cuatro tipos, reseñando las características diferenciadoras y la aplicación al modelado de la estadística de los tejidos cardíacos. Un análisis más detallado se puede encontrar en [12].

El modelo fasorial de S' al modelar a_n y α_n como variables aleatorias, no es más que un Random Walk en el Plano Complejo [21] que responde a la expresión genérica:

$$X = \sum_{n=0}^{N-1} x_n e^{i\alpha_n} = X_R + jX_I \quad (2.31)$$

La señal de interés en imagen ultrasónica es la envolvente de la señal compleja X . Es decir, el módulo de dicha señal. Pero para deducir sus características hay que distinguir varios casos de *speckle* en función de ciertas características del Random Walk.

2.4.1. Speckle completamente formado

Un modelo razonable de la suma fasorial anterior es el de considerar las fases de cada dispersor como variables aleatorias uniformes entre $(0, 2\pi)$ y suponer que tanto éstas como las amplitudes de cada uno de los dispersores se comportan como variables independientes e idénticamente distribuidas (IID). El modelo uniforme se justifica porque el exponente $2k_0 z_n$ no toma intervalos más probables que otros, y al ser la exponencial compleja periódica de periodo 2π es equivalente a suponer que el exponente toma valores con igual probabilidad en el intervalo $(0, 2\pi)$. En el caso de que el número de dispersores en la celda de resolución sea suficientemente grande, y en virtud del Teorema del Límite Central, la función de densidad de probabilidad conjunta entre la parte real e imaginaria del fasor resultante converge a una función de Gaussianas bivariantes [21]. En estas condiciones se dice que el *speckle* está completamente formado.

Suponiendo que la variable a caracterizar es $R = \sqrt{X_R^2 + X_I^2}$, la envolvente fasorial, se realizará una transformación de variable aleatoria para la obtención de

2.4. SPECKLE COMO RANDOM WALK

la densidad de probabilidad de R . Definiendo la variable auxiliar $\alpha = \arctan \frac{X_I}{X_R}$, el cambio $(X_R, X_I) \mapsto (R, \alpha)$ no es más que un cambio de coordenadas cartesianas a polares. La función de densidad de probabilidad de (R, α) se puede calcular a través del Teorema Fundamental para transformaciones de variables aleatorias:

$$f_{R\alpha}(r, \alpha) = f_{X_R X_I}(r \cos \alpha, r \sin \alpha) J^{-1}(r, \alpha) \quad (2.32)$$

donde $J^{-1}(r, \alpha)$ representa el jacobiano de la transformación inversa: un cambio de coordenadas polares a cartesianas. Es fácil comprobar que en este caso el jacobiano es r . Como $R^2 = X_R^2 + X_I^2$ se tiene:

$$f_{R\alpha}(r, \alpha) = \frac{r}{2\pi\sigma^2} e^{-\frac{r^2}{2\sigma^2}}. \quad (2.33)$$

La función de densidad de r se obtiene integrando $f(r, \alpha)$ para todos los valores que toma α , es decir, entre 0 y 2π . Finalmente:

$$f_R(r) = \frac{r}{\sigma^2} e^{-\frac{r^2}{2\sigma^2}}. \quad (2.34)$$

Una variable aleatoria que posee esta función de densidad se la denomina variable **Rayleigh** de parámetro σ . Comúnmente, la sangre se considera una estructura donde se produce este tipo de speckle. Los componentes celulares de la sangre, de dimensiones mucho menores que la celda de resolución hace que se puedan modelar como un conjunto de puntos discretos en el espacio tridimensional cuyo número es considerablemente alto. En la práctica se suele considerar un valor superior a 10 dispersores efectivos (concepto explicado más adelante) para estar en una situación donde se cumplan las hipótesis del modelo [22].

2.4.2. Speckle completamente resuelto

Cuando existe una disposición espacial concreta de alguno de los dispersores discretos en la celda de resolución puede que exista una interferencia constructiva entre las ondas reflejadas, independientemente del carácter aleatorio de la reflexión. Eso sucede si existen grupos de dispersores cuya distancia es un múltiplo de la longitud de onda [23]. Este tipo de speckle también aparece en el caso de tener fuertes reflexiones especulares que se pueden deber a la presencia de un tejido de grandes dimensiones en la celda de resolución. Esto es típico en el caso de miocardio, cuyas dimensiones son grandes comparables con la celda de resolución. La interferencia constructiva es determinista, por lo que se tendría un Random Walk desplazada del origen complejo:

$$X = \underbrace{se^{i\alpha}}_{\text{Determinista}} + \underbrace{\sum_{j=0}^{N-1} x_j e^{i\Theta_j}}_{\text{Aleatorio}}. \quad (2.35)$$

Para un número de dispersores grande, aplicando de nuevo el Teorema del Límite Central, se obtiene un fador con parte real e imaginaria distribuidas como variables aleatorias gaussianas independientes. La diferencia fundamental frente al caso del

speckle completamente formado es que las medias de estas Gaussianas no son nulas, sus valores son la parte real e imaginaria del fasor determinista respectivamente.

$$X_r \sim N(s \cos \alpha, \sigma^2) \quad X_I \sim N(s \sin \alpha, \sigma^2) \quad (2.36)$$

Definiendo la variable $\Theta = \arctan \frac{X_I}{X_R}$ la función de distribución conjunta de (R, Θ) es:

$$f_{R\Theta}(r, \theta) = \frac{r}{2\pi\sigma^2} e^{-\frac{r^2+s^2}{2\sigma^2}} e^{rs \frac{\cos \theta \cos \alpha + \sin \theta \sin \alpha}{\sigma^2}} \quad (2.37)$$

Integrando sobre la variable angular para obtener la distribución marginal de la envolvente:

$$f_R(r) = \frac{r}{\sigma^2} e^{-\frac{r^2+s^2}{2\sigma^2}} \frac{1}{2\pi} \int_0^{2\pi} e^{rs \frac{\cos \theta \cos \alpha + \sin \theta \sin \alpha}{\sigma^2}} d\theta \quad (2.38)$$

$$f_R(r) = \frac{r}{\sigma^2} e^{-\frac{r^2+s^2}{2\sigma^2}} f(r, s, \alpha) \quad (2.39)$$

La función $f(r, s, \alpha)$ realmente es constante para todos los valores de α entre $[0, 2\pi]$, en particular es igual $f(r, s, 0)$ (para demostración consultar [12]).

La utilidad de usar el 0 es que la función resultante es una función de Bessel modificada de primera especie y orden 0 (denotada como $I_0(x)$) y evaluada en $\frac{rs}{\sigma^2}$. De forma general, para un número real n , la función de Bessel modificada de primera especie y orden n se calcula como [24, p. 375]:

$$I_n(x) = \left(\frac{x}{2}\right)^n \sum_{k=0}^{\infty} \frac{\left(\frac{x^2}{4}\right)^k}{k! \Gamma(n+k+1)} \quad (2.40)$$

donde $\Gamma(\cdot)$ representa la función Gamma de Euler. Para $|\arg(x)| < \frac{\pi}{2}$ se puede obtener la representación integral:

$$I_n(x) = \frac{1}{\pi} \int_0^\pi e^{x \cos \theta} \cos(n\theta) d\theta - \frac{\sin(n\pi)}{\pi} \int_0^\infty e^{-x \cosh t - nt} dt \quad (2.41)$$

La función de densidad de la envolvente es la **función de densidad de Rice**:

$$f_R(r) = \frac{r}{\sigma^2} e^{-\frac{r^2+s^2}{2\sigma^2}} I_0\left(\frac{rs}{\sigma^2}\right), \quad r > 0 \quad (2.42)$$

Se puede comprobar que este modelo verdaderamente generaliza al anterior, ya que si se está en una situación donde la componente determinista es nula o prácticamente nula, este modelo deberá reducirse al primero. En efecto, para $s = 0$, la función de Bessel $I_0\left(\frac{rs}{\sigma^2}\right) = 1$. En este caso la función de distribución $f_R(r)$ se reduce a:

$$f_R(r) = \frac{r}{\sigma^2} e^{-\frac{r^2}{2\sigma^2}}, \quad r > 0 \quad (2.43)$$

es decir, una distribución Rayleigh como en el caso de speckle completamente formado.

2.4.3. Speckle parcialmente formado

Existen situaciones en las que la suposición de considerar un número grande de dispersores en la celda de resolución no es razonable. En estos casos, los dos modelos anteriores dejan de ser válidos, pues no se puede aplicar el Teorema del Límite Central. El problema del *random walk* debe solucionarse sin considerar aproximaciones asintóticas. La derivación de la función de distribución en esta situación se debe a Jakeman a través de estudios sobre la estadística de la señal reflejada en aplicaciones sonográficas [25]. La adaptación al campo de imagen por ultrasonidos es prácticamente directa, al tratarse del mismo fenómeno físico [26].

La forma de proceder de Jakeman es a través de la función característica, definida ésta como la esperanza matemática de la variable aleatoria e^{iX} . En el caso de que la variable aleatoria X admita una función de densidad de probabilidad, la función característica se puede calcular a través de la transformada de Fourier de dicha función, con la salvedad de que el signo de la exponencial es positivo. Para un vector de M variables aleatorias, \mathbf{X} , que admite una función de densidad de probabilidad conjunta, la función característica $\phi(\mathbf{t})$, (la dimensión de \mathbf{t} es N) se calcula como:

$$\phi(\mathbf{t}) = E\{e^{i\mathbf{t}\cdot\mathbf{X}}\} = \int f_{\mathbf{X}}(\mathbf{x})e^{i(t_1x_1+t_2x_2+\dots+t_Mx_M)}d\mathbf{x} \quad (2.44)$$

Si suponemos que las variables aleatorias de los dispersores son IID, y las fases se distribuyen como una variable uniforme entre $(0, 2\pi)$, la función característica de la parte real e imaginaria del faser A_R y A_{Im} , ($\mathbf{t} = (u, v), M=2$) es:

$$\phi(u, v) = \int e^{i(uA_R+vA_{Im})}f_{A_RA_{Im}}(a_R, a_{Im})da_Rda_{Im} \quad (2.45)$$

Puesto que A_R y A_{Im} dependen únicamente de las amplitudes y fases de los dispersores:

$$\phi(u, v) = \int e^{i(uA_R+vA_{Im})}f_{\mathbf{a}\Theta}(\mathbf{a}, \theta)d\mathbf{a}d\theta \quad (2.46)$$

donde

$$\mathbf{a} = (a_1, a_2, \dots, a_N) \quad \theta = (\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_N) \quad (2.47)$$

Para proseguir aquí podemos realizar un cambio a coordenadas polares, ($u = \Omega \cos \alpha$ $v = \Omega \sin \alpha$) y gracias a la hipótesis IID:

$$\begin{aligned} \phi(\Omega \cos \alpha, \Omega \sin \alpha) &= \prod_{n=0}^{N-1} \int e^{i\Omega a_n \cos(\alpha-\theta_n)} f(a_n) f(\theta_n) da_n d\theta_n \\ \phi(\Omega \cos \alpha, \Omega \sin \alpha) &= \left(\int e^{i\Omega a_n \cos(\alpha-\theta_n)} f(a_n) f(\theta_n) da_n d\theta_n \right)^N \end{aligned} \quad (2.48)$$

Con ello se tiene:

$$\phi(\Omega \cos \alpha, \Omega \sin \alpha) = \left(\int f(a_n) da_n \frac{1}{2\pi} \int_0^{2\pi} e^{i\Omega a_n \cos(\alpha-\theta_n)} d\theta_n \right)^N = \langle J_0(\Omega a_n) \rangle^N \quad (2.49)$$

Si se modela el número de dispersores como una variable aleatoria binomial negativa (tal como hace Jakeman) se puede proceder hacia una expresión más cerrada. La justificación de su uso en procesos de dispersión es tanto empírica como deductiva. La binomial negativa se ha comportado bastante bien en el ajuste del número de fluctuaciones en el número de dispersores.

Por ser el número de dispersores aleatorio, el cálculo de la función característica no se puede obtener como en (2.46). Pero se puede calcular en base a ese resultado a través del Teorema de Probabilidad Total para la esperanza:

$$E\{e^{iX}\} = \sum_{k=0}^{\infty} E\{e^{iX}|N = k\}P(N = k) \quad (2.50)$$

Pero $E\{e^{iX}|N = k\} = \langle J_0(\Omega a_n) \rangle^k$, y ya que la probabilidad de que una variable binomial negativa tome el valor N es:

$$P(N) = \binom{N + \alpha - 1}{N} \frac{\left(\frac{\bar{N}}{\alpha}\right)^N}{\left(1 + \frac{\bar{N}}{\alpha}\right)^{N+\alpha}} \quad (2.51)$$

donde \bar{N} denota la media y α el parámetro asociado a la distribución, la función característica queda como:

$$\sum_{N=0}^{\infty} \binom{N + \alpha - 1}{N} \frac{\left(\frac{\bar{N}}{\alpha}\right)^N}{\left(1 + \frac{\bar{N}}{\alpha}\right)^{N+\alpha}} \langle J_0(\Omega a_n) \rangle^N \quad (2.52)$$

En este punto Jakeman utiliza por conveniencia matemática un cambio de variable en el modelo fasorial: normaliza el valor de los dispersores por la raíz de la media:

$$\sum_{n=0}^{N-1} x_n e^{i\Theta_n} = \sum_{n=0}^{N-1} \frac{b_n}{\sqrt{\bar{N}}} e^{i\Theta_n} \quad (2.53)$$

De esta forma, la función característica de la suma fasorial de la izquierda es la función característica de la expresión de la derecha para cualquier valor de la media, en particular, en el límite cuando ésta tiende a infinito. La utilidad de esto es que a través de ciertas aproximaciones de la función de Bessel se pueden obtener expresiones cerradas para la función característica.

A través la identidad del binomio de Newton para $0 < p < 1$

$$(1 - p)^{-\alpha} = \sum_{N=0}^{\infty} \binom{N + \alpha - 1}{N} p \quad (2.54)$$

(la restricción de $p < 1$ no es importante ya que en el límite el valor promedio de la función de Bessel va a tender a 1), se obtiene que el límite de la función característica en función de la media, (ecuación (2.52) con el cambio de variable), es:

$$\lim_{\bar{N} \rightarrow \infty} \phi(\Omega)_{\bar{N}} = \lim_{\bar{N} \rightarrow \infty} \left(1 + \frac{\bar{N}}{\alpha} \left(1 - \langle J_0\left(\Omega \frac{b_n}{\sqrt{\bar{N}}}\right) \rangle\right)\right)^{-\alpha} \quad (2.55)$$

2.4. SPECKLE COMO RANDOM WALK

Utilizando la igualdad indicada en [27]:

$$\lim_{\bar{N} \rightarrow \infty} \langle J_0(\Omega \frac{b_n}{\sqrt{\bar{N}}}) \rangle = e^{-\frac{\Omega^2 \langle a_n^2 \rangle}{4}} \quad (2.56)$$

se deduce:

$$\begin{aligned} \lim_{\bar{N} \rightarrow \infty} \frac{\bar{N}}{\alpha} (1 - \langle J_0(\Omega \frac{b_n}{\sqrt{\bar{N}}}) \rangle) &= \lim_{\bar{N} \rightarrow \infty} -\frac{\bar{N}}{\alpha} \ln \langle J_0(\Omega \frac{b_n}{\sqrt{\bar{N}}}) \rangle = \\ \lim_{\bar{N} \rightarrow \infty} -\frac{1}{\alpha} \ln \langle J_0(\Omega \frac{b_n}{\sqrt{\bar{N}}}) \rangle &= \frac{\Omega^2 \langle a_n^2 \rangle}{4\alpha} \end{aligned} \quad (2.57)$$

Finalmente,

$$\Phi(\Omega) = \lim_{\bar{N} \rightarrow \infty} \phi(\Omega)_{\bar{N}} = \left(1 + \frac{\Omega^2 \langle a_n^2 \rangle}{4\alpha}\right)^{-\alpha} \quad (2.58)$$

La función de densidad conjunta de la parte real e imaginaria del fasor se obtiene tomando la transformada inversa de Fourier de la ecuación (2.58), teniendo en cuenta que ésta se encuentra en coordenadas polares. La función de densidad se evalúa en coordenadas polares para obtener una expresión cerrada de la transformada inversa. Se llega entonces a:

$$f_{A_R, A_{Im}}(r \cos \Theta, r \sin \Theta) = \frac{1}{2\pi} \int_0^\infty \Omega \Phi(\Omega) J_0(\Omega |r|) d\Omega \quad (2.59)$$

Esta integral se encuentra resuelta en [24, p. 488]:

$$f_{A_R, A_{Im}}(r \cos \Theta, r \sin \Theta) = \frac{1}{2\pi} \left(\frac{r}{2}\right)^{\alpha-1} \frac{b^{1+\alpha}}{\Gamma(\alpha)} K_{\alpha-1}(rb) \quad (2.60)$$

donde $b = \sqrt{\frac{4\alpha}{\langle a_n^2 \rangle}}$ y K_α es la función de Bessel modificada de segunda especie y de orden α .

Para obtener la función de densidad de la envolvente basta multiplicar la ecuación (2.60) por el Jacobiano del cambio a coordenadas polares, r , e integrar la variable angular:

$$f_R(r) = \frac{r^\alpha}{2^{\alpha-1}} \frac{b^{1+\alpha}}{\Gamma(\alpha)} K_{\alpha-1}(rb) \quad (2.61)$$

Esta distribución biparamétrica se conoce como **distribución K**. Para α muy pequeño, la envolvente toma valores. En cambio para α superior a 10, la envolvente se distribuye como una variable aleatoria Rayleigh, que varía muy poco su comportamiento al aumentar este parámetro. Es decir, para valores de α mayores de 10, este modelo es equivalente al modelo de speckle completamente formado. Esto sugiere que α dependa de forma creciente del número de dispersores en la celda, ya que el modelo de speckle completamente formado era válido, precisamente, cuando este número es suficientemente grande.

Por esto se considera α como el número de dispersores efectivos y permite clasificar el speckle en completamente formado o parcialmente formado.

2.4.4. Speckle parcialmente resuelto

Este último caso se da cuando el número de dispersores no es grande y además existe una componente determinista. En este caso la función de densidad de la envolvente se puede demostrar que es [28],

$$f_R(r) = \int_0^\infty f_R(r|z)f_Z(z)dz \quad (2.62)$$

pero esta vez, $f_R(r|z)$ es una distribución Rice de parámetros \sqrt{z} y s y $f_Z(z)$ es la densidad de probabilidad de una variable aleatoria Gamma. Este tipo de distribución se denomina **K homodina**. Cuando la envolvente es nula, $s = 0$, se tiene una distribución K, ya que la Rice se vuelve Rayleigh. Por ello la distribución K Homodina generaliza el speckle parcialmente formado y por ende, el completamente formado. En los casos que $\alpha > 10$ se obtienen distribuciones Rice.

En definitiva, el modelo de speckle parcialmente resuelto generaliza los tres modelos anteriores. En la práctica es más útil distinguir los cuatro modelos en función del valor del número de dispersores efectivos, $N_{ef} := \alpha$ y el valor de la componente determinista, principalmente debido al coste de computación de la distribución K Homodina.

2.4.5. Resumen

A continuación, en la Tabla 2.1, se muestran las principales características de cada uno de los 4 modelos así como las hipótesis necesarias para su cumplimiento N_{ef} denota el número de dispersores efectivos en la celda de resolución.

Modelo de Speckle	Distribución	Hipótesis
Completamente formado	Rayleigh	$N_{ef} > 10$, Sin componente determinista
Completamente resuelto	Rice	$N_{ef} > 10$, Con componente determinista
Parcialmente formado	K	$N_{ef} \leq 10$, Sin componente determinista
Parcialmente resuelto	K Homodina	$N_{ef} \leq 10$, Con componente determinista

Tabla 2.1: Resumen de los cuatro modelos clásicos de Speckle

2.4.6. Otros modelos para el Random Walk, Modelo α -estable

Las distribuciones α -estable han sido usadas satisfactoriamente en análisis de series temporales en finanzas, comunicaciones y procesamiento de señal [29]. Su utilización viene motivada principalmente por ser la única familia de distribuciones que se obtiene a través del Teorema Central del Límite Generalizado [29], que dice que la combinación lineal de variables aleatorias X_1, X_2, \dots, X_n tiene como distribución una distribución α -estable cuando $n \rightarrow \infty$, sin importar que las varianzas de X_j $j = 1, \dots, n$ sean finitas (como en el caso del Teorema Central del Límite). Simplemente se requiere que sean IID. La familia de distribuciones α -estables se

2.5. MODELO DE MEZCLAS GAMMA

caracteriza a través de su función característica, en función de cuatro parámetros [30]:

$$\phi(t) = \begin{cases} \exp\{j\delta t - \gamma|t|^\alpha[1 + j\beta\text{sign}(t)\tan\frac{\alpha\pi}{2}]\} & \text{si } \alpha \neq 1 \\ \exp\{j\delta t - \gamma|t|^\alpha[1 + j\beta\text{sign}(t)\frac{2}{\pi}\log|t|]\} & \text{si } \alpha = 1 \end{cases} \quad (2.63)$$

El parámetro δ es el parámetro de localización, el parámetro α es el parámetro de forma, y puede tomar valores positivos menores o iguales que 2 [31]. Si $\alpha = 2$, la distribución es Gaussiana. El parámetro β es el parámetro de asimetría y toma valores en $[-1, 1]$. Por último el parámetro γ se denomina el parámetro de dispersión. La aplicación al modelo fasorial del *speckle* es inmediata. Si tenemos en cuenta que el número de dispersores es grande, sin suponer varianzas de los dispersores finitas, las parte real y compleja del random walk siguen una distribución α -estable. En el trabajo de Kuruoglu y Zerubia [30] se deduce la distribución de la envolvente asociada a un random walk con $\delta = \beta = 0$ a la que denominan modelo Rayleigh de cola pesada y toma la expresión,

$$f_r(r) = r \int_0^\infty s e^{-\gamma s^\alpha} J_0(sr) ds \quad (2.64)$$

Esta distribución, sin expresión cerrada, generaliza el modelo clásico de *speckle* completamente formado derivado del Teorema Central del Límite, basta hacer $\alpha = 2$.

En el trabajo de Vegas-Sánchez-Ferrero *et.al.*[31] se determina la envolvente de una distribución α -estable sin las restricciones del modelo Rayleigh de cola pesada. Suponen que $\beta = 0$, pues no se espera que exista una respuesta anisótropa variable centro de la celda de resolución. De esta forma, la función característica de X_r y X_{im} es:

$$\phi(t_1, t_2) = e^{j\delta_1 t_1 + j\delta_2 t_2 - \gamma^\alpha |t|^\alpha} \quad (2.65)$$

Sus experimentos con imágenes reales demuestran que el ajuste con distribuciones α -estable es más preciso que con una distribución bivalente Gaussiana (el ajuste se realiza sobre la componente en cuadratura y en fase antes de obtener la envolvente). Un detalle a tener en cuenta es que si una variable aleatoria sigue una distribución α -estable, una combinación lineal de esta también sigue una distribución α -estable. Esto permite, por ejemplo, que el proceso de interpolación lineal no modifique el tipo de familia de distribución al que pertenece la señal, simplemente su parametrización.

2.5. Modelo de Mezclas Gamma (GMM)

La distribución α -estable aunque consigue un buen modelado, tiene como dificultad la estimación de sus parámetros de máxima verosimilitud además de su implementación. Por ello la vamos a desechar para el modelado de las imágenes en este trabajo. Las distribuciones de probabilidad de los cuatro modelos clásicos se refieren a la envolvente de señal sin tener en cuenta el proceso posterior que realizan

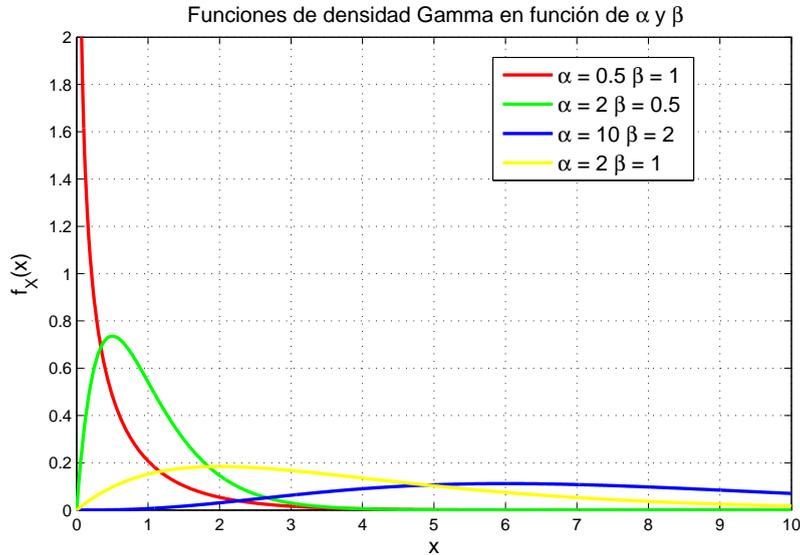


Figura 2.11: Funciones de densidad Gamma para diferentes valores de α y β .

los equipos comerciales de Ultrasonidos. Este procesado va a modificar las características estadísticas de la señal, por lo que el modelo probabilístico puede dejar de ser válido para la imagen final, de la cual se van a extraer los mapas de probabilidad. En este trabajo se propone el uso de distribuciones de probabilidad Gamma para las imágenes ecocardiográficas. Una variable aleatoria I sigue una distribución Gamma de parámetros α y β si su función de densidad de probabilidad es:

$$f_I(r) = \frac{r^{\alpha-1}}{\Gamma(\alpha)\beta^\alpha} e^{-\frac{r}{\beta}} \quad r > 0 \quad (2.66)$$

En la Figura 2.11 se muestran las diferentes formas que adquiere la función de distribución Gamma en función de sus parámetros.

Un detalle importante que nos servirá para el futuro es el de distinguir los diferentes tejidos en función de los parámetros de la distribución Gamma. Uno de ellos es la media de dicha V.A., que resulta ser:

$$E\{I\} = \alpha\beta \quad (2.67)$$

Los vóxeles correspondientes a sangre poseen una media más baja que los de tejido, por lo que es un buen parámetro para su distinción [12]. La distribución Gamma ha sido propuesta de forma empírica en [32, 33]. En [34] se da una justificación más sólida para su utilización en speckle completamente formado y resuelto. En particular, se demuestra que el ajuste a una suma de variables aleatorias Rayleigh es mejor con una distribución Gamma que con una distribución Normal, que podría ser el caso más claro si se cumpliera el Teorema del Límite Central. En el caso de suma de variables Rice, de nuevo la distribución Gamma presenta un buen resultado. Ahora es necesario preguntarse si el procesado de señal realizado en los equipos de US involucra alguna operación lineal que consista en suma de variables aleatorias. En [34] argumentan que la interpolación bilineal o trilineal es uno de esos casos. Nótese que

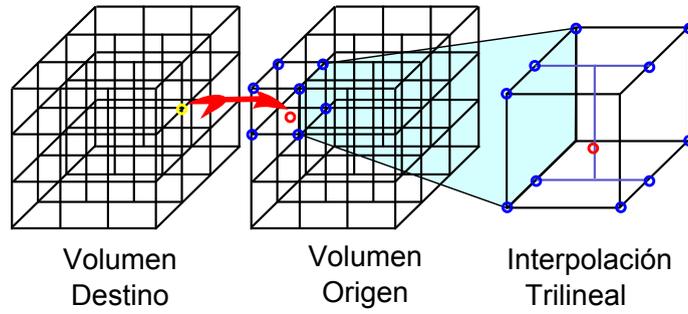


Figura 2.12: Interpolación trilineal. Imagen adaptada de [35].

estas interpolaciones no son lineales en el dominio espacial (ya que existen productos de la forma xy , o xyz) pero sí lo son en amplitud. En la figura 2.12 se muestra un esquema de la problemática en la interpolación en 3D.

La interpolación en la adquisición US surge debido a el sistema de coordenadas elegido no suele ser cartesiano sino polar en el caso de 2D o cilíndrico en el caso de 3D. Como la adquisición en esta base es discreta, no tiene por qué cumplirse que al transformar dichos puntos a un sistema cartesiano (en el cual se disponen las imágenes en este trabajo) se obtengan puntos discretos. Por lo tanto será necesario llevar a cabo algún tipo de interpolación.

2.5.1. Uso de Mezclas de Densidad

Las mezclas de densidad de probabilidad toman la forma de

$$f_I(r) = \sum_{j=1}^J p_j f_{I_j}(r) \quad (2.68)$$

donde $f_{I_j}(r)$ son densidades de probabilidad, $p_j \geq 0$ y $\sum_{j=1}^J p_j = 1$ para que $f_I(r)$ sea realmente una función de densidad de probabilidad. Las mezclas de densidades se utilizan mucho en imagen para modelar el Efecto de Volumen Parcial [36]. El efecto de Volumen Parcial aparece debido a la resolución limitada de los medios de adquisición en imagen, en concreto en imagen ultrasónica, debido a la celda de resolución. Como esta resolución es limitada, varios tejidos pueden convivir dentro de la celda. Pero cada celda de resolución representa un vóxel en la imagen 3D obtenida, por lo que la información de varios tejidos se está mezclando cuando se obtiene la envolvente de la señal en el vóxel [37]. Esto hace que la intensidad de los píxeles de un tipo de tejido en una imagen se modelen con mezclas de densidades para tener en cuenta las posibles variaciones debidas al Efecto de Volumen Parcial [12].

En este trabajo vamos a obviar el Efecto de Volumen y Parcial y vamos a considerar una mezcla de dos clases, clase de sangre y clase de tejido (miocardio). En este caso, la función de densidad compuesta se puede deducir del Teorema de Probabilidad Total, definiendo dos sucesos $A :=$ El valor de Intensidad procede de sangre,

$B :=$ El valor de Intensidad procede de tejido. Si solo hay 2 sucesos posibles, $B = \bar{A}$ y A forman una partición del espacio muestral y entonces

$$f_I(r) = \sum_{j=1}^2 p_j f_{I|Y}(r|Y = j) \quad (2.69)$$

donde Y es la variable oculta que indica si se ha producido el suceso A o B , p_j son las probabilidades de los sucesos, y $f_{I|Y}(r|Y = j)$ son las densidades de probabilidad condicionadas.

2.5.2. Estimación de los parámetros del modelo con el algoritmo *Expectation-Maximization*

Nuestra suposición es que los valores de intensidad de los vóxeles siguen una distribución como 2.69, una mezcla de densidades Gamma, pero no conocemos los parámetros, $\Phi = \{p_1, p_2, \alpha_1, \beta_1, \alpha_2, \beta_2\}$. De esta forma una notación más correcta sería (llamando X a la variable aleatoria de intensidad, antes denotada como I):

$$f_X(x; \Phi) = \sum_{j=1}^2 p_j f_X(x|\theta_j) \quad (2.70)$$

con $\theta_j = \{\alpha_j, \beta_j\}$ Para estimar el vector de parámetros Φ se busca el estimador de máxima verosimilitud de $f_X(x; \Phi)$ sin suponer ningún *prior* a Φ . Obtener una fórmula cerrada para el estimador de máxima verosimilitud de 2.70 es complejo, por lo que se usará el *Expectation-Maximization Algorithm* [38] donde la estimación se divide en el E-step y Q-step. Una descripción detallada del algoritmo aplicado a mezclas de densidades Gamma se encuentra en [12]. A continuación, mostraremos la deducción de los estimados para una mezcla de J componentes con funciones de densidad Gamma,

$$f_X(x|\alpha_j, \beta_j) = \frac{x^{\alpha_j-1}}{\Gamma(\alpha_j)\beta_j^{\alpha_j}} e^{-\frac{x}{\beta_j}} \quad x \geq 0, \quad (2.71)$$

tal como se realiza en [12] aunque añadiremos algunos resultados numéricos de las ecuaciones resultantes y que son detallados en la tesis doctoral de Vegas[39].

E-step

Las variables ocultas $\mathbf{Y} = (y_1, y_2, \dots, y_N)$, se definen de la siguiente forma: $y_i = j$ si y sólo si la intensidad del vóxel i -ésimo x_i procede de la clase j -ésima. Esto permite que $f_X(x_i|y_i = j)$ sea conocida, precisamente $f_X(x|\theta_j)$. Al suponer que las variables aleatorias x_i son IID, también lo serán las variables ocultas y:

$$E_{\mathbf{Y}|\mathbf{X}}\{\log f_{\mathbf{Y}|\mathbf{X}}(\mathbf{y}, \mathbf{x}|\Phi)|\mathbf{x}, \tilde{\Phi}^{(t)}\} = \sum_{i=1}^N E_{Y_i X_i}\{\log f_{Y_i X_i}(y_i, x_i|\Phi)|x_i, \tilde{\Phi}^{(t)}\} \quad (2.72)$$

2.5. MODELO DE MEZCLAS GAMMA

La función $Q(\cdot)$ es por tanto:

$$Q(\Phi|\tilde{\Phi}^{(t)}) = E_{\mathbf{YX}}\{\log f_{\mathbf{YX}}(\mathbf{y}, \mathbf{x}|\Phi)|\mathbf{x}, \tilde{\Phi}^{(t)}\} = \sum_{i=1}^N E_{Y_i}\{\log f_{X_i}(x_i|y_i, \Phi)|x_i, \tilde{\Phi}^{(t)}\} + E_{Y_i}\{\log p_{Y_i}(y_i|\Phi)|x_i, \tilde{\Phi}^{(t)}\} \quad (2.73)$$

Pero:

$$f_{X_i}(x_i|y_i = j, \Phi) = f_X(x_i|\theta_j) \quad (2.74)$$

$$p_{Y_i}(y_i = j|\Phi) = p_j \quad (2.75)$$

$$p_{Y_i}(y_i = j|x_i, \tilde{\Phi}^{(t)}) = \frac{f_{X_i}(x_i|y_i = j, \tilde{\Phi}^{(t)})p_{Y_i}(y_i = j, \tilde{\Phi}^{(t)})}{f_{X_i}(x_i|\tilde{\Phi}^{(t)})p(\tilde{\Phi}^{(t)})} = \frac{f_X(x|\tilde{\theta}_j^{(t)})}{f_{X_i}(x_i|\tilde{\Phi}^{(t)})}\tilde{p}_j^{(t)} \quad (2.76)$$

Denotando a las probabilidades a posteriori de la ecuación (2.76) como $\gamma_{ij}^{(t)}$ se tiene que:

$$Q(\Phi|\tilde{\Phi}^{(t)}) = \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^L \gamma_{ij}^{(t)} \log f_X(x_i|\theta_j) + \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^L \gamma_{ij}^{(t)} \log p_j \quad (2.77)$$

Q-step

Para obtener el máximo de $Q(\cdot)$ calculamos su gradiente e igualamos a 0. La ventaja de expresar la función $Q(\cdot)$ como en la ecuación (2.77) es que los parámetros se pueden obtener de forma separada. Por ejemplo, para calcular los p_j basta maximizar el sumando de la derecha en la ecuación (2.77). Como tenemos la restricción de que $\sum_{j=1}^L p_j = 1$ podemos utilizar el método de los multiplicadores de Lagrange para encontrar el máximo de este problema de optimización con restricciones [40]:

$$g = \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^L \gamma_{ij}^{(t)} \log p_j - \lambda \sum_{j=1}^L p_j \quad (2.78)$$

Para $j = 1, \dots, L$:

$$\frac{\partial g}{\partial p_j} = \frac{1}{p_j} \sum_{i=1}^N \gamma_{ij}^{(t)} - \lambda = 0$$

$$\sum_{i=1}^N \gamma_{ij}^{(t)} = \lambda p_j \quad (2.79)$$

El multiplicador de Lagrange λ , se puede calcular como:

$$\sum_{j=1}^L \sum_{i=1}^N \gamma_{ij}^{(t)} = \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^L \gamma_{ij}^{(t)} = \sum_{i=1}^N 1 = N = \lambda \sum_{j=1}^L p_j = \lambda \quad (2.80)$$

Por tanto, los p_j óptimos, denotados como $\tilde{p}_j^{(t+1)}$ para $j = 1, \dots, L$ son:

$$\tilde{p}_j^{(t+1)} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \gamma_{ij}^{(t)} \quad (2.81)$$

Para obtener los α_j y β_j maximizamos el primer sumando de la ecuación (2.77). Para $j = 1, \dots, L$:

$$\begin{aligned} \frac{\partial f}{\partial \alpha_j} &= \sum_{i=1}^N \frac{\partial}{\partial \alpha_j} \left[\log \frac{1}{\Gamma(\alpha_j)} + \log \frac{x_i^{\alpha_j - 1}}{\beta_j^{\alpha_j}} - \frac{x_i}{\beta_j} \right] \gamma_{ij}^{(t)} = 0 \\ &\sum_{i=1}^N [-\psi(\alpha_j) - \log(\beta_j) + \log x_i] \gamma_{ij}^{(t)} \end{aligned} \quad (2.82)$$

La función $\psi(\cdot)$, llamada función digamma, se define como:

$$\psi(z) = \frac{d \log \Gamma(z)}{dz} = \frac{\Gamma'(z)}{\Gamma(z)} \quad z \in \mathbb{C} \quad (2.83)$$

La ecuación resultante es:

$$\psi(\alpha_j) = \frac{\sum_{i=1}^N \gamma_{ij}^{(t)} \log x_i}{\sum_{i=1}^N \gamma_{ij}^{(t)}} - \log(\beta_j) \quad (2.84)$$

Para obtener β_j , $j = 1, \dots, L$:

$$\frac{\partial f}{\partial \beta_j} = -\alpha_j \sum_{i=1}^N \gamma_{ij}^{(t)} + \frac{1}{\beta_j} \sum_{i=1}^N \gamma_{ij}^{(t)} = 0 \quad (2.85)$$

que hace que:

$$\frac{1}{\beta_j} = \frac{\alpha_j \sum_{i=1}^N \gamma_{ij}^{(t)}}{\sum_{i=1}^N x_i \gamma_{ij}^{(t)}} \quad (2.86)$$

Introduciendo la ecuación (2.86) en la ecuación (2.84), obtenemos los α_j óptimos, denotados como $\tilde{\alpha}_j^{(t+1)}$, los cuales cumplen para $j = 1, \dots, L$:

$$\psi(\tilde{\alpha}_j^{(t+1)}) = C + \log \tilde{\alpha}_j^{(t+1)} \quad (2.87)$$

Donde la constante C es:

$$C = c_1 - c_2 = \frac{\sum_{i=1}^N \gamma_{ij}^{(t)} \log x_i}{\sum_{i=1}^N \gamma_{ij}^{(t)}} - \log \left[\frac{\gamma_{ij}^{(t)} x_i}{\sum_{i=1}^N \gamma_{ij}^{(t)}} \right] \quad (2.88)$$

La constante C es escrictamente negativa por la desigualdad de Jensen [41]. Como la función $\log(x) - \psi(x)$ es continua, escrictamente decreciente y cumple que [42]:

$$\begin{aligned} \lim_{x \rightarrow 0} \log(x) - \psi(x) &= \infty \\ \lim_{x \rightarrow \infty} \log(x) - \psi(x) &= 0 \end{aligned} \quad (2.89)$$

2.5. MODELO DE MEZCLAS GAMMA

Entonces $\log(x) - \psi(x) + C$ es continua, estrictamente decreciente, y cumple que:

$$\begin{aligned} \lim_{x \rightarrow 0} \log(x) - \psi(x) + C &= \infty \\ \lim_{x \rightarrow \infty} \log(x) - \psi(x) + C &= C < 0 \end{aligned} \quad (2.90)$$

por el Teorema de Bolzano la ecuación no lineal (2.87) tiene una única solución. Con $\tilde{\alpha}_j^{(t+1)}$, para $j = 1, \dots, L$ calculados, obtenemos los $\tilde{\beta}_j^{(t+1)}$ para $j = 1, \dots, L$ a través de la ecuación (2.86).

En [39] se asegura que

$$\frac{1}{2x} < \log(x) - \psi(x) < \frac{1}{x} \quad (2.91)$$

entonces $\frac{1}{2\tilde{\alpha}_j^{(t+1)}} < -C < \frac{1}{\tilde{\alpha}_j^{(t+1)}}$ y se deduce inmediatamente que la solución $\tilde{\alpha}_j^{(t+1)}$ siempre se encuentra en el intervalo $(\frac{-1}{C}, \frac{-2}{C})$.

Resumiendo, en la iteración t -ésima, con unos $\gamma_{ij}^{(t)}$ conocidos, calculamos los parámetros:

$$\begin{aligned} \tilde{p}_j^{(t+1)} &= \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \gamma_{ij}^{(t)} \\ \psi(\tilde{\alpha}_j^{(t+1)}) &= C^{(t)} + \log \tilde{\alpha}_j^{(t+1)} \\ \frac{1}{\tilde{\beta}_j^{(t+1)}} &= \frac{\tilde{\alpha}_j^{(t+1)} \sum_{i=1}^N \gamma_{ij}^{(t)}}{\sum_{i=1}^N x_i \gamma_{ij}^{(t)}} \end{aligned} \quad (2.92)$$

Con ellos se obtiene los $\gamma_{ij}^{(t+1)}$ y se repite el proceso.

Capítulo 3

Estimación de Mapas de Probabilidad 3D Filtrados

El método de inicialización propuesto en este trabajo hace uso de los mapas de probabilidad de la eco 3D que guiarán la localización de las cavidades. En este capítulo se explica cómo realizar la estimación de dichos mapas, ya sea directamente de la imagen 3D sin filtrar, o filtrada con filtros de preservación de tejidos. Proponemos dos filtros de preservación: uno basado en una ecuación diferencial de difusión con memoria (Sección 3.3) y otro basado en una convolución con un kernel Gaussiano cuya matriz de covarianza varía espacialmente (Sección 3.4). La ventaja del primero es su capacidad para preservar detalles y estructuras de la imagen a la vez que realiza un filtrado considerable en zonas de sangre. La ventaja del segundo es su eficiencia computacional al poder implementarse en cascada como tres convoluciones variantes a través de una descomposición de Choleski de la matriz de covarianza.

3.1. Mapas de Probabilidad

El método propuesto de inicialización del ASM está gobernado por los mapas de probabilidad de pertenencia a tejido de miocardio. Los mapas de probabilidad indican para cada vóxel (x, y, z) la probabilidad de que dicho vóxel pertenezca a un tipo de clase según el modelo probabilístico considerado. En nuestro caso, esta probabilidad viene determinada únicamente por la información de señal $r(x, y, z)$ obtenida en ese vóxel. En otras palabras, no estamos incluyendo información espacial o estructural. Recordando el modelo probabilístico asociado a la variable aleatoria I ,

$$f_I(r|\Phi) = \sum_{j=1}^J p_j f_{I|Y}(r|Y = j) \quad (3.1)$$

donde Y es la variable oculta que indica la pertenencia de la intensidad I a cada clase, p_j son las probabilidades *a priori* de pertenencia, y $f_{I|Y}(r|Y = j)$ son las densidades de probabilidad de cada clase.

Los mapas de probabilidad se calculan a través del Teorema de Bayes, teniendo en cuenta las realizaciones de la variable aleatoria I para cada vóxel, $r(x, y, z)$:

$$P(Y = j | I = r(x, y, z)) = \frac{p_j f_{I|Y}(r(x, y, z) | Y = j)}{f_I(r(x, y, z) | \Phi)} \quad (3.2)$$

Debido a la dependencia espacial, los mapas de probabilidad son un campo vectorial,

$$\begin{aligned} \mathbf{P}: \Omega \subset \mathbb{R}^3 &\rightarrow [0, 1]^J \\ (x, y, z) &\mapsto \mathbf{P}(x, y, z) = (p_1(x, y, z), p_2(x, y, z), \dots, p_J(x, y, z)) \end{aligned} \quad (3.3)$$

donde $p_j(x, y, z) = P(Y = j | I = r(x, y, z))$. Por ejemplo, en la estimación probabilística realizada en el capítulo anterior, se han seleccionado como número de clases $J = 2$, tejido y sangre. En este caso tendríamos un campo vectorial formado por 2 componentes, $p_1(x, y, z)$ al que llamaremos $p_{sangre}(x, y, z)$ y $p_2(x, y, z)$ que llamaremos $p_{tejido}(x, y, z)$. Esta información se puede mostrar como imágenes codificando la información del conjunto $[0, 1]^J$ en escala de grises o en escala de colores. En la Figura 3.1 se muestra p_{sangre} y p_{tejido} para un corte $z = z_0$.

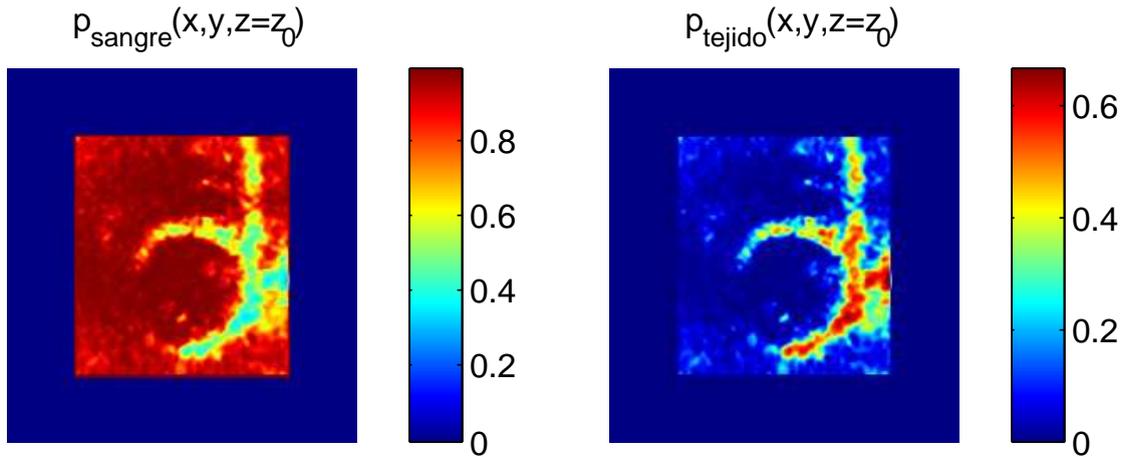


Figura 3.1: Mapas de Probabilidad para un corte $z = z_0$.

La visualización en 3D es más compleja. En la Figura 3.2 se muestran las superficies que cumplen que $p_{sangre}(x, y, z) \geq 0,5$ y $p_{tejido}(x, y, z) \geq 0,5$.

Aunque la estimación de los mapas es razonablemente buena (reflejan con un cierto grado de precisión la pertenencia a sangre o a miocardio), existen espurios en la superficie debido a que estos mapas no se han regularizado. Han sido obtenidos de la imagen ECO3D original a la cuál no se le ha aplicado ningún proceso de filtrado. **Nuestro objetivo es tener unos mapas de probabilidad lo más regulares posible para que el guiado del ASM sea robusto.** Por ello, como paso previo a la estimación de los mapas, se consideran dos tipos de filtrado que consiguen regularizar la imagen a la vez que preservan la información de los tejidos. Ambos filtros han sido publicados en congresos científicos y existe un artículo en preparación a la

3.2. FILTROS DE PRESERVACIÓN DE TEJIDOS

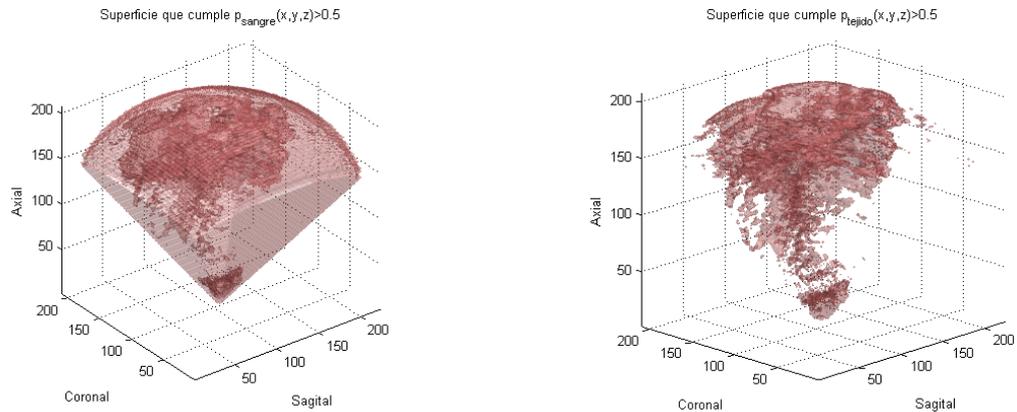


Figura 3.2: Mapas de Probabilidad como superficies 3D.

espera de ser enviado a una revista con índice de impacto.

Se plantean dos versiones del filtrado: una versión cuya principal cualidad es la estabilidad y la robustez, basada en una ecuación diferencial con memoria [43], y otra versión cuyo criterio de diseño ha sido la eficiencia computacional y la sencillez de implementación.

3.2. Filtros de preservación de tejidos

Como ya se ha comentado, nuestro objetivo es obtener unos mapas de probabilidad lo más regulares posibles. Una posibilidad es tratar de filtrar la aplicación $\mathbf{P}: \Omega \subset \mathbb{R}^3 \rightarrow [0, 1]^J$ a través de una ecuación en derivadas parciales (EDP) para imágenes multicanal como las que se proponen en [44]. Sin embargo, en ese caso sería necesario acoplar la información de los diferentes canales en un mismo tensor, lo cual no es fácil. Por ello, procederemos filtrando la imagen inicial $u(x, y, z)$ y obteniendo los mapas de probabilidad de la imagen filtrada $\hat{u}(x, y, z)$ con el procedimiento explicado en la sección 3.1. Una suposición que se está realizando implícitamente es que el modelo probabilístico no cambia, sólo sus parámetros pues estamos usando la misma familia de distribuciones para el modelo de mezclas. Es decir, seguimos teniendo un modelo de mezclas Gamma. Pero se ha mostrado que la suma ponderada de distribuciones Gamma se puede modelar de forma satisfactoria como una nueva distribución Gamma [34].

En la literatura se han propuesto muchos filtros que intentan preservar la información de los tejidos a la vez que realizan un filtrado. Sin embargo, la mayoría de ellos consideran el *speckle* como ruido y tienen como propósito eliminarlo. No obstante, los tejidos se caracterizan por la distribución probabilística del *speckle*. Por ello, estos filtros están perdiendo información que es importante para etapas de segmentación como el caso que nos ocupa o para obtención de parámetros que ayuden al diagnóstico clínico. Una explicación detallada de los filtros de *speckle*, profundizando en su formulación y sus ventajas e inconvenientes se encuentra en

[12]. En particular se detallan por un lado los filtros clásicos basados en modelo multiplicativo de *speckle*, propuestos por Lee, Frost, Kuan y Lopes [45, 46, 47, 48]. Debido al objetivo del trabajo presentado en [12], se da un especial énfasis a la descripción de los filtros basados en ecuaciones de difusión como son el propuesto por Perona & Malik y los basados en estimación como el SRAD, OSRAD, POSRAD [49, 50, 51, 32]. El filtro de difusión con memoria explicado en la siguiente sección ha mostrado una mejor preservación de tejidos manteniendo un buen filtrado en zonas de sangre en comparación con los anteriores [43]. Esto se debe principalmente a la incorporación de un mecanismo de memoria selectivo que preserva el *speckle* en los tejidos basándose en las condiciones iniciales de la EDP. De ahí, su utilización como etapa de preprocesado de la segmentación usando ASM.

3.3. Filtro de Difusión Anisótropo con Memoria

El filtro de difusión anisótropo con memoria hace uso de un sistema de EDPs acopladas para incluir un mecanismo de memoria. En particular, si $u_0(x, y, z)$ es la imagen inicial, la imagen filtrada $\hat{u}(x, y, z)$ es la solución para $t \rightarrow \infty$ al sistema de EDPs siguiente:

$$\begin{cases} \frac{\partial u(\mathbf{r}, t)}{\partial t} = \text{div}(\mathbf{L}(\mathbf{r}, t) \nabla u(\mathbf{r}, t)) \\ \frac{\partial \mathbf{L}(\mathbf{r}, t)}{\partial t} = \frac{1}{\tau} (\mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)\} - \mathbf{L}(\mathbf{r}, t)) \end{cases} \quad (3.4)$$

El tensor de difusión instantáneo $\mathbf{L}(\mathbf{r}, t)$ viene marcado por la ecuación diferencial temporal de reacción y difusión. Se busca un equilibrio entre $\mathbf{L}(\mathbf{r}, t)$ y un operador que proporciona información local de la imagen en el instante t , $\mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)\}$. El estado estacionario se alcanza cuando ambas cantidades se igualan. El mecanismo de preservación del *speckle* en tejidos viene proporcionado por el operador $\mathcal{S}\{\cdot\}$ y la constante de relajación τ que, aunque no se ha hecho explícito, depende de \mathbf{r} y t , debido a que depende de los mapas de probabilidad (dependencia espacial) que se van actualizando conforme evoluciona la ecuación diferencial (dependencia temporal).

3.3.1. Estructura Local de la Imagen, Tensor \mathbf{D}

La información local de las estructuras de la imagen se describe por medio del tensor \mathbf{D} de la misma forma que se realiza en [32]. A continuación se detalla dicho proceso. Dado unos mapas de probabilidad $\mathbf{P}: \Omega \subset \mathbb{R}^3 \rightarrow [0, 1]^J$ obtenidos de la imagen $u(\mathbf{r}, t)$ se busca el borde más probable en función de la información proporcionada por \mathbf{P} . Este proceso se realiza de forma separada para cada componente de \mathbf{P} , $p_1(\mathbf{r}, t), p_2(\mathbf{r}, t), \dots, p_J(\mathbf{r}, t)$ a través del tensor de estructura de Weickert [52] de cada mapa de probabilidad. Una posible mejora sería obtener información de la estructura local de la imagen multicanal \mathbf{P} , pero debido a la sencillez del método propuesto y a sus buenos resultados mostrados en [32, 43] se realiza por separado. En concreto, para cada $p_j(\mathbf{r}, t)$ obtenemos el tensor de estructura como

$$\mathbf{T}_j = G_\rho * (\nabla_\sigma p_j(\mathbf{r}, t)) \cdot (\nabla_\sigma p_j(\mathbf{r}, t))^T \quad (3.5)$$

3.3. FILTRO DE DIFUSIÓN ANISÓTROPO CON MEMORIA

donde el operador ∇_σ denota el gradiente del mapa $p_j(\cdot, \cdot)$ filtrado con un kernel Gaussiano de desviación estándar σ y el operador G_ρ convoluciona el producto exterior para regularizar el tensor [52]. Las direcciones de variación local vienen determinada por los tres autovectores normalizados $\{\mathbf{e}_1, \mathbf{e}_2, \mathbf{e}_3\}$ asociados a los tres autovalores $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \lambda_3$ del tensor \mathbf{T}_j . Para cada j tenemos una base diferente $\mathcal{B}_j = \{\mathbf{e}_{1j}, \mathbf{e}_{2j}, \mathbf{e}_{3j}\}$, indicándonos las direcciones de variación para cada mapa p_j en una región del punto (x, y, z) . De las J bases, se elige aquella cuyo autovalor λ_{1j} , sea máximo, j_{opt} , puesto que los autovalores reflejan la intensidad de variación. Una vez obtenida la base más probable $\mathcal{B}_{j_{opt}}$, se define el tensor $\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)$ como

$$\mathbf{D}(\mathbf{r}, t) = \mathbf{E}(\mathbf{r}, t) \begin{pmatrix} \Lambda_1(\mathbf{r}, t) & 0 & 0 \\ 0 & \Lambda_2(\mathbf{r}, t) & 0 \\ 0 & 0 & \Lambda_3(\mathbf{r}, t) \end{pmatrix} \mathbf{E}(\mathbf{r}, t)^T \quad (3.6)$$

donde la matriz \mathbf{E} tiene como columnas la base $\mathcal{B}_{j_{opt}}$. El tensor de difusión orienta dicho proceso en función de los valores de la matriz diagonal, definidos como

$$\Lambda_1 = 1 - |\nabla_{\mathbf{e}_{1j}, \sigma} p_{j_{opt}}(\mathbf{r}, t)| \quad (3.7)$$

$$\Lambda_2 = 1 - |\nabla_{\mathbf{e}_{2j}, \sigma} p_{j_{opt}}(\mathbf{r}, t)| \quad (3.8)$$

$$\Lambda_3 = 1 \quad (3.9)$$

donde la notación $\nabla_{\mathbf{v}, \sigma} p(\cdot, \cdot)$ indica la derivada direccional a lo largo de \mathbf{v} previo a un filtrado con un kernel Gaussiano de desviación típica σ .

El comportamiento del filtro así definido es el siguiente: en regiones isotropas las derivadas direccionales en las dirección de mayor variación son próximas a 0 y, por tanto, $\Lambda_1 \approx \Lambda_2 \approx \Lambda_3$. En regiones donde el cambio de tejido se puede modelar como un plano, $\Lambda_1 \approx 0$ ya que la derivada direccional va a tender a 1. Λ_2 será aproximadamente 1 ya que en dicha dirección no existe un cambio de tejido. De esta forma, estamos ante una difusión anisótropa. El caso más extremo es la presencia de una esquina donde tanto Λ_1 como Λ_2 sean 0. Estaríamos ante un caso degenerado, el elipsoide degeneraría en una línea. En la Figura 3.3 mostramos 4 tipos de elipsoides según sus autovalores.

3.3.2. Preservación de *speckle* en tejidos: Mecanismo de Memoria

Cuando avanza el proceso de difusión, la información del *speckle* en tejidos como el miocardio se pierde. Esto no es deseable desde el punto de vista de segmentación, pues el guiado del ASM va estar gobernado por los mapas de probabilidad definidos por el *speckle* del tejido. La solución que se contempla aquí es la inclusión de un mecanismo de memoria que haga que la evolución del filtro no dependa únicamente del presente sino que también lo haga de instantes pasados. La propuesta que hemos contemplado es la inclusión de una ecuación diferencial temporal tensorial cuya combinación con la ecuación de difusión anisótropa resulta en una ecuación de Volterra [53].

3.3. FILTRO DE DIFUSIÓN ANISÓTROPICO CON MEMORIA

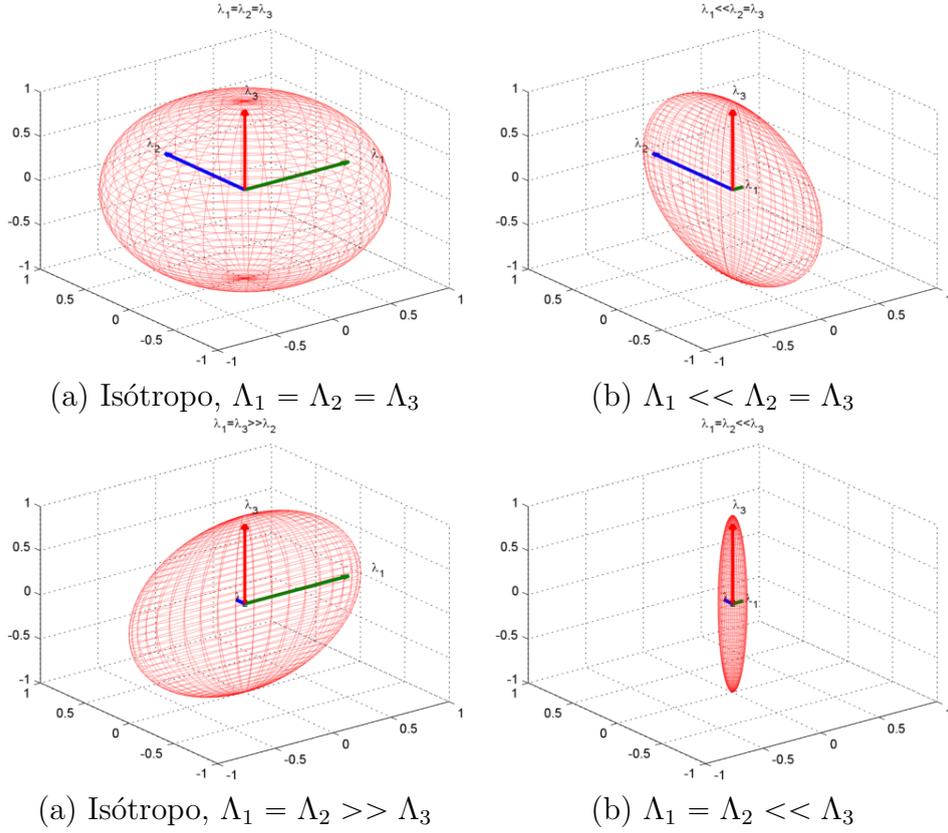


Figura 3.3: Elipsoides para el tensor $\mathbf{D}(\mathbf{r})$.

Modelo de Volterra

El mecanismo de memoria viene determinado por la ecuación

$$\frac{\partial \mathbf{L}(\mathbf{r}, t)}{\partial t} = \frac{1}{\tau} (\mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)\} - \mathbf{L}(\mathbf{r}, t)), \quad (3.10)$$

que se integra como [53],

$$\mathbf{L}(\mathbf{r}, t) = \mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, 0)\} e^{-\frac{t}{\tau}} + \int_0^t e^{\frac{s-t}{\tau}} \mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, s)\} ds \quad (3.11)$$

y se llega a

$$\frac{\partial u(\mathbf{r}, t)}{\partial t} = \text{div} \left(e^{-\frac{t}{\tau}} \mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, 0)\} \nabla u(\mathbf{r}, t) + \int_0^t e^{\frac{s-t}{\tau}} \mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, s)\} \nabla u(\mathbf{r}, t) ds \right) \quad (3.12)$$

El mecanismo de memoria de la Ecuación 3.12 de Volterra, se puede entender de forma más clara definiendo dos flujos \mathbf{F}_1 y \mathbf{F}_2 como

$$\mathbf{F}_1 = e^{-\frac{t}{\tau}} \mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, 0)\} \nabla u(\mathbf{r}, t) \quad (3.13)$$

$$\mathbf{F}_2 = \int_0^t e^{\frac{s-t}{\tau}} \mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, s)\} \nabla u(\mathbf{r}, t) ds \quad (3.14)$$

3.3. FILTRO DE DIFUSIÓN ANISÓTROPO CON MEMORIA

Entonces,

$$\frac{\partial u(\mathbf{r}, t)}{\partial t} = \text{div}(\mathbf{F}_1(\mathbf{r}, t) + \mathbf{F}_2(\mathbf{r}, t)) \quad (3.15)$$

El flujo \mathbf{F}_1 trata de orientar la difusión en función de las condiciones iniciales, pero su efecto se pierde cuando $t \rightarrow \infty$. El flujo \mathbf{F}_2 guarda la información obtenida en el intervalo $[0, t]$ para orientar la difusión en las direcciones más probables a lo largo de la historia temporal del filtrado. Estas direcciones las proporciona el tensor $\mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)\}$ cuyo significado se detallará en la siguiente sección. Esta información es ponderada dando más importancia a la información más reciente.

El tiempo de relajación τ controla el mecanismo de memoria. Si $\tau \rightarrow 0$ el flujo \mathbf{F}_1 se pierde en los primeros instantes, y el flujo \mathbf{F}_2 sólo tiene en cuenta el instante actual ya que $e^{\frac{s-t}{\tau}}$ para t fijo y $s < t$, tiende a 0 cuando $\tau \rightarrow 0$, excepto en $s = t$. Si $\tau \rightarrow \infty$, el flujo \mathbf{F}_1 prácticamente no se atenúa y la ponderación en el caso del flujo \mathbf{F}_2 para toda la historia temporal es prácticamente igual.

Memoria selectiva

El objetivo es el de llegar a situaciones estacionarias $\frac{\partial u(\mathbf{r}, t)}{\partial t} = 0$ en aquellas zonas donde se desea preservar información (tejidos) y que el proceso de difusión continúe en zonas de sangre. Esto se consigue a través del uso del operador $\mathcal{S}\{\cdot\}$. Si el tensor de difusión $\mathbf{L}\{\mathbf{r}, t\}$ fuese igual a $\mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)\}$, bastaría con definir el operador $\mathcal{S}\{\cdot\}$ de tal forma que fuese nulo en zonas con probabilidad alta de tejido o equivalentemente en zonas con $p_{\text{sangre}}(x, y, z, t)$ muy baja. Sin embargo, este proceso es muy dependiente de $p_{\text{sangre}}(x, y, z, t)$ y, como ya se ha comentado, al avanzar el instante temporal t , se pierde información relevante que permita clasificar una región \mathcal{T} como tejido. En otras palabras, los mapas de probabilidad instantáneos pueden no ser fiables. Por ello, es más seguro y robusto realizar esta operación aplicando el operador $\mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)\}$ en toda la ventana temporal definida por τ y realizando un promediado ponderado. De esta forma, si en un intervalo $[0, t_1]$ la probabilidad de que la región \mathcal{A} pertenezca a tejido se mantiene alta, tanto $\mathbf{F}_1(\cdot, t_1)$ como $\mathbf{F}_2(\cdot, t_1)$ van a ser nulos y se va a llegar a un estado estacionario. Por tanto, se define el operador $\mathcal{S}\{\cdot\}$ como

$$\mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)\} = \mathbf{E}(\mathbf{r}, t)\mathbf{\Lambda}\mathbf{E}(\mathbf{r}, t)^T \quad (3.16)$$

con

$$\mathbf{\Lambda} = p_{\text{sangre}}(\mathbf{r}, t) \begin{pmatrix} \Lambda_1(\mathbf{r}, t) & 0 & 0 \\ 0 & \Lambda_2(\mathbf{r}, t) & 0 \\ 0 & 0 & \Lambda_3(\mathbf{r}, t) \end{pmatrix} \quad (3.17)$$

Obviamente, en una zona clasificada como sangre, $\mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)\} = \mathbf{D}(\mathbf{r}, t)$.

Los tiempos de relajación, que en la práctica definen la historia temporal, también son dependientes de los mapas de probabilidad. Con vistas a acelerar el proceso en una región con alta probabilidad de sangre, es adecuado reducir la ventana temporal y confiar en la información instantánea. En cambio, si estamos en una zona con alta probabilidad de tejido, el promediado del operador $\mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)\}$ tiene que realizarse

3.3. FILTRO DE DIFUSIÓN ANISÓTROPO CON MEMORIA

en una ventana temporal lo suficientemente amplia para obtener una información robusta. La forma de llevar a cabo esto es hacer que $\tau \rightarrow 0$ en una zona que se desea filtrar, (por ejemplo sangre) y, en cambio, hacer que $\tau \rightarrow \infty$ en zonas de presencia de tejidos. Por ello, el tiempo de relajación τ debe ser una función $g: [0, 1] \rightarrow (0, \infty)$ que cumpla que

$$\begin{aligned} g(p_{\text{sangre}}(x, y, z, t) \rightarrow 1) &\rightarrow 0 \\ g(p_{\text{sangre}}(x, y, z, t) \rightarrow 0) &\rightarrow \infty \\ g(s_n) &< g(s_{n-1}) \quad \text{si} \quad s_n < s_{n-1} \end{aligned} \quad (3.18)$$

Siguiendo esta idea proponemos una familia de funciones como cocientes de polinomios pues son sencillas de implementar y presenta dicho comportamiento.

$$g_n(s) = \frac{1-s}{s^n} \quad (3.19)$$

con $n \geq 1$. En la Figura 3.4 se muestra la forma que tienen distintas gráficas.

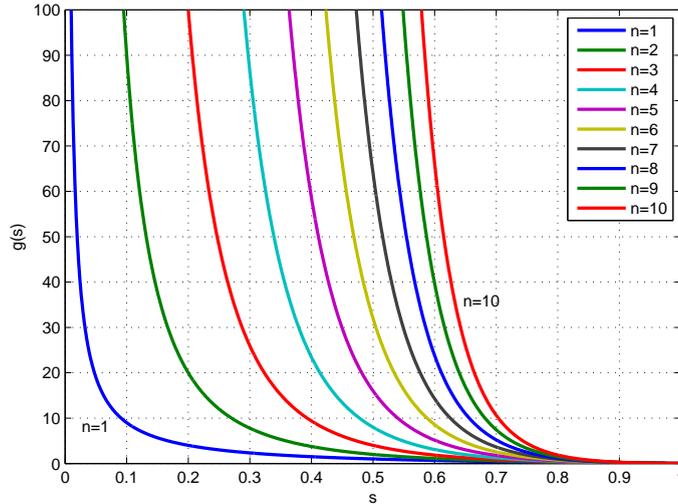


Figura 3.4: Curvas $g_n(s)$ cociente de polinomios para el tiempo de relajación.

A medida que aumenta el exponente n , la zona de ausencia de memoria, $g(s) \approx 0$, se desplaza más a la derecha, permitiendo un filtrado sólo en aquellas zonas donde la probabilidad de ausencia de tejido es alta $p_{\text{sangre}}(x, y, z, t) \geq 0,7$. Podemos decir, por tanto, que existe una relación inversa entre el valor del exponente n y el carácter conservador del filtro. A medida que n aumenta, el filtro tiende a preservar más los tejidos.

Se pueden elegir otro tipo de funciones que cumplan los requisitos expresados en las Ecuaciones 3.19. La familia de funciones g_n descritas en la Ecuación 3.19 tienen segunda derivada negativa, es decir decrecen más lentamente y por tanto la caída no es abrupta. Podemos pensar en funciones g_n decrecientes con segunda derivada

3.3. FILTRO DE DIFUSIÓN ANISÓTROPO CON MEMORIA

positiva. Por ejemplo, las funciones de Butterworth definidas como

$$g_n(s) = K \sqrt{\frac{1}{1 + \left(\frac{s}{s_c}\right)^{2n}}} \quad (3.20)$$

El exponente n determina la caída de la función mientras que s_c determina el umbral donde se produce, aproximadamente, el decaimiento. De esta forma, tenemos más grados de libertad que en las funciones cociente de polinomios explicadas anteriormente. Esto presenta más versatilidad, pero también representa mayor dificultad en el criterio de seleccionar los parámetros, siendo necesario recurrir a métodos heurísticos. En la Figura 3.5 se muestra la forma de las funciones de Butterworth normalizadas y para abscisas $\frac{s}{s_c}$.

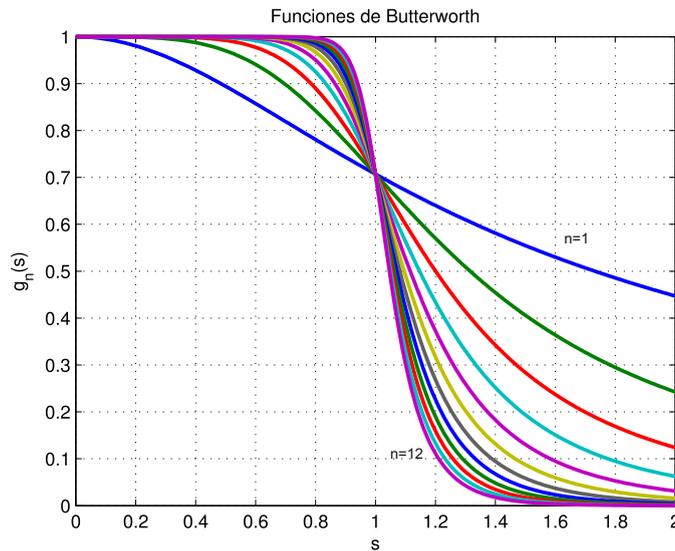


Figura 3.5: Curvas $g_n(s)$ Butterworth para el tiempo de relajación.

En este caso el significado del exponente n es diferente. El carácter conservador del filtro viene marcado por la “probabilidad de corte”, $s_c = p_{threshold}$. El exponente n determina la flexibilidad en la categorización tejido y sangre, siendo el caso extremo (función escalón) $n \rightarrow \infty$. En el caso práctico que nos ocupa seleccionaremos $p_{sangre}(x, y, z, t)$ como aquel mapa de probabilidad cuya mezcla asociada posea la media más baja, pues se espera que la media de la variable aleatoria de intensidad en sangre sea menor que en miocardio.

3.3.3. Implementación

Aunque la imagen a filtrar $u_0(x, y, z)$ está definida en un espacio $\Omega \subset \mathbb{R}^3$, vamos a realizar una implementación 2D. En [54] propone el uso de métodos semi-implícitos para dimensión mayor o igual que 2 que discretizan la ecuación:

$$\partial_t u = \sum_{l=1}^m \partial_{x_l} (g(|\nabla u_\sigma|^2) \partial_{x_l} u) \quad (3.21)$$

3.3. FILTRO DE DIFUSIÓN ANISÓTROPO CON MEMORIA

de la forma:

$$u^{k+1} = \left(I - \tau \sum_{l=1}^m A_l(u^k) \right)^{-1} u^k \quad (3.22)$$

donde la matriz A contiene la discretización de las derivadas. Weickert prueba la estabilidad de este método para dimensión mayor que 2, pero resulta que la ecuación que se requiere discretizar para la implementación del filtro de memoria es más compleja y preferimos recurrir a su versión discreta 2D propuesta en [52]. Por ello, u_0 se procesa corte a corte discretizando la variable x . Para cada una de las imágenes 2D $u_{0-2D}(x = x_j, y, z)$, se realiza una implementación del filtro de difusión de memoria propuesto en su versión 2D. Antes de comenzar con este proceso, es necesario estimar los Mapas de Probabilidad 3D iniciales, aunque luego se utilizan sus versiones restringidas a 2D. Una vez que se realiza el filtrado de difusión para cada corte, se estiman de nuevo los Mapas (3D) de la imagen $u(x, y, z, t)$ obtenida. Un esquema del proceso descrito se muestra en la Figura 3.6.

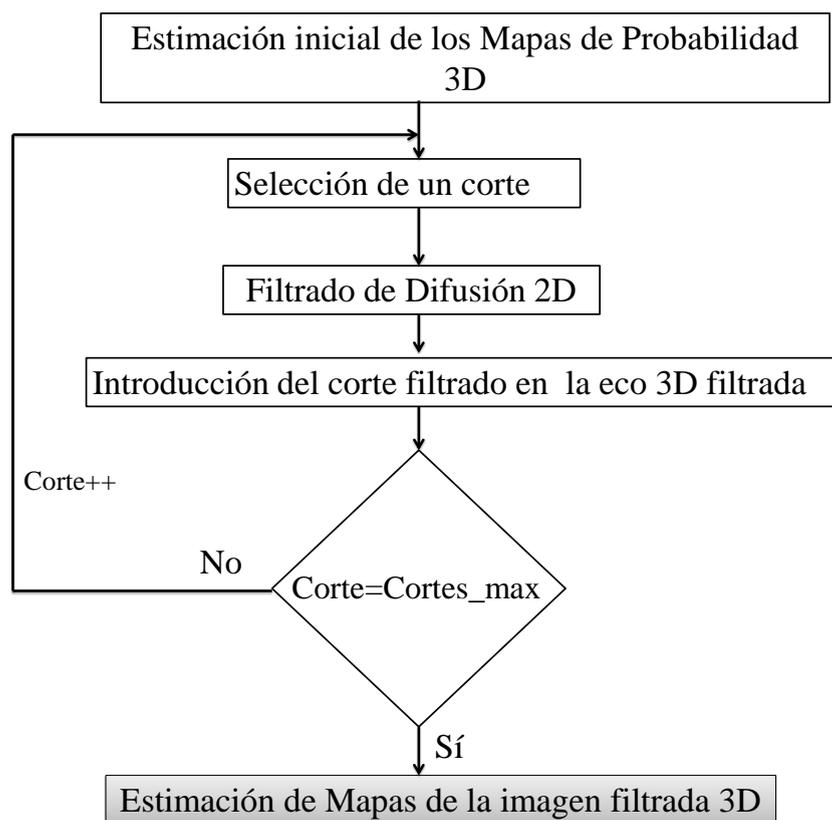


Figura 3.6: Esquema de procesado 3D del filtro de memoria utilizando cortes.

Método de Discretización

Teniendo en cuenta el esquema de procesamiento anterior, necesitamos discretizar el sistema de Ecuaciones 3.4 en 2D. El método elegido es una variante del propuesto por Cottet y El Ayyadi [53] que experimentalmente ha demostrado ser estable y proporcionar unos buenos resultados. En [53] se propone discretizar la Ecuación de difusión de 3.4 utilizando un método explícito de Euler y un método semi-implícito para la Ecuación Temporal, resultando en:

$$\mathbf{L}^{n+1} = \frac{1}{1 + \beta}(\beta\mathbf{L}^n + \mathbf{F}^n) \quad (3.23)$$

con $\beta = \frac{\tau}{\Delta t}$ y \mathbf{F} un tensor que depende de \mathbf{u} . Se ha asumido que el tiempo de relajación τ es constante, pero en nuestro sistema de EDP depende de \mathbf{u} al definirse a través de los mapas de probabilidad. Sin embargo, debido a los buenos resultados numéricos obtenidos en la experimentación, proponemos la siguiente forma de actualizar el tensor \mathbf{L} ,

$$\mathbf{L}^{n+1} = \frac{1}{1 + \beta^n}(\beta^n\mathbf{L}^n + \mathbf{F}^n) \quad (3.24)$$

con $\beta^n = \frac{\tau(\mathbf{r}, n\Delta t)}{\Delta t}$ y $\mathbf{F}^n = \mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, n\Delta t)\}$. La actualización sugerida se realiza teniendo en cuenta que las direcciones de variación entre una iteración y otra no cambian excesivamente y por ello diagonalizando \mathbf{L}^{n+1} , \mathbf{L}^n , \mathbf{F}^n obtenemos la recurrencia para los autovalores γ de \mathbf{L} ,

$$\begin{bmatrix} \gamma_1^{n+1} \\ \gamma_2^{n+1} \end{bmatrix} = \begin{pmatrix} \frac{\beta^n}{1+\beta^n} & 0 \\ 0 & \frac{\beta^n}{1+\beta^n} \end{pmatrix} \begin{bmatrix} \gamma_1^n \\ \gamma_2^n \end{bmatrix} + \frac{1}{1 + \beta^n} \begin{bmatrix} \Lambda_1^n \\ \Lambda_2^n \end{bmatrix} \quad (3.25)$$

El tensor \mathbf{L}^{n+1} se reconstruye a través de la descomposición espectral:

$$\mathbf{L}^{n+1} = \gamma_1^{n+1}\mathbf{e}_{1j_{opt}}^n \mathbf{e}_{1j_{opt}}^{nT} + \gamma_2^{n+1}\mathbf{e}_{2j_{opt}}^n \mathbf{e}_{2j_{opt}}^{nT} \quad (3.26)$$

La solución es siempre definida positiva ya que γ_1^{n+1} y γ_2^{n+1} siempre lo son según el sistema matricial 3.25.

3.3.4. Resultados: Mapas Estimados

Antes de mostrar los mapas estimados se muestra el volumen filtrado comparándolo con el volumen sin filtrar. Esta comparativa se muestra en la Figura 3.7. Se han elegido $\Delta_t = 0,3$, $\rho = 2$, $\sigma = 1$, 10 iteraciones y, como función g para el tiempo de relajación, se ha utilizado la familia de cocientes de polinomios con $n = 8$.

Como el método de inicialización de ASM está guiado por el mapa de probabilidad de pertenencia a tejido $p_{tejido}(x, y, z, t)$, mostramos únicamente este para tres cortes transversales tanto para los mapas sin filtrar como prefiltrados con el filtro de memoria. Esta comparativa se muestra en la Figura 3.8. Se han utilizado dos ejemplos de las familias de funciones $g_n(s)$ definidas anteriormente, Tipo I para la familia de cocientes de polinomios y Tipo II para las funciones de Butterworth. En

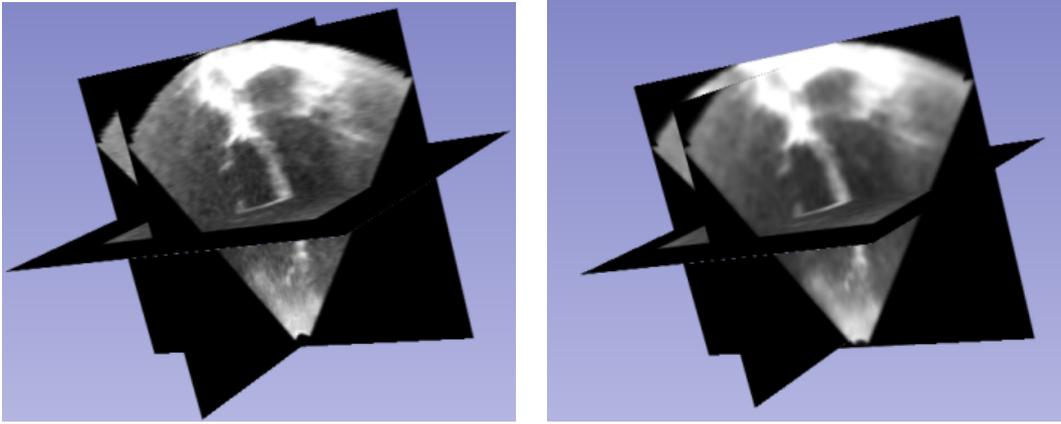


Figura 3.7: Comparativa de Volumen Eco filtrado con el filtro de memoria y sin filtrar.

el caso Tipo I, se ha elegido un valor $n = 8$. En el caso de Tipo II, se ha elegido $sc = 0,1$, $n = 10$ y $K = 100$.

Tanto en la Figura 3.7 como en la Figura 3.8 se aprecia el efecto del filtrado de difusión anisótropa de memoria. Podemos observar como los mapas, tras obtenerlos de la imagen filtrada, presentan menos irregularidades que los mapas estimados directamente del volumen ruidoso. La diferencia cuando se utiliza como función de tiempo de relajación un cociente de polinomios y una función de Butterworth no es significativa. En la Figura 3.9 se muestran las superficies del mapa de tejido que cumplen que $p_{tejido}(x, y, z) \geq 0,5$. De nuevo la diferencia entre filtrar el volumen y estimar los mapas frente a no realizar el filtrado es considerable. Al igual que antes, no existe una diferencia apreciable entre los casos de elección de la función $g(s)$. Por esta razón, en la implementación del método de inicialización del ASM, cuando se use el filtro de difusión con memoria se utilizará por defecto la función cociente de polinomios para el tiempo de relajación ya que sólo requiere la elección de un parámetro, el exponente n .

3.4. Filtro con Kernel Gaussiano Variante

3.4.1. Motivación

El principal inconveniente que presenta el filtro anterior es su coste computacional. Al tratarse de un sistema de ecuaciones diferenciales, la discretización se realiza a través de varias iteraciones, con el perjuicio de un tiempo de ejecución poco apropiado para aplicaciones que requieran una rápida ejecución, como en los casos que se requiere funcionamiento en tiempo real. Este filtro está basado en una convolución espacial variante cuyo kernel Gaussiano tiene una matriz de covarianzas basada en el tensor $\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)$. Este filtro ha sido aceptado en el congreso *MEDICON2013, XIII Mediterranean Conference on Medical and Biological Engineering and Computing* [13] en su versión 2D. En esta sección desarrollaremos la versión 3D para aplicarlo al volumen ECO disponible y para posteriormente obtener los mapas de probabilidad

3.4. FILTRO CON KERNEL GAUSSIANO VARIANTE

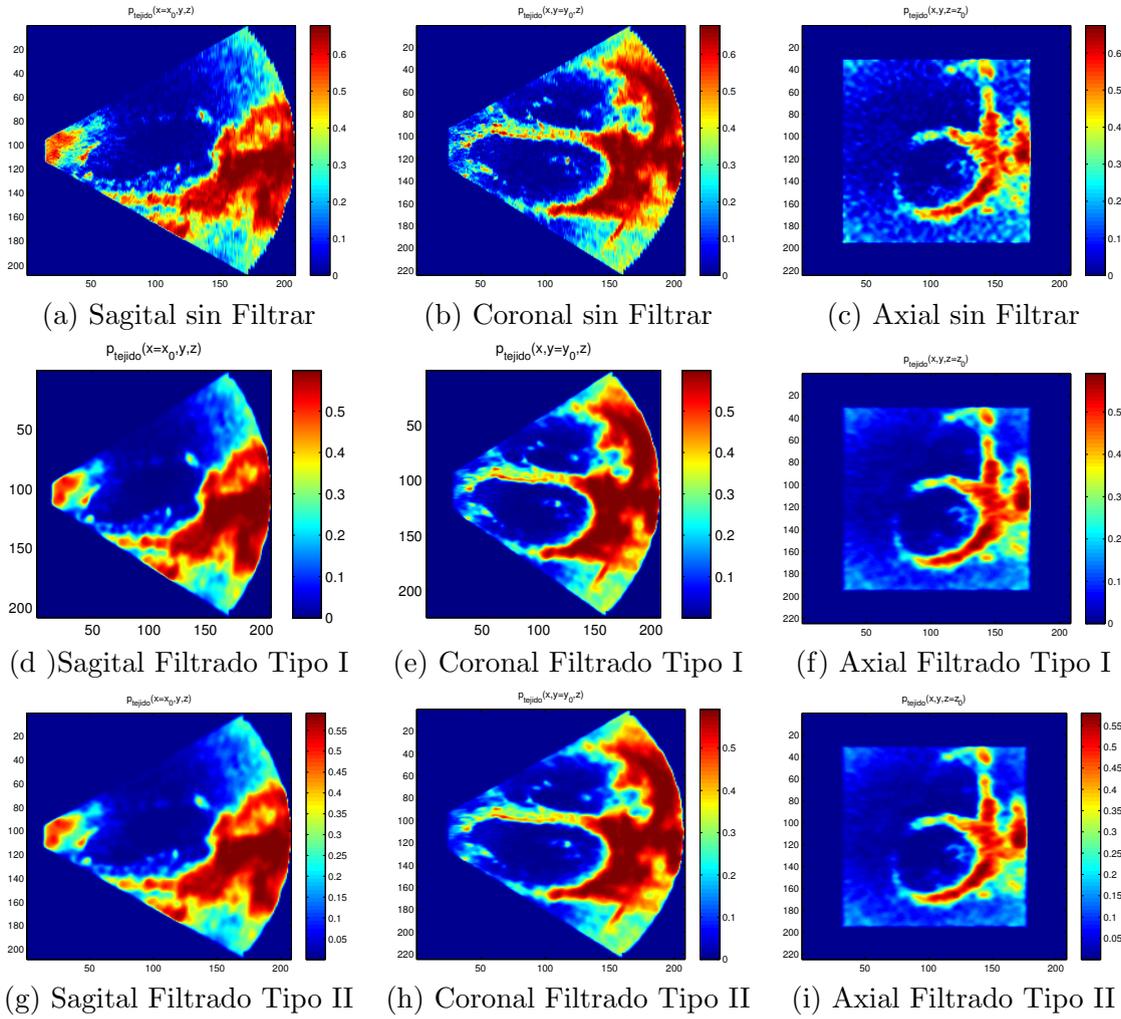


Figura 3.8: Comparativa de Mapas Filtrados con el Filtro de Memoria y sin Filtrar para cortes $x=120$, $y=120$ y $z=120$ respectivamente para tiempos de relajación Tipo I y Tipo II.

del volumen filtrado.

3.4.2. Formulaci3n

Dado el tensor $\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)$ definido en la secci3n anterior a trav3s de los mapas de probabilidad, el filtro propuesto se basa en la convoluci3n variante,

$$f(\mathbf{r}) = \int_{\Omega \subset \mathbb{R}^3} K(\mathbf{r}, \mathbf{r}') u(\mathbf{r} - \mathbf{r}') d\mathbf{r}' \quad (3.27)$$

con $u(\mathbf{r})$ la imagen a filtrar definida en Ω , y

$$K(\mathbf{r}', \mathbf{r}) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{3}{2}} |\mathbf{D}(\mathbf{r})|^{\frac{3}{2}}} e^{-\frac{1}{2} \mathbf{r}'^t \mathbf{D}^{-1}(\mathbf{r}) \mathbf{r}'} \quad (3.28)$$

Recordando que $\mathbf{D}(\mathbf{r}) = \mathbf{E}(\mathbf{r})\mathbf{\Lambda}(\mathbf{r})\mathbf{E}^T(\mathbf{r})$, la convolución de la ecuación 3.27 se realiza en las direcciones ortogonales de las columnas de $\mathbf{E}(\mathbf{r})$ con varianzas las entradas de la matriz diagonal $\mathbf{\Lambda}(\mathbf{r})$ [55]. Se puede demostrar [55] que la convolución de la Ecuación 3.27 se puede realizar de forma separable, con la realización de tres convoluciones variantes unidimensionales. En concreto, se tiene que

$$f(\mathbf{r}) = K_3 *_{\mathbf{e}_3} K_2 *_{\mathbf{e}_2} K_1 *_{\mathbf{e}_1} u(\mathbf{r}) \quad (3.29)$$

donde se ha usado la notación propuesta en [55] como:

$$(K_j *_{\mathbf{e}_j} u)(\mathbf{r}) := \int_{-\infty}^{\infty} K_j(\lambda) u(\mathbf{r} - \lambda \mathbf{e}_j) d\lambda \quad (3.30)$$

con K_j el kernel Gaussiano unidimensional con varianza $\Lambda_j(\mathbf{r})$. El problema de esta implementación es que en general los puntos $\mathbf{r} - \lambda \mathbf{e}_j$ para $j = 1, 2, 3$ no caen en el dominio \mathbb{N}^3 donde está definido el volumen discreto. Por lo tanto, es necesario utilizar algún método de interpolación, incurriendo en errores y en un tiempo computacional considerable. En el trabajo de [55] se propone la descomposición de la matriz inversa de covarianzas a través del método de Choleski, ya que se demuestra que esta factorización es óptima. En nuestro caso, realizaremos lo mismo para el tensor $\mathbf{D}(\mathbf{r})$.

3.4.3. Descomposición eficiente: Choleski

El objetivo es descomponer el tensor $\mathbf{D}(\mathbf{r})$ en una factorización $\mathbf{V}(\mathbf{r})\mathbf{\Sigma}(\mathbf{r})\mathbf{V}(\mathbf{r})^T$ de forma que el número de interpolaciones necesarias para ajustar los puntos reales a \mathbb{N}^3 sea el mínimo posible y se puedan reducir a interpolaciones unidimensionales en vez de bidimensionales o incluso tridimensionales. Por ello, es obvio que el tensor $\mathbf{V}(\mathbf{r})$ debe tener el número máximo de ceros posible o en su defecto unos para que los pasos discretos caigan en la malla discreta. Dado que el tensor $\mathbf{D}(\mathbf{r})$ es simétrico existen 6 grados de libertad para ajustar la factorización. La matriz diagonal $\mathbf{\Sigma}(\mathbf{r})$ puede utilizarse para ajustar las entradas de la diagonal. Por lo tanto, el tensor $\mathbf{V}(\mathbf{r})$ debe poder ajustar los 3 grados de libertad restantes. En resumen, $\mathbf{V}(\mathbf{r})$ de $3 \times 3 = 9$ componentes debe reservar al menos 3 componentes para ajustar la factorización, y tener el máximo número de 0 y 1 posible. La solución que se propone es que $\mathbf{V}(\mathbf{r})$ sea triangular superior con diagonal unitaria. Como una matriz diagonal por una matriz triangular sigue siendo triangular, llamando $\mathbf{R}(\mathbf{r}) = \mathbf{\Sigma}^{\frac{1}{2}}(\mathbf{r})\mathbf{V}(\mathbf{r})$ tenemos que $\mathbf{D}(\mathbf{r}) = \mathbf{R}(\mathbf{r})\mathbf{R}(\mathbf{r})^T$. Queda por asegurar que realmente existe dicha factorización.

Demostración: Como $\mathbf{D}(\mathbf{r}) = \mathbf{E}(\mathbf{r})\mathbf{\Lambda}(\mathbf{r})\mathbf{E}^T(\mathbf{r})$, llamado $\mathbf{B}(\mathbf{r})$ a $\mathbf{\Lambda}(\mathbf{r})^{\frac{1}{2}}\mathbf{E}(\mathbf{r})$ tenemos que $\mathbf{D}(\mathbf{r}) = \mathbf{B}(\mathbf{r})^T\mathbf{B}(\mathbf{r})$ (Nótese que las entradas de $\mathbf{\Lambda}(\mathbf{r})$ son no negativas). $\mathbf{B}(\mathbf{r})$ por ser cuadrada, admite una descomposición QR, $\mathbf{B}(\mathbf{r}) = \mathbf{Q}(\mathbf{r})\mathbf{R}(\mathbf{r})$. Entonces,

$$\mathbf{D}(\mathbf{r}) = \mathbf{R}^T(\mathbf{r})\mathbf{Q}^T(\mathbf{r})\mathbf{Q}(\mathbf{r})\mathbf{R}(\mathbf{r}) = \mathbf{R}^T(\mathbf{r})\mathbf{R}(\mathbf{r}) \quad (3.31)$$

por ser $\mathbf{Q}(\mathbf{r})$ ortonormal. □

3.4. FILTRO CON KERNEL GAUSSIANO VARIANTE

Esta demostración sirve como método para obtener la factorización. Se realiza una descomposición QR de $\mathbf{\Lambda}(\mathbf{r})^{\frac{1}{2}}\mathbf{E}(\mathbf{r})$ y posteriormente se obtiene $\Sigma(\mathbf{r})$ y $\mathbf{V}(\mathbf{r})$. Sin embargo, para evitar métodos numéricos usaremos las fórmulas propuestas en [55] que determina $\mathbf{V}(\mathbf{r})$ y $\Sigma(\mathbf{r})$ directamente de las componentes de $\mathbf{D}(\mathbf{r})$.

3.4.4. Implementación

El método propuesto para implementar es el mostrado en la ecuación 3.29 pero con las direcciones de las columnas de $\mathbf{V}(\mathbf{r})$. Con la notación para $\mathbf{V}(\mathbf{r}) = [\mathbf{v}_1, \mathbf{v}_2, \mathbf{v}_3]$ (se ha omitido la dependencia con \mathbf{r} para las columnas por cuestiones de simplicidad) como

$$\mathbf{V}(\mathbf{r}) = \begin{pmatrix} 1 & v_{x2} & v_{x3} \\ 0 & 1 & v_{y3} \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \quad (3.32)$$

Se derivan las componentes en función del tensor $\mathbf{D}(r)$ como

$$v_{x2} = \frac{D_{1,2}D_{3,3} - D_{1,3}D_{2,3}}{D_{2,2}D_{3,3} - D_{2,3}^2} \quad (3.33)$$

$$v_{x3} = \frac{D_{1,3}}{D_{3,3}} \quad (3.34)$$

$$v_{y3} = \frac{D_{1,2}}{D_{3,3}} \quad (3.35)$$

Las componentes de $\Sigma(\mathbf{r})$ se obtienen como

$$\Sigma_1 = D_{1,1} - \frac{(D_{1,2}D_{3,3} - D_{1,3}D_{2,3})^2}{D_{3,3}(D_{2,2}D_{3,3} - D_{2,3}^2)} \quad (3.36)$$

$$\Sigma_2 = D_{2,2} - \frac{D_{2,3}^2}{D_{3,3}} \quad (3.37)$$

$$\Sigma_3 = D_{3,3} \quad (3.38)$$

Con estos parámetros obtenidos, la operación de la ecuación (3.30) consiste en filtrado Gaussiano unidimensional en la dirección \mathbf{v}_j $j=1,2,3$ con varianza Σ_j $j = 1, 2, 3$. La implementación discreta más obvia es la suma de convolución

$$u(n, m, k)_{\mathbf{v}_j} = \sum_i K_j(i; n, m, k)u(n - v_{xj}i, m - v_{yj}i, k - v_{zj}i) \quad (3.39)$$

Este filtro Gaussiano discreto unidimensional se puede implementar de forma eficiente con los métodos de Deriche [56] y Young [57], que utilizan ecuaciones recursivas para evitar el sumatorio. Esto es importante cuando la varianza del kernel Gaussiano es grande Σ_j , ya que en este caso un truncamiento aceptable del sumatorio es quedarse con los $4\Sigma_j$ primeros términos de un lado del filtro (Como el kernel Gaussiano es simétrico, el sumatorio se puede reducir a $i > 0$). Si Σ_j es menor que 1, la ventaja computacional no es tal, y se puede truncar el sumatorio en 4 términos. Este es el método que describiremos y que ha sido implementado.

Interpolación eficiente

Si $j = 3$ no tenemos que realizar una interpolación en tres dimensiones, ya que $v_{zj} = 1$ y los desplazamientos en la variable z siempre caen en la rejilla discreta definida. Sólo es necesario una interpolación 2D. Por ejemplo, podemos recorrer cada plano $z = k$ $k = \max Z, \dots, 1$ y realizar la interpolación 2D de la imagen. Esta interpolación 2D puede paralelizarse para cada plano z .

Después de realizar el filtrado en la dirección $j = 3$, es necesario realizarlo para $j = 2$. Lo primero a tener en cuenta es que este filtrado puede realizarse de forma paralela para todos los planos de z ya que $v_{zj} = 0$. Como $v_{yj} = 1$ no es necesario realizar una interpolación 2D sino una 1D.

El filtrado en la dirección $j = 1$ es el más sencillo, pues sólo requiere filtrar en la dirección x . Además como $v_{xj} = 1$ no es necesario realizar ninguna interpolación.

3.4.5. Resultados y Conclusión

La imagen eco 3D filtrada que se muestra a continuación y sus mapas de probabilidad asociados se han obtenido con la versión 2D de este filtro. Esto es así porque, aunque la implementación en 3D es sencilla conocido $\mathbf{D}(\mathbf{r})$, para determinar este tensor se necesita un detector de bordes 3D (derivadas direccionales en sus autovalores). En la Figura 3.10 se muestra una comparativa de los mapas de probabilidad de tejido estimados. El filtro de memoria es el que proporciona unos mapas de probabilidad más regularizados. Los espurios no son tan notables como en el caso de los mapas de probabilidad sin filtrar. El filtro de kernel Gaussiano variante proporciona una regularización aceptable, sin embargo todavía se observa cierto patrón granular. En su favor podemos valorar el bajo tiempo de cómputo.

3.4. FILTRO CON KERNEL GAUSSIANO VARIANTE

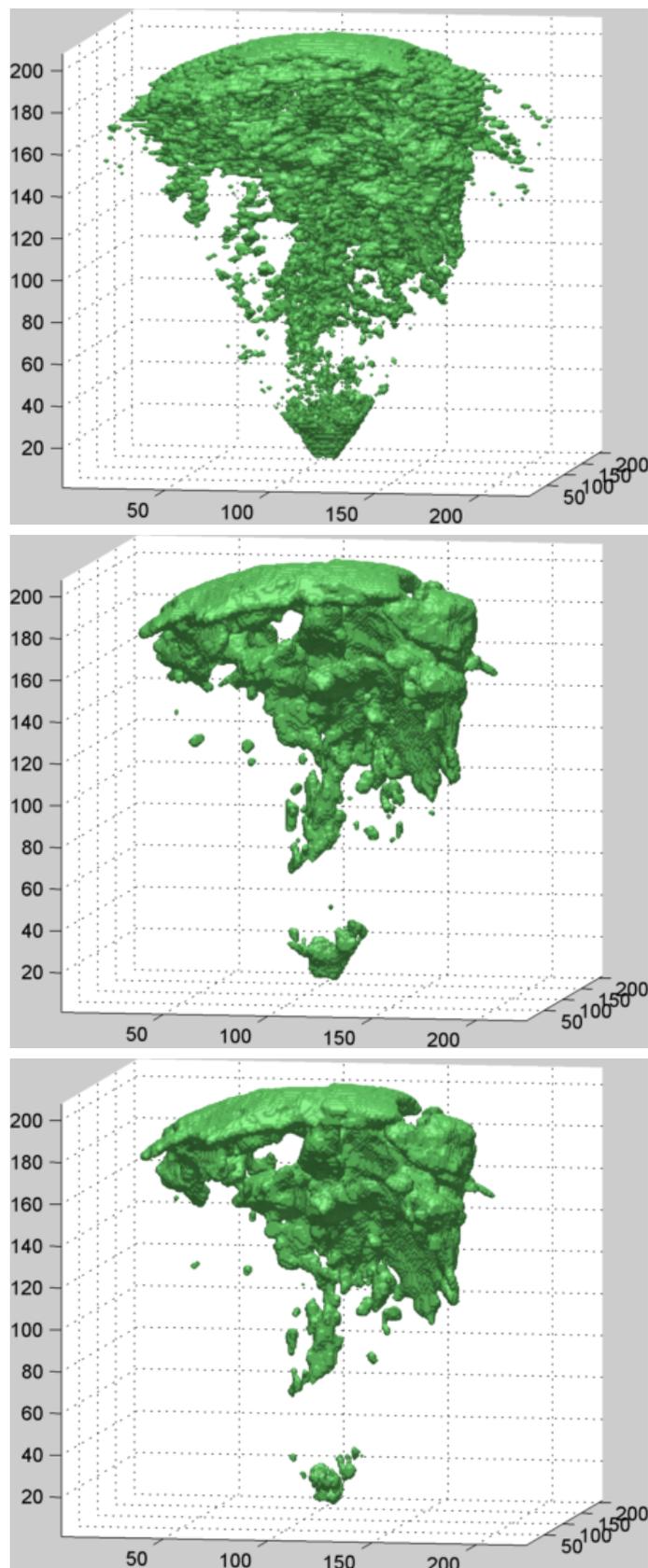


Figura 3.9: Comparativa de Mapas Filtrados con el Filtro de Memoria (Tipo I y Tipo II) y sin Filtrar como superficies 3D.

3.4. FILTRO CON KERNEL GAUSSIANO VARIANTE

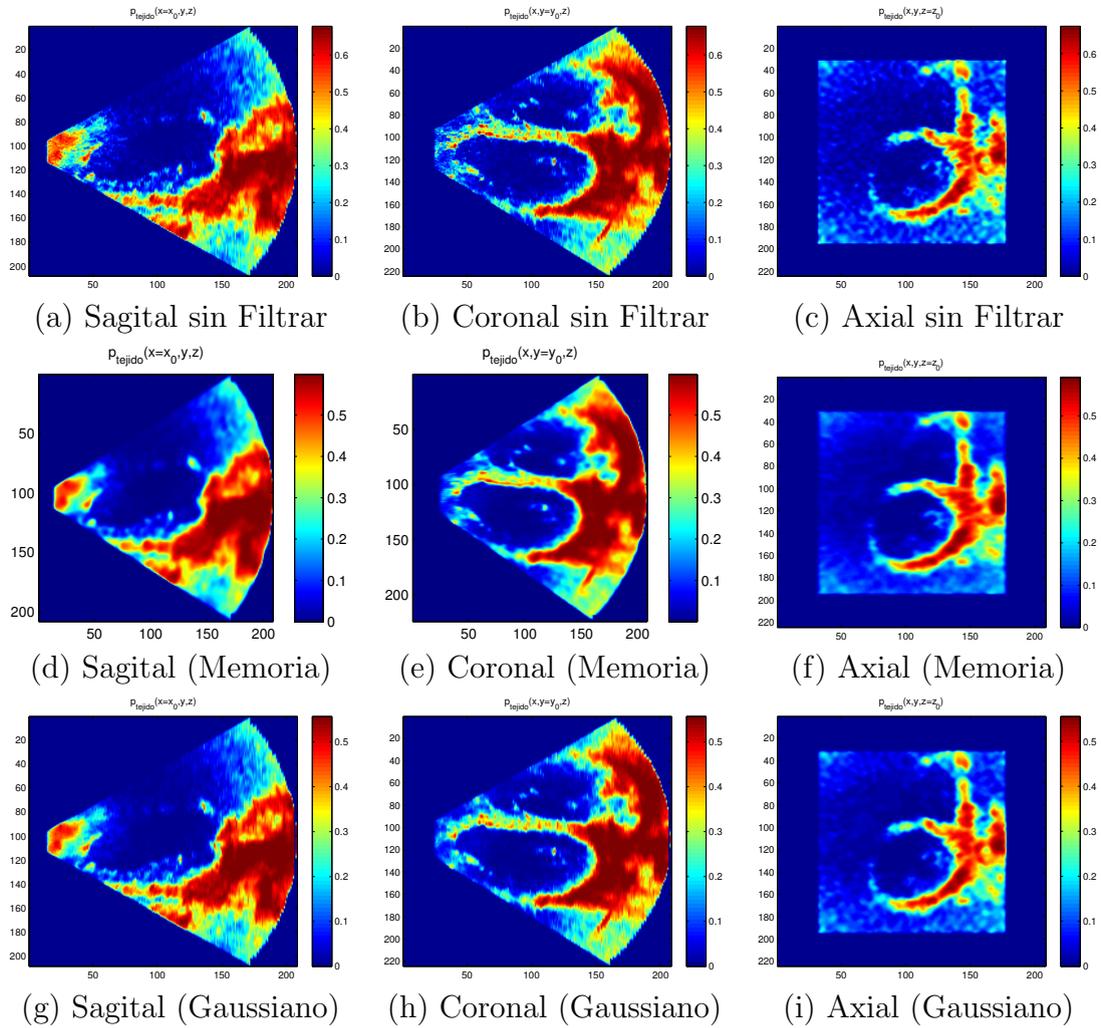


Figura 3.10: Comparativa de Mapas Filtrados con el Filtro de Memoria, Filtro de Kernel Gaussiano y sin Filtrar para cortes $x=120$, $y=120$ y $z=120$.

Capítulo 4

Segmentación de tejidos en Ecocardiografías 3D: Active Shape Models

En este capítulo se describen los Active Shape Models como método de segmentación en ecocardiografías. Un estado del arte de la segmentación en ultrasonidos permite comprender la utilidad de los ASM en segmentación médica en relación a métodos más generalistas como level-sets o detectores de bordes 4.1. Se detallan los modelos de forma estadísticos (SSM) 4.2.1, así como el Análisis por Componentes Principales (PCA) que constituye una parte fundamental en el análisis y síntesis de ese modelo. Estos modelos en combinación con métodos de búsqueda conforman los ASM cuyo procedimiento iterativo se describe en la sección 4.2.2. Se presenta el aspecto de la robustez como el principal problema que presentan los ASM debido a la inicialización arbitraria o basada en métodos inadecuados para imagen ultrasónica 4.2.5. Finalmente, un repaso de los métodos de inicialización de ASM en ecografías 3D junto a unas conclusiones permite plantear posibles líneas de actuación y motivar la propuesta que en este trabajo se realiza.

4.1. Estado del Arte de la Segmentación en US

La peculiaridad de la segmentación en imágenes de Ultrasonidos es la dependencia con la calidad de los datos. Mientras que en otras modalidades de imagen como tomografía computarizada (CT) o resonancia magnética (MRI) la aplicación de métodos de procesamiento de imagen generales es suficiente, en el caso de ultrasonidos se hace necesario un diseño específico de algoritmos *ad hoc* que tengan en cuenta la compleja naturaleza involucrada en la adquisición ultrasónica [1]. En este apartado se citan alguno de los métodos utilizados en la última década, sin entrar en detalle en los Active Shape Models, ASM, que serán detallados en las secciones posteriores. Básicamente se ha realizado un resumen del artículo de Alison Noble y Djmal Boukerroui [1] enfocado en la segmentación de ecocardiografías 3D. La mayoría de

los métodos de segmentación en ecocardiografías tienen como objetivo detectar el ventrículo izquierdo o el movimiento del endocardio para estimar medidas como el volumen del ventrículo o la fracción de eyección. Coppini *et.al.* [3] proponen un método de segmentación del ventrículo izquierdo utilizando los cruces por cero de un operador de bordes Gaussiano para cada corte 2D de una imagen eco 3D. Después de la clasificación de los cruces como segmentos de bordes (utilizando redes neuronales) utilizan un modelo de superficie elástico para ajustarse a los puntos clasificados como bordes. Un esquema similar en cuanto al ajuste de un modelo de superficie se propone en el trabajo de Song *et.al* [58], donde se busca la superficie 3D que maximice un funcional bajo un esquema Bayesiano. Corsi *et.al.*[4] plantean un algoritmo basado en level-sets para la segmentación del ventrículo izquierdo. El level-set requería ser inicializado usando una delineación manual por un especialista. En vista a superar el hecho de tener fronteras no conectadas (como ocurre típicamente en la segmentación de US), Sarti *et.al.* [59] propusieron las “*Subjective Surfaces*”, donde cada uno de los level sets evolucionaba a una velocidad diferente con el propósito de evitar obtener fronteras inconexas.

Todos estos métodos tienen en común la falta de un modelo *a priori* de la forma del objeto a segmentar. De esta forma, los resultados de la segmentación pueden diferir significativamente de la forma esperada del ventrículo izquierdo o del endocardio. Los modelos de forma incluyen información de la estructura del objeto, imponiendo restricciones en las regiones que con segmentadas con los algoritmos anteriores. Alguno de estos modelos son los *Active Contour Models* o snakes propuestos por Kass *et.al.* [60] donde el contorno del objeto es modelado imponiendo restricciones que aseguren un contorno suficientemente suave o que limiten la capacidad de este para deformarse. Otro ejemplo de modelos de forma son los modelos en series de Fourier, propuesto en [61] donde la forma del objeto es modelada por descriptores de Fourier cuya información está incluida en los coeficientes del desarrollo. El problema de estos dos modelos de forma es que las restricciones que imponen para asegurar la obtención de una segmentación realista son demasiado estrictas. Una considerable ventaja se obtiene si se consideran estas restricciones bajo una interpretación estadística.

4.2. Active Shape Models

Los modelos de forma activos, (ASM, por su notación anglosajona), utilizan un modelo de forma estadístico junto a un proceso iterativo para realizar la segmentación de una región en la imagen 3D. De esta forma, se imponen restricciones en el espacio de regiones candidatas a ser segmentadas, pero sin ser estas restricciones demasiado estrictas. El grado de variabilidad que pueden poseer las regiones a segmentar viene incluido en la descripción estadística del modelo.

4.2.1. Modelos de Forma Estadísticos: *Point Distribution Model*

Los modelos de forma estadísticos, SSM en adelante, han sido propuestos en las últimas décadas como una forma de evitar la excesiva rigidez de los modelos de forma antes mencionados. En este trabajo utilizaremos el SSM propuesto por Cootes *et.al.* en su famoso artículo [6], *Point Distribution Models*, que supone una mejora frente a los métodos de Mardia *et.al* [62] donde se determina la frontera de un objeto partiendo de una secuencia de puntos cuyas dependencias se codifican en la matriz de covarianza.

La necesidad de que los modelos de forma estadísticos posean suficiente flexibilidad para modelar las diferentes variaciones de los objetos que representan hace que una aproximación realista sea el reconocimiento de patrones previo paso de la creación del modelo. En particular, lo que se desea es capturar la distribución probabilística de determinadas características diferenciadoras del objeto que se desea modelar. Esto se realiza seleccionando un conjunto de N puntos $\mathbf{r}_n = (x_n, y_n, z_n)$, $n = 1, \dots, N$ considerados importantes para la caracterización del objeto, denominados *landmarks*. Cómo elegir dichos puntos no es trivial y determina en parte el buen funcionamiento del modelo. Cootes *et. al.* realiza una clasificación de los *landmarks* en función de su significado:

1. **Dependientes de la aplicación en concreto.** Su significado está relacionado con el objeto que el modelo trata de representar. Por ejemplo el centro de una circunferencia en un modelo de un ojo [6].
2. **Independientes de la aplicación.** No existe relación entre la definición de los puntos y el objeto que modelan. Algún ejemplo estos *landmarks* puede ser el punto más alto de un objeto en una dirección determinada \mathbf{v} o un punto que determina un extremo en la curvatura.
3. **Dependientes con otros puntos.** La definición de estos *landmarks* viene determinada por su relación con sus puntos vecinos o con otros del modelo. Por ejemplo, dados un par de puntos \mathbf{r}_1 y \mathbf{r}_2 que determinan una curva en un espacio 3D, se pueden definir los puntos de este tipo de categoría como aquellos que crean una partición equiespaciada de dicha curva. Debido a que estos puntos presentan una fuerte dependencia con sus vecinos, pueden ser modelados probabilísticamente de forma satisfactoria con modelos markovianos.

Un ejemplo de la sección de *landmarks* para construir el SSM de una mano se muestra en la Figura 4.1. Dicho SSM se encuentra en un paquete de Matlab implementado por Dirk Jan Kroon¹.

¹<http://www.mathworks.com/matlabcentral/fileexchange/26706-active-shape-model-asm-and-active-appearance-model-aam>

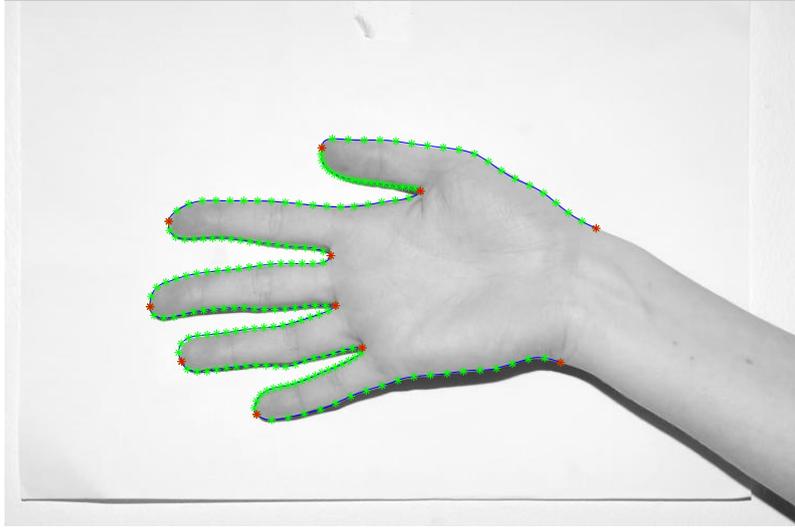


Figura 4.1: Ejemplo de selección de *landmarks* para un SSM de manos.

Estos N puntos en \mathbb{R}^3 al variar para cada “realización” del objeto que representan, bien pueden considerarse como vectores aleatorios, $\mathbf{r} : \Omega \rightarrow \mathbb{R}^3$ donde el espacio Ω está formado por las realizaciones del objeto. A estas realizaciones las denominaremos *formas*. Es importante notar que para caracterizar probabilísticamente \mathbf{r} necesitamos un conjunto de entrenamiento constituido por diferentes ejemplos del objeto a modelar. Para que este paso esté bien realizado, es de suma importancia que el conjunto de entrenamiento esté alineado bajo una referencia. Para ello, definimos el vector de parámetros de la forma i -ésima de un objeto, $\mathbf{v}_i \in \mathcal{R}^{3N}$ como

$$\mathbf{v}_i = (x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{iN}, y_{i1}, y_{i2}, \dots, y_{iN}, z_{i1}, z_{i2}, \dots, z_{iN})^T \quad (4.1)$$

donde los N puntos 3D de la forma i -ésima son $\mathbf{r}_n = (x_n, y_n, z_n)^T$. Si el conjunto de entrenamiento está formado por S formas, es preciso que todos los \mathbf{v}_i , $i = 1, \dots, S$, estén alineados. Este alineamiento se puede llevar a cabo utilizando transformaciones geométricas simples como traslaciones, rotaciones y contracciones. En el artículo original de Cootes se propone un procedimiento iterativo para calcular dicho alineamiento. Este procedimiento se basa en alinear un par de formas \mathbf{v}_i y \mathbf{v}_j de la siguiente forma: Para alinear la forma j -ésima con la referencia i -ésima se define el error:

$$E_j = (\mathbf{v}_i - M(s_j, \alpha_j, \beta_j, \gamma_j)[\mathbf{x}_j] - \mathbf{t}_j)^T \mathbf{W} (\mathbf{v}_i - M(s_j, \alpha_j, \beta_j, \gamma_j)[\mathbf{x}_j] - \mathbf{t}_j) \quad (4.2)$$

donde \mathbf{t}_j representa la traslación y la aplicación $M : \mathbb{R}^3 \rightarrow \mathbb{R}^3$ opera sobre cada punto $(x_{jk}, y_{jk}, z_{jk})^T$ de la siguiente manera:

$$M(s, \alpha, \beta, \gamma) \begin{bmatrix} x_{jk} \\ y_{jk} \\ z_{jk} \end{bmatrix} = T(s) \mathbf{R}_x(\alpha) \mathbf{R}_y(\beta) \mathbf{R}_z(\gamma) \begin{bmatrix} x_{jk} \\ y_{jk} \\ z_{jk} \end{bmatrix} \quad (4.3)$$

donde la matriz $\mathbf{T}(s)$ realiza la contracción y las matrices \mathbf{R}_x , \mathbf{R}_y , \mathbf{R}_z realizan rotaciones en el eje x , y , z respectivamente. El orden de estas rotaciones influye en el

4.2. ACTIVE SHAPE MODELS

resultado final, por lo que debe ser el mismo para todas las formas \mathbf{v}_j . La matriz diagonal \mathbf{W} establece los pesos del error para dar más importancia a aquellos *landmarks* más estables, permitiendo un mayor error en puntos con mucha variabilidad. Los parámetros $\{\mathbf{t}_j, s, \alpha, \beta, \gamma\}$ se determinan minimizando E_j . Teniendo en cuenta esto, el procedimiento para alinear las S formas es el siguiente:

1. Elección de la media de las S formas como referencia, $\bar{\mathbf{v}}$. Inicialmente se elije unas de las S formas.
2. Calcular el error E_j para el resto de las $S - 1$ formas maximizando los parámetros anteriores.
3. Calculo de la forma media, $\bar{\mathbf{v}}$ con las S formas alineadas.
4. Normalización de la orientación, escala y origen de la forma media.
5. Vuelta al paso 1 hasta que se produzca convergencia.

Una vez que se han alineado las S formas el siguiente paso es el modelado de sus variaciones. La suposición previa es la de que todas las formas del entrenamiento pertenecen al espacio de posibles formas del objeto, $\mathcal{A} \subset \mathbb{R}^{3N}$, denominado en la literatura inglesa “*Allowable Shape Domain*”. Todas las formas del objeto a modelar viven en dicho espacio. Si podemos caracterizarlo, existe la posibilidad de generar nuevas formas que cumplan con el requisito de pertenencia. Una primera aproximación es la de estimar la distribución probabilística de la forma del objeto respecto a las realizaciones que poseemos. Posteriormente, el método más obvio para generar nuevas formas es el de usar el método de la transformada inversa [63]. Otra posibilidad es la de buscar un modelo paramétrico que genere las posibles formas del espacio \mathcal{A} . Es decir,

$$\mathbf{v} = M(\mathbf{b}) \quad (4.4)$$

donde el vector de parámetros \mathbf{b} tiene una naturaleza aleatoria. Este tipo de modelo se plantea para que los grados de libertad sean menores que los de \mathbf{v} . Por ello, normalmente el vector \mathbf{b} tiene una dimensión mucho menor que $3N$. Estimando la distribución de probabilidad de \mathbf{b} podemos generar nuevas formas siempre y cuando conozcamos el operador $M(\cdot)$. Las restricciones necesarias para generar formas que realmente pertenezcan a \mathcal{A} se imponen sobre el comportamiento de \mathbf{b} .

La aproximación más utilizada en la práctica se basa en describir el conjunto \mathcal{A} empleando un conjunto de autovectores $\{\mathbf{p}_1, \mathbf{p}_2, \dots, \mathbf{p}_{3N}\}$. Eligiendo un número $t \ll 3N$ de ellos, se busca aproximar todas las formas de \mathcal{A} en base al sistema generador formado por estos t autovectores. Cualquiera de las formas del conjunto de entrenamiento \mathbf{v}_j , se puede aproximar en este subespacio como

$$\mathbf{v}_j \approx \mathbf{p}_1 b_1 + \mathbf{p}_2 b_2 + \dots + \mathbf{p}_t b_t \quad (4.5)$$

con $b_j = \mathbf{p}_j^T \mathbf{v}_j$.

La elección del conjunto de autovectores $\{\mathbf{p}_1, \mathbf{p}_2, \dots, \mathbf{p}_{3N}\}$ no se realiza de forma arbitraria sino siguiendo un criterio que recoja la mayor información posible de los datos disponibles \mathbf{v}_j , $j = 1, \dots, 3N$. Para ello se utiliza el método de Análisis por Componentes Principales, PCA por sus siglas en inglés (*Principal Component Analysis*).

Análisis por Componentes Principales

El Análisis por Componentes Principales es una técnica que para un vector de datos aleatorio \mathbf{x} busca representar dicho vector en un nuevo sistema de coordenadas cuyos autovectores sean ortogonales y las varianzas de las componentes sean máximas. Su objetivo es el de proporcionar la mayor información posible de un conjunto de datos con un número reducido de componentes. Para entenderlo de forma más clara pensemos en el siguiente ejemplo bidimensional de la Figura 4.2, donde se muestran las realizaciones de un vector aleatorio en 2D.

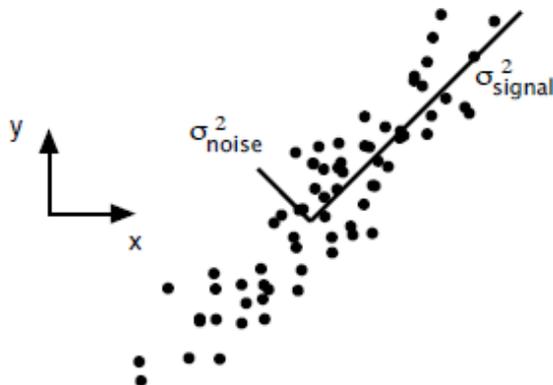


Figura 4.2: Ejemplo bidimensional de PCA.

Intuitivamente parece claro que existe una relación lineal entre sus componentes, lo que implicaría que este vector aleatorio se podría caracterizar con una sola componente, si conociésemos la pendiente de dicha recta. En otras palabras, parece conveniente elegir un nuevo sistema de coordenadas con sus vectores en la dirección “signal” y en la dirección “noise”. Ambos vectores son ortogonales y la dispersión de los datos es máxima en dichas direcciones (varianza máxima). Si el vector de datos es \mathbf{x} , entonces,

$$\mathbf{x} = \lambda_1 \mathbf{p}_{signal} + \lambda_2 \mathbf{p}_{noise} \approx \lambda_1 \mathbf{p}_{signal} \quad (4.6)$$

De esta forma el sistema quedaría descrito por un sólo parámetro p_{signal} . Para el caso de dimensiones superiores a 2 se puede proceder de la siguiente forma: Inicialmente se busca el vector \mathbf{p}_1 cuya varianza de la coordenada sea máxima. Es decir, si $b_1 = \mathbf{p}_1^T \mathbf{x}$, entonces su varianza $\sigma_{b_1}^2$ es:

$$\sigma_{b_1}^2 = \mathbf{p}_1^T \mathbf{C}_x \mathbf{p}_1 \quad (4.7)$$

donde \mathbf{C}_x es la matriz de covarianzas de \mathbf{x} . Si buscamos el \mathbf{p}_1 que maximiza la expresión anterior con la imposición de que su norma sea unitaria (de otro modo es

4.2. ACTIVE SHAPE MODELS

trivial que mientras mayor sea el módulo mayor será la varianza), llegamos utilizando multiplicadores de Lagrange a:

$$\mathbf{C}_x \mathbf{p}_1 = \lambda_1 \mathbf{p}_1 \quad (4.8)$$

donde λ_1 es el autovalor máximo de \mathbf{C}_x y \mathbf{p}_1 es el autovector asociado (existen $3N$). A continuación, se busca el vector \mathbf{p}_2 cuya varianza del autovalor sea máxima y que además sea ortogonal a \mathbf{p}_1 . De forma similar (consultar [64] para más detalles) se llega a que \mathbf{p}_2 debe ser el autovector de la matriz de covarianzas de \mathbf{x} con segundo máximo autovalor.

De forma similar, se resuelve el problema para los $3N - 2$ vectores restantes. La mejor aproximación a \mathbf{x} se obtiene al truncar la lista de los $3n$ autovectores, siempre y cuando estén ordenados en orden descendente del autovalor. De hecho, se puede demostrar que si

$$\mathbf{b} = \mathbf{P}^T \mathbf{x} \quad (4.9)$$

f donde $\mathbf{P} = [\mathbf{p}_1, \mathbf{p}_2, \dots, \mathbf{p}_t]$ y $\mathbf{C}_b = \mathbf{P}^T \mathbf{C}_x \mathbf{P}$, la traza de \mathbf{C}_b se maximiza cuando los t vectores de la matriz \mathbf{P} son los autovectores de la matriz de covarianzas \mathbf{C}_x [64, Pág. 11].

El análisis por componentes principales se suele realizar con vectores de muestras de media nula, por lo que un primer paso antes de su aplicación es el cálculo de la media y su posterior substracción del conjunto de datos. Además, es importante tener en cuenta que en la práctica se dispone de realizaciones del vector aleatorio \mathbf{v} es decir las S formas, \mathbf{v}_j , $j = 1, \dots, S$. De esta manera, los autovectores de la matriz de covarianzas \mathbf{C}_x se obtienen de la matriz de covarianza muestral. En la práctica, el análisis por componentes principales para el conjunto \mathcal{A} con las formas \mathbf{v}_j conlleva los siguientes pasos:

1. Se calcula la forma promedio $\bar{\mathbf{v}}$ que representa el centroide de \mathcal{A} a través de:
$$\bar{\mathbf{v}} = \frac{1}{S} \sum_{j=1}^S \mathbf{v}_j.$$
2. Resta de la media, definiendo $d\mathbf{v}_j$ como: $d\mathbf{v}_j = \mathbf{v}_j - \bar{\mathbf{v}}$.
3. Matriz de covarianza muestral del vector $d\mathbf{v}_j$: $\mathbf{S} = \frac{1}{S} \sum_{j=1}^S d\mathbf{v}_j d\mathbf{v}_j^T$.
4. Cálculo de los t autovectores de \mathbf{S} con autovalores máximos. En la práctica se eligen los valores suficientes t para que la varianza total, definida como $\lambda_T(t) = \sum_{k=1}^t \lambda_k$, cumpla que $\frac{\lambda_T(t)}{\lambda_T(3n)} \geq \text{Threshold}$. Normalmente este umbral (Threshold) se fija a 0.9.

A los t autovectores se les denomina modos principales. De esta forma, el vector aleatorio \mathbf{v} se puede aproximar por $\bar{\mathbf{v}} + \mathbf{P}\mathbf{b}$, donde $\mathbf{b} = \mathbf{P}^T \mathbf{v}$.

De forma inversa, variando el vector aleatorio \mathbf{b} bajo los límites impuestos por su propio distribución probabilística podríamos generar nuevas formas similares a \mathbf{v} . El vector \mathbf{b} está formado por t variables aleatorias IID. Además ambas poseen

media nula. Aun conociendo esto, la distribución probabilística es desconocida. La aproximación más común es la de suponerle una distribución Gaussiana [6]. Una posible explicación es la aplicación del Teorema del Límite Central en la combinación lineal de V.A. de $\mathbf{b} = \mathbf{P}^T \mathbf{v}$. Sin embargo, es preciso notar que las variables aleatorias v_1, v_2, \dots, v_{3N} no tienen por qué ser independientes ya que, por ejemplo, si son *landmarks* de tipo 3, existen dependencias entre aquellos que son vecinos, pudiéndose caracterizar con procesos de Markov.

La suposición Gaussiana funciona correctamente bien para una gran variedad de ejemplos, pero no puede representar variaciones no lineales de la forma [6]. Por este motivo, han existido trabajos donde se ha extendido el PCA a una versión no lineal usando modos polinomiales [65], perceptrones multicapa [66] o la incorporación de coordenadas polares para la rotación de partes del modelo [67]. Sin embargo, en nuestro trabajo supondremos el modelo más sencillo. Supondremos que el vector \mathbf{b} sigue una distribución Gaussiana multivariante. En este caso podemos determinar con facilidad el intervalo de variación permitido para generar formas aceptables y que estén contenidas en el conjunto \mathcal{A} . Podemos variar los $b_j, j = 1, \dots, t$ entre $-3\sqrt{\lambda_j}$ y $3\sqrt{\lambda_j}$ ya que la varianza de b_j es λ_j . Cada modo principal \mathbf{p}_j captura una característica propia de la forma del objeto. Para verlo de forma práctica, en la Figura 4.3 mostramos los ejemplos de los modelos de forma para una resistencia que fueron mostrados por Cootes en el artículo original de los ASM [6].

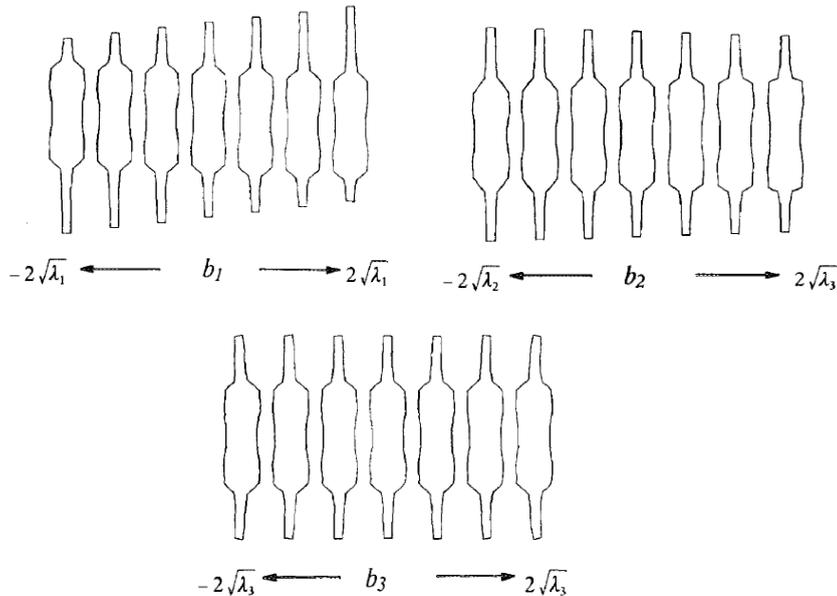


Figura 4.3: Ejemplo de variación de los tres primeros modos: Ejemplo de Resistencia de [6].

Al variar la componente principal del primer modo b_1 , vemos que este modo codifica la información del “cuerpo” de la resistencia a lo largo del cable, situándolo más arriba o más abajo. El segundo modo varía la geometría del “cuerpo” de la

4.2. ACTIVE SHAPE MODELS

resistencia y el último modo refleja la variación en la curvatura del cable.

A continuación se muestra un ejemplo de generación de formas con un modelo estadístico. Se ha utilizado el modelo de forma con el que se va ejemplificar el método de inicialización de ASM. Este modelo ha sido obtenido realizando un análisis por componentes principales de un atlas cardíaco a través de Tomografía Computerizada [11]. En concreto se utilizan únicamente las superficies clasificadas como endocardio para esta visualización y para los ejemplos ilustrativos del método propuesto. El modelo está constituido por 50 modos que recogen el 90 % de variación. En la Figura 4.4 se muestra la forma promedio en el centro y alrededor cuatro formas generadas variando el vector de parámetros \mathbf{b} .

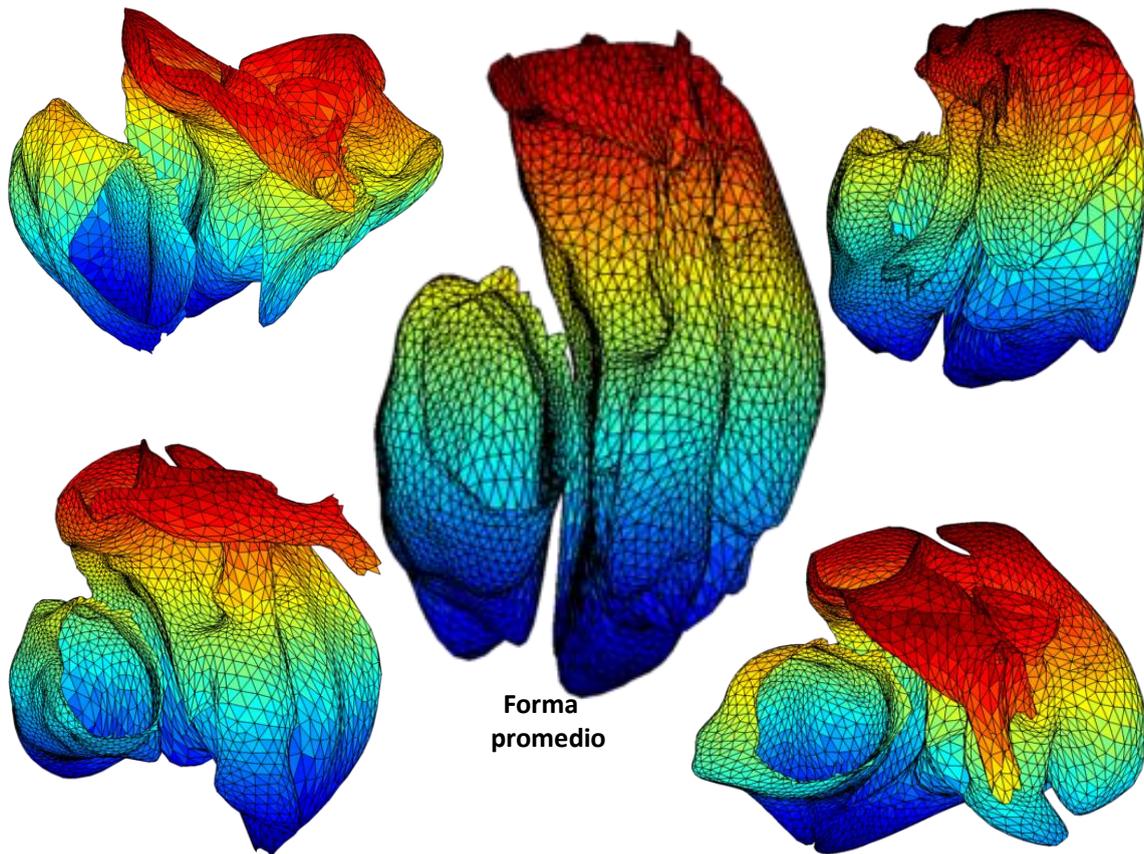


Figura 4.4: Forma promedio y varias formas generadas para el SSM del corazón usado en este trabajo.

4.2.2. SSM como método de búsqueda: Active Shape Models

Hasta ahora se han descrito los modelos estadísticos de forma (SSM), pero no su aplicación a segmentación de regiones. Los Active Shape Models (ASM) son los métodos de segmentación que incluyen la información del SSM para dicho propósito. Específicamente, se busca que sólo puedan determinarse como posibles regiones

aquellas que pertenezcan al conjunto \mathcal{A} . De forma muy breve, se puede decir que dada una forma de \mathcal{A} generada con el SSM y situada bajo un sistema de coordenadas adecuado en la imagen, esta modifica sus *landmarks* en búsqueda de la región deseada. La modificación de los *landmarks* se plantea en el dominio de definición de \mathbf{b} para –iterativamente– generar otra forma “permitida” que esté contenida en \mathcal{A} . El procedimiento iterativo a seguir es el siguiente:

1. Creación de una nueva forma con $\hat{\mathbf{v}} = \bar{\mathbf{v}} + \mathbf{P}\mathbf{b}$ e inicialización en una zona arbitraria de la imagen con $\mathbf{X} = M(s, \alpha, \beta, \gamma)[\hat{\mathbf{v}}] + \mathbf{t}$. Inicialmente $\mathbf{b} = 0$ (forma promedio).
2. Obtención de los parámetros de escala, rotación y traslación que minimizan un funcional de $T[\mathbf{X}]$ donde T es la aplicación que lleva a cabo estas transformaciones.
3. Actualización de las componentes principales \mathbf{b} proyectando $M^{-1}(s, \alpha, \beta, \gamma)[T[\mathbf{X}]] \in \mathcal{A}$ en el subespacio formado por las columnas de la matriz \mathbf{P} .
4. Vuelta al paso 1 con las componentes principales \mathbf{b} .

La inicialización del ASM, así como la elección del funcional, es crucial para obtener un buen ajuste [6]. Si ésta no es buena, el ASM se va a deformar de una forma en la que no se va a ajustar al objeto a segmentar. Para ejemplificar este hecho se ha utilizado la implementación de ASMs para segmentar manos que se citó al describir los SSM.

Para ello se realizan dos experimentos: uno de ellos con una inicialización cercana al contorno de la mano y el otro de forma que el borde un dedo coincida con el de otro. El efecto que va a tener esto es que se alcanza un máximo local en la optimización del ASM ya que dos contornos están coincidiendo pero no así el resto. El SSM se ha creado con 10 imágenes test de las cuáles una de ellas (la primera) se usa como *ground truth* para mostrar el funcionamiento del ASM. El número de iteraciones elegido es de 40. La secuencia de imágenes del ajuste ASM para la inicialización considerada correcta se muestra en la Figura 4.5. La inicialización inadecuada se muestra en la figura 4.6.

4.2.3. Estimación de la Transformación óptima: Método de Cuaterniones de Horn

La obtención de la transformación de inicialización $M[s, \alpha, \beta, \gamma]$ y \mathbf{t} y la búsqueda $\mathbf{T}[\cdot]$ suele realizarse en función del ajuste entre los *landmarks* candidatos y los actuales. Esto implica que, en general, no se puedan determinar las transformaciones para que cumplan todas las condiciones de enviar los *landmarks* actuales a los candidatos. Por ello, la solución más razonable es estimarla siguiendo algún criterio. En particular, este es el método que se utilizará en la propuesta de inicialización del ASM. Un criterio usual es el de minimizar la suma de los errores cuadráticos medios.

4.2. ACTIVE SHAPE MODELS

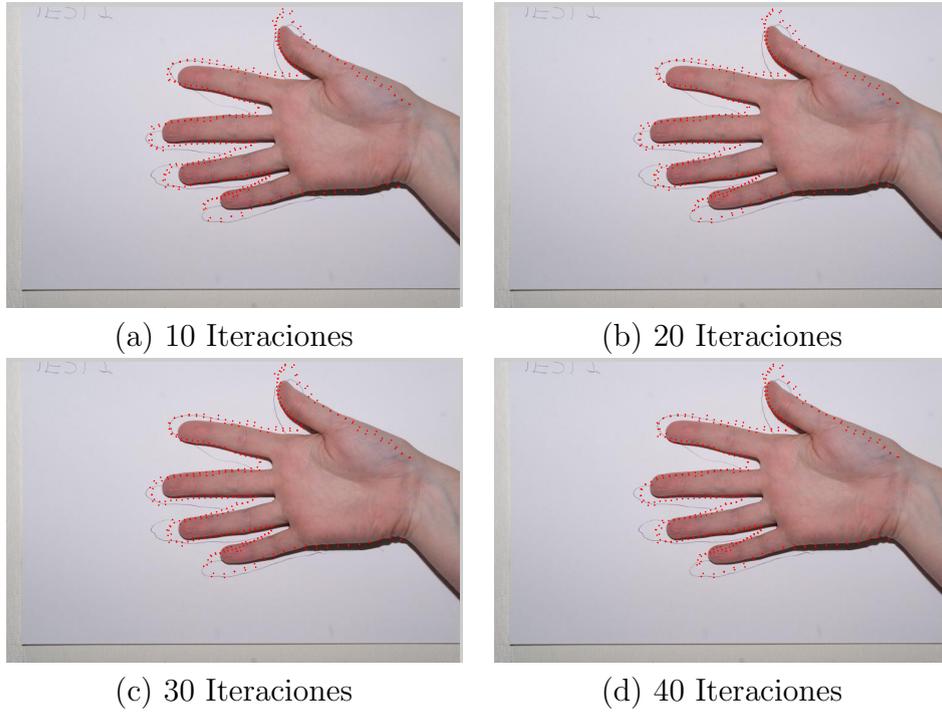


Figura 4.5: Ejemplo de Buena Inicialización de un ASM.

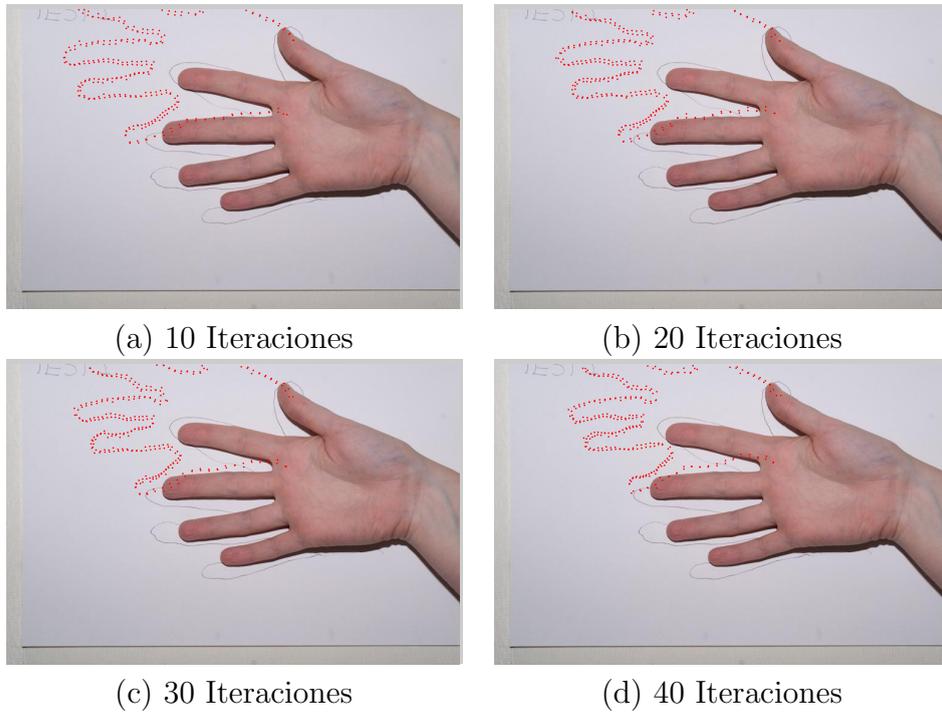


Figura 4.6: Ejemplo de Mala Inicialización de un ASM.

Es decir, sea el error \mathbf{e}_j entre el *landmark* \mathbf{r}_{jobj} y el actual \mathbf{r}_j , y una transformación genérica $\mathcal{R}\{\cdot\}$:

$$\mathbf{e}_j = \mathbf{r}_{jobj} - \mathbf{r}_j = \mathcal{R}\{\mathbf{r}_j\} - \mathbf{r}_j, j = 1, \dots, N \quad (4.10)$$

Entonces, la transformación óptima $\mathcal{R}^*\{.\}$ es aquella que minimiza

$$\sum_{j=1}^N \|e_j\|^2 \quad (4.11)$$

La transformación $\mathcal{R}^*\{.\}$ compuesta de una matriz de rotación, una escala y una traslación suele estimarse con un proceso iterativo, debido a la dificultad de obtener la matriz de rotación óptima con un método cerrado. En [14] se obtiene la solución a este problema con el método de cuaterniones. Describiremos brevemente el método. Sea \mathbf{R} la matriz de rotación, con esta notación,

$$\mathbf{e}_j = \mathbf{r}'_{jobj} - s\mathbf{R}(\mathbf{r}_j) - \mathbf{t}, j = 1, \dots, N \quad (4.12)$$

El problema se simplifica si se consideran los centroides de los *landmarks* objetivos $\bar{\mathbf{r}}_{obj}$ y los actuales $\bar{\mathbf{r}}$ y se definen nuevos puntos \mathbf{r}'_{jobj} y \mathbf{r}'_j relativos a ellos. Entonces,

$$\mathbf{e}_j = \mathbf{r}'_{jobj} - s\mathbf{R}(\mathbf{r}'_j) - \mathbf{t}', j = 1, \dots, N \quad (4.13)$$

y el error 4.11 queda

$$\sum_{j=1}^N \|\mathbf{r}'_{jobj} - s\mathbf{R}(\mathbf{r}'_j)\|^2 - 2\mathbf{t}'_0 \cdot \sum_{j=1}^N [\mathbf{r}'_{jobj} - s\mathbf{R}(\mathbf{r}'_j)] + N\|\mathbf{t}'_0\|^2 \quad (4.14)$$

donde $\mathbf{t}'_0 = \mathbf{t}_0 - \bar{\mathbf{r}}_{obj} + s\mathbf{R}(\bar{\mathbf{r}})$. El sumatorio del segundo término es nulo (gracias a definir los puntos referidos a sus centroides). Como el primer término no depende de \mathbf{t}'_0 , claramente el error se minimiza si $\mathbf{t}'_0 = 0$. Por lo que la traslación óptima (conocida s y \mathbf{R}) sería

$$\mathbf{t}^* = \mathbf{r}'_{jobj} - s\mathbf{R}(\bar{\mathbf{r}}) \quad (4.15)$$

Ahora desarrollando el error 4.11 tenemos,

$$\sum_{j=1}^N \|\mathbf{r}'_{jobj}\|^2 - 2s \sum_{i=1}^N \mathbf{r}'_{jobj} \cdot \mathbf{R}(\mathbf{r}'_j) + s^2 \sum_{j=1}^N \|\mathbf{r}'_j\|^2 \quad (4.16)$$

que se minimiza respecto a s (no lo demostraremos),

$$s^* = \frac{\sum_{i=1}^N \mathbf{r}'_{jobj} \cdot \mathbf{R}(\mathbf{r}'_j)}{\sum_{j=1}^N \|\mathbf{r}'_j\|^2} \quad (4.17)$$

Si se sustituye s^* en el error se llega a:

$$\frac{\sum_{j=1}^N \|\mathbf{r}'_{jobj}\|^2 \sum_{j=1}^N \|\mathbf{r}'_j\|^2 - (\sum_{i=1}^N \mathbf{r}'_{jobj} \cdot \mathbf{R}(\mathbf{r}'_j))^2}{\sum_{j=1}^N \|\mathbf{r}'_j\|^2} \quad (4.18)$$

que se minimiza si el término

$$\sum_{i=1}^N \mathbf{r}'_{jobj} \cdot \mathbf{R}(\mathbf{r}'_j) \quad (4.19)$$

es lo más grande posible lo que determina \mathbf{R}^* .

Aquí es donde entran en juego los cuaterniones, pues proporcionan una solución a este último problema de estimar la rotación óptima.

Cuaterniones

Los cuaterniones son una extensión de los números complejos descritos por primera vez por William Rowan Hamilton para su utilización en mecánica tridimensional [68]. Típicamente se denotan como:

$$\mathbf{q} = q_x + q_b \mathbf{i} + q_c \mathbf{j} + q_d \mathbf{k} \quad (4.20)$$

\mathbf{i} , \mathbf{j} y \mathbf{k} son las tres unidades imaginarias que cumplen

$$\begin{aligned} \mathbf{i}^2 &= \mathbf{j}^2 = \mathbf{k}^2 = -1 \\ \mathbf{ij} &= \mathbf{k} \quad \mathbf{jk} = \mathbf{i} \quad \mathbf{ki} = \mathbf{j} \\ \mathbf{ji} &= -\mathbf{k} \quad \mathbf{kj} = -\mathbf{i} \quad \mathbf{ik} = -\mathbf{j} \end{aligned}$$

La suma de cuaterniones es sencilla, se suman las componentes de cada unidad imaginaria y del término independiente considerando el cuaternión como un elemento de \mathbb{R}^4 . Para la multiplicación se aplica la propiedad distributiva como si se tratase de una suma de 4 términos reales, teniendo en cuenta las propiedades de las unidades imaginarias anterior y posteriormente identificando componentes. Esta multiplicación se denomina producto de Halmilton y se define para dos cuaterniones $\mathbf{q} = q_0 + q_x \mathbf{i} + q_y \mathbf{j} + q_z \mathbf{k}$ y $\mathbf{r} = r_0 + r_x \mathbf{i} + r_y \mathbf{j} + r_z \mathbf{z}$ como:

$$\begin{aligned} \mathbf{r}\mathbf{q} &= (r_0 q_0 - r_x q_x - r_y q_y - r_z q_z) \\ &+ \mathbf{i}(r_0 q_x + r_x q_0 + r_y q_z - r_z q_y) \\ &+ \mathbf{j}(r_0 q_y - r_x q_z + r_y q_0 + r_z q_x) \\ &+ \mathbf{k}(r_0 q_z + r_x q_y - r_y q_x + r_z q_0) \end{aligned} \quad (4.21)$$

Aunque la suma es conmutativa, el producto de Hamilton no lo es. Se puede expresar en forma matricial como

$$\mathbf{r}\mathbf{q} = \begin{pmatrix} r_0 & -r_x & -r_y & -r_z \\ r_x & r_0 & -r_z & r_y \\ r_y & r_z & r_0 & -r_x \\ r_z & -r_y & r_x & r_0 \end{pmatrix} \mathbf{q} = \mathbf{R}\mathbf{q} \quad (4.22)$$

interpretando \mathbf{q} como un vector en \mathbb{R}^4 . Además, se define el conjugado de \mathbf{q} como:

$$\bar{\mathbf{q}} = a - b\mathbf{i} - c\mathbf{j} - d\mathbf{k} \quad (4.23)$$

El producto escalar entre \mathbf{r} y \mathbf{q} se obtiene como:

$$\mathbf{r} \cdot \mathbf{q} = r_0 q_0 + r_x q_x + r_y q_y + r_z q_z \quad (4.24)$$

y de forma natural, la norma de \mathbf{q} , $\|\mathbf{q}\|^2$ como

$$\|\mathbf{q}\|^2 = \mathbf{q} \cdot \mathbf{q} \quad (4.25)$$

Se deduce, utilizando la multiplicación matricial para combinar productos escalares, la siguiente identidad

$$(\mathbf{p}\mathbf{q}) \cdot \mathbf{r} = \mathbf{p} \cdot (\mathbf{r}\bar{\mathbf{q}}) \quad (4.26)$$

Lo que más interesa para la estimación de la rotación es que, dado dos cuaterniones \mathbf{n} y \mathbf{p} :

$$\mathbf{n} = 0 + n_x \mathbf{i} + n_y \mathbf{j} + n_z \mathbf{k} \quad (4.27)$$

$$\mathbf{p} = \cos \frac{\theta}{2} + \sin \frac{\theta}{2} (u_x \mathbf{i} + u_y \mathbf{j} + u_z \mathbf{k}) \quad (4.28)$$

El cuaternión $\mathbf{p}' = \mathbf{p}\mathbf{n}\bar{\mathbf{p}}$ tiene como componentes imaginarias p'_x, p'_y, p'_z , las componentes del vector en $\mathbb{R}^3 \{n_x, n_y, n_z\}$ rotado alrededor del eje $\{u_x, u_y, u_z\}$ un ángulo θ [69]. De esta forma, se puede identificar rotaciones en un espacio tridimensional con cuaterniones que presenta entre otras las siguientes ventajas:

1. Multiplicar cuaterniones (para componer rotaciones) es menos costoso computacionalmente que multiplicar matrices 3×3 .
2. El producto de muchas matrices ortonormales puede no ser ortonormal. Lo mismo ocurre con los cuaterniones unitarios. Sin embargo, encontrar el cuaternión con norma más próximo a 1 es más sencillo que encontrar la matriz ortonormal mas próxima.
3. Existe una solución cerrada para el problema de encontrar la rotación óptima \mathbf{R} .

4.2.4. Rotación óptima con cuaterniones

Recordamos que el problema es obtener la matriz \mathbf{R} que maximiza

$$\sum_{i=1}^N \mathbf{r}'_{obj} \cdot \mathbf{R}(\mathbf{r}'_j) \quad (4.29)$$

El problema se plantea equivalentemente a encontrar el cuaternión unitario (usamos notación \dot{q} para no confundir con vectores en negrita) que maximiza

$$\sum_{j=1}^N (\dot{q} \dot{r}_{obj} \bar{q}) \cdot \dot{r}_{obj} \quad (4.30)$$

Usando la identidad 4.26, se tiene que

$$\sum_{j=1}^N (\dot{q} \dot{r}_j) \cdot (\dot{r}_{obj} \dot{q}) \quad (4.31)$$

y usando multiplicación matriciales para el producto Hamiltoniano

$$\sum_{j=1}^N (\mathbf{R}_{r_j} \dot{q}) \cdot (\mathbf{R}'_{r_{obj}} \dot{q}) \quad (4.32)$$

con

$$\mathbf{R}_{\mathbf{r}_j} = \begin{pmatrix} 0 & -x'_j & -y'_j & -z'_j \\ x'_j & 0 & -z'_j & y'_j \\ y'_j & z'_j & 0 & -x'_j \\ z'_j & -y'_j & x'_j & 0 \end{pmatrix} \quad (4.33)$$

y $\mathbf{R}_{\mathbf{r}_{j,obj}}$ con la misma estructura pero con las coordenadas de $\mathbf{r}'_{j,obj} = (x'_{j,obj}, y'_{j,obj}, z'_{j,obj})^T$.

Por tanto, el sumatorio de 4.32 queda como

$$\sum_{j=1}^N \dot{q}^T \mathbf{R}_{\mathbf{r}'_j}^T \mathbf{R}_{\mathbf{r}_{j,obj}} \dot{q} \quad (4.34)$$

Llamando \mathbf{N}_j a la matriz 4×4 , $\mathbf{R}_{\mathbf{r}'_j}^T \mathbf{R}_{\mathbf{r}_{j,obj}}$, se tiene que el cuaternión unitario \dot{q} que maximiza 4.30 también maximiza

$$\dot{q}^T \mathbf{N} \dot{q} = \dot{q}^T \left(\sum_{j=1}^N \mathbf{N}_j \right) \dot{q} \quad (4.35)$$

La matriz \mathbf{N} por ser simétrica 4×4 posee cuatro autovalores reales ($\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \lambda_3 \geq \lambda_4$). Los cuatro autovectores ortonormales $\{\mathbf{e}_1, \mathbf{e}_2, \mathbf{e}_3, \mathbf{e}_4\}$ forman una base de \mathbb{R}^4 entonces el cuaternión óptimo \dot{q} , se puede poner como (identificando vectores en \mathbb{R}^4 con cuaterniones)

$$\dot{q} = \alpha_1 \mathbf{e}_1 + \alpha_2 \mathbf{e}_2 + \alpha_3 \mathbf{e}_3 + \alpha_4 \mathbf{e}_4 \quad (4.36)$$

y por ser ortonormales entre sí es fácil ver que

$$\dot{q}^T \mathbf{N} \dot{q} = \alpha_1^2 \lambda_1^2 + \alpha_2^2 \lambda_2^2 + \alpha_3^2 \lambda_3^2 + \alpha_4^2 \lambda_4^2 \quad (4.37)$$

Entonces,

$$\dot{q}^T \mathbf{N} \dot{q} \leq \alpha_1^2 \lambda_1^2 + \alpha_2^2 \lambda_1^2 + \alpha_3^2 \lambda_1^2 + \alpha_4^2 \lambda_1^2 = \lambda_1^2 \quad (4.38)$$

ya que \dot{q} es unitario. Esta cota se alcanza cuando $\dot{q} = \mathbf{e}_1$.

En conclusión, obtenida la matriz \mathbf{N} se calcula el autovector de mayor autovalor. El cuaternión asociado a dicho autovector representa la transformación óptima \mathbf{R}^* . Conocida \mathbf{R}^* se obtiene la escala con la ecuación 4.17 y posteriormente la traslación óptima con 4.15.

4.2.5. Robustez de los ASM: Inicialización

No existe un criterio único para determinar el funcional para realizar el ajuste del modelo de forma al objeto a segmentar. La aproximación más elemental consiste en buscar las fronteras del objeto en función de las derivadas normales en cada *landmark*. Este método supone implícitamente que los *landmarks* del modelo se encuentran en las fronteras del objeto y no en su interior, lo que cual no tiene por qué ser siempre cierto. Asumiendo este hecho, para cada *landmark* $\mathbf{r}_i = (x_i, y_i, z_i)^T$, se realiza un análisis a través de la dirección normal $\hat{\mathbf{n}}_i$. Por ejemplo con la derivada

normal $\frac{\partial u(\mathbf{r}_i)}{\partial \hat{\mathbf{n}}_i}$. En la Figura 4.7 se muestra esta situación para el caso de una imagen 2D. Por lo tanto, el cuaternión \mathbf{n} representa una rotación sobre el eje $\{n_x, n_y, n_z\}$ con ángulo θ .

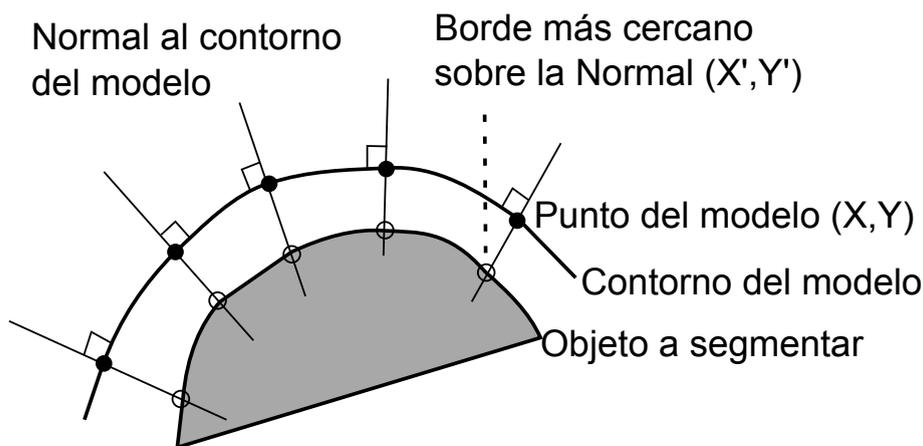


Figura 4.7: Inicialización del ASM a través de la derivada normal (adaptada de [70]).

Podemos obtener los nuevos *landmarks* $\mathbf{r}_i^{(II)}$, como $\mathbf{r}_i^{(II)} = \mathbf{r}_i + \frac{\partial u(\mathbf{r}_i)}{\partial \hat{\mathbf{n}}_i}$. Una vez obtenidos los puntos se procede a calcular la mejor aproximación de la transformación $T(\cdot)$ y se procede como en el paso 3 del procedimiento general descrito anteriormente.

De una forma similar, utilizando la información de la imagen en la dirección $\hat{\mathbf{n}}$ podemos determinar el punto óptimo al que se debe mover cada *landmark* \mathbf{r}_i . Una posibilidad es parametrizar una medida de \mathbf{u} a través de la curva cuyo vector director es $\hat{\mathbf{n}}$. La opción más trivial es $u(\mathbf{r} + k\hat{\mathbf{n}})$, de esta forma estaríamos obteniendo la información de la intensidad a lo largo de la curva. Un ejemplo de esto se muestra en la Figura 4.8.

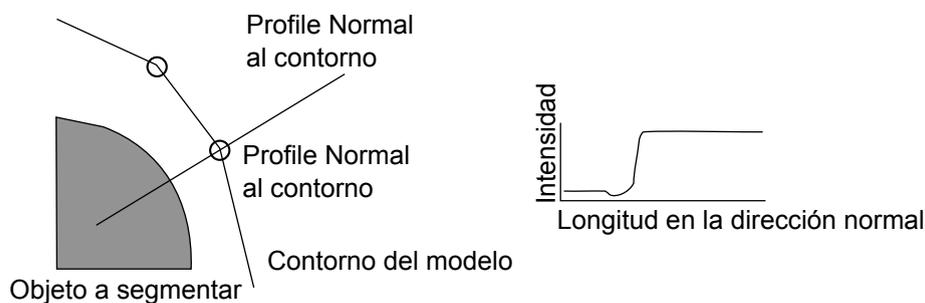


Figura 4.8: Inicialización del ASM a través de la derivada normal: Perfiles (adaptado de [7]).

En la práctica se puede muestrear $u(\mathbf{r}_i + k\hat{\mathbf{n}}_i)$ con un número determinado de vóxeles, y utilizar todos los puntos para caracterizar el punto final al que se tiene que

4.2. ACTIVE SHAPE MODELS

desplazar el *landmark* \mathbf{r}_i . Si se selecciona la medida de u como la derivada normal, estaríamos ante una mejora del método de la derivada normal donde los puntos se actualizaban como $\mathbf{r}_i + \frac{\partial u(\mathbf{r}_i)}{\partial \mathbf{n}_i}$ ya que se esta incluyendo información en los vecindarios.

Una condición necesaria para que estos métodos funcionen es la de que los *landmarks* iniciales estén próximos a las fronteras del objeto, ya que estos métodos en realidad buscan máximos locales de la imagen. Por tanto los ASM basados en búsqueda de máximos incurrir en el problema típico de los algoritmos de optimización por gradiente, la falta de información global. Para eliminar en la medida de lo posible este inconveniente pueden utilizarse técnicas de optimización como algoritmos genéticos o *Simulating Annealing* [71].

El principal problema que tienen estos métodos es su falta de robustez, en especial en imagen médica. El ruido presente en la imagen va a provocar que el cálculo de la derivada normal no sea útil para caracterizar los bordes. Una opción es usar filtros de detección de bordes que tengan en cuenta la presencia de ruido [72], [73]. La naturaleza estocástica del proceso de adquisición hace que los métodos de detección de bordes basados en derivadas sobre la imagen original sean inútiles. La robustez de los ASM depende mucho del proceso de inicialización, por lo que es necesario una estimación robusta de los puntos de frontera. Otra opción es la de caracterizar el vecindario de los *landmarks* de forma estadística a través del conjunto de entrenamiento. Posteriormente, al realizar el procedimiento de optimización del ASM, se busca una similitud entre las regiones vecinas de los *landmarks* candidatos y el modelo estadístico aprendido [74]. Un método muy común de ajuste es el de desplazar los *landmarks* a través de las direcciones definidas por las normales \mathbf{n}_i y elegir aquel punto que minimice la distancia de Mahalanobis [75]. Como minimizar esta métrica es equivalente a obtener el punto que maximiza la función de log-verosimilitud de una distribución Gaussiana multivariante, la elección del punto de desplazamiento óptimo se pueden plantear como un esquema de estimación Bayesiana donde se puede incluir priors para modelar la distribución de los *landmarks* por ejemplo campos de Markov.

Otro de los métodos propuestos en la literatura para la falta de robustez de los ASM es el propuesto por Lekadir *et.al.* [76]. En él se presenta una nueva técnica para el manejo de outliers y de esta forma obtener una inicialización robusta. Lekadir *et.al.* proponen el uso de una métrica de la forma que es invariante ante escalados, traslaciones y rotaciones. En particular, esta métrica se obtiene para cada tripleta de puntos $\{\mathbf{r}_1, \mathbf{r}_2, \mathbf{r}_3\}$ como un ratio entre todas las distancias posibles dos a dos. Los límites de variación permitidos que van a determinar los outliers son estimados estadísticamente del conjunto de entrenamiento. De esta forma se esta incluyendo información estructural que permite guiar al ASM de forma adecuada.

ASM Multirresolución

Con vistas a reducir la falta de robustez de los ASM, se han propuesto esquemas

multirresolución donde en un primer paso se busca el objeto en un escala gruesa y la estimación de los *landmarks* se va refinando realizando la misma operación pero en una escala mas fina. Para ello se generan lo que se conoce como una imagen piramidal Gaussiana [77]. Dada la imagen original, a la que denotaremos imagen a nivel 0, ésta se filtra con un filtro Gaussiano y se submuestra por un factor fijo. De esta forma estamos creando una imagen en una escala más gruesa (la dimensión del voxel es el doble que el voxel en la escala anterior). Iterando este proceso hasta un número determinado de niveles conseguimos una estructura piramidal de imágenes a diferentes escalas. Una representación esquemática se muestra en la Figura 4.9.

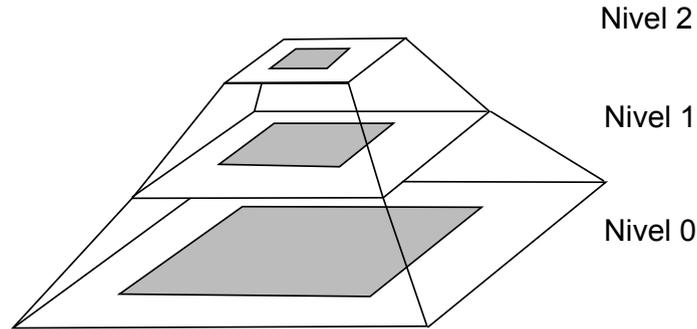


Figura 4.9: Esquema multirresolución: Imágenes Gaussianas piramidales (adaptado de [7]).

Una vez generado la estructura piramidal, el ASM se inicializa en el nivel de escala más gruesa $L = L_{max}$. Si el resultado del ajuste es satisfactorio, según un criterio impuesto por una métrica, funcional o medida de similitud, la estimación se refine en un nivel de escala más fina $L = L_{max} - 1$. Si este criterio no se cumple, se repite la estimación en el mismo nivel.

Dado que el filtrado multirresolución de $u_0(\mathbf{r})$ con una Gaussiana de varianza $2t$ es equivalente a obtener la solución de la ecuación diferencial:

$$\frac{\partial u(\mathbf{r}, t)}{\partial t} = \nabla^2 u(\mathbf{r}, t) \quad (4.39)$$

con $u(\mathbf{r}, t = 0) = u_0(\mathbf{r})$ parece coherente incluir el proceso multirresolución de los ASM en el esquema discreto necesario para la resolución de la ecuación anterior.

4.3. ASM en Ecocardiografías 3D: Problemática de la Inicialización

Un ejemplo de la utilización de ASM como segmentación en imagen médica de ultrasonido es el trabajo de Ma *et.al* [9]. En él se propone el uso de un modelo estadístico del ventrículo izquierdo en combinación con modelos de apariencia local para guiar el proceso de segmentación. Los modelos de apariencia son una extensión

4.3. ASM EN ECOCARDIOGRAFÍAS 3D

de los ASM en el sentido de que incluyen información sobre las texturas del objeto a modelar para conseguir un mejor resultado [7]. En concreto se aplican los ASM en combinación con modelos de apariencia para la segmentación del ventrículo izquierdo en imágenes de ecografía 3D de contraste.

El método de inicialización consiste en la actualización de los *landmarks* en función de una medida de similitud entre la intensidad de las regiones vecinas del conjunto de entrenamiento y de la imagen eco 3D a segmentar. Sin entrar en mucho detalle, cuando el modelo de forma se sitúa en la imagen 3D, se calcula la sección transversal al eje del modelo de forma del ventrículo. Es en la imagen 2D resultante donde se realiza el ajuste por intensidades para posteriormente llevar esta información al espacio 3D de puntos del modelo y actualizarlo convenientemente. El esquema del proceso se muestra en la Figura 4.10.

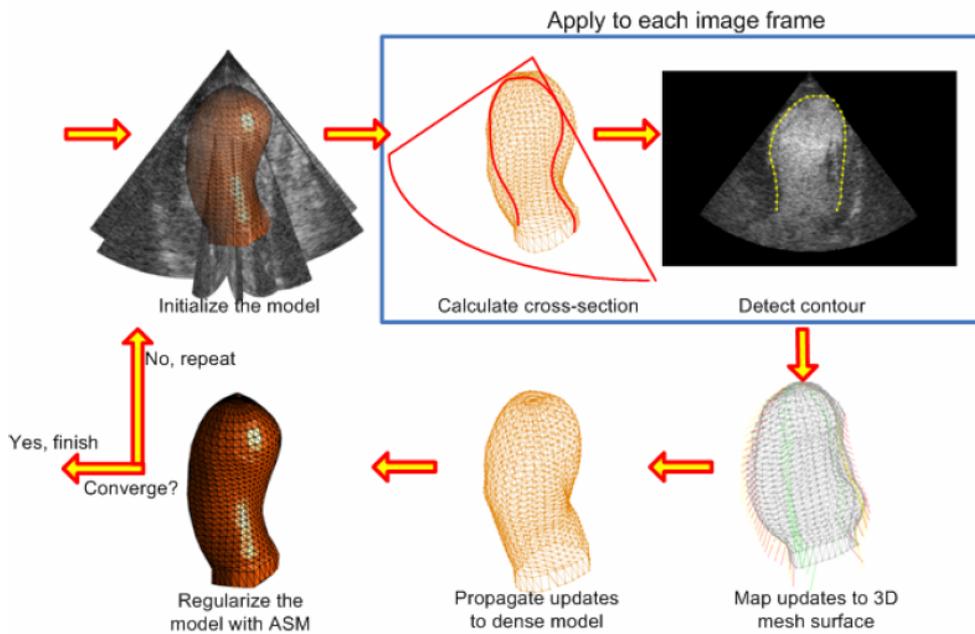


Figura 4.10: Esquema de inicialización de un ASM para eco 3D propuesto en [9].

Otro trabajo que utiliza los ASM para segmentación en ecocardiografías es [8]. En él se utilizan modelos activos de apariencia con movimiento, que permiten delimitar la frontera del ventrículo izquierdo en diferentes instantes temporales. Se trata de una extensión de los ASM. El método de ajuste que utilizan se basa en una normalización no lineal de la intensidad, para obtener un ajuste adecuado utilizando el método de ajuste por parches explicado anteriormente.

La mayoría de los métodos de segmentación basados en ASM usados en ecografías 3D realizan una inicialización manual. Esta inicialización, realizada por un especialista clínico, depende de forma considerable de la experiencia e interpretación subjetiva del clínico. Aunque no se pretende estrictamente restringir la interacción

humana al mínimo, si es conveniente mejorar la inicialización manual con un método automático que tenga en cuenta información propia del medio de adquisición, en este caso ultrasonidos. Además, en el caso de segmentación de secuencias o de una gran cantidad de imágenes, el esfuerzo realizado por el especialista puede influir negativamente en la precisión del delineado manual. Por ello, un método automático puede complementar al manual y permitir que el método ASM comience con unas condiciones iniciales adecuadas.

La dificultad reside en que los métodos clásicos de búsqueda de contornos basados en gradientes son muy poco fiables en Ultrasonidos. Para ilustrar esta aseveración, se presenta en la Figura 5.3 el corte axial de una eco 3D con una línea vertical. La información a lo largo de esa recta determina un *profile*, que bien podría ser utilizado en uno de los métodos de búsqueda de bordes citado anteriormente: borde más probable o método de derivadas normales. Sin embargo, observando el comportamiento de, por ejemplo, la intensidad (gráfica azul), se deduce que un método de umbralización tiene pocas probabilidades de éxito. El pico de mayor amplitud no se corresponde con el borde del miocardio, como cabría esperar, sino con la región de alta intensidad situado dentro de la semicircunferencia.

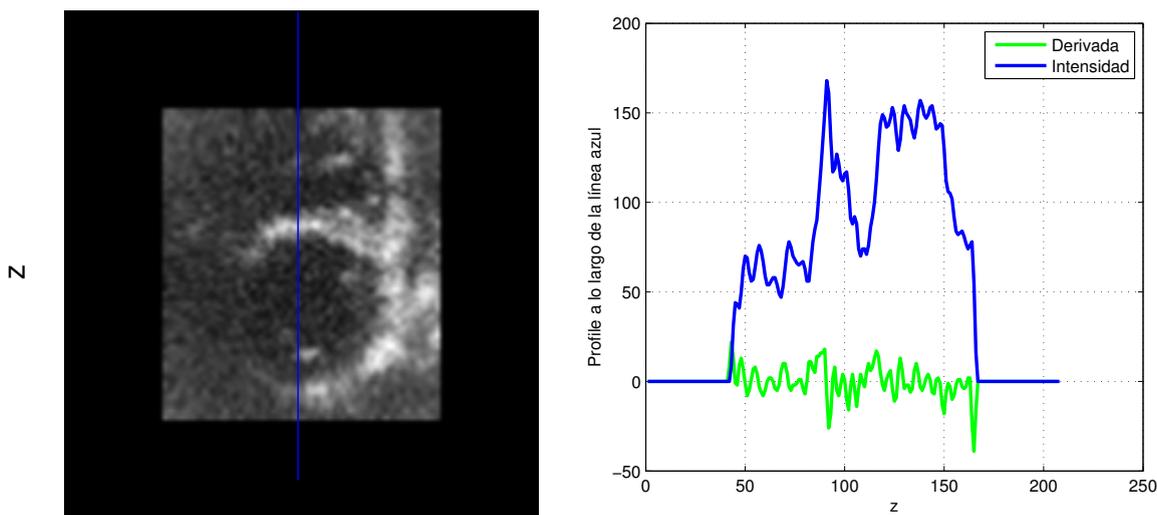


Figura 4.11: Profile de intensidad y derivada a lo largo de una recta en un corte axial de ecografía.

De forma similar, la búsqueda de *landmarks* candidatos por el método de la derivada normal, $\mathbf{r}_i^{(II)} = \mathbf{r}_i^{(I)} + \frac{\partial u(\mathbf{r}_i)}{\partial \hat{\mathbf{n}}_i}$ no van a funcionar bien. Si analizamos la gráfica de la derivada (gráfica verde) de la Figura 4.11 vemos que esta cambia de signo con mucha frecuencia. Esto provocaría que los puntos candidatos a lo largo de dicho *profile* oscilasen en un mismo intervalo sin converger hacia un punto estacionario. Además, si casualmente ocurriese que $\frac{\partial u(\mathbf{r}_i)}{\partial \hat{\mathbf{n}}_i} = 0$, nada asegura que estemos ante un cambio de tejido debido al carácter impulsivo del *speckle*. Un detector de bordes probabilístico obtendría, posiblemente, mejores resultados, como el filtro FIR de Canny [72] o el IIR de Deriche [73] en su implementación en 2D. Sin embargo, ambos suponen un

4.3. ASM EN ECOCARDIOGRAFÍAS 3D

modelo de ruido aditivo Gaussiano, que no concuerda con los modelos probabilísticos explicados en el capítulo 2.

Teniendo en cuenta la necesidad de un método de inicialización automático complementario al manual y que evite los problemas anteriores se propone utilizar los mapas de probabilidad de la imagen eco 3D para realizar un guiado del SSM hacia su posición más probable. El siguiente capítulo está destinado a cumplir este propósito.

Capítulo 5

Método de Inicialización Robusta de ASM

En este capítulo se describe el método de inicialización robusto para ASM (descritos en el capítulo 4) del ventrículo izquierdo. El método hace uso de los mapas de probabilidad estimados tal como se describió en el capítulo 3: directamente de la eco 3D, tras ser filtrados con el filtro de memoria y tras ser filtrado con el filtro de kernel Gaussiano variante. Este capítulo está estructurado de la siguiente forma: en la sección 5.1 se plantea el problema para el cuál el método propuesto está concebido. Éste se describe en la sección 5.2 y se muestra un ejemplo de su funcionamiento. Se comparan la convergencia de las tres versiones del método y se comprueba la robustez en la versión con mapas de probabilidad filtrados con memoria para desplazamientos aleatorios de la posición inicial. Las ideas más relevantes de este capítulo se recogen en la sección de conclusiones 5.4.

5.1. Planteamiento del Problema

El objetivo de este trabajo es el de proporcionar una buena inicialización para los métodos de segmentación ASM en ecografías 3D. Recordemos que, si la inicialización de la forma inicial $\mathbf{X} = M(s, \alpha, \beta, \gamma)[\hat{\mathbf{v}}] + \mathbf{t}$ no es adecuada, al actualizarla con el funcional $\mathbf{T}[\mathbf{X}]$ y regresar al espacio de partida del SSM con la transformación inversa, la forma actualizada $\mathbf{v}_1 = M^{-1}(s, \alpha, \beta, \gamma)[\mathbf{T}[\mathbf{X}]] - \mathbf{T}[\mathbf{t}]$ puede diferir bastante del modelo anatómico. Si el análisis PCA ya de por sí asume condiciones que pueden no ser realistas (Gaussianidad) y la forma de proyectar \mathbf{v}_1 es arbitraria, los modos principales calculados \mathbf{b}_1 van a ser poco fiables. La nueva deformación, $\mathbf{v}_2 = \hat{\mathbf{v}} + \mathbf{P}\mathbf{b}_1$, va a ser, si cabe, menos realista que el anterior y este proceso se va a ir repitiendo a lo largo del método iterativo del ASM. En este trabajo se busca reducir en la medida de lo posible este problema. En concreto, buscamos estimar la transformación óptima $\mathcal{R}\{\cdot\}$ que vaya del sistema de coordenadas del SSM a la posición

adecuada en la eco 3D cuando se considera la forma inicial $\hat{\mathbf{v}}$. Con la notación del capítulo anterior, esta transformación es $\mathcal{R}\{.\} = M(s, \alpha, \beta, \gamma)[.] + \mathbf{t}$. La estimación se llevará a cabo de forma que el SSM del ventrículo izquierdo se posicione en la región más probable en la imagen eco 3D.

5.2. Descripción del Método

El esquema del método de inicialización requiere la obtención de los mapas de probabilidad de la imagen eco 3D y, en concreto, de los mapas de tejido $p_{tejido}(x, y, z)$. Éste puede estimarse de la imagen directamente, de la imagen filtrada con el filtro de Memoria, de la imagen filtrada con el filtro Gaussiano variante o con cualquier otro filtrado que se estime oportuno, siempre y cuando preserve información de los tejidos. En este trabajo utilizaremos estas tres versiones descritas en el capítulo 3. El método propuesto puede ser automático o supervisado aunque la interacción del usuario sólo es necesaria en el posicionamiento global. Más específicamente, el SSM del ventrículo izquierdo se puede situar en una región cercana a las paredes del ventrículo en el corte axial (método descrito en 5.2.2) o el especialista clínico puede situarlo manualmente en las proximidades de dicha región. Una vez realizado este paso, el método es totalmente automático, primero girando en la orientación angular óptima, utilizando el tensor de inercia y un vector normal de referencia y luego con el método de búsqueda de cambios de tejido en las direcciones normales a la superficie.

Teniendo en cuenta la división del método en varias partes, esta transformación se puede expresar como $\mathcal{R}\{.\} = \mathcal{R}_1\{.\}\mathcal{R}_2\{.\}$, donde $\mathcal{R}_1\{.\}$ corresponde a la transformación estimada que va del sistema de coordenadas del SSM a la posición fijada por el especialista u obtenida con el método de guiado automático descrito en 5.2.2 y la segunda transformación está descrita implícitamente por el método de guiado totalmente automático, basado en rotación inicial y búsqueda en las direcciones normales (sección 5.2.1). En el esquema de la Figura 5.1 se muestra el proceso a llevar a cabo. La etapa de guiado (la propuesta fundamental de este trabajo) se describe en la sección 5.2.1.

5.2.1. Etapa de guiado probabilístico con los Mapas de Probabilidad: $\mathcal{R}_2\{.\}$

El proceso de guiado probabilístico a través del mapa de probabilidad comienza una vez se ha elegido una posición inicial del SSM del ventrículo izquierdo. La optimización se realiza únicamente sobre éste en vez de sobre todo el corazón, pero se tiene en cuenta información global para obtener una buena inicialización. El posicionamiento inicial puede ser manual o automático con el método descrito en la sección 5.2.2. En cualquier caso, una vez situado el ventrículo, se procede a calcular una orientación adecuada. Esta orientación se ha determinado previamente y se puede considerar como una información *a priori* del método. En particular, se dispone de la normal en un punto cercano al vértice, cuando el posicionamiento global del SSM

5.2. DESCRIPCIÓN DEL MÉTODO

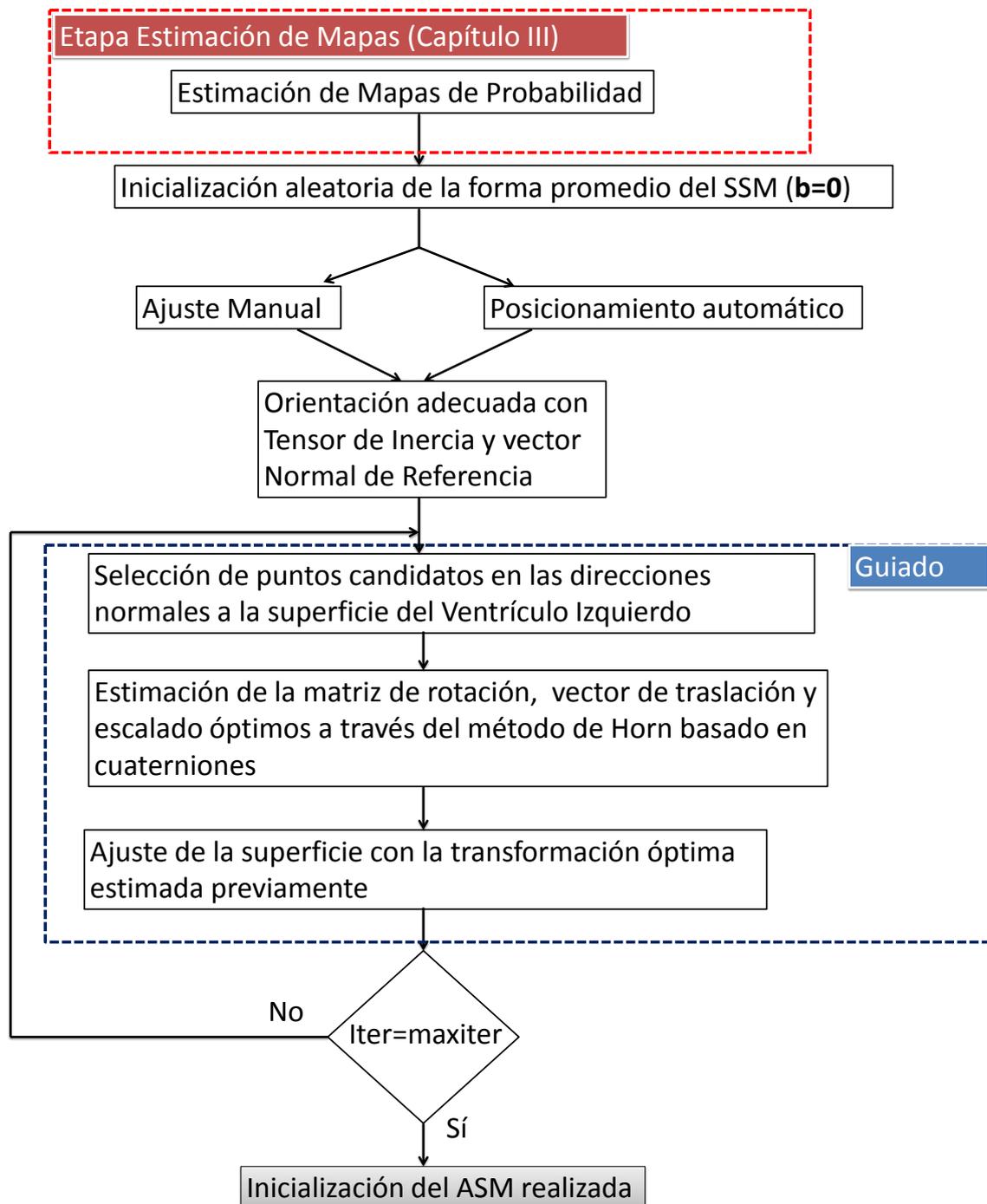


Figura 5.1: Esquema del método de inicialización propuesto.

del corazón es adecuado. Para ser más específicos, esta normal apunta al ventrículo derecho. Esta información permite orientar al ventrículo izquierdo razonablemente, ya que se puede medir el error cometido entre la normal *a priori* y la normal (en el mismo punto) cuando se tiene una orientación arbitraria. Por ser vectores unitarios, el producto escalar sirve como medida de error. Teniendo en cuenta esto podemos rotar el ventrículo izquierdo un ángulo θ de forma que el error anterior se vea re-

ducido. Para ello, es necesario determinar el eje de rotación. La forma más correcta sería a través del tensor de inercia. Para un sistema discreto de partículas en \mathbb{R}^3 $\mathbf{r}_i = \{x_i, y_i, z_i\}$ con masa m_i se define el tensor de inercia \mathbf{I} , como [78]:

$$\mathbf{I} = \begin{pmatrix} \sum_i m_i (y_i^2 + z_i^2) & -\sum_i m_i x_i y_i & -\sum_i m_i x_i z_i \\ -\sum_i m_i y_i x_i & \sum_i m_i (x_i^2 + z_i^2) & -\sum_i m_i y_i z_i \\ -\sum_i m_i z_i x_i & -\sum_i m_i z_i y_i & \sum_i m_i (x_i^2 + y_i^2) \end{pmatrix} \quad (5.1)$$

Al ser un tensor definido positivo y simétrico posee tres autovalores reales [79] denominados momentos principales de inercia, I_1 , I_2 y I_3 con $I_1 > I_2 > I_3$. Los autovectores asociados a los espacios generados (ortogonales) por dichos autovalores, $\{\hat{\mathbf{i}}_1, \hat{\mathbf{i}}_2, \hat{\mathbf{i}}_3\}$, se denominan ejes principales. Los ejes asociados a I_1 y I_3 se denominan ejes de rotación estables mientras que el restante se denomina inestable [78]. Experimentalmente hemos comprobado que el eje de rotación correspondiente al eje longitudinal del ventrículo, el que deseamos utilizar, se corresponde con el asociado a I_3 , $\hat{\mathbf{i}}_3$. Esto era esperable pues es el que menor momento de inercia respecto a su eje (el de menor autovalor). Aún así, por cuestiones de simplicidad, y sabiendo que este eje está orientado en la dirección z del sistema de coordenadas de la imagen, en la práctica realizamos rotaciones sobre el vector $\mathbf{u}^T = \{0, 0, 1\}$ pues la adquisición se toma procurando obtener un corte longitudinal del corazón.

La matriz de rotación asociada para un ángulo θ y un vector unitario cualquiera \mathbf{u} , es [80]:

$$R = \begin{pmatrix} \cos \theta + u_x^2 (1 - \cos \theta) & u_x u_y (1 - \cos \theta) - u_z \sin \theta & u_x u_z (1 - \cos \theta) + u_y \sin \theta \\ u_y u_x (1 - \cos \theta) + u_z \sin \theta & \cos \theta + u_y^2 (1 - \cos \theta) & u_y u_z (1 - \cos \theta) - u_x \sin \theta \\ u_z u_x (1 - \cos \theta) - u_y \sin \theta & u_z u_y (1 - \cos \theta) + u_x \sin \theta & \cos \theta + u_z^2 (1 - \cos \theta) \end{pmatrix} \quad (5.2)$$

Una vez realizada la rotación se comprueba el error angular cometido y se repite el procedimiento hasta obtener un error aceptable para comenzar la búsqueda de bordes en las direcciones normales.

Búsqueda de los puntos candidatos en las direcciones normales

El ajuste del volumen del SSM se realiza a través de los *profiles* (perfiles de intensidad) obtenidos en las direcciones normales de la superficie, de una forma similar a la que se describía en el capítulo anterior. La diferencia fundamental es que los *profiles* se obtienen de los mapas de probabilidad, en concreto del mapa de probabilidad de tejido, $p_{tejido}(x, y, z)$. Estos mapas pueden obtenerse de la imagen eco 3D sin filtrar o del resultante volumen filtrado con los métodos expuestos en el Capítulo II. En concreto, para cada *landmark* de la forma promedio del SSM, $\mathbf{r}_j = \{x_j, y_j, z_j\}$, con vector normal hacia fuera denotado como $\hat{\mathbf{n}}_j$, obtenemos los *profiles*

$$f_j(k) = p_{tejido}(\mathbf{r}_j + k\hat{\mathbf{n}}_j) \quad (5.3)$$

con $k \in \left[-\frac{L_{candidatos}}{2}, \frac{L_{candidatos}}{2}\right]$. Es decir, se recorre la imagen 3D de la Figura 5.2, que en realidad es $p_{tejido}(x, y, z)$, en las direcciones marcadas por los vectores en negro.

5.2. DESCRIPCIÓN DEL MÉTODO

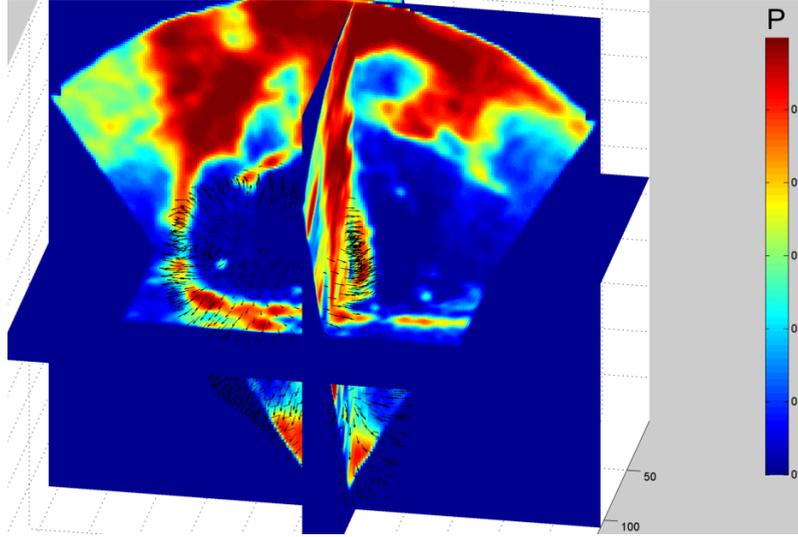


Figura 5.2: Direcciones normales a la forma promedio del SSM a través de los mapas de probabilidad.

Para realizar un ajuste realista de la forma promedio del SSM buscamos los *landmark* candidatos $\mathbf{r}_{jobj} = \mathbf{r}_j + k_{obj}\hat{\mathbf{n}}_j$ tal que k_{obj} represente un posible cambio de tejido. Este cambio de tejido se espera que se encuentre en puntos donde la probabilidad de tejido sea 0,5. En el ejemplo de la Figura 5.3, dado un \mathbf{r}_j situado en zona de tejido, deberíamos desplazarnos hacia la derecha con k positivos hasta alcanzar el punto donde $f_j(k) = 0,5$. En la implementación real, dado que estamos muestreando los puntos de \mathbb{R}^3 que se sitúan sobre la recta que pasa por \mathbf{r}_j con dirección $\hat{\mathbf{n}}_j$, obtener el k tal que $f_j(k) = 0,5$ no es un método preciso. Por ello, buscamos aquel k para el cual

$$(f_j(k-1) \geq 0,5 \quad \wedge \quad f_j(k+1) < 0,5) \vee (f_j(k-1) \leq 0,5 \quad \wedge \quad f_j(k+1) > 0,5) \quad (5.4)$$

Esto permite definir una función de coste para valorar la proximidad al punto teórico de cambio de tejido:

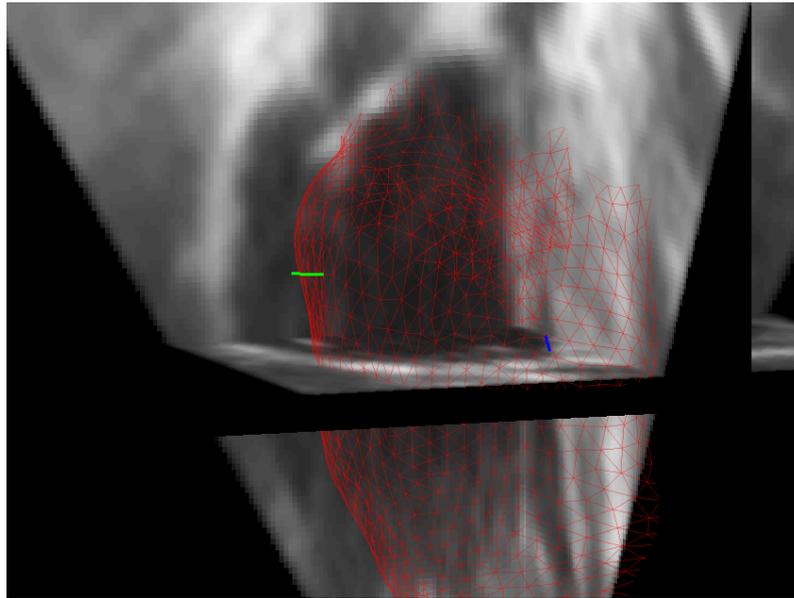
$$p_j(k) = 1 - \frac{|f_j(k) - 0,5|}{0,5} \quad (5.5)$$

Nótese que $p_j(k)$ toma valores en el intervalo $[0, 1]$.

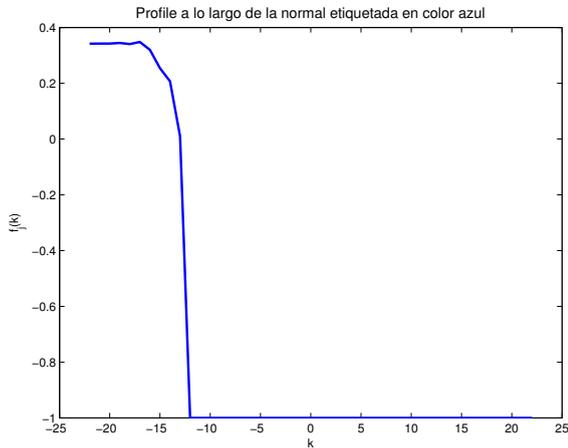
El propósito de esta medida es doble: por un lado, para cada *landmark* \mathbf{r}_j permite determinar el \mathbf{r}_{jobj} más cercano al punto ideal, ya que la condición la pueden cumplir varios k (por ejemplo si el cambio de medio es muy abrupto). Además, en un caso real pueden existir varios cambios de medio si el número de candidatos $L_{candidatos}$ es elevado. Teniendo esto en cuenta, se elige aquel k_{obj} que proporcione un mayor valor de $p_j(k_{obj})$.

Por otro lado, una vez determinado los puntos \mathbf{r}_{jobj} de todos los *landmarks*, esta función de coste permite ponderar la maximización de los errores cuadráticos medios de cada *landmarks* para obtener la transformación óptima. En zonas fuera de

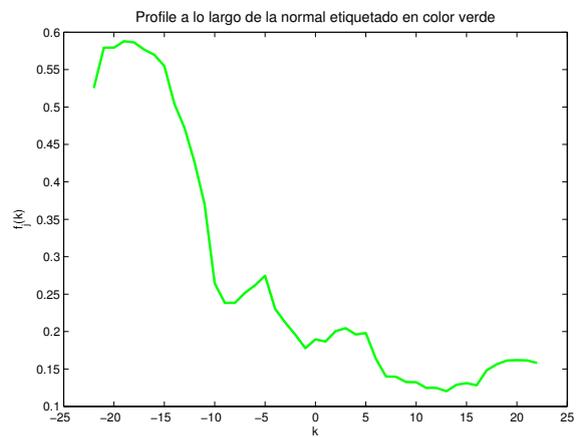
la definición de la imagen se establece que $p_{tejido}(x, y, z)$ valga cero. Un ejemplo de *profiles* reales se muestra en la Figura 5.3. Estos *profiles* han sido obtenidos de los mapas de probabilidad de la imagen ecográfica 3D previamente filtrada con el filtro de memoria.



(a)



(b)



(c)

Figura 5.3: *Profiles* de los mapas de probabilidad en dos direcciones normales. (a) Representación de dos vectores normales a la superficie de la forma promedio del SSM, (b) *Profile* a lo largo del vector normal azul, (c) *Profile* a lo largo del vector normal verde.

En ella se muestra $f_j(k)$ para dos vectores normales a la superficie. Analizando $f_j(k)$ para el *landmark* cuyo vector normal está representado en color azul, se puede deducir que para ese punto no va a existir un *landmark* objetivo. Si se recorre la recta en la dirección que proporciona la normal, los puntos candidatos caen fuera del dominio de definición de la imagen. Si se recorre en sentido contrario dando

5.2. DESCRIPCIÓN DEL MÉTODO

$\frac{L_{candidatos}-1}{2}$ pasos, (en este ejemplo $L_{candidatos} = 45$), tampoco se llega a un punto que cumpla la condición de borde de la ecuación 5.4. Esto no ocurre en la dirección del vector verde, pues según el *profile* asociado, si se retrocede entre 10 y 15 pasos hacia atrás, detectaríamos un posible cambio de tejido y tendríamos un *landmark* candidato. En la Figura 5.4 se muestra los puntos candidatos en color azul sobre la malla roja formada por los *landmarks* actuales. Se puede observar como hay varios puntos candidatos que se sitúan en válvula mitral mientras los que están próximos a las fronteras de definición de los mapas permanecen inalterados.

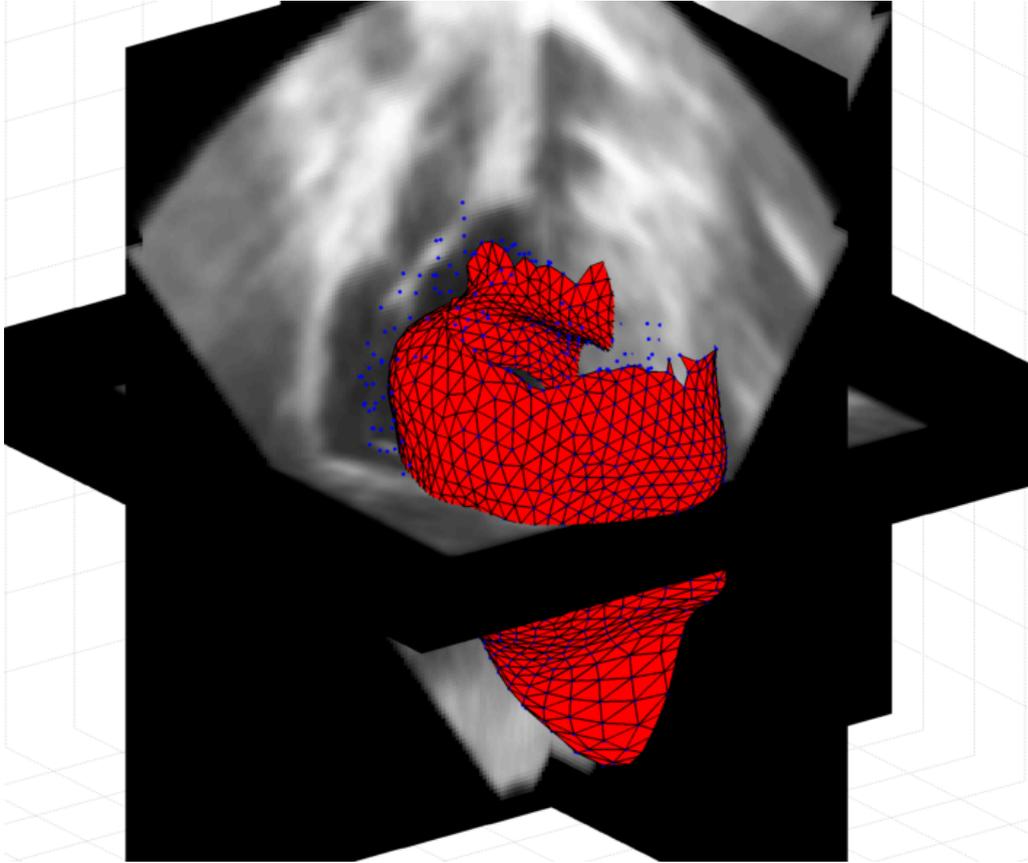


Figura 5.4: Representación de los landmarks de la forma promedio del SSM (rojo) y sus puntos candidatos (azul).

Una vez que se han determinado los *landmarks* objetivo $\mathbf{r}_{j_{obj}}, j = 1, \dots, N$, el objetivo es estimar la transformación óptima que minimice una métrica, por ejemplo, la suma de los cuadrados de los errores $\mathbf{e}_j, j = 1, \dots, N$, definidos como

$$\mathbf{e}_j = \|\mathcal{T}\{\mathbf{r}_j\} - \mathbf{r}_{j_{obj}}\|^2 \quad (5.6)$$

Este problema se puede solventar con el método de los cuaterniones explicado en el capítulo 4. En este punto se transforma la forma promedio del SSM con $\mathcal{T}\{\cdot\}$ y se procede de nuevo a la detección de cambios de tejido con $p_{tejido}(x, y, z)$ en direcciones de las direcciones normales a la nueva superficie. El algoritmo termina a elección de

usuario, cuando se determine que la inicialización es suficientemente buena para iniciar el método de segmentación ASM y comenzar a deformar el modelo.

5.2.2. Posición automática para casos no supervisados: $\mathcal{R}_1\{.\}$

Como paso previo a la búsqueda en las direcciones normales es necesario situar el ventrículo izquierdo en una región próxima a la cavidad en la imagen ecográfica 3D. Aunque esto se puede realizar de forma manual, proponemos un método para hacerlo de forma automática. Este ajuste se realiza con un conocimiento *a priori* que es común a toda la batería de imágenes ecográficas 3D que se disponen, basta conocer las dimensiones de la imagen. El ajuste global se realiza a través de dos puntos $\mathbf{r}_1 = (x_1, y_1, z_1)^T$ y $\mathbf{r}_2 = (x_2, y_2, z_2)^T$ del SSM del ventrículo izquierdo. Específicamente, \mathbf{r}_1 representa un punto cercano al vértice del ventrículo izquierdo (fijado manualmente) y \mathbf{r}_2 representa el centro de masas del objeto. El centro de masas de un objeto $V \subset \mathbb{R}^3$ se define como:

$$\mathbf{r}_2 = \int_V \rho(\mathbf{r})\mathbf{r}dV \quad (5.7)$$

En un caso discreto como el volumen del SSM utilizado y suponiendo una densidad constante, obtenemos el centro de masas del volumen del SSM como:

$$\mathbf{r}_2 = \frac{1}{N} \left\{ \sum_{i=1}^N x_i, \sum_{i=1}^N y_i, \sum_{i=1}^N z_i \right\} \quad \text{donde } \{x_i, y_i, z_i\} \in V \quad (5.8)$$

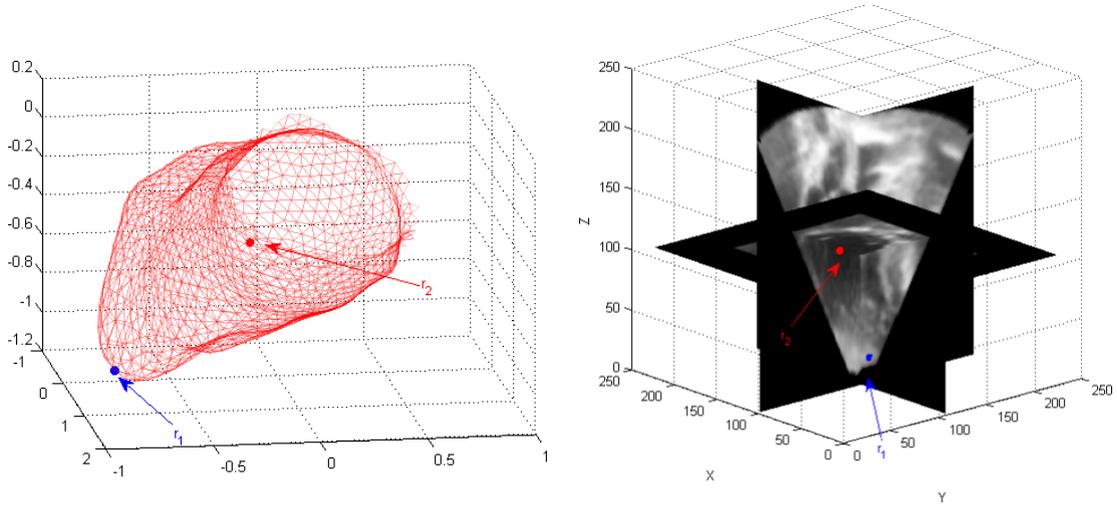
Con estos dos puntos del SSM, buscamos una transformación lineal basada en rotaciones, traslaciones y escalados al igual que la ya citada $\mathcal{T}\{.\}$ para el guiado en las direcciones normales tal que dados dos puntos objetivo \mathbf{r}_{1obj} y \mathbf{r}_{2obj} , $\mathcal{T}\{\mathbf{r}_1\}$ y $\mathcal{T}\{\mathbf{r}_2\}$ sean lo más próximos a los puntos objetivo. Para ello, utilizamos el método de estimación de Horn [14] basado en cuaterniones.

El punto \mathbf{r}_{1obj} se determina manualmente siendo el vértice de la imagen ecográfica 3D, aproximadamente $\mathbf{r}_{1obj} = \{100, 116, 3, 21, 5\}$. Este punto es común para todas las imágenes ecográficas 3D disponibles. El punto \mathbf{r}_{2obj} , sin embargo, es adaptativo para cada imagen. Se sitúa en el centro, aproximadamente, de la circunferencia de miocardio en el corte axial $z = 100$. Este proceso se realiza a través del mapa de probabilidad $p_{tejido}(x, y, z = 100)$, umbralizando para detectar los píxeles con una probabilidad alta, por ejemplo con un $P_{threshold} = 0,5$ y posteriormente obteniendo el centroide de la imagen binaria correspondiente. En la Figura 5.5 se muestra, en la izquierda, los puntos \mathbf{r}_1 y \mathbf{r}_2 en el volumen del SSM, en la derecha, los puntos objetivo en la imagen ecográfica 3D y el centroide del mapa de probabilidad de tejido en el corte $z = 100$.

Ejemplo de Ejecución

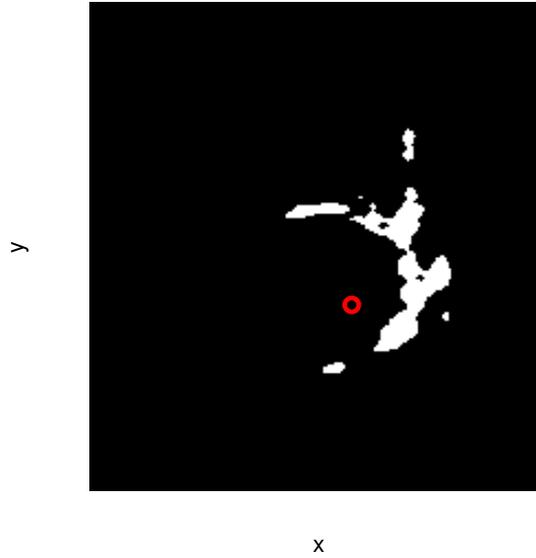
A continuación se muestra un ejemplo de la ejecución del método propuesto para una imagen eco 3D cuyos mapas de probabilidad se han obtenido de la imagen filtrada con el filtro de memoria. Se utiliza el mapa de probabilidad $p_{tejido}(x, y, z)$

5.2. DESCRIPCIÓN DEL MÉTODO



(a) Vértice y centro de masas en el espacio de definición de y y en el espacio de la eco 3D.

Umbralización de $p_{tejido}(x,y,z=100)$



(b) Centroide de $p_{tejido}(x,y,z=100) > P_{threshold}$, con $(P_{threshold} = 0,5)$

Figura 5.5: Correspondencia entre los puntos del volumen del SSM y los puntos objetivo en la ecografía 3D y centroide $p_{tejido}(x,y,z=100)$ umbralizado.

que ha sido mostrado en el capítulo 4. En la Figura 5.6 se muestran varias etapas de la ejecución del método. En concreto se muestra la posición inicial sin ajustar de la forma promedio, la forma ajustada usando el método de búsqueda global y la forma ajustada para varias iteraciones. Además en la Figura 5.7 se muestra la inicialización finalizada, con la forma del ventrículo izquierda acompañada del resto del SSM del corazón. En este punto la inicialización habría finalizado. Conociendo la posición final de los *landmarks* $\mathbf{r}_{j_{Final}}$, $j = 1, \dots, N$ y la posición inicial del método podemos estimar $\mathcal{R}_2\{.\}$ con el método de los cuaterniones. Como ya conocemos $\mathcal{R}_1\{.\}$, la transformación final sería $\mathcal{R}\{.\} = \mathcal{R}_1\{.\}\mathcal{R}_2\{.\}$.

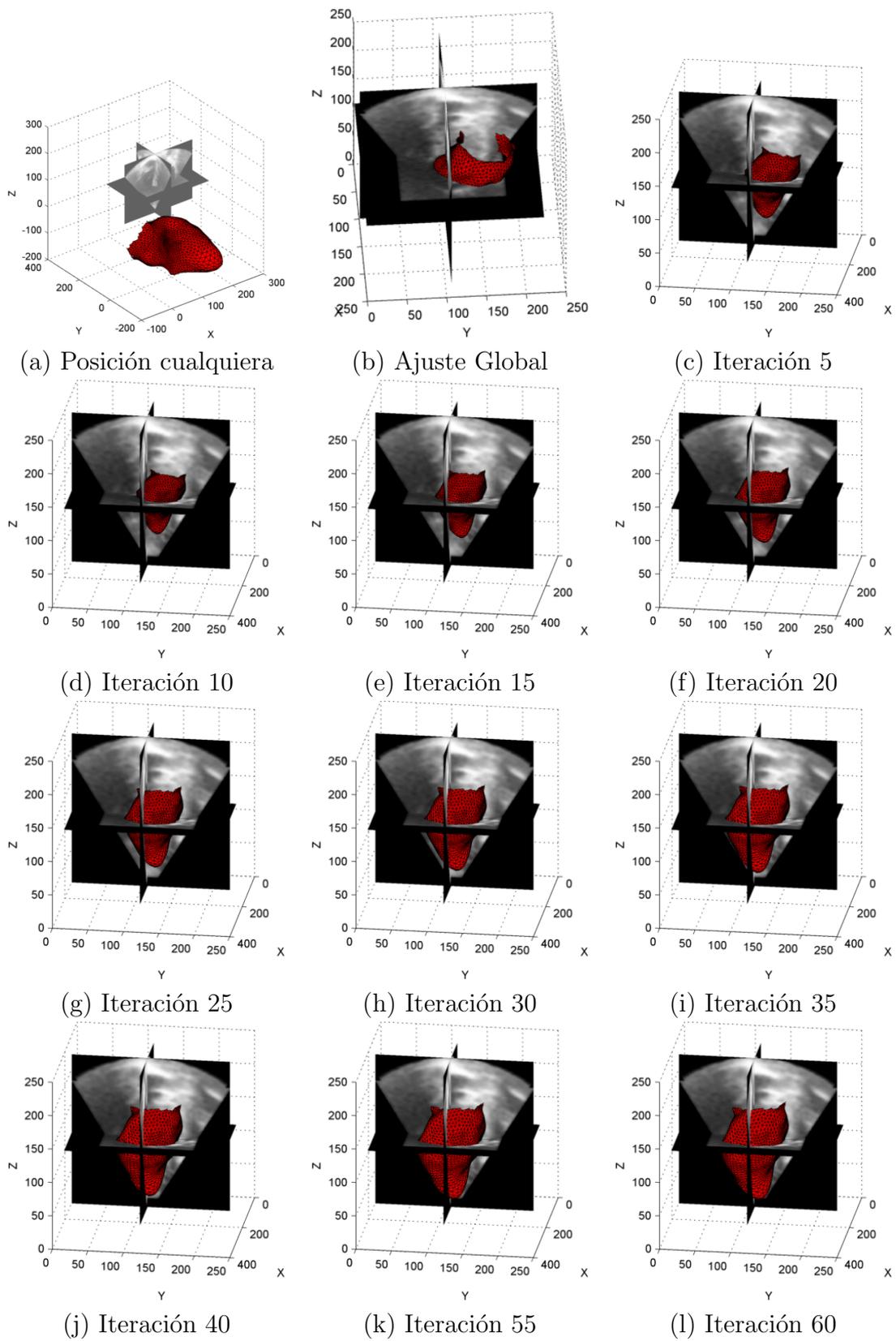


Figura 5.6: Evolución del método de inicialización propuesto.

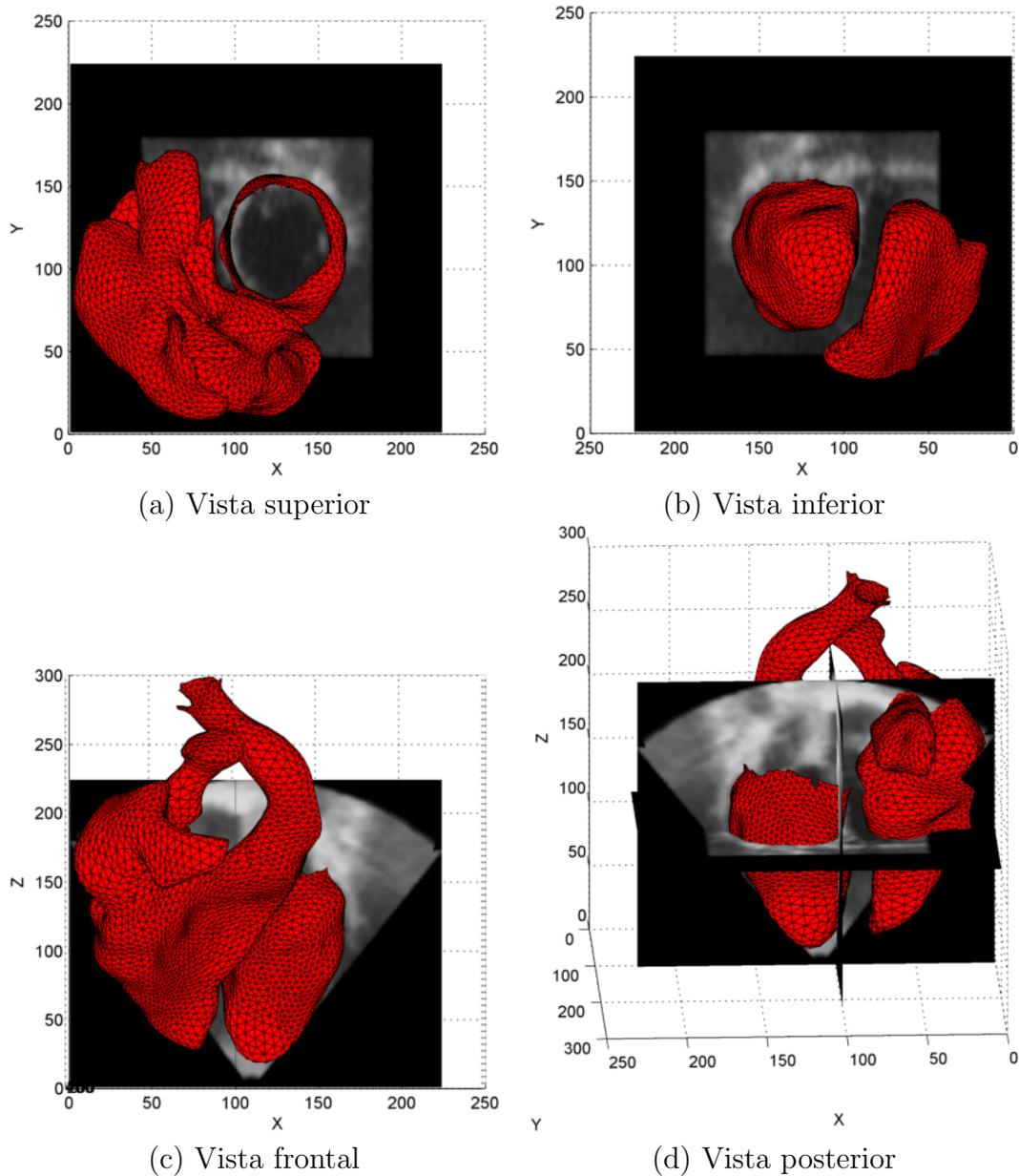


Figura 5.7: Representación final de la inicialización finalizada: SSM del corazón completo.

5.3. Robustez y Velocidad de Convergencia

5.3.1. Comparativa de convergencia

En esta sección se muestra la evolución temporal del SSM para los tres métodos de estimación de mapas: sin filtrar, eco 3D filtrada con memoria y eco 3D filtrada con Kernel Gaussiano. Para comparar la evolución de forma más precisa, los tres SSM del ventrículo izquierdo (no se muestra todo el corazón) parten de la misma posición. En rojo se muestra el SSM de los mapas sin filtrar, el azul muestra la evolución del SSM asociado a los mapas filtrados con memoria y el verde hace lo

5.3. ROBUSTEZ Y VELOCIDAD DE CONVERGENCIA

propio con el SSM obtenido tras filtrar con el filtro Gaussiano (Figura 5.8).

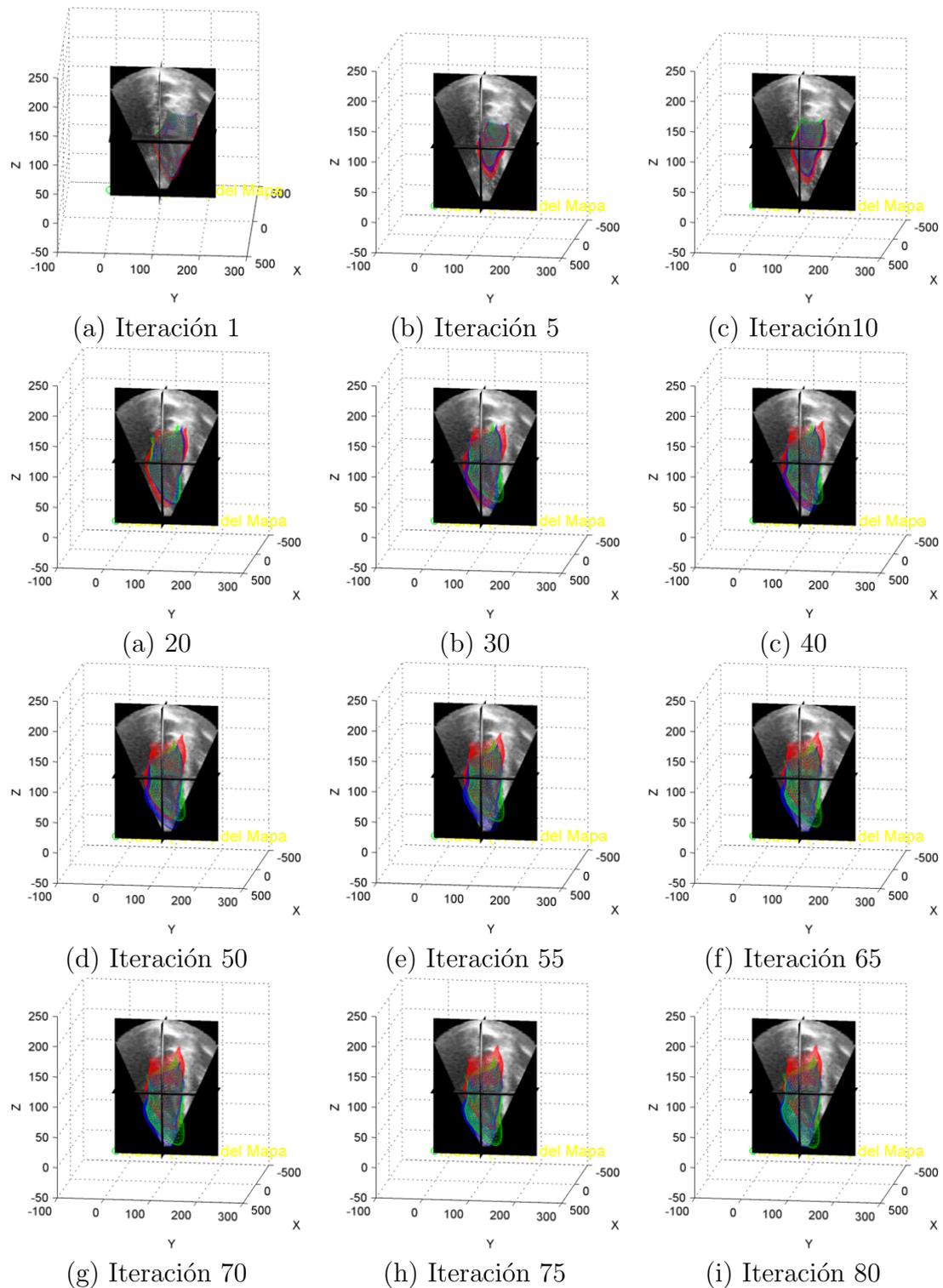


Figura 5.8: Evolución del Método de Inicialización Propuesto para los Mapas de Probabilidad sin filtrar (rojo), filtrados con memoria (azul) y filtrados con el Kernel Gaussiano (verde).

5.3. ROBUSTEZ Y VELOCIDAD DE CONVERGENCIA

Sobre la evolución de las tres versiones se pueden realizar varias observaciones. Las dos versiones con mapas filtrados tienden a contraer el SSM del ventrículo más que la versión sin filtrar (Iteración 5 y 10). Una posible explicación es que, al no estar regularizados los mapas, existen puntos candidatos en el exterior del contorno del ventrículo que obligan a que éste no se contraiga ya que los considera como posibles *landmarks*. A partir de la iteración 20, se observa como el SSM de la versión del Kernel Gaussiano se eleva sobre su eje y no se posiciona de forma razonable como si hacen los otros dos métodos. Este error de inclinación se va minimizando hasta que al final, el vértice del ventrículo permanece en su posición de referencia en la eco (vértice).

Analizando la imágenes de las iteraciones finales, se observa como las dos versiones que usan filtrado orientan en el ventrículo de forma adecuada, especialmente la versión de memoria (azul). La versión que usa el kernel Gaussiano hace que el SSM final sobresalga una cierta cantidad de la eco. Todo lo contrario ocurre con el SSM de la versión de estimación de mapas sin filtrar, donde el vértice del SSM se sitúa por encima del vértice de la eco, no colocándose de la forma más adecuada.

La evolución temporal también se puede estudiar cuantitativamente. Para ello, dadas dos iteraciones t y $t + 1$, calculamos las N distancias Euclídeas entre $r_j^{(t)} = \{x_j^{(t)}, y_j^{(t)}, z_j^{(t)}\}^T$ y $r_j^{(t+1)} = \{x_j^{(t+1)}, y_j^{(t+1)}, z_j^{(t+1)}\}^T$, con $j = 1, \dots, N$, definimos el error promedio entre el SSM en t y $t + 1$ como el promedio de las distancias Euclídeas anteriores. El error como función temporal se muestra en la Figura 5.9 para las tres versiones del método propuesto. Se puede apreciar como la versión de memoria (curva azul) y la versión sin filtrar (curva roja) parecen ser más estables que la versión del Kernel Gaussiano (verde). Este detalle se aprecia con claridad para un número de iteraciones altas (más de 50), donde las curvas de las dos versiones tienden a 0. El pico en la iteración 10 de la curva verde puede deberse al cambio de inclinación que experimenta el SSM de dicha versión. En la secuencia de imágenes mostrada en la Figura 5.6 el cambio de inclinación se aprecia para la iteración 20, pero es posible que se haya producido varias iteraciones antes.

5.3.2. Robustez al variar la condición inicial

La robustez implica que pequeños cambios en la posición inicial no suponen grandes cambios en la posición final de la inicialización. Esto se puede validar si conocemos la posición final del método para una inicial concreta. Por tanto, si el método es robusto, variando dicha posición se espera que la posición final a la que converge no varíe excesivamente.

5.3.3. Desplazamientos aleatorios en la posición inicial

El método propuesto es robusto en el sentido de que pequeñas variaciones en la posición inicial de la forma no suponen un variación grande en la solución final. Para cuantificar esta medida, necesitamos definir una posición inicial de la forma

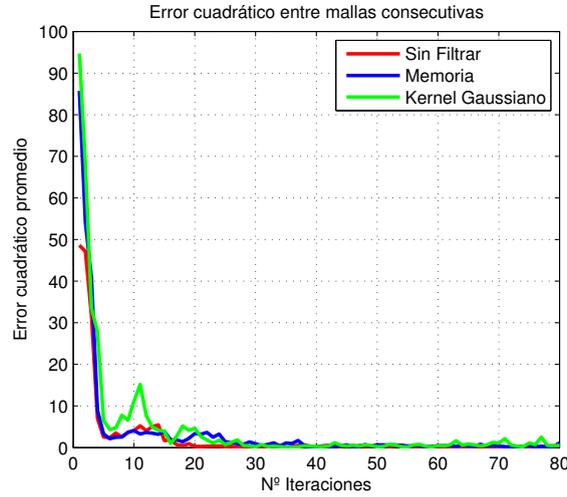


Figura 5.9: Error cuadrático para los tres métodos como función temporal.

promedio, la solución final tras el ajuste, a la que consideraremos “*ground truth*”, y un tipo de perturbación de la posición inicial. Como posición inicial de la forma promedio consideraremos la mostrada en la Figura 5.6 por haber sido validada experimentalmente como una cuya solución final es una buena inicialización para un método de segmentación ASM. Supondremos perturbaciones de la forma inicial en forma de traslaciones $\mathbf{t} = (t_x, t_y, t_z)^T$ que será un vector aleatorio Gaussiano de media nula y matriz de covarianzas diagonal del mismo valor de σ . Este experimento está modelando un error en el posicionamiento sin sesgo y con una desviación igual en las tres direcciones de \mathbb{R}^3 . El valor de σ determina la desviación en la posición. El valor de $L_{candidatos}$ se fija a 25 y el número de iteraciones a 60, los mismos parámetros con los que se mostró el método utilizando los mapas de probabilidad filtrados con el filtro de memoria.

Como medida de error, se calculará la norma del error del centro de masas, lo que nos proporciona una primera idea del posicionamiento de la solución final. Esta medida viene acompañada del error angular en los ejes principales.

El primer experimento se realiza con $\sigma = 2$ y 50 realizaciones y usamos como mapa de probabilidad $p_{tejido}(x, y, z)$ tras filtrar la imagen eco 3D con el filtro de memoria. Los ejes de inercia calculados se muestran en la Figura 5.10 sobre el mismo origen, pues deseamos corroborar que el error angular frente a los ejes de inercia del *ground truth* son bajos.

Los centros de masas de las 50 ejecuciones variando la posición inicial se muestran en la Figura 5.12. En dicha figura se representa por un lado la dispersión de dichas posiciones y por otro su posición en el sistema de coordenadas de la imagen eco 3D. Además, en la Figura 5.11 se muestran las realizaciones de los centros de masas junto a la media muestral, el centro de masas *ground truth* y los ejes principales de variación después de analizar los datos con un análisis por componentes principales.

5.3. ROBUSTEZ Y VELOCIDAD DE CONVERGENCIA

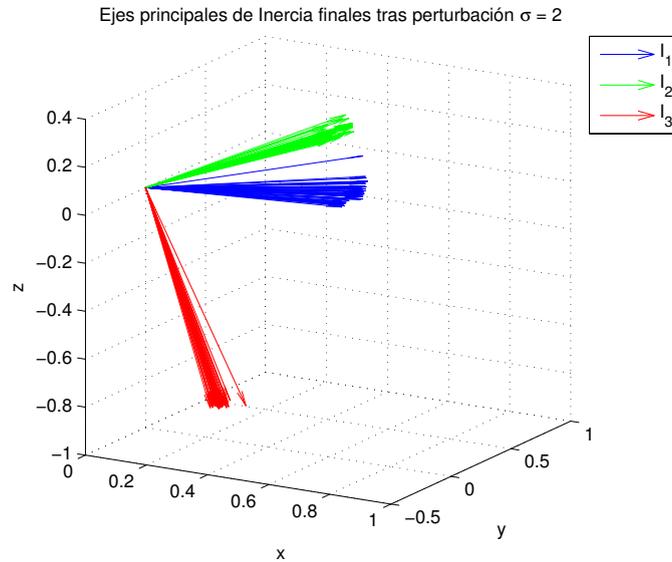


Figura 5.10: Ejes principales de inercia para el experimento con $\sigma = 2$ y filtrado de memoria.

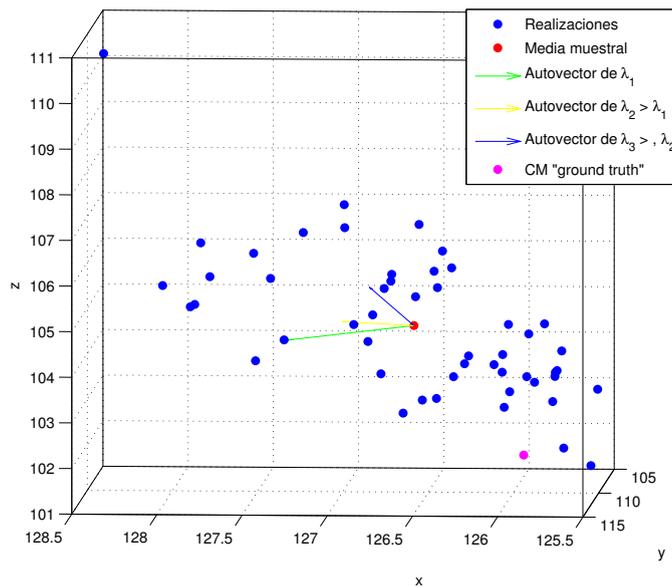
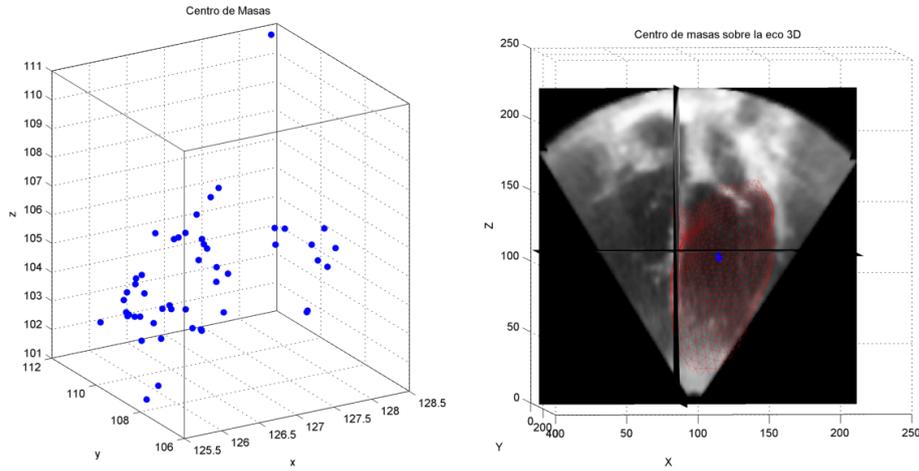


Figura 5.11: Representación de los 50 Centros de Masas obtenido junto a los ejes principales PCA, al CM promedio y al CM *ground truth*.

En la Figura 5.12 se aprecia que la dispersión es baja teniendo en cuenta el sistema de coordenadas de la imagen eco 3D. El autovector de mayor autovalor (el azul) tiene una orientación similar al eje principal de inercia del ventrículo (vector rojo en la Figura 5.10). Esto sugiere que en su mayoría los CM se posicionan sobre dicho eje, por lo que el error es mayor en dicha dirección que en la dirección del contorno.

Para el siguiente experimento, se incrementará la desviación típica σ para simu-


 Figura 5.12: Centro de Masas para el experimento con $\sigma = 2$ y Filtrado de Memoria.

σ	Error en CM [vóxeles]	Error en $\hat{\mathbf{i}}_1$ [°]	Error en $\hat{\mathbf{i}}_2$ [°]	Error en $\hat{\mathbf{i}}_3$ [°]
2	3.11 ± 1.6	3.32 ± 1.62	4.75 ± 1.71	4.2 ± 1.99
5	5.32 ± 4.6	5.76 ± 5.95	8.28 ± 17.58	8.6 ± 16.74
10	18.28 ± 16.18	31.52 ± 44.34	39.22 ± 49.93	33.02 ± 40.14

 Tabla 5.1: Errores en el centro de masas y ejes principales cometidos con un desplazamiento Gaussiano de $\sigma = 2, 5, 10$. Para la imagen eco 3D filtrada con el filtro de memoria. Formato $\eta \pm std$.

lar errores más groseros en el posicionamiento inicial. Probaremos con $\sigma = 5$ y un valor bastante alto $\sigma = 10$. Un valor de 10 implica que la probabilidad de alejarse en un eje hacia la izquierda o derecha más de 10 píxeles es casi del 40%. Este error es bastante extraño en un caso real pero, aun así, lo consideraremos como caso extremo.

A la vista de las figuras anteriores es obvio que las soluciones finales se diferencian muy poco de la supuesta como solución ideal mostrada en la sección anterior, en especial si observamos los ejes de inercia.

Los resultados para el filtro de memoria, cuyas gráficas asociadas son las mostradas anteriormente, se muestran en la Tabla 5.3.3. En ella se muestran los errores asociados al centro de masas (CM) y a los ejes principales asociados a sus momentos I_1, I_2, I_3 . Para el CM, se ha utilizado como medida de error la distancia Euclídea entre las 50 realizaciones y el CM ideal. Para los ejes principales se ha calculado el error angular en grados. También mostramos los boxplot para los casos $\sigma = 2$ y 5 , que son los más realistas.

A continuación se muestran los box plot de los errores angulares y del CM (Figura 5.13).

En la Figura 5.14 se muestra la dispersión el CM y la variación en los ejes principales para el caso $\sigma = 5$.

5.3. ROBUSTEZ Y VELOCIDAD DE CONVERGENCIA

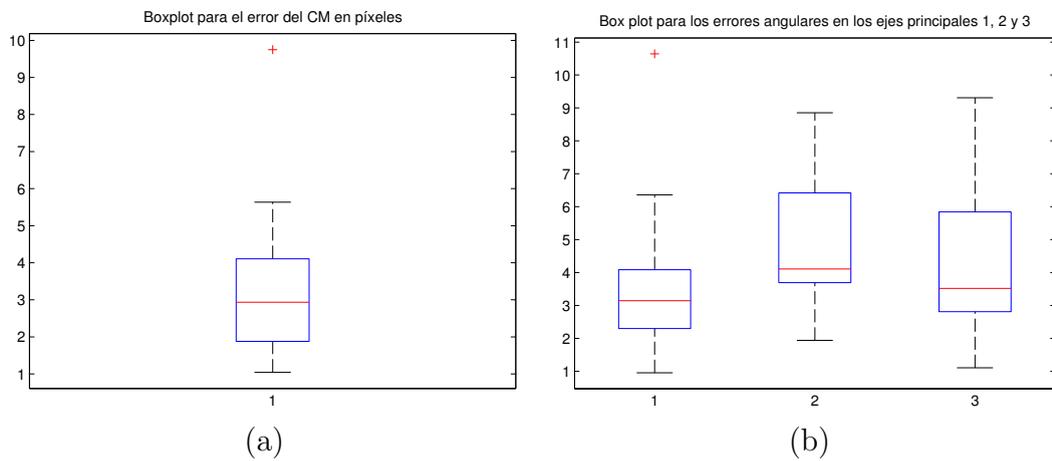


Figura 5.13: Boxplot para el error en el CM (a) y para los errores en los ejes principales (b). Caso $\sigma = 2$ y Filtrado de Memoria.

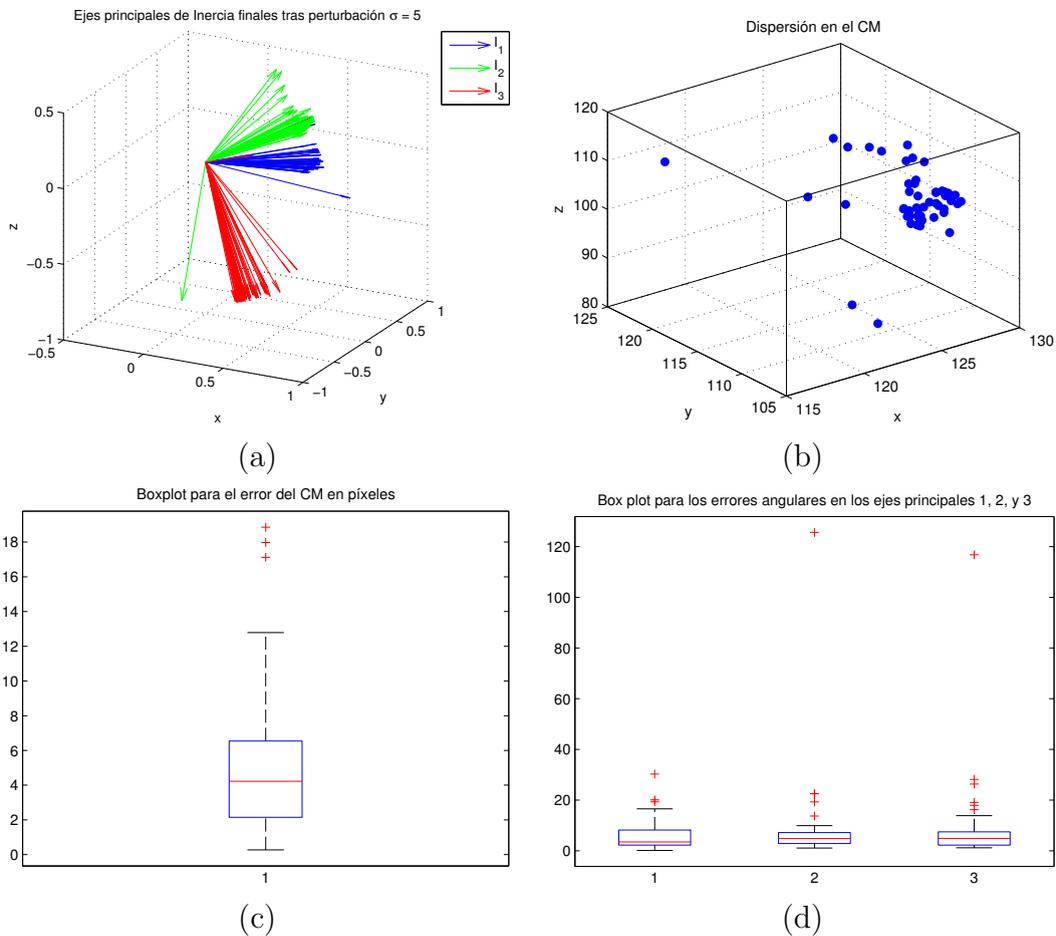


Figura 5.14: Error cometido para el Caso $\sigma = 5$ y Filtrado de Memoria. (a) Error en los ejes principales, (b) Error en el centro de masas, (c) Boxplot para el error en el CM, (d) Boxplot para los errores angulares en los ejes principales.

5.3.4. Error en la estimación de $\mathcal{R}\{.\}$

En esta sección se realiza una comparativa según el error de estimación de la transformación. El protocolo de validación es el siguiente: para cada imagen eco 3D, el usuario realiza un posicionamiento manual del ventrículo izquierdo, indicando 4 puntos: posición del vértice del ventrículo en la eco, \mathbf{r}_1 , posición del centro de masas en el centro del corte axial $z = 100$, \mathbf{r}_2 ; posición izquierda final de la válvula mitral \mathbf{r}_3 y posición derecha final de la válvula mitral \mathbf{r}_4 . Estos 4 puntos se muestran en la siguiente Figura 5.15. La equivalencia de dichos puntos con los del SSM está calculada de antemano y se muestra en la Figura 5.16.

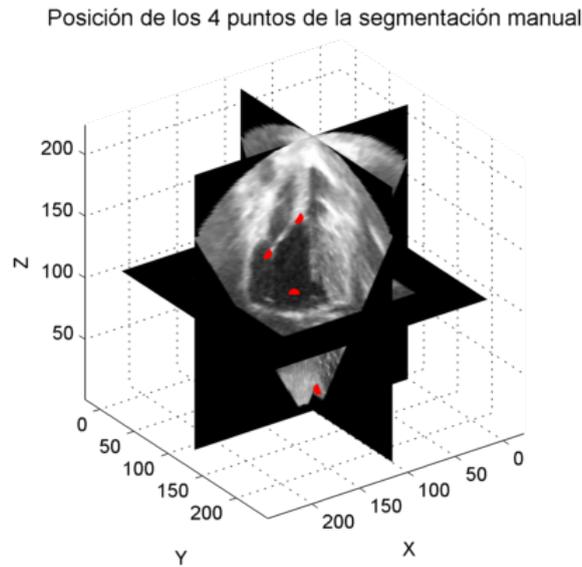


Figura 5.15: Puntos manuales de referencia para la obtención del *ground truth*.

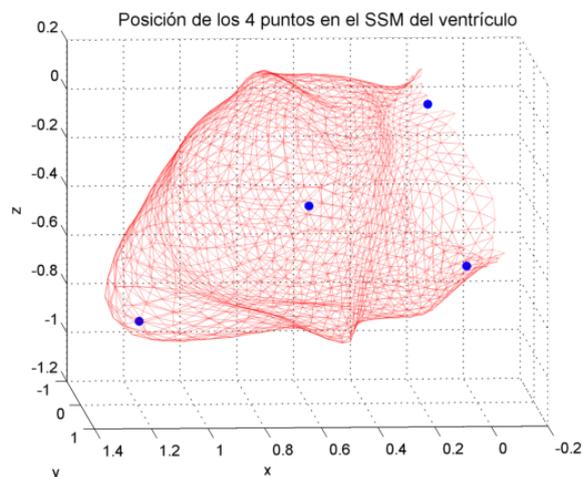


Figura 5.16: Puntos manuales de referencia en el espacio de la imagen eco 3D.

El posicionamiento se realiza estimando la transformación $\mathcal{R}_{ground}\{.\}$ con el

5.3. ROBUSTEZ Y VELOCIDAD DE CONVERGENCIA

método de los cuaterniones de Horn [14]. La transformación $\mathcal{R}_{ground}\{\cdot\}$ se puede desglosar en una rotación \mathbf{R}_{ground} , un vector de traslación \mathbf{t}_{ground} y un escalado s_{ground} . La matriz de rotación \mathbf{R}_{ground} con ángulo θ_{ground} y eje de rotación $\mathbf{u}_{ground} = \{u_{xground}, u_{yground}, u_{zground}\}^T$ la expresamos como el cuaternión:

$$\mathbf{q}_{ground} = \cos \frac{\theta_{ground}}{2} + \sin \frac{\theta_{ground}}{2} (u_{xground}\mathbf{i} + u_{yground}\mathbf{j} + u_{zground}\mathbf{k}) \quad (5.9)$$

Para realizar una validación exhaustiva debería considerarse una batería de imágenes. Aquí lo realizamos con una única imagen pues hay que recordar que estamos ante un método de inicialización cuya medida de bondad no se puede obtener siguiendo los criterios de evaluación de segmentaciones que requieren de un especialista clínico. Teniendo en cuenta esto y la notación anterior, $\mathcal{R}_{ground}\{\cdot\}$ para la primera imagen es:

$$\begin{aligned} \mathbf{q}_{ground} &= 0,7886 + 0,4841\mathbf{i} + 0,2831\mathbf{j} - 0,2521\mathbf{k} \\ s_{ground} &= 82,64 \\ \mathbf{t}_{ground} &= \{109,21, 90,796, 159,85\}^T \end{aligned}$$

Usamos esta notación para calcular los errores de la rotación como normas de cuaterniones y no de matrices. Para el vector de desplazamiento \mathbf{t}_{ground} usamos la norma euclídea usual. Para una ejecución con $L_{candidatos} = 25$ y 60 iteraciones usando los mapas filtrados con el filtro de memoria obtenemos:

$$\begin{aligned} \mathbf{q}_{1MEM} &= 0,7952 + 0,4686\mathbf{i} + 0,2795\mathbf{j} - 0,2645\mathbf{k} \\ s_{1MEM} &= 81,33 \\ \mathbf{t}_{1MEM} &= \{109,59, 93,897, 158,94\}^T \end{aligned}$$

Los errores cometidos son muy bajos:

$$\begin{aligned} e_{q1MEM} &= 0,0212 \\ e_{s1MEM} &= 1,31 \\ e_{t1MEM} &= 3,254 \end{aligned}$$

Si se utiliza el Kernel Gaussiano, se obtiene

$$\begin{aligned} \mathbf{q}_{1Gauss} &= 0,906 + 0,2852\mathbf{i} + 0,2944\mathbf{j} - 0,107\mathbf{k} \\ s_{1Gauss} &= 80,44 \\ \mathbf{t}_{1Gauss} &= \{115,31, 93,03, 154,97\}^T \end{aligned}$$

y un error de

$$\begin{aligned} e_{q1Gauss} &= 0,27 \\ e_{s1Gauss} &= 2,2 \\ e_{t1Gauss} &= 8,921 \end{aligned}$$

Curiosamente sin filtrar los mapas, obtenemos unos resultados muy próximos al *ground truth* aunque no mejores que los obtenidos con el filtro de memoria,

$$\begin{aligned}\mathbf{q}_{1Sin} &= 0,7828 + 0,4776\mathbf{i} + 0,3065\mathbf{j} - 0,2554\mathbf{k} \\ s_{1Sin} &= 83,43 \\ \mathbf{t}_{1Sin} &= \{114,1, 91,54, 166,29\}^T\end{aligned}$$

y un error de

$$\begin{aligned}e_{q1Sin} &= 0,0252 \\ e_{s1Sin} &= 0,7917 \\ e_{t1Sin} &= 8,1221\end{aligned}$$

Es importante destacar que los errores han sido obtenidos con 100 iteraciones para los dos últimos métodos y 60 para el primero, lo que sugiere que el método de filtrado con memoria es más rápido.

5.4. Conclusiones

El método de inicialización propuesto es robusto a pequeñas variaciones en la posición inicial. Esto se ha corroborado con el experimento de perturbaciones Gausianas donde se aprecia que los ejes de inercia difieren muy poco para cada realización y lo mismo sucede con el centro de masas. La comprobación se realizó con la versión que usa los mapas de probabilidad con memoria. Esta versión parece que presenta una ventaja frente a la que estima los mapas de probabilidad tras el filtro de Kernel Gaussiano o sin ningún filtro, como se observa en la evolución temporal de los tres SSM de cada versión. Mientras que la versión de kernel Gaussiano tiene una convergencia poco suave, la versión de filtrado de memoria e incluso la que usa mapas de probabilidad sin filtrar convergen con una velocidad alta. La estimación de la transformación $\mathcal{R}\{.\}$ es más precisa en el caso de la versión de filtrado para 2 de los 3 errores asociados (error en la rotación y en la traslación). Sin embargo, si se tiene en cuenta la escala, la versión que no utiliza filtrado. obtiene un mejor resultado. Se puede concluir, por tanto, que la versión que usa los mapas filtrados con memoria determina adecuadamente la posición del ventrículo. En cualquier caso, las tres versiones proporcionan una inicialización adecuada para el posterior ASM y los errores en comparación con el *ground truth* son bajos.

Es importante recalcar la necesidad de una metodología de validación más sólida para poder corroborar la robustez. Aun así, los resultados de errores angulares en los ejes de inercia muestran que la orientación final del ventrículo está acorde con la del *ground truth*. Existe un error mayor en la posición del centro de masas final, pero sigue siendo un resultado bueno. El análisis PCA de las posiciones de las 50 realizaciones muestra que existe una tendencia a que estos se sitúen en el eje principal del ventrículo. Por tanto, los errores no se producen a lo largo del contorno sino en el eje del ventrículo. Este detalle puede ser interesante de cara a un análisis

5.4. CONCLUSIONES

más concienzudo del error en el posicionamiento. En resumen, el método propuesto supone una ventaja frente a la inicialización arbitraria en un ASM, primero con el ajuste del centroide y del vértice del ventrículo y luego con el guiado probabilístico en las direcciones normales. Además, el método se puede combinar con una primera inicialización manual de un especialista clínico. Por ejemplo, el especialista clínico puede realizar una primera inicialización según su criterio y refinarla con cualquiera de las versiones propuestas según el tipo de estimación de mapas. En el caso de desear un procedimiento no supervisado, el ajuste adicional con el centroide y el vértice del ventrículo en combinación con el método de guiado probabilístico resultará en una mejor inicialización que una basada en heurística.

Capítulo 6

Conclusiones y Líneas Futuras

A largo de la memoria se han desglosado las conclusiones más relevantes en cada capítulo. En éste se presentarán las conclusiones principales del trabajo que abren líneas claras para una futura investigación. El capítulo se cerrará planteando unas líneas futuras y de actuación par extender el ASM planteado en este trabajo en problemas más generales.

6.1. Conclusiones

Robustez del método propuesto

El método de guiado basado en mapas de probabilidad ha demostrado ser robusto frente a pequeñas variaciones en la condición inicial y converge hacia una posición realista del ventrículo izquierdo en una ecografía 3D. La robustez se ha probado en el caso de la estimación de mapas de probabilidad filtrados con el filtro con memoria. Los resultados de error obtenidos para los ejes de inercia y centro de masas mostraron ser bajos, lo que muestra la importancia de la caracterización de tejidos con modelos probabilísticos. El comportamiento de la robustez del ASM en el caso de mapas de probabilidad sin filtrar o con filtro Gaussiano variante es similar pues los mapas de probabilidad presentan una gran regularidad (considerablemente mayor que la pura información de intensidad). La convergencia del ASM en los tres escenarios (filtro con memoria, filtro Gaussiano variante y sin filtrar) muestra, una vez más la idoneidad de la utilización de los modelos probabilísticos como información para el ASM.

Aunque se ha descrito un método completamente automático para la localización del ASM en la imagen, el método propuesto de inicialización de ASM es perfectamente compatible con la interacción de un especialista. Esta interacción puede ser mínima en el sentido de que el usuario no tiene más que localizar el centro de masas de la cavidad a segmentar. Esta localización varía poco en una secuencia temporal. La robustez del método de inicialización del ASM que se ha propuesto garantiza el correcto seguimiento del movimiento del ventrículo izquierdo en secuencias temporales. Este es un importante resultado para la obtención de medidas fisiológicas

relacionadas con el esfuerzo de los tejidos (tensor de estrés y esfuerzo) [81, 82, 83, 84], que ocupan mucho tiempo si se han de realizar de forma completamente manual. El protocolo de actuación que podría utilizarse en la práctica es el siguiente:

1. Localización manual de la posición inicial del ventrículo izquierdo. El especialista puede trazar un contorno sobre el corte axial o establecer el ápice del ventrículo junto con el centro de masas ventricular. Esta será la única interacción con el especialista.
2. Se realiza entonces una estimación de la transformación óptima $\mathcal{R}_1\{.\}$ con el método de Horn para situar el modelo de forma del ventrículo en la posición indicada por las condiciones impuestas en el paso anterior.
3. Si este proceso se realiza de forma razonable (no es necesaria una gran precisión), el método de guiado comenzará rotando el ventrículo alrededor del eje de inercia para obtener la orientación adecuada del ventrículo.
4. El método obtiene la transformación $\mathcal{R}_2\{.\}$ gracias a la búsqueda de los puntos candidatos en los mapas de probabilidad a través de las direcciones normales.
5. En este punto se obtendría la transformación global $\mathcal{R}\{.\} = \mathcal{R}_1\{.\}\mathcal{R}_2\{.\}$ y la inicialización del ASM habría finalizado.
6. Si se trata de una secuencia temporal, la localización del ápice y centro de masas tras la transformación global $\mathcal{R}\{.\} = \mathcal{R}_1\{.\}\mathcal{R}_2\{.\}$ se emplea en el instante siguiente y se procede con el paso 2.

El trabajo aquí presentado se centra principalmente en la búsqueda de una inicialización adecuada del ASM cardíaco. No obstante es importante señalar que no existe limitación alguna en usar este método como parte del procedimiento de búsqueda de la forma del ASM una vez se ha localizado la forma inicial.

Filtros de preservación de tejido

De los dos tipos de filtrado propuestos, el filtro de difusión con memoria es el que ha obtenido los mejores resultados en cuanto a robustez y precisión. Aunque la diferencia visual de los mapas de probabilidad en comparación con los del filtro Gaussiano variante no es excesiva, se han mostrado las diferencias encontradas en la evolución temporal del SSM así como en los errores cometidos en la estimación de la Transformación óptima. Este resultado pone de manifiesto la importancia de considerar el speckle como medida discriminadora entre tejidos pues el filtro de difusión con memoria fue diseñado para filtrar todo aquel speckle con escasa o ninguna relevancia para fines clínicos. El filtro Gaussiano variante no tiene en cuenta la conservación de la estructura interna del speckle en la región de miocardio y no proporciona la misma velocidad en la convergencia del ASM que en el caso del filtro con memoria. No obstante, alcanza una buena convergencia y su uso puede ser especialmente indicado en aplicaciones en tiempo real pues es computacionalmente más eficiente que el filtro anisótropo con memoria. Las interpolaciones necesarias se

pueden paralelizar fácilmente en una implementación en C++, así como la cascada de las tres convoluciones.

6.2. Líneas Futuras

6.2.1. Validación

Resulta necesaria una validación más exhaustiva si se quiere probar la robustez y la precisión del método para ser utilizado en la práctica clínica. Una metodología de validación adecuada debería incluir la comprobación de un experto cardiólogo. La intervención del experto puede proporcionar medidas exactas del error cometido en la localización del ventrículo así como medidas más precisas de contornos anatómicos.

Cabría pensar que una forma adecuada de medir la bondad del método propuesto es utilizar medidas fisiológicas obtenidas del análisis de las imágenes como pueden ser la fracción de eyección o medidas de volumen ventricular. Esta forma de validación sería adecuada si se proporcionaran segmentaciones finales del ventrículo pero conviene destacar que el resultado de este trabajo es una localización inicial del ASM y no una segmentación final. Por tanto, la validación con volúmenes no tiene sentido en este contexto. También conviene resaltar que si se tuviesen medidas finales de segmentación, no podría determinarse si los errores cometidos proceden de una mala inicialización o de la construcción propia del modelo de forma $\mathbf{v} = \bar{\mathbf{v}} + \mathbf{P}\mathbf{b}$. Parece evidente, por tanto, la necesidad de buscar un método de inicialización robusto cuya bondad de ajuste sea medible y diferenciable de la capacidad de ajuste la forma del ASM.

6.2.2. Segmentación multicavidad con ASMs

Resulta evidente que una inicialización robusta ofrece un punto de partida adecuado para que un ASM logre proporcionar una segmentación adecuada de la cavidad sujeta a estudio. La metodología expuesta en este trabajo puede ser fácilmente adaptada a la búsqueda de los parámetros de forma que describen el ASM a través de proyecciones en el espacio de formas tras la adecuada búsqueda de candidatos. De esta manera, se pueden combinar secuencialmente la búsqueda de la transformación $\mathcal{R}\{\cdot\} = \mathcal{R}_1\{\cdot\}\mathcal{R}_2\{\cdot\}$ con la búsqueda de los parámetros de forma \mathbf{b} que mejor se adaptan a los puntos candidatos.

También es importante señalar que el modelo aquí presentado, aunque sólo considera el ventrículo, puede adaptar distintas cavidades de un modelo ASM multicavidad. La extensión a un modelo multicavidad consiste en guiar la transformación general por medio de una única cámara (por ejemplo el ventrículo) y, posteriormente, buscar las transformaciones relativas a esta que modifican el resto de cavidades. De esta manera, las relaciones anatómicas entre cavidades se siguen conservando y toman una referencia sólida y robusta.

6.2.3. Extensiones del ASM

El modelo de formas utilizado está suponiendo implícitamente que los puntos del modelo son variables aleatorias IID y Gaussianas. Para verlo, se considera la forma en el origen $\mathbf{v}' = \mathbf{v} - \bar{\mathbf{v}}$. Si $\mathbf{b}' = \mathbf{P}^T \mathbf{v}'$, al generar nuevas formas, en realidad se están buscando las coordenadas óptimas \mathbf{b}_{opt} tal que $\|(\mathbf{v}' - \mathbf{P}\mathbf{b}_{\text{opt}})\|^2$ se hace mínimo. Como las columnas de \mathbf{P} son ortogonales, \mathbf{b}_{opt} resulta ser la proyección ortogonal ($\mathbf{b}_{\text{opt}} = \mathbf{b}'$).

Minimizar el error cuadrático anterior es equivalente a obtener el estimador de máxima verosimilitud de $\mathbf{P}\mathbf{b}$ (con una única realización del vector \mathbf{v}') en el modelo:

$$\mathbf{v}' = \mathbf{w} + \mathbf{P}\mathbf{b} \quad (6.1)$$

con \mathbf{w} un vector Gaussiano de medias nulas y $\mathbf{C}_{\mathbf{w}} = \sigma_w^2 \mathbf{I}$. El vector \mathbf{v}' es Gaussiano y el exponente de la distribución es $\frac{-1}{2\sigma_w^2} (\mathbf{v}' - \mathbf{P}\mathbf{b})^T (\mathbf{v}' - \mathbf{P}\mathbf{b}) \propto \|(\mathbf{v}' - \mathbf{P}\mathbf{b})\|^2$.

La suposición de que el vector \mathbf{v}' de forma es un vector Gaussiano es discutible y –si cabe– más aún que sus componentes sean independientes entre sí. Si un punto se desplaza es obvio que esto impone unas condiciones a sus vecinos más próximos, ya que existe una conectividad clara y esto no se está teniendo en cuenta al construir nuevas formas. Una posibilidad es suponer que el vector \mathbf{w} tiene una matriz de covarianzas no diagonal que lleva a minimizar la forma cuadrática $(\mathbf{v}' - \mathbf{P}\mathbf{b})^T \mathbf{C}_{\mathbf{w}}^{-1} (\mathbf{v}' - \mathbf{P}\mathbf{b})$. Entonces, se puede plantear un esquema de ASM con proyecciones en \mathbf{P} utilizando el producto escalar derivado de esta forma cuadrática $\langle \mathbf{C}_{\mathbf{w}}^{-1} \mathbf{v}', \mathbf{v}' \rangle = \mathbf{v}'^T \mathbf{C}_{\mathbf{w}}^{-1} \mathbf{v}'$.

Otra posibilidad quizá más adecuada es la de suponer un modelo de Markov en los puntos de la forma pues parece lógico pensar que la conectividad viene marcada únicamente por los vecinos más próximos. El principal inconveniente de esta filosofía es plantear un modelo lineal como el del ASM que cumpla este requerimiento.

De forma similar, si se considera junto al ASM los *Active Appearance Models* donde lo que se proyecta en el espacio es la información de intensidad, el modelo Gaussiano claramente no es válido para modelar el *speckle*, como se ha mostrado a lo largo de este trabajo. Encontrar en este caso modelos lineales que generen distribuciones Gamma es una posible línea futura, aunque complicada.

Bibliografía

- [1] J. A. Noble and D. Boukerroui, “Ultrasound image segmentation: a survey,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 25, no. 8, pp. 987–1010, 2006.
- [2] A. H. Curiale, G. Vegas-Sánchez-Ferrero, T. P. Sanz, and S. A. Fernández, “Strain rate tensor estimation from echocardiography for quantitative assessment of functional mitral regurgitation,” in *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro*, 2013.
- [3] G. Coppini, R. Poli, and G. Valli, “Recovery of the 3-d shape of the left ventricle from echocardiographic images,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 14, no. 2, pp. 301–317, 1995.
- [4] C. Corsi, G. Saracino, A. Sarti, and C. Lamberti, “Left ventricular volume estimation for real-time three-dimensional echocardiography,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 21, no. 9, pp. 1202–1208, 2002.
- [5] E. D. Angelini, A. F. Laine, S. Takuma, J. W. Holmes, and S. Homma, “Lv volume quantification via spatiotemporal analysis of real-time 3-d echocardiography,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 20, no. 6, pp. 457–469, 2001.
- [6] T. F. Cootes, C. J. Taylor, D. H. Cooper, J. Graham, *et al.*, “Active shape models—their training and application,” *Computer vision and image understanding*, vol. 61, no. 1, pp. 38–59, 1995.
- [7] T. Cootes, E. Baldock, and J. Graham, “An introduction to active shape models,” *Image Processing and Analysis*, pp. 223–248, 2000.
- [8] J. G. Bosch, S. C. Mitchell, B. P. F. Lelieveldt, F. Nijland, O. Kamp, M. Sonka, and J. H. C. Reiber, “Automatic segmentation of echocardiographic sequences by active appearance motion models,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 21, no. 11, pp. 1374–1383, 2002.
- [9] M. Ma, M. van Stralen, J. H. Reiber, J. G. Bosch, and B. P. Lelieveldt, “Left ventricle segmentation from contrast enhanced fast rotating ultrasound images using three dimensional active shape models,” in *Functional Imaging and Modeling of the Heart*, pp. 295–302, Springer, 2009.
- [10] N. Paragios, M.-P. Jolly, M. Taron, and R. Ramaraj, “Active shape models and segmentation of the left ventricle in echocardiography,” in *Scale Space and PDE Methods in Computer Vision*, pp. 131–142, Springer, 2005.

-
- [11] C. Hoogendoorn, N. Duchateau, D. Sanchez-Quintana, T. Whitmarsh, F. Sukno, M. De Craene, K. Lekadir, and A. Frangi, “A high-resolution atlas and statistical model of the human heart from multislice ct,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, January 2013.
- [12] G. Ramos-LLordén, “Filtro de difusión anisótropo con memoria basado en imágenes intravasculares y cardíacas,” Master’s thesis, Universidad de Valladolid, July 2012. http://www.lpi.tel.uva.es/~gramllo/PFC_Gabriel.pdf.
- [13] G. Ramos-LLordén, G. Vegas-Sánchez-Ferrero, S. Aja-Fernández, M. Martín-Fernández, and C. Alberola-López, “Fast anisotropic speckle filter for ultrasound medical images,” in *XIII Mediterranean Conference on Medical and Biological Engineering and Computing (MEDICON 2013)*, ACEPTADO, 2013.
- [14] B. K. Horn, “Closed-form solution of absolute orientation using unit quaternions,” *JOSA A*, vol. 4, no. 4, pp. 629–642, 1987.
- [15] W. Lees, “Ultrasound imaging in three and four dimensions,” in *Seminars in Ultrasound, CT and MRI*, vol. 22, pp. 85–105, Elsevier, 2001.
- [16] A. Fenster, D. B. Downey, and H. N. Cardinal, “Three-dimensional ultrasound imaging,” *Physics in medicine and biology*, vol. 46, no. 5, p. R67, 2001.
- [17] I. O. Wygant, X. Zhuang, D. T. Yeh, O. Oralkan, A. S. Ergun, M. Karaman, and B. T. Khuri-Yakub, “Integration of 2d cmut arrays with front-end electronics for volumetric ultrasound imaging,” *IEEE Transactions on Ultrasonics, Ferroelectrics and Frequency Control*, vol. 55, no. 2, pp. 327–342, 2008.
- [18] L. Cordero-Grande, *Estimación del tensor de esfuerzo del miocardio. Integración de propiedades físicas del problema e imagen de resonancia magnética multimodal en un modelo estocástico*. PhD thesis, Universidad de Valladolid, 2011.
- [19] J. Ng, R. Prager, N. Kingsbury, G. Treece, and A. Gee, “Modeling ultrasound imaging as a linear, shift-variant system,” *IEEE Transactions on Ultrasonics, Ferroelectrics and Frequency Control*, vol. 53, pp. 549–563, march 2006.
- [20] P. M. Morse, K. U. Ingard, and R. Shankland, “Theoretical acoustics,” *Physics Today*, vol. 22, p. 98, 1969.
- [21] A. Papoulis and S. U. Pillai, *Probability, Random Variables and Stochastic Processes*. TATA McGraw-Hill, 2002.
- [22] M. M. Fernández, *Contribuciones al análisis automático y semiautomático de ecografía fetal tridimensional mediante campos aleatorios de Markov y contornos activos. Ayudas al diagnóstico precoz de malformaciones*. PhD thesis, Universidad de Valladolid, 2001.
- [23] T. Tuthill, R. Sperry, and K. Parker, “Deviations from rayleigh statistics in ultrasonic speckle,” *Ultrasound imaging*, vol. 10, pp. 81–89, Dec 1988.
- [24] M. Abramowitz and I. A. Stegun, *Handbook of Mathematical Functions With Formulas, Graphs, and Mathematical Tables*, ch. 11. Integrals of Bessel Functions, p. 488. United States Department of Commerce, tenth ed., December 1972.

BIBLIOGRAFÍA

- [25] E. Jakeman and P. Pusey, “A model for non-rayleigh sea echo,” *IEEE Transactions on Antennas and Propagation*, vol. 24, November 1976.
- [26] P. M. Shankar, “A model for ultrasonic scattering from tissues based on the k distribution,” *Physics in Medicine and Biology*, vol. 40, no. 10, 1995.
- [27] E. Jakeman and P. N. Pusey, “Significance of k distributions in scattering experiments,” *Phys. Rev. Lett.*, vol. 40, pp. 546–550, Feb 1978.
- [28] T. Eltoft, “A new approach to modeling signal amplitude statistics by the k distributions,” in *Signal Processing Symposium, 2006. NORSIG 2006. Proceedings of the 7th Nordic*, pp. 62–65, june 2006.
- [29] J. Nolan, *Stable distributions: models for heavy-tailed data*. Birkhauser, 2003.
- [30] E. E. Kuruoglu and J. Zerubia, “Modeling sar images with a generalization of the rayleigh distribution,” *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 13, no. 4, pp. 527–533, 2004.
- [31] G. Vegas-Sánchez-Ferrero, F. Simmross-Wattenberg, M. Martín-Fernández, C. Palencia, and C. Alberola-López, “Caracterización de speckle con modelos de cola pesada,” in *Congreso Anual de la Sociedad Española de Ingeniería Biomédica (CASEIB), San Sebastián, Spain*, 2012.
- [32] G. Vegas-Sánchez-Ferrero, S. Aja-Fernandez, M. Martín-Fernandez, A. F. Frangi, and C. Palencia, “Probabilistic-driven oriented speckle reducing anisotropic diffusion with application to cardiac ultrasonic images,” in *Proceedings of the 13th international conference on Medical image computing and computer-assisted intervention: Part I, MICCAI’10, (Berlin, Heidelberg)*, pp. 518–525, Springer-Verlag, 2010.
- [33] Z. Tao, H. Tagare, and J. Beaty, “Evaluation of four probability distribution models for speckle in clinical cardiac ultrasound images,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 25, pp. 1483–1491, nov. 2006.
- [34] G. Vegas-Sánchez-Ferrero, D. Martín-Martínez, S. Aja-Fernández, and C. Palencia, “On the influence of interpolation on probabilistic models for ultrasonic images,” in *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro, 2010*, pp. 292–295, april 2010.
- [35] L. Ha, M. Prastawa, G. Gerig, J. H. Gilmore, C. T. Silva, and S. Joshi, “Efficient probabilistic and geometric anatomical mapping using particle mesh approximation on gpus,” *Journal of Biomedical Imaging*, vol. 2011, pp. 4:1–4:16, Jan. 2011.
- [36] P. Santago and H. Gage, “Statistical models of partial volume effect,” *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 4, pp. 1531–1540, nov 1995.
- [37] J. Tohka, A. Zijdenbos, and A. Evans, “Fast and robust parameter estimation for statistical partial volume models in brain mri,” *Neuroimage*, vol. 23, no. 1, pp. 84–97, 2004.
- [38] T. Moon, “The expectation-maximization algorithm,” *IEEE Signal Processing Magazine*, vol. 13, pp. 47–60, nov 1996.

-
- [39] G. Vegas-Sánchez-Ferrero, *Probabilistic models for tissue characterization in Ultrasonic and Magnetic Resonance Medical Images and Applications*. PhD thesis, Universidad de Valladolid, 2012.
- [40] H. Li, “Lagrange multipliers and their applications,” September 28 2008.
- [41] T. M. Cover and J. A. Thomas, *Elements of Information Theory*. Wiley Student Edition, 1999.
- [42] F. Destrempes, J. Meunier, M.-F. Giroux, G. Soulez, and G. Cloutier, “Segmentation in ultrasonic b-mode images of healthy carotid arteries using mixtures of nakagami distributions and stochastic optimization,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 28, pp. 215–229, feb. 2009.
- [43] G. Ramos-LLordén, G. Vegas-Sánchez-Ferrero, S. Aja-Fernández, M. Martín-Fernández, and C. Alberola-López, “Filtro de difusión anisótropo con memoria basado en imágenes intravasculares y cardíacas,” in *Congreso Anual de la Sociedad Española de Ingeniería Biomédica (CASEIB)*, San Sebastián, Spain, 2012.
- [44] D. Tschumperlé, *PDE’s Based Regularization of Multivalued Images and Applications*. PhD thesis, École Doctorale Sciences et Technologies de l’Information et de la Communication, Université de Nice- Sophia Antipolis, 13 Décembre 2002.
- [45] J.-S. Lee, “Digital image enhancement and noise filtering by use of local statistics,” *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. PAMI-2, pp. 165–168, march 1980.
- [46] V. S. Frost, J. A. Stiles, K. S. Shanmugan, and J. C. Holtzman, “A model for radar images and its application to adaptive digital filtering of multiplicative noise,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. PAMI-4, pp. 157–166, march 1982.
- [47] D. T. Kuan, A. A. Sawchuk, T. C. Strand, and P. Chavel, “Adaptive noise smoothing filter for images with signal-dependent noise,” *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. PAMI-7, pp. 165–177, march 1985.
- [48] A. Lopes, E. Nezry, R. Touzi, and H. Laur, “Maximum a posteriori speckle filtering and first order texture models in sar images,” in *Geoscience and Remote Sensing Symposium, 1990. IGARSS ’90. ’Remote Sensing Science for the Nineties’*, 10th Annual International, pp. 2409–2412, may 1990.
- [49] P. Perona and J. Malik, “Scale-space and edge detection using anisotropic diffusion,” *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 12, pp. 629–639, 1990.
- [50] Y. Yu and S. T. Acton, “Speckle reducing anisotropic diffusion,” *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 11, pp. 1260–1270, nov 2002.
- [51] K. Krissian, C.-F. Westin, R. Kikinis, and K. Vosburgh, “Oriented speckle reducing anisotropic diffusion,” *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 16, pp. 1412–1424, may 2007.
- [52] J. Weickert, *Anisotropic Diffusion in Image Processing*. B.G Teubner (Stuttgart), 1998.

BIBLIOGRAFÍA

- [53] G. Cottet and M. Ayyadi, “A volterra type model for image processing,” *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 7, pp. 292–303, mar 1998.
- [54] J. Weickert, B. T. H. Romeny, and M. A. Viergever, “Efficient and reliable schemes for nonlinear diffusion filtering,” *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 7, no. 3, pp. 398–410, 1998.
- [55] C. H. Lampert and O. Wirjadi, “An optimal nonorthogonal separation of the anisotropic gaussian convolution filter,” *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 15, no. 11, pp. 3501–3513, 2006.
- [56] R. D. Deriche *et al.*, “Recursively implementating the gaussian and its derivatives,” 1993.
- [57] I. T. Young and L. J. van Vliet, “Recursive implementation of the gaussian filter,” *Signal processing*, vol. 44, no. 2, pp. 139–151, 1995.
- [58] M. Song, R. M. Haralick, F. H. Sheehan, and R. K. Johnson, “Integrated surface model optimization for freehand three-dimensional echocardiography,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 21, no. 9, pp. 1077–1090, 2002.
- [59] A. Sarti, R. Malladi, and J. A. Sethian, “Subjective surfaces: A method for completing missing boundaries,” *Proceedings of the National Academy of Sciences*, vol. 97, no. 12, pp. 6258–6263, 2000.
- [60] M. Kass, A. Witkin, and D. Terzopoulos, “Snakes: Active contour models,” *International journal of computer vision*, vol. 1, no. 4, pp. 321–331, 1988.
- [61] G. Scott, “The alternative snake—and other animals,” in *3rd Alvey Vision Conference, Cambridge, England*, pp. 341–347, 1987.
- [62] K. Mardia, J. Kent, *et al.*, “Statistical shape models in image analysis,” tech. rep., DTIC Document, 1992.
- [63] L. Devroye, *Non Uniform Random Variate Generation*. Springer-Verlag, New York, 1986.
- [64] I. Jolliffe, *Principal Component Analysis*. Springer, 2002.
- [65] P. Sozou, T. Cootes, C. Taylor, and E. Di-Mauro, “A non-linear generalisation of pdms using polynomial regression,” in *British Machine Vision Conference*, vol. 2, pp. 397–406, Citeseer, 1994.
- [66] P. Sozou, T. Cootes, C. Taylor, and E. Di Mauro, “Non-linear point distribution modelling using a multi-layer perceptron,” in *British Machine Vision Conference*, vol. 1, pp. 107–116, Citeseer, 1995.
- [67] T. Heap and D. Hogg, “Automated pivot location for the cartesian-polar hybrid point distribution model,” in *In British Machine Vision Conference*, pp. 97–106, BMVA Press, 1996.
- [68] B. L. van der Waerden, “Hamilton’s discovery of quaternions,” *Mathematics Magazine*, vol. 49, no. 5, pp. 227–234, 1976.

-
- [69] G. T. del Castillo, “La representación de rotaciones mediante cuaterniones,” *Mis-celánea Matemática*, vol. 29, pp. 43–50, 1999.
- [70] T. F. Cootes, C. J. Taylor, *et al.*, “Statistical models of appearance for computer vision,” *Imaging Science and Biomedical Engineering, University of Manchester, Manchester M13 9PT, UK March*, vol. 8, 2004.
- [71] A. Hill, T. F. Cootes, and C. J. Taylor, “A generic system for image interpretation using flexible templates,” in *BMVC92*, pp. 276–285, Springer, 1992.
- [72] J. Canny, “A computational approach to edge detection,” *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, no. 6, pp. 679–698, 1986.
- [73] R. Deriche, “Using canny’s criteria to derive a recursively implemented optimal edge detector,” *International journal of computer vision*, vol. 1, no. 2, pp. 167–187, 1987.
- [74] J. Haslam, C. J. Taylor, T. F. Cootes, and S. Building, “Cootes. a probabilistic fitness measure for deformable template models,” in *In Proceedings of the British Machine Vision Conference*, pp. 33–42.
- [75] B. Van Ginneken, A. F. Frangi, J. J. Staal, B. M. ter Haar Romeny, and M. A. Viergever, “Active shape model segmentation with optimal features,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 21, no. 8, pp. 924–933, 2002.
- [76] K. Lekadir, R. Merrifield, and G.-Z. Yang, “Outlier detection and handling for robust 3-d active shape models search,” *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 26, no. 2, pp. 212–222, 2007.
- [77] P. J. Burt, *The pyramid as a structure for efficient computation*. Springer, 1984.
- [78] S. Drasco, “The inertia tensor and after dinner tricks,” tech. rep., April 1998.
- [79] B. Noble, *Applied Linear Algebra*. Prentice-Hall, 1969.
- [80] E. Kovács, “Rotation about an arbitrary axis and reflection through an arbitrary plane,” in *Annales Mathematicae et Informaticae*, vol. 40, pp. 175–186, 2012.
- [81] A. H. Curiale, G. Vegas-Sanchez-Ferrero, T. Perez-Sanz, and S. Aja-Fernandez, “Strain rate tensor estimation from echocardiography for quantitative assessment of functional mitral regurgitation,” in *IEEE 10th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI), 2013*, pp. 788–791, 2013.
- [82] A. H. Curiale, G. Vegas-Sánchez-Ferrero, and S. Aja-Fernández, “Speckle tracking in interpolated echocardiography to estimate heart motion,” vol. 7945 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 325 – 333, Springer Berlin Heidelberg, 2013.
- [83] A. H. Curiale, “Obtención de nuevos parámetros ecocardiográficos para la cuantificación de la insuficiencia mitral funcional,” Master’s thesis, Escuela Técnica Superior de Ingenieros de Telecomunicación, 2011.
- [84] A. H. Curiale, G. Vegas-Sánchez-Ferrero, T. Pérez-Sanz, and S. Aja-Fernández, “Cuantificación de la insuficiencia mitral funcional mediante el esfuerzo y la velocidad del miocardio,” pp. 321–324, Congreso Anual de la Sociedad Española de Ingeniería Biomédica (CASEIB), Cáceres, Spain, 2011.

Apéndice A

Publicaciones relacionadas

Filtro de Difusión Anisótropo con Memoria basado en Modelos Probabilísticos para Imágenes Intravasculares y Cardíacas

G. Ramos Llordén, G. Vegas Sánchez-Ferrero,
S. Aja Fernández, M. Martín Fernández, C. Alberola López

Laboratorio de Procesado de Imagen - Universidad de Valladolid

Resumen

Los filtros de difusión anisótropa para reducción de speckle se han utilizado extensamente por su capacidad de filtrar preservando bordes entre tejidos. No obstante, el sobrefiltrado y la generación de bordes irreales hace que estos filtros no sean aceptados para aplicaciones médicas en las que la información estructural de los tejidos debe ser preservada. En este trabajo se propone un filtro de difusión con memoria con el objetivo de preservar las estructuras de dimensiones más pequeñas que parecen en imágenes intravasculares (IVUS) y cardíacas. Se propone un modelo de tensor de difusión con memoria que mantiene las estructuras de interés médico de la imagen a lo largo del tiempo y reduce significativamente el ruido. El filtro propuesto se ha probado en imágenes IVUS y cardíacas, en las que ha demostrado un mejor comportamiento que el de los filtros de speckle de la literatura.

1. Introducción

La cardiopatía isquémica es el nombre que reciben las enfermedades cardiovasculares caracterizadas por un desequilibrio entre el suministro de oxígeno y la demanda cardíaca. El proceso subyacente fundamental es la aterosclerosis coronaria: acumulación de placas (ateroma) en la íntima de las arterias coronarias que irrigan el tejido del músculo cardíaco [1]. La detección de estas placas se puede realizar a través de imágenes ultrasónicas intravasculares (IVUS), donde se toma una imagen del interior de la arteria. De forma similar, el análisis regional del ventrículo izquierdo juega un papel fundamental en el diagnóstico de la enfermedad. Esto es posible a través de, entre otras modalidades, imágenes ultrasónicas (US) cardíacas: ecocardiografías.

Los métodos automáticos de análisis basan su éxito en una imagen inicial lo más libre posible de artefactos irrelevantes producidos en su adquisición. Debido al fenómeno físico en el que se basan las imágenes US de eco, éstas presentan una baja relación señal a ruido. Por ello, la etapa de filtrado resulta esencial para un buen funcionamiento de los métodos de análisis y tiene como objetivo reducir el ruido, conocido como *speckle*, y preservar la mayor cantidad de información: bordes y estructuras.

El *speckle* aparece debido a la dispersión de naturaleza aleatoria producida por el haz US y tiene como efecto no

deseado el de enmascarar los bordes de la imagen dificultando el análisis de los tejidos. En la literatura se han propuesto gran cantidad de filtros para mitigar estos efectos. Entre ellos destacan los filtros de difusión basados en la ecuación del calor que combinan un análisis estadístico de los tejidos con un filtrado anisótropo de la imagen para preservar los bordes de interés [3]. En concreto, el filtro POSRAD [2] utiliza los mapas de probabilidad para detectar los bordes más probables y define el tensor de difusión en función del tensor de estructura de la imagen.

Aunque los filtros de difusión han mostrado buenos resultados en la literatura, presentan un problema importante a la hora de preservar los detalles de una imagen. Concretamente, al evolucionar en el tiempo, van perdiendo las estructuras de dimensiones reducidas eliminando información útil para el diagnóstico médico. Esto se debe principalmente al proceso de difusión que degenera en un filtrado excesivamente isotropo en zonas con bordes o excesivamente anisótropo en zonas sin bordes, dando como resultado la generación de bordes irreales o el sobrefiltrado de información relevante. Por ello, es importante que el filtro recuerde la imagen inicial y toda su información para que evolucione sin perder detalles de la imagen original.

La contribución principal de este trabajo es la propuesta de un filtro de difusión con memoria que sigue la filosofía del filtro POSRAD. Este filtro preserva las estructuras reducidas de tejidos de importante interés médico, evitando la generación de falsos contornos o el sobrefiltrado.

La estructura del artículo es la siguiente: En la sección 2 se proponen los modelos probabilísticos de speckle para las imágenes IVUS y cardíacas. En la sección 3 se propone el filtro de difusión con memoria basado en el POSRAD. En la sección 4 se compara el filtro propuesto con otros comúnmente utilizados en la literatura para IVUS e imagen cardíaca. Finalmente, unas conclusiones.

2. Modelos probabilísticos de *speckle* para imágenes IVUS y cardíacas

Puesto que el filtro con memoria propuesto está basado en la filosofía de filtros de difusión guiados por la caracterización probabilística, en esta sección se describen los modelos probabilísticos empleados en la caracterización de

speckle en imágenes IVUS y cardíacas.

Los cuatro modelos clásicos de *speckle* se pueden clasificar según el número efectivo de *scatters* en la celda de resolución. Si éste es elevado, se considera el modelo de *speckle* completamente formado donde la distribución de la envolvente de la señal sigue una distribución Rayleigh. Si además existen reflexiones especulares, la distribución resultante es una distribución Rice y el modelo se denomina *speckle* completamente resuelto [4].

El procesado de señal incluido en los dispositivos de US modifica los modelos anteriores, pues éstos describen la señal a la salida del transductor. En [4] se argumenta teórica y experimentalmente el uso de la distribución Gamma y Normal como resultado del filtrado o interpolación de píxeles cuyas intensidades siguen el modelo de *speckle* completamente formado y resuelto respectivamente. En tales circunstancias la distribución Rayleigh se aproxima por una Gamma y la Rice por una Normal.

En cada la celda de resolución pueden encontrarse distintas naturalezas de *speckle* simultáneamente. Este efecto se modelará por medio de una mezcla de densidades probabilidad que describe el efecto de volumen parcial resultante de la variedad de tipos de *speckle*.

2.1. Modelo de *speckle* en imágenes IVUS

Las imágenes IVUS consideradas en este trabajo contienen 4 tipos de tejidos segmentados manualmente por dos especialistas médicos. En particular, se dispone de Lumen y de tres tipos de placas: calcificadas, lipídicas y fibróticas. Existen características ecogénicas que son diferentes para cada tipo de tejido, pero los cuatro tipos se caracterizan por su heterogeneidad y por cumplirse el modelo de *speckle* completamente formado. Dichas imágenes han sido procesadas usando un filtro pasobanda de *Butterworth*, por lo que un modelo de mezclas de variables aleatorias Gamma es adecuado para los cuatro tipos de tejidos [4]. Para la selección de la distribución más idónea, se compararon los resultados del modelo de mezclas de variables aleatorias (v.a.) Gamma, Nakagami y Rayleigh usando la divergencia de Kullback-Leibler (KL) y el estadístico de Kolmorov-Smirnov (KS). Los resultados demuestran la idoneidad del modelo Gamma, así como el uso de tres componentes como el número de componentes óptimo, buscando el equilibrio entre reducir el KS y no sobredimensionar el modelo probabilístico.

La distribución de probabilidad de la imagen completa es¹:

$$f_X(x|\Theta) = p_{calci}f_{XCalci}(x|\Theta_{calci}) + p_{lip}f_{Xlip}(x|\Theta_{lip}) + p_{fib}f_{XFib}(x|\Theta_{fib}) + p_{lum}f_{XLum}(x|\Theta_{lum}) \quad (1)$$

donde las distribuciones de cada tejido están formadas por 3 componentes de v.a. Gamma (12 en total). Los mapas de probabilidad se obtienen a través de las probabilidades de pertenencia a la clase de tejido C_i . Usando el Teorema de Bayes:

$$P(C_i|X = x) = \frac{f_{X_i}(x|\Theta_i)p_i}{f_X(x)} \quad (2)$$

¹Donde *Lum*, *Calci*, *Fib*, *Lip* se refieren al lumen, placa calcificada, fibrótica y lipídica respectivamente.

donde $i \in \{Lum, Calci, Fib, Lip\}$.

Las probabilidades *a priori* y los parámetros de las distribuciones Gamma de la ecuación (1) son estimados con el algoritmo *Expectation-Maximization* (EM), maximizando la función de verosimilitud:

$$f_{X_1, X_2, \dots}(x_1, x_2, \dots|\Theta) = \prod_{i=1}^N \sum_{j=1}^{12} p_j f_{X_i}(x_i|\Theta_j) \quad (3)$$

donde $f_{X_i}(x_i|\Theta_j)$ son distribuciones Gamma de parámetros $\Theta_j = (\alpha_j, \beta_j)$.

2.2. Modelo de *speckle* en imágenes cardíacas y mapas de probabilidad

La histología de las imágenes cardíacas permite distinguir gran cantidad de tejidos. Debido a las dimensiones de éstos comparados con la celda de resolución, sólo son distinguibles las cavidades cardíacas, el tejido de miocardio y las válvulas. El gran tamaño del miocardio produce reflexiones especulares que llevan a la aparición de *speckle* completamente resuelto. Las cavidades cardíacas (sangre) cumplen el modelo de *speckle* completamente formado. La interpolación que han sufrido las imágenes utilizadas en los experimentos del filtro justifica el uso de un modelo de mezclas de v.a. Gamma y Normal para la imagen completa [4].

El modelo de mezclas de distribuciones para la imagen cardíaca es:

$$f_X(x|\Theta) = \sum_{j=1}^{L_{Gamma}} p_j f_X(x|\Theta_j) + \sum_{k=1}^{L_{Normal}} p_k f_X(x|\Phi_k) \quad (4)$$

donde $f_X(x|\Theta_j)$ es una distribución Gamma y $f_X(x|\Phi_k)$ una distribución Normal de parámetros $\Phi_k = (\mu_k, \sigma_k)$. Los mapas de probabilidad se obtienen de nuevo con el Teorema de Bayes.

Los parámetros L_{Gamma} y L_{Normal} se determinan usando un método de clasificación y estimación. La imagen se segmenta en sectores radiales donde se clasifica cada uno de ellos como Normal o Gamma en función del *skewness* (aquellas que no presenten *skewness* significativo se clasifican como Normales). Posteriormente, una estimación EM de los datos caracterizados como v.a Normal y, por otro lado, de los caracterizados como Gamma permite determinar el número óptimo de componentes. Finalmente, el algoritmo EM aplicado sobre el modelo de mezclas de la ecuación (4) permite obtener los parámetros restantes.

3. Filtro de difusión anisótropo con memoria

Sea la imagen a filtrar u_0 . La imagen filtrada es la solución al sistema de EDP definido como:

$$\frac{\partial u}{\partial t} = \text{div}(\mathbf{L}\nabla u) \quad (5)$$

$$\frac{\partial \mathbf{L}}{\partial t} + \frac{\mathbf{L}}{\tau} = \frac{\mathbf{D}}{\tau} \quad (6)$$

donde τ es una constante de relajación [5], las condiciones iniciales son u_0 , \mathbf{L}_0 y las condiciones de frontera periódicas. El tensor de difusión instantáneo, $\mathbf{D}(u(t))$, se obtiene

de los mapas de probabilidad de la imagen en el instante t , $u(x, y, t)$ como se describe en [2], donde el tensor de difusión se define como:

$$\mathbf{D} = \mathbf{E} \begin{pmatrix} \lambda_1 & 0 \\ 0 & \lambda_2 \end{pmatrix} \mathbf{E}^T \quad (7)$$

donde \mathbf{E} es la matriz cuyos vectores columna son \mathbf{v}_1 y \mathbf{v}_2 . Éstos se obtienen del tensor de estructura de los mapas de probabilidad de la imagen $u(x, y, t)$ con borde más probable. Es decir, se selecciona la base de autovectores definida por el tensor de estructura cuyo autovalor principal sea máximo de entre todos los mapas de probabilidad [3]. El coeficiente de difusión en la dirección tangencial al borde, \mathbf{v}_2 , se inicializa a 1; mientras que en la dirección normal al borde se le asigna la probabilidad de que no sea borde. De esta manera se favorece un comportamiento anisótropo en regiones donde hay borde.

La solución a la ecuación (6) es:

$$\mathbf{L}(x, y, t) = e^{-t\tau} \mathbf{L}_0(x, y) + \int_0^{t\tau} e^{s-t\tau} \mathbf{D}(u(s)) ds \quad (8)$$

La interpretación de esta ecuación es que promedia temporalmente el tensor de difusión \mathbf{D} con una exponencial, dándole más importancia a los tensores de difusión actuales [5]. La influencia del tensor de difusión inicial $\mathbf{L}_0(x, y)$ decae al aumentar el filtrado. La ecuación (5) se puede expresar como la siguiente ecuación de Volterra:

$$\frac{\partial u}{\partial t} = e^{-t\tau} \text{div}(\mathbf{L}_0 \nabla u) + \int_0^{t\tau} e^{s-t\tau} \text{div}(\mathbf{D}(u(s)) \nabla u(t)) ds \quad (9)$$

El factor de relajación τ controla el grado de memoria. Si $\tau \rightarrow \infty$, la ecuación (6) tiene como solución un tensor de difusión constante (memoria infinita). Si $\tau \rightarrow 0$ se particulariza a la EDP del filtro POSRAD (sin memoria).

3.1. Implementación

La discretización de la ecuación (5) se realiza con un esquema de diferencias finitas [3]. La ecuación (6) se discretiza siguiendo un esquema semi-implícito de Euler:

$$\frac{\mathbf{L}^{n+1} - \mathbf{L}^n}{\Delta t} + \frac{\mathbf{L}^{n+1}}{\tau} = \frac{\mathbf{D}^n}{\tau} \quad (10)$$

donde Δt es el paso temporal, \mathbf{L}^{n+1} y \mathbf{L}^n el tensor de difusión para la iteración $n + 1$ y n -ésima respectivamente y \mathbf{D}^n es la aproximación a $\mathbf{D}(u(t))$. Para asegurar que la solución es un tensor definido positivo con el fin de evitar efectos de antidifusión, se ha supuesto que las orientaciones de las estructuras no van a cambiar excesivamente cuando el paso temporal Δt es pequeño. Los autovectores de \mathbf{L}^{n+1} son aproximadamente iguales a los de \mathbf{L}^n y \mathbf{D}^n . De esta forma los autovalores de dichos tensores cumplen la misma ecuación que (10) y se obtienen como:

$$\gamma_i^{n+1} = \frac{1}{1 + \beta} (\beta \gamma_i^n + \lambda_i) \quad (11)$$

para $i = 1, 2$ y donde $\gamma_i^n \geq 0$ denota el autovalor i -ésimo del tensor de difusión \mathbf{L}^n y $\beta = \frac{\tau}{\Delta t}$. \mathbf{L}^n se obtiene como:

$$\mathbf{L}^{n+1} = \gamma_1^{n+1} \mathbf{v}_1 \mathbf{v}_1^T + \gamma_2^{n+1} \mathbf{v}_2 \mathbf{v}_2^T \quad (12)$$

La memoria del filtro es selectiva, pues en zonas de ausencia de tejido no se desea mantener información de los tensores de estructura iniciales. En estas zonas, el filtro debe filtrar al máximo pues no hay estructuras de interés médico, por lo que es conveniente desactivar la memoria: $\tau = 0$. Equivalentemente, $\beta = 0$. En tejidos, por el contrario, $\tau \rightarrow \infty$ ó $\beta \rightarrow \infty$. Por tanto, definiremos β como una función, $\beta = g(s)$, dependiente de la probabilidad de que no pertenezca al tejido:

$$g(s) = \begin{cases} K & \text{si } s < p \\ 1 - s & \text{si } s \geq p \end{cases} \quad (13)$$

con $g(0) = K \gg 0$, $g(1) = 0$ y p es un umbral de selección de tejido que dependerá del grado de detalle que queramos preservar. En imágenes IVUS, $\beta = g(P_{Lumen})$, mientras que en imágenes cardíacas $\beta = g(P_{sangre})$, ya que las distribuciones Normales modelan el miocardio.

4. Resultados

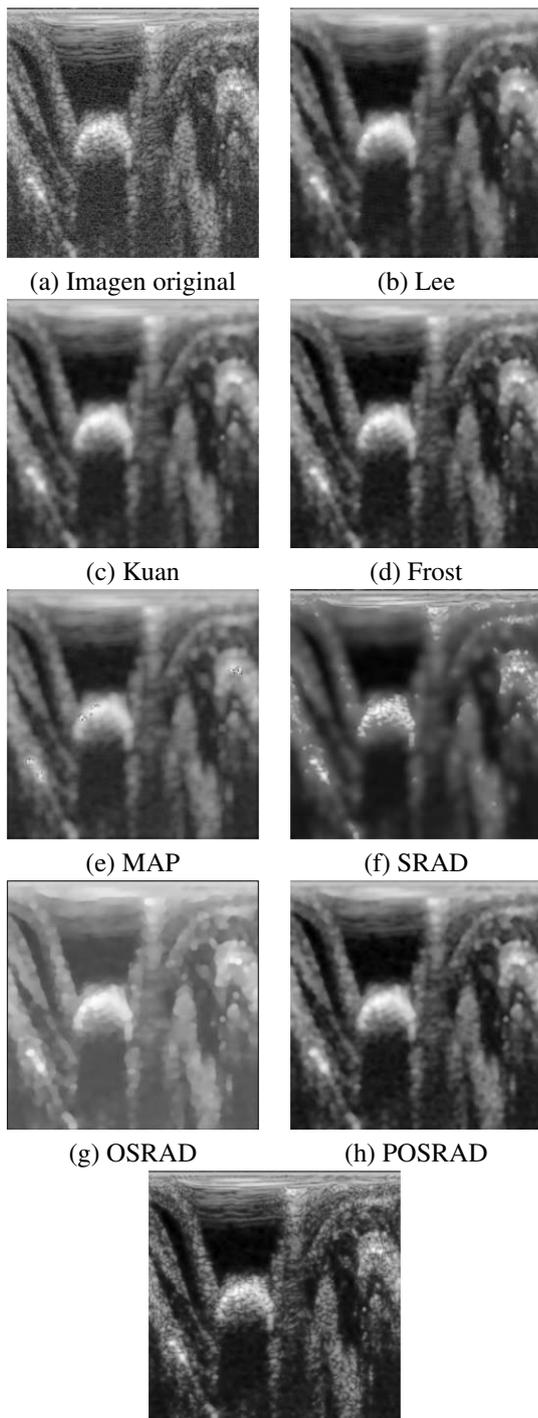
En la figura 1 se muestra una imagen IVUS original en coordenadas polares (sin interpolación) y sus versiones filtradas por diferentes filtros de *speckle* de la literatura. Los filtros que requieren una ventana para el cálculo de estadísticos han sido implementados con un tamaño de 7×7 . Los filtros de Lee y Kuan han sido implementados con una media de ruido unidad y varianza de 0.5. Los cuatro filtros de difusión implementados han sido ejecutados con 10 iteraciones y $\Delta t = 0,5$. Para el filtro SRAD se ha preferido usar 50 iteraciones ya que el efecto de filtrado era inapreciable. Los parámetros de la función $g(\cdot)$ del filtro propuesto son $K = 800$ y $p = 0,7$. Todos los filtros a excepción del propuesto eliminan estructuras con detalle y que pueden ser de interés médico. Por ejemplo, las estructuras granulares que caracterizan los tejidos han de ser preservadas al máximo para facilitar el diagnóstico médico. El filtro propuesto consigue preservarlas y al mismo tiempo realiza un filtrado considerable en zonas de Lumen.

En la figura 2 se muestra una imagen cardíaca de 4 cámaras y sus versiones filtradas. Los parámetros de los filtros son los mismos que en el experimento anterior. En el filtro propuesto se toman los parámetros $K = 10^4$ y $p = 0,7$, al igual que en el caso anterior.

Aunque en este experimento hay menos estructuras pequeñas que en la imagen IVUS, sí se puede observar cómo el tejido de miocardio y la válvula permanecen bien definidos a la vez que se ha eliminado el *speckle*. En cambio, el resto de filtros no consiguen mantener un balance adecuado entre el filtrado y preservación de información.

5. Conclusiones

La incorporación de un mecanismo de memoria en el tensor de difusión permite evitar el sobrefiltrado. El factor de relajación y filtrado selectivo permite controlar la memoria y hacerla dependiente del tipo de tejido. Así, en zonas donde se desea preservar la información, se puede establecer un alto grado de memoria y en zonas de poco interés médico desactivarla. La comparación con filtros de reduc-



(i) Propuesto

Figura 1. Comparativa de filtros de speckle en imagen IVUS.

ción de speckle muestra la superioridad del filtro propuesto al preservar las estructuras de interés médico reduciendo, al mismo tiempo, el efecto del speckle.

Agradecimientos

Este trabajo ha sido parcialmente financiado por los proyectos VA37A611-2, VA0339A10-2; CEN-20091044, TEC2010-17982, MTM2007-63257, y PI11/01492.

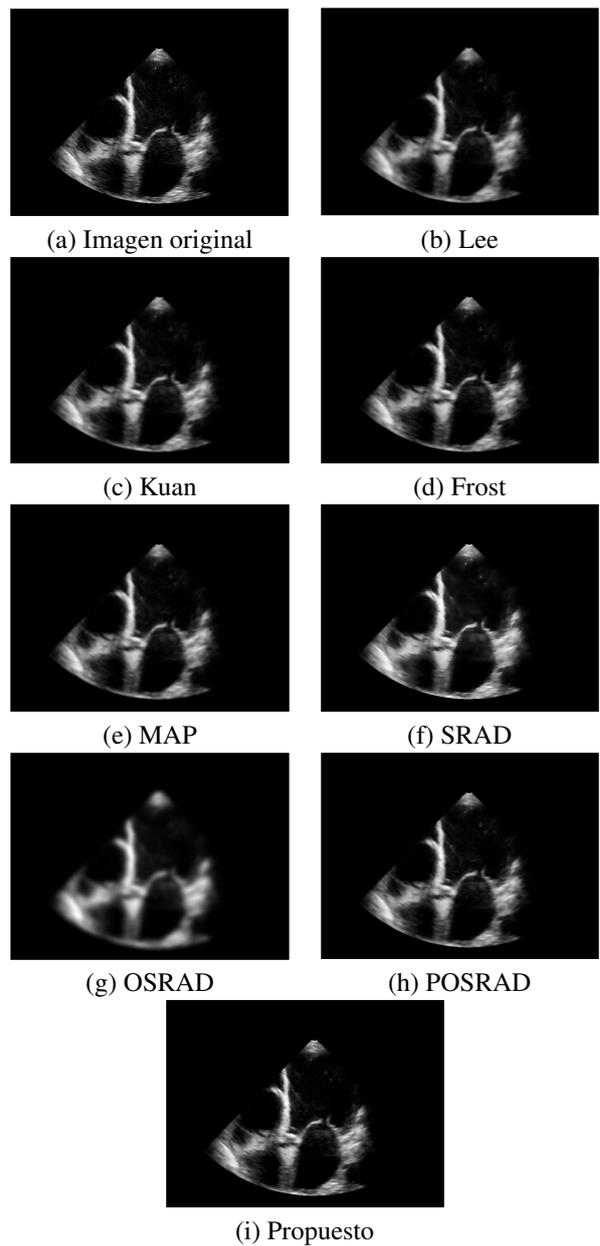


Figura 2. Comparativa de filtros de speckle en imagen cardíaca.

Referencias

- [1] Garcia-Garcia M.H, Costa A.M, Serruys W.P. Imaging of coronary atherosclerosis: intravascular ultrasound. *European Heart Journal*, vol 31, issue 6, 2010, pp 2456-2469
- [2] Vegas-Sanchez-Ferrero G, Aja-Fernandez S, Martín-Fernandez M, Frangi A.F, Palencia C. Probabilistic-Driven Oriented Speckle Reducing Anisotropic Diffusion with Application to Cardiac Ultrasonic Images. *MICCAI 2010*, Beijing, 2010, pp 518-525
- [3] Krissian K, Westin C.F, Kikinis R, Vosburgh K.G. Oriented Speckle Reducing Anisotropic Diffusion. *IEEE Trans. on Image Proc.*, vol 16, issue 5, 2007, pp 1412 - 1424
- [4] Vegas-Sanchez-Ferrero G, Aja-Fernandez S, Martín-Martínez D, Palencia C. On the influence of interpolation on probabilistic models for ultrasonic images. *IEEE ISBI, 2010*, Rotterdam, 2010, pp 292-295
- [5] Cottet G.H, Ayyadi M.E. A Volterra type model for image processing. *IEEE Transactions on Image Processing*, vol 7, issue 3, 1998, pp 292 - 303

Fast Anisotropic Speckle Filter for Ultrasound Medical Images

G. Ramos-Llordén¹, G. Vegas-Sánchez-Ferrero¹, S. Aja-Fernández¹,
M. Martín-Fernández¹ and C. Alberola-López¹

¹ Laboratorio de Procesado de Imagen (LPI), Universidad de Valladolid, Valladolid, Spain

Abstract— Low contrast in ultrasound images caused by the granular pattern (speckle) makes difficult computational analysis and diagnosis. Thus, speckle filtering is a common step before computed automatic analysis. However, speckle depends on the inner echo-morphology of tissue and it should be removed without over-filtering relevant details for diagnostic purposes. Some methods were proposed to preserve important details by means of anisotropic diffusion schemes. However, they require to solve an evolutionary partial differential equation, which needs considerable computation time that makes this kind of filters impractical for real-time scenarios. Additionally, there is no rational criteria to select the optimal stop criteria. Some other detail preserving filters are based in the Non-Local means philosophy, however they involves an even higher computational cost.

In this work we propose a fast anisotropic speckle filter which makes use of speckle statistics to preserve the tissue echomorphology while the speckle is properly removed from regions without clinical relevant features, such as blood in heart cavities. The implementation is based on an anisotropic and spatially variant Gaussian kernel whose covariance depends on structural information of tissues. The proposed implementation is computationally efficient, where no stop criterion is needed. Results confirmed the low computation cost compared to diffusion and Non-Local means based filters. Quantitative evaluation with synthetic data also confirmed the better performance of the filter compared to other state of the art methods.

Keywords— Ultrasound, Speckle, Fast, Filter, Anisotropy.

I. INTRODUCTION

Medical ultrasound (US) imaging has become a widely diagnostic technique for human organs such as heart, kidney, prostate, coronary arterial, etc. The noninvasive nature together with low cost and real time capability make US imaging a powerful computational assisted technique. As an example, the study of mitral insufficiency is undertaken using strain rate estimation in [1]. In a similar way, segmentation of tissues in the kidney are possible due to US images [2]. However, computational analysis is a hard task in US, due to low contrast between tissues. This is because of scattering, which appears in US acquisition due to the echo pulse interaction with structures smaller than the wavelength producing

a granular pattern typically known as Speckle [3]. As a pre-processed step before computed automatic analysis, filtering is usually performed for preserving tissue morphology while noise is removed. However speckle statistics depend on tissue echo-morphology, so considering speckle as noise is not a correct assumption [4]. Many filters proposed do not consider this particularity and therefore tends to over-filter the image, reducing essential diagnostic tissue features. They consider speckle as a multiplicative noise which is an over-simplified and sometimes unrealistic assumption [5].

Some of the speckle filters are based on the diffusion equation described by evolutionary partial differential equations (PDE) [6, 7, 8], which are designed to enhance edges while performing filtering in homogeneous regions. Diffusion filters implementation are based on discretization schemes of the heat equation where the diffusion tensor is calculated from the anatomical structures of the image [9]. In [8], the structure information is obtained from a statistical characterization of tissues in US images which provide the most probable edges of tissues. The implementation of diffusion methods needs several iterations to obtain a satisfactory filtering. Each iteration requires to solve at least a linear system by semi or full implicit schemes, which results in a considerable computation time that make this kind of filters impractical for real-time scenarios. Furthermore, there is no rational criteria to select the optimal stop time for the iterative scheme, so an heuristic approach is usually applied.

Another widely used speckle filter for US images is the extension of the Non-Local Means filter to speckle statistics [10]. In this case, the mathematical framework is different from diffusion schemes, but the computational cost is even higher due to the exhaustive patch searching (even considering the optimization techniques proposed in [10]).

Due to the necessity of a computationally efficient method for removing the speckle while preserving structural details, in this work we propose a fast anisotropic speckle filter which can distinguish between tissues due to speckle statistics and preserves the tissue echomorphology while filtering in regions without clinical relevant features, such as blood in heart cavities. The relevant structure information is estimated by means of statistical tissue characterization which leads to the estimation of the most probable boundaries of tissues [8]. The

Implementation is based on a spatially variant Gaussian kernel whose covariance matrix depends on the structural information of tissues. Furthermore, the implementation is computationally efficient because it is based on a fast decomposition of non-stationary Gaussian kernels, where no stop criterion is needed. In summary, the main contributions of this work are: 1) To provide an efficient anisotropic filter which distinguishes between tissues. 2) The implementation of a fast decomposition of non-stationary Gaussian Kernels whose Covariances depend on the statistics of tissues.

The outline of this paper is as follows. The mathematical formulation of the proposed method and the efficient implementation are described in Section II. In Section III, the proposed filter is compared to other common state-of-the-art filters in synthetic and real scenarios. Finally, some conclusions and future lines are provided.

II. METHOD

We denote the noisy image as $f(\mathbf{r})$ where $\mathbf{r} = (x, y)^T$ and $\mathbf{D}(\mathbf{r})$ as the diffusion tensor obtained from the statistical characterization as proposed in [8], whose diagonalization is:

$$\mathbf{D}(\mathbf{r}) = E(\mathbf{r})\Sigma(\mathbf{r})E^T(\mathbf{r}) \quad (1)$$

where $E(\mathbf{r})$ is the matrix whose columns are the vectors $\mathbf{u}(\mathbf{r})$, $\mathbf{v}(\mathbf{r})$ with orientation along the most probable contours of $f(\mathbf{r})$ and orthogonal to them respectively. $\Sigma(\mathbf{r})$ is a diagonal matrix with components $\sigma_u(\mathbf{r})$ and $\sigma_v(\mathbf{r})$.

The filtered image $g(\mathbf{r})$, is obtained performing the following spatially variant convolution:

$$g(\mathbf{r}) = \int \int \frac{1}{2\pi\sqrt{|\Sigma(\mathbf{r})|}} e^{-\frac{\mathbf{r}'^T \mathbf{D}^{-1}(\mathbf{r}) \mathbf{r}'}{2}} f(\mathbf{r} - \mathbf{r}') d\mathbf{r}', \quad (2)$$

where $\mathbf{r}' = (x', y')$.

Note that this convolution is a separable operator in the base defined by vectors $\mathbf{u}(\mathbf{r})$, $\mathbf{v}(\mathbf{r})$. So, for each $\mathbf{s} = E^T \mathbf{r}$, the filtered image is:

$$g(\mathbf{r}) = \frac{1}{2\pi\sqrt{|\Sigma(\mathbf{r})|}} e^{-\frac{v^2}{2\sigma_v(\mathbf{r})^2}} \otimes_v e^{-\frac{u^2}{2\sigma_u(\mathbf{r})^2}} \otimes_u f(\mathbf{s}(\mathbf{r})) \quad (3)$$

where \otimes_u is the convolution operator in the direction of the eigenvector \mathbf{u} .

Note that the calculation of Eq. (2) in the (x, y) discretized domain needs the computation of the discrete samples of a two dimensional Gaussian kernel with spatially variant parameters. Yet the implementation of the convolution in the

(u, v) space is not practical because it involves many interpolations due to the need of evaluating $f(\mathbf{s}(\mathbf{r}))$ for each \mathbf{r} .

In order to obtain an efficient computation of Eq. (2), we adopt the non-orthogonal discrete decomposition proposed by Geusebroek et. al. in [11] where a two-dimensional Gaussian filtering along θ direction is decomposed into two one-dimensional Gaussian filters. Specifically, the decomposition is based on one Gaussian filter along x -direction with σ_x standard deviation followed by another one in the direction described by line $t = x \cos \phi + y \sin \phi$, where ϕ is the angle between t -line and x -axis and σ_ϕ is the standard deviation of the Gaussian along ϕ direction. Their mathematical relationships are as follows [11]:

$$\tan \phi = \frac{\sigma_v^2 \cos^2 \theta + \sigma_u^2 \sin^2 \theta}{(\sigma_u^2 - \sigma_v^2) \cos \theta \sin \theta} \quad (4)$$

$$\sigma_\phi = \frac{1}{\sin \phi} \sqrt{\sigma_v^2 \cos^2 \theta + \sigma_u^2 \sin^2 \theta} \quad (5)$$

$$\sigma_x = \frac{\sigma_u \sigma_v}{\sqrt{\sigma_v^2 \cos^2 \theta + \sigma_u^2 \sin^2 \theta}} \quad (6)$$

We extend the decomposition for spatially variant Gaussian filter described in Eq. (3), where both σ_v and σ_u depend on \mathbf{r} . Thus, ϕ , σ_ϕ and σ_x also depend on \mathbf{r} .

The computation of a discrete convolution along x -direction may be prohibitively expensive since one need at least $4\sigma_x(\mathbf{r})$ coefficients for an acceptable error [12]. Then, we used the recursive implementation proposed by Deriche in [12] which just needs 16 products and 25 sums for a Gaussian approach of fourth order.

Finally, the spatially anisotropic Gaussian convolution is performed by the convolution along the t -line. Again, the recursive method can be applied in this direction, which involves the evaluation of the image $f(\mathbf{s}(\mathbf{r}))$ along the t -line. Note that the evaluation needs just one interpolation, whereas two interpolations are needed when the convolution is performed in the conventional way described by Eq. 2. Thus, the number of computations are dramatically reduced. To meet the requirements of an efficient implementation, linear and bilinear interpolation are the most suitable options. In this work, we adopted the bilinear one.

III. EXPERIMENTS

In order to validate the proposed filter we carry out real and synthetic experiments. In both cases, we applied the statistical characterization of tissues proposed in [8], which leads to a definition of a diffusion tensor $\mathbf{D}(\mathbf{r})$ according the most probable edges of tissues. This definition requires obtaining

probability maps of the noisy image. The implementation of the anisotropic Gaussian convolution along x and t directions was performed by using Deriche’s method [12]. A bilinear scheme was chosen for the interpolation along the t -line.

We compare the proposed filter with the Matlab implementation of the Optimized Bayesian Non-Local Means (OBNLM), which has been massively used for speckle filtering during the last years, and the Detail Preserving Anisotropic Diffusion Filter (DPAD) [7], which is an example of diffusion filter that preserves tissue details. The implementations were download from the corresponding authors web (^{1,2}) respectively.

Two different comparative measures were used for the synthetic experiment: the Mean Square Error (MSE) and the Structural Similarity Measure Index (SSIM) [13]. The former allows to compare filters performance considering a phantom as the unknown parameter to be estimated. The latter penalizes losing edge and structural details (the closer to 1, the better the filter). Additionally, the computational cost was also compared by means of the CPU time needed for the filtering process. Experiments were carried out with an Intel Core i7-3610QM CPU @ 2.30 Ghz processor.

The synthetic US image was obtained from the realistic kidney image from Field II [14]. The image was sampled following a fan arrangement and then contaminated by simulating the speckle as a random walk stochastic process. The reconstruction was performed as in [5], where the noisy image is interpolated to obtain the Cartesian arrangement. The kidney image intensity is encoded as the standard deviation of scatterers within the resolution cell. The diffusion tensor, $\mathbf{D}(\mathbf{r})$, is obtained by following the method proposed in [8], where the probability of belonging to each tissue class is derived from a Gamma distribution as it was proposed for interpolated fully formed speckle [5]. The number of tissue classes were fixed to four [15].

The parameter optimization of each filter was carried out by maximizing the SSIM measure in a simulated image of the explained phantom. Then, the validation was performed for 30 independent realizations of the same phantom. Numerical results are shown in Table 1.

Some examples are shown in Fig. 1 where the true image and the polar sampling are represented (Fig. 1.a-b) and the resulting noisy image (Fig. 1.c). The filtered image obtained with the OBNLM method (Fig. 1.d) shows a good filtering in blood regions since it is expected that those homogeneous regions are properly weighted by the Non-Local Means method, however the noise is not properly remove from the tissue regions. In the case of the DPAD filter (Fig. 1.e),

Table 1: Numerical results for Synthetic Experiment (mean value \pm standard deviation). Optimized parameters for OBNLM: $M = 6$, $\alpha = 3$, $h = 0.8$; DPAD: $\Delta_r = 0.005$, $n_{iter} = 130$; Proposed method: $\mathbf{D}(\mathbf{r})$ defined as [8], Four tissue classes.

Filter	MSE $\times 10^{-3}$	SSIM	CPU-Time(s)
Noisy	12.3 \pm 0.2388	0.7199 \pm 0.0014	–
OBNLM	0.63 \pm 0.3216	0.8447 \pm 0.0057	16.6245 \pm 0.5312
DPAD	0.48 \pm 0.1642	0.8546 \pm 0.0026	19.1803 \pm 0.8239
Proposed	0.38 \pm 0.1368	0.8828 \pm 0.0019	5.5510 \pm 0.3973

though DPAD preserves fine details, it generates undesired spurious for both visual and automatic analysis.

These conclusions are supported by numerical results. The proposed filter obtains the lowest MSE and SSIM average. Besides, CPU time is considerable lower than the DPAD and OBNLM corresponding time. Additionally, the standard deviation for each measure is the smallest in the proposed filter implementation. This indicate the robustness of the method.

In the case of real experiments, a real image of the heart was considered (1024×768 and 8 bits). It was acquired from a clinical machine Philips Medical Systems iE33 with the software PMS5.1 Ultrasound iE33 4.0.1.357. The parameters used for each filter were those obtained for the kidney, where the SSIM measure was optimized. The proposed filter used a Gamma distribution for the characterization of tissues. The number of tissue classes was fixed to two (myocardial tissue and blood). The results are depicted in Fig. 2.

As we can observe, though OBNLM (Fig. 2.b) preserves the valve morphology, it does not perform enough filtering in the region near to the ultrasound beam origin (Top-center of the image) and creates artificial borders in the tissue due to the enhancement effect of the granular pattern of speckle (Bottom-center of the image). The DPAD method (Fig. 2.c) also shows artificial borders in myocardial tissue due to an over-filtering effect and speckle in blood regions is not removed. The proposed filter (Fig. 2.d) preserves contour definition along myocardium tissue, and performs a considerable filtering in cavities. Besides, the computational time needed was 17.7s in comparison to 32.5s and 74.9s for OBNLM and DPAD respectively. This result confirms that the proposed implementation obtains good results for a reasonably low computational cost.

IV. CONCLUSION

The proposed method achieves to filter homogeneous regions where no medical information is expected to be found, e.g. blood, and at the same time preserves tissue morphology as valve contour or myocardium structures in US images.

¹<http://www.bic.mni.mcgill.ca/PersonalCoupepierrick/OBNLMFilter>

²<http://www.lpi.tel.uva.es/santi/personal/download.htm>

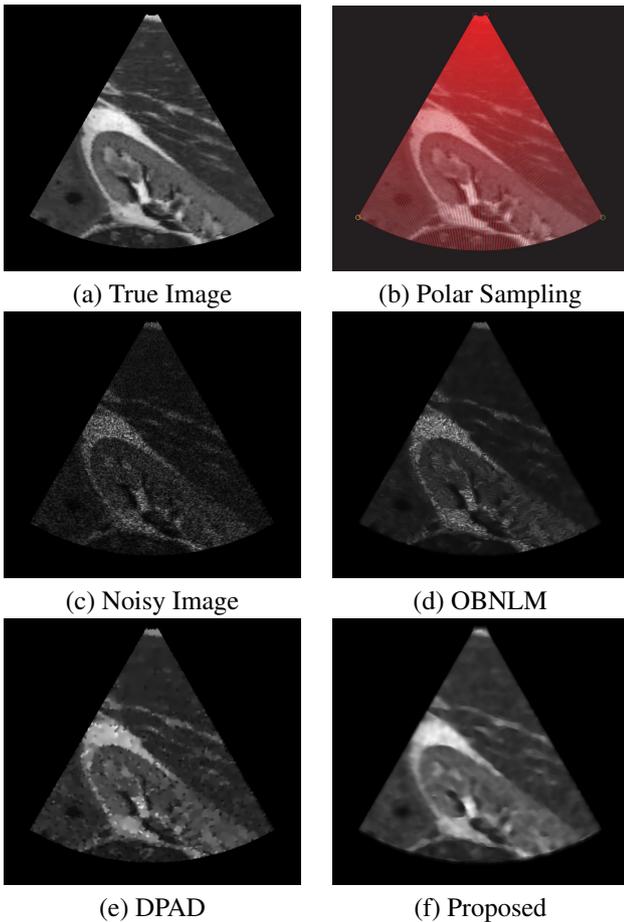


Fig. 1: Synthetic Kidney Experiment.

Besides, the implementation can be done efficiently due to the decomposition of spatially variant convolution into non-orthogonal axes. Then, the proposed filter is suitable for real-time necessities which is a considerable advantage over diffusion or Non-Local Means based filters. Numerical results support the statements pointed out before. Our filter outperforms DPAD and OBNLM results for SSIM, MSE quality measures and also the computational cost.

REFERENCES

1. Curiale A.H, Vegas-Sanchez-Ferrero G., Perez-Sanz T., Aja-Fernandez S.. Strain rate tensor estimation from echocardiography for quantitative assessment of functional mitral regurgitation in *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro*, 2013 2013.
2. Xie J., Jiang Y., Tsui H.-T.. Segmentation of kidney from ultrasound images based on texture and shape priors *Medical Imaging, IEEE Trans. on.* 2005;24:45-57.
3. Burckhardt C.B.. Speckle in ultrasound B-mode scans *Sonics and Ultrasonics, IEEE Trans. on.* 1978;25:1-6.
4. Thijssen J. M., Oosterveld B. J.. Texture in tissue echograms: speckle or information *American Institute of Ultrasound in Medicine* 9.

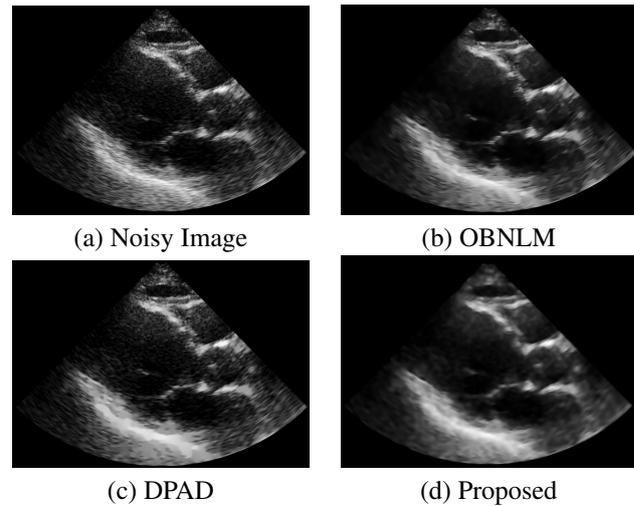


Fig. 2: Ecocardiography Experiment.

- 1990:215–229.
5. Vegas-Sánchez-Ferrero G, Martín-Martínez D., Aja-Fernández S., Palencia C.. On the influence of interpolation on probabilistic models for ultrasonic images in *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro*:292 -295 2010.
6. Y. Yongjian, Acton S.T.. Speckle reducing anisotropic diffusion *Image Processing, IEEE Trans. on.* 2002;11:1260 - 1270.
7. Aja-Fernandez S., Alberola-Lopez C.. On the estimation of the coefficient of variation for anisotropic diffusion speckle filtering *Image Processing, IEEE Trans. on.* 2006;15:2694 -2701.
8. Vegas-Sanchez-Ferrero G., Aja-Fernandez S., Martin-Fernandez M., Frangi A. F., Palencia C.. Probabilistic-driven oriented speckle reducing anisotropic diffusion with application to cardiac ultrasonic images in *13th international conference on Medical image computing and computer-assisted intervention: Part I(MICCAI'10)*:518–525 2010.
9. Weickert J.. *Anisotropic Diffusion in Image Processing*. B.G Teubner (Stuttgart) 1998.
10. Coupe P., Hellier P., Kervrann C., Barillot C.. Nonlocal Means-Based Speckle Filtering for Ultrasound Images *Image Processing, IEEE Trans. on.* 2009;18:2221-2229.
11. Geusebroek J.-M., Smeulders A.W.M., Weijer J.. Fast anisotropic Gauss filtering *Image Processing, IEEE Trans. on.* 2003;12:938-943.
12. Deriche R. Recursively implementing the gaussian and its derivatives tech. rep.INRIA, Unit de Recherche Sophia-Antipolis 1993.
13. Wang Z., Bovik A.C., Sheikh H.R., Simoncelli E.P.. Image quality assessment: from error visibility to structural similarity *Image Processing, IEEE Trans. on.* 2004;13:600-612.
14. Jensen J. A.. FIELD: A Program for Simulating Ultrasound Systems in *10th Nordiccaltic Conference On Biomedical Imaging, vol. 4, Supplement 1, Part 1*:351–353:351–353 1996.
15. Vegas-Sanchez-Ferrero G., Aja-Fernandez S., Palencia C., Martin-Fernandez M.. A Generalized Gamma Mixture Model for Ultrasonic Tissue Characterization *Computational and Mathematical Methods in Medicine.* 2012;2012:25.

Author: Gabriel Ramos Llorden
 Institute: Laboratorio de Procesado de Imagen (LPI)
 Street: E.T.S.I. Telecomunicacion, Campus Miguel Delibes s/n
 City: Valladolid
 Country: Spain
 Email: gramllo@lpi.tel.uva.es

Anisotropic Diffusion Filter with Memory based on Speckle Statistics for Medical Images

Gabriel Ramos-LLordén, Gonzalo Vegas-Sánchez-Ferrero, Santiago Aja-Fernández, Marcos Martín-Fernández and Carlos Alberola-López

Abstract—In this paper, an anisotropic diffusion filter with a memory system for speckle medical images is proposed. Memory system, implemented as a evolutionary differential equation with probabilistic information for the diffusion tensor, allows detail preservation as well as noise removal in regions selected by user. This balance between detail preservation and filtering makes proposed filter more suitable for medical image analysis than common speckle filters. Experiments shows, both in synthetic and real images (IVUS and Cardiac image), that our filter outperforms typical speckle filters proposed by other authors.

Index Terms—Ultrasound, Filter, Diffusion, Probabilistic, Memory, Volterra, Speckle.

I. INTRODUCTION

ULTRASOUND (US) imaging has become a widely used and safe medical diagnostic technique. This is due mainly to the non-invasive nature, the low cost involved and the feasibility to work at real time. As an example, ultrasound imaging plays an important role in the diagnosis of atherosclerosis, which is based on the plaques deposition in the coronary artery. The result is that artery wall thickens probably leading to ischemic stroke [1]. Hence, many works have been proposed to characterize the plaque echo-morphology in Intravascular Ultrasound (IVUS) images so as to identify lesions [2], [3] or estimate the intima-media thickness of carotid artery for clinical purposes [4]. In a similar way, measurements obtained from ecocardiographies, such as strain and strain rate, are used for assessment of resting ventricular function or myocardial viability using low-dose dobutamine infusion [5]. US applications are not restricted to the previous examples. For example, in [6] a segmentation method for kidney ultrasound images is proposed.

All of these methods need to obtain meaningful features of the image for tissue characterization [7]. However, this is a specially hard task in ultrasound images because of a granular pattern which degrades its contrast, known as speckle [8].

Speckle arises from the physical phenomena of scattering [9]. Ultrasound imaging based on backscatter echo, which we focus on, based its functioning on the sending of an ultrasound pulse along the media. Scattering is produced when this ultrasound interacts with structures whose dimensions are fewer than wave length. The result is an interference between multiple coherent waves with random phases [10]. Therefore, the received pulse can be modeled as a stochastic process, specifically a random walk [11].

Speckle statistics depends on US equipment and specially on tissues echogenicity [12] so it is not very correct consider-

ing as noise [13]. As an example, tissue characterization can be achieved by means of scatter density number [14], which is a speckle feature [15].

With that goal many filters have been proposed in the last decades. Most of them assume a multiplicative noise model of the speckle, i.e. $g = f \cdot n$, and the purpose is to estimate f using some Bayesian error criteria, e.g. MMMSE. Some of this kind of filters are Lee filter [16], Kuan filter [17] and Frost filter [18]. Another approach is using Maximum *a posteriori* filter (MAP) when a probabilistic distribution must be assumed. For example, Lopes filter assumes a Gamma distribution [19] while in [20] Rayleigh distribution is considered. These filters possess the drawback of blurring edges which lead to a poor structures definition. A considerable balance between filtering and edge preservation is achieved when diffusion filters are considered. After the well-known Perona Malik filter [21], important research has been undertaken in the development of diffusion filters for speckle noise. Speckle Reducing Anisotropic Filter (SRAD) performs diffusion in homogeneous areas trying to preserve edges [22]. This selective diffusion is carried out through the coefficient of variation, which distinguishes between homogeneous areas and edges based on the multiplicative speckle model previously mentioned. Better performance is achieved when more suitable estimates of the coefficient of variation are used. Detail Preserving SRAD (DPAD) [23] is an example. These two filters use a scalar coefficient of variation which does not allow orienting diffusion. Oriented SRAD (OSRAD) considers the diffusion coefficient as a tensor and edges can be preserved because diffusion is not performed across the orthogonal edge direction but parallel [24]. Diffusion tensor is dependent on the coefficient of variation which assumes again a multiplicative speckle model.

The main problem of diffusion filters proposed in the literature such as [24], [22], [23], is the assumption of a simplistic speckle model, e.g. multiplicative model. Real ultrasound images, both intravascular and ecocardiographies possess a probabilistic nature much more complex. In fact, research into speckle models is an active field [25], [26], [27], [28]. Besides this assumption, these filters tend to over-filter because they do not take into account that speckle in some class of tissues possesses useful medical information [2], [4], [29] and therefore it is essential for classification, segmentation or more generally analytical purposes.

Probabilistic Driven OSRAD (POSRAD) [30] uses a more realistic speckle model, by estimating a mixture model of distributions and then driving the diffusion tensor according

to the probability maps obtained from the model. However, the problem of an excessive filtering remains present. Furthermore, the appearing of unreal structures caused by an erroneous characterization in probability maps implies the inadequacy of being used for medical purposes.

We propose an anisotropic diffusion filter which is capable of perform a selective filtering in order to avoid suppressing useful speckle information. Moreover, information referred to previously selected tissues on the initial image is maintained during the diffusion process. This is possible due to the incorporation of a memory mechanism in form of a temporal partial derivative equation (PDE) for diffusion tensor. The incorporation of a temporal PDE for the diffusion tensor has been proposed in [31]. However, this filter does not take into account a probabilistic model for speckle and is not capable of choosing the speckle tissue features to be preserved.

The outline of this paper is as follows. In Section II, we present our anisotropic diffusion filter with the incorporation of the selective memory mechanism. Moreover, capability of preserving speckle in previously selected tissue and the discretization scheme proposed are included on this section. Section III is devoted to the application of our filter to IVUS images and ecocardiographies, where diffusion tensor and memory mechanism are designed based on the speckle models for IVUS tissues and ecocardiographies. Comparison with other speckle filter is shown in Section IV where our filter outperforms other visual results .

II. ANISOTROPIC DIFFUSION WITH MEMORY

Before detailing the proposed filter, it is convenient to remark the problem statement. When it comes to diffusion filtering, as diffusion process evolves, small structures are blurred and even suppressed. The morphological definition of these structures are better provided by processed diffusion images at low time values, specially, at initial image. However, noise at this initial steps remains present. Then, a natural way to gain information from past, specially from initial conditions, when diffusion process takes place is including a memory mechanism on the evolution of this process. This mechanism is tissue-selective in the sense that only speckle information of tissues is preserved.

A. Volterra Model

Memory mechanism is included by proposing a new PDE for the diffusion tensor $\mathbf{L}(\mathbf{r}, t)$, where $\mathbf{r} = (x, y, z)$. Diffusion tensor has been used in the OSRAD, Weickert and POSRAD filters in different ways to perform filtering. Our filter is based on the couple of the following PDEs:

$$\begin{cases} \frac{\partial u(\mathbf{r}, t)}{\partial t} = \text{div}(\mathbf{L}(\mathbf{r}, t) \nabla u(\mathbf{r}, t)) \\ \frac{\partial \mathbf{L}(\mathbf{r}, t)}{\partial t} + \frac{\mathbf{L}(\mathbf{r}, t)}{\tau} = \frac{\mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)\}}{\tau} \end{cases} \quad (1)$$

where $\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)$ is a tensor obtained from $u(\cdot, t)$ expressed in diagonal form as:

$$\mathbf{D}(\mathbf{r}, t) = \mathbf{E}(\mathbf{r}, t) \begin{pmatrix} \lambda_1(\mathbf{r}, t) & 0 & 0 \\ 0 & \lambda_2(\mathbf{r}, t) & 0 \\ 0 & 0 & \lambda_3(\mathbf{r}, t) \end{pmatrix} \mathbf{E}(\mathbf{r}, t)^T \quad (2)$$

$\mathbf{E}(\mathbf{r}, t)$, $\lambda_1(\mathbf{r}, t)$, $\lambda_2(\mathbf{r}, t)$ and $\lambda_3(\mathbf{r}, t)$ are specified according to some information which can presumably enhance the filtering process, for example, detecting edges. Some of these approaches could be POSRAD diffusion tensor [30] or Weickert's edge enhancing filter [32]. $\mathcal{S}(\cdot)$ is an application whose main purpose is to extract the speckle information of tissues which would be maintained and τ is the relaxation time. The initial conditions of the system are: $u(\cdot, t=0) = u_0$ and $\mathbf{L}(\mathbf{r}, 0) = \mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, 0)\}$. Temporal PDE is easily integrated and the result is expressed as [31]:

$$\mathbf{L}(\mathbf{r}, t) = \mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, 0)\} e^{-\frac{t}{\tau}} + \int_0^t e^{-\frac{s-t}{\tau}} \mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, s)\} ds \quad (3)$$

When (3) is incorporated in the anisotropic diffusion, we obtain a Volterra equation [31]. Assuming τ has not any spatial dependence,

$$\frac{\partial u(\mathbf{r}, t)}{\partial t} = e^{-\frac{t}{\tau}} \text{div}(\mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, 0)\} \nabla u(\mathbf{r}, t)) + \quad (4)$$

$$\int_0^t e^{-\frac{s-t}{\tau}} \text{div}(\mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, s)\} \nabla u(\mathbf{r}, t)) ds \quad (5)$$

The contribution to the temporal evolution of $u(\cdot, t)$ can be divided into two different sources. The first term on the right side takes into account the diffusion tensor of the original image and its influence decays exponentially in time. On the other hand, the second term in integral form is referred to the temporal history of all diffusion directions according to the current information, $\nabla u(\mathbf{r}, t)$, in the form of the divergence of the product. The average of the past information is made in a weighted way, with an exponential function which gives the information near the current time more importance. Eq.(5) can be expressed in a more meaningful form:

$$\frac{\partial u(\mathbf{r}, t)}{\partial t} = \text{div}(\mathbf{F}_1(\mathbf{r}, t) + \mathbf{F}_2(\mathbf{r}, t)) \quad (6)$$

where \mathbf{F}_1 and \mathbf{F}_2 are the diffusion fluxes:

$$\mathbf{F}_1 = e^{-\frac{t}{\tau}} \mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, 0)\} \nabla u(\mathbf{r}, t) \quad (7)$$

$$\mathbf{F}_2 = \int_0^t e^{-\frac{s-t}{\tau}} \mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, s)\} \nabla u(\mathbf{r}, t) ds \quad (8)$$

The meaning of that is performing diffusion according to \mathbf{F}_1 and \mathbf{F}_2 . \mathbf{F}_1 direction at (\mathbf{r}, t) is specified by eigenvectors of $\mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, 0)\}$, which only contains information of the initial image. This initial direction progressively loss influence in the determination of \mathbf{F}_1 until it is vanished. On the other hand, the direction of \mathbf{F}_2 at (\mathbf{r}, t) is an average of the diffusion directions in the $[0, t]$ time interval. The weights of average are exponentially increasing.

B. Selective Memory Mechanism

1) *Relaxation time*: The key point of our filter is its ability to perform filtering over one kind of tissue and not others by means of a selective relaxation time τ . This is achieved by allowing spatial dependence on the parameter τ . Specifically, τ is a one dimensional function whose input is the probability of image point (\mathbf{r}, t) to belong some tissue class, $p_{tissue}(\mathbf{r}, t)$. The purpose is that no memory will occur when diffusion filter is performing over the specific tissue, i.e. $\tau \rightarrow 0$ but considerable memory will be taken into account in other tissues providing medical information, i.e. $\tau \rightarrow \infty$. In other words, $\tau = g(p_{tissue}(\mathbf{r}, t))$, where $g(\cdot)$ is a non increasing function, whose domain definition is $[0, 1]$, $g(s \rightarrow 0) = \infty$ and $g(s \rightarrow 1) = 0$.

Relaxation Time Function and $p_{tissue}(x, y, z, t)$ The requirements expressed in section II-B1 are stated to perform a considerable memory in image regions which do not belong to the tissue to be filtered. At the same time, no memory should be applied when diffusion filter is performed over selected tissue. The probability of this tissue, $p_{tissue}(x, y, z, t)$ can be extracted through the information provided by speckle probability maps of image $u(x, y, z, t)$.

Regarding $g(\cdot)$ function, note that $g(s \rightarrow 0) \rightarrow \infty$ is unnecessary provided $g(s \rightarrow 0) \rightarrow K$ where $K \gg 1$. The simplest function one can consider is :

$$g(s) = \begin{cases} K & s \leq P_{threshold} \\ 0 & P_{threshold} < s \leq 1 \end{cases} \quad (9)$$

where $s = p_{tissue}(x, y, z, t)$. Then when the probability of encountering the class of tissue to be filtered, $p_{tissue}(x, y, z, t)$, is high , i.e. $P_{threshold} < s$ we decide to focus on filtering rather than preserve past temporal information, so $g(s) = 0$ and hence $\tau = 0$. Values of K and $P_{threshold}$ are heuristically fixed.

Another possibility is using more regular functions whose dependency on $p_{tissue}(x, y, z, t)$ will be suitable to meet the filtering-preserving requirements. In particular, we can use continuous functions, the simplest case is a polynomial fraction. For example,

$$g(s) = \frac{1-s}{s^n} \quad (10)$$

where $n \geq 1$ with $s = p_{tissue}(x, y, z, t)$.

Note that when $p_{tissue}(x, y, z, t) \rightarrow 0$, $g(s) \rightarrow \infty$ whose speed depends on n increasingly. Behaviour depending on exponent n is shown in Fig.1. Moreover, as n increases, the region where no memory is performed ($g(s) \rightarrow 0$) reduces considerably. Consequently, the higher n is, the more preserving filter becomes. The behaviour of $g(s)$ is shown in Fig.1.

2) *Tensor Filtering*: As it has been pointed out, speckle in some tissues is important to classification or segmentation problems. Consequently, it is important to preserve it in this tissues by avoiding diffusion filtering. This is an important difference in comparison to the typical speckle diffusion filters in literature. This is accomplished by the application \mathcal{S} whose output, which is also a tensor, has its eigenvalues modified with the goal of avoiding filtering in some tissues. Concretely,

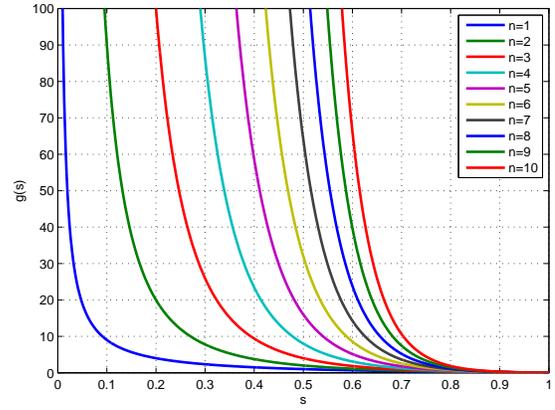


Fig. 1. Curves of memory function $g(s)$ (Eq.(10)) depending on exponent n .

eigenvalues are multiplied by the probability of the tissue to be filtered, $p_{tissue}(\mathbf{r}, t)$, with the result of possessing eigenvalues nearly equal zero in tissues different to the target filtering. That is,

$$\mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)\} = \mathbf{E}(\mathbf{r}, t)\mathbf{\Lambda}\mathbf{E}(\mathbf{r}, t)^T \quad (11)$$

where

$$\mathbf{\Lambda} = p_{tissue}(\mathbf{r}, t) \begin{pmatrix} \lambda_1(\mathbf{r}, t) & 0 & 0 \\ 0 & \lambda_2(\mathbf{r}, t) & 0 \\ 0 & 0 & \lambda_3(\mathbf{r}, t) \end{pmatrix} \quad (12)$$

In the presence of the tissue to be filtered, $\mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)\}$ is similar to $\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)$ and filtering will depend only on the specific design criteria of $\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)$ tensor.

C. Relaxation Time

The relaxation time τ controls the amount of memory in the sense that high values results in a steady state, i.e., $\frac{\partial \mathbf{L}(\mathbf{r}, t)}{\partial t} \approx 0$ and low values cause the suppressing of memory mechanism, i.e. $\mathbf{L}(\mathbf{r}, t) \approx \mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)\}$. To see this, we can take the limit in the temporal PDE when $\tau \rightarrow \infty$ with the result of $\frac{\partial \mathbf{L}(\mathbf{r}, t)}{\partial t} = 0$. For the second case, assuming that the temporal derivative of $\mathbf{L}(\mathbf{r}, t)$ is bounded,

$$\lim_{\tau \rightarrow 0} \tau \frac{\partial \mathbf{L}(\mathbf{r}, t)}{\partial t} = \lim_{\tau \rightarrow 0} (\mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)\} - \mathbf{L}(\mathbf{r}, t)) = 0 \quad (13)$$

When $\tau \rightarrow \infty$, tinny structures are preserved during diffusion process, but noise practically remains present. On the contrary, when $\tau \rightarrow 0$, information of structures detailed on the initial diffusion tensor is quickly forgotten, so small tissues are rapidly suppressed.

D. Discretization scheme

The discretization scheme used for anisotropic diffusion equation is the implicit scheme presented by Weickert in his PhD Tesis [32]. Temporal PDE is discretized following some specific approach. Based on the semi-implicit Euler scheme

proposed in [31] with time step Δ_t , diffusion tensor $\mathbf{L}(\mathbf{r}, t)$ at $t = (n + 1)\Delta_t$ denoted as $\mathbf{L}^{n+1}(\mathbf{r})$ is:

$$\mathbf{L}^{n+1}(\mathbf{r}) = \frac{\beta^n}{1 + \beta^n} \mathbf{L}^n(\mathbf{r}) + \frac{1}{1 + \beta^n} \mathcal{S}^n\{\mathbf{D}(\mathbf{r})\} \quad (14)$$

where $\mathcal{S}^n\{\mathbf{D}(\mathbf{r})\}$ is the application $\mathcal{S}\{\mathbf{D}(\mathbf{r}, t)\}$ at time $t = n\Delta_t$, and

$$\beta^n = \frac{\tau^n}{\Delta_t} \quad (15)$$

Note that upper index n in τ is due to the time dependence, $\tau^n = g(p_{tissue}(\mathbf{r}, n\Delta_t))$. Here we decide to perform a diagonalization to simplify Eq.(14). On the assumption that eigenvectors of $\mathbf{L}^{n+1}(\mathbf{r})$, $\mathbf{L}^n(\mathbf{r})$ and $\mathcal{S}^n\{\mathbf{D}(\mathbf{r})\}$ are similar, which is a realistic assumption provided Δ_t is small enough, Eq.(14) transforms into:

$$\gamma_j^{n+1} = \frac{\beta^n}{1 + \beta^n} \gamma_j^n + \frac{1}{1 + \beta^n} p_{tissue}(\mathbf{r}, n\Delta_t) \lambda_j^n \quad j = 1, \dots, 3 \quad (16)$$

where γ_1^n, γ_2^n and γ_3^n are the eigenvalues of $\mathbf{L}^n(\mathbf{r})$. Then, $\mathbf{L}^{n+1}(\mathbf{r})$ is constructed following the outer product expansion:

$$\mathbf{L}^{n+1}(\mathbf{r}) = \gamma_1^{n+1} \mathbf{e}_1^n (\mathbf{e}_1^n)^T + \gamma_2^{n+1} \mathbf{e}_2^n (\mathbf{e}_2^n)^T + \gamma_3^{n+1} \mathbf{e}_3^n (\mathbf{e}_3^n)^T \quad (17)$$

where \mathbf{e}_1^n , \mathbf{e}_2^n and \mathbf{e}_3^n are the eigenvalues of $\mathbf{D}^n(\mathbf{r})$ corresponding to λ_1^n , λ_2^n and λ_3^n . The purpose of this simplification is two-fold: Firstly, we can control the behavior of eigenvalues so as to guarantee a definite positive solution (This is required for avoiding anti-diffusion). Secondly, we achieve a more efficient scheme because we do not need to reckon $\mathbf{D}^n(\mathbf{r})$ and the problem is reduced to a system consisted of three independent equations.

III. APPLICATION TO MEDICAL ULTRASOUND IMAGES

A. Diffusion Tensor Probabilistically Guided

The approach which would be followed to design $\mathbf{D}(x, y, z, t)$ is based on the probability maps obtained from a mixture model of PDF in a similar manner as in [30].

Let X be the random variable (RV) of the voxel intensity. Then, the mixture PDF of X is:

$$f_X(x) = \sum_{j=1}^J \pi_j f_{X_j}(x|\Theta_j) \quad (18)$$

where $\pi_k > 0$ $k = 1, \dots, J$ and $\sum_{j=1}^J \pi_j = 1$. J is the number of tissue classes and Θ_j are the parameters of the j^{th} PDF mixture component. The hidden RV of Eq.(18) is Y , whose *a priori* probability $P(Y = k)$ is π_k and

$$f_X(x|Y = k) = f_{X_k}(x|\Theta_k) \quad (19)$$

Assuming this mixture model, an edge between tissues may be modeled as a variation in the *a posteriori* probability of Y in some direction, i.e. variation of $P(Y = k|X)$ for each k . Using Bayes's Theorem:

$$P(Y = k|X = x) = \frac{f_X(x|Y = k)\pi_k}{f_X(x)} = \frac{f_{X_k}(x|\Theta_k)\pi_k}{f_X(x)} \quad (20)$$

Due to the fact that the intensity pixel X is a function of spatial coordinates (x, y, z) , $P(Y = k|X = x)$, for fixed k , is a probability map which represents visually the *a posteriori* probability of k class depending on (x, y, z) . Then, structure tensor of every probability map can be used for obtain the local orientation for each k tissue class [32]. The k^{th} structure tensor is defined as:

$$\mathbf{T}_k = G_\rho * (\nabla_\sigma P(Y = k|X = x)) \cdot (\nabla_\sigma P(Y = k|X = x))^T \quad (21)$$

G_σ denotes a Gaussian kernel of standard deviation ρ , $\nabla_\sigma(\cdot)$ is the gradient operator applied to an image previously filtered with a Gaussian kernel of standard deviation σ , and the symbol $*$ represents the spatial convolution.

\mathbf{T}_k possess three eigenvalues denoted as μ_k^1 , μ_k^2 and μ_k^3 in sort-descending order. The direction of maximum variation, \mathbf{v}_k^1 , is given by the one-dimensional eigenspace whose eigenvalue is μ_k^1 [32] Minimum variation is given by \mathbf{v}_k^3 . Then, the *a posteriori* probability of k^{th} class varies maximally at the direction given by \mathbf{v}_k^1 . As we have mentioned previously, edges may be modeled as a variation in some direction of the *a posteriori* probability of tissue classes. If an edge exists, one \mathbf{v}_k^1 of some of the K structure tensors is likely to possess a direction which is orthogonal to the edge one. In addition, eigenvalues can be used as a descriptor of local structure, because straight edges give $\mu_k^1 \gg \mu_k^3 = 0$ [32], so \mathbf{v}_k^1 may be the maximum direction when comparing to the others $J - 1$. Consequently, a candidate direction to represent an edge can be obtained by choosing the structure tensor whose first eigenvalue will be maximum, i.e.

$$\hat{k} = \arg \max_k \mu_k^1 \quad (22)$$

Then, direction perpendicular to the edge is obtained from the eigenspace generated by μ_k^1 , i.e. \mathbf{v}_k^1 . The rest of directions corresponds to \mathbf{v}_k^2 and \mathbf{v}_k^3 .

We have to define some edge detector because in the absence of edges (isotropic areas) Eq.(22) is well defined. Note that due to noise, a maximum direction always exists. We use the derivative of the most probably Gaussian filtered map along \mathbf{v}_k^1 and \mathbf{v}_k^2 direction, which is denoted as $\nabla_{\mathbf{v}_k^j, \sigma} P(Y = \hat{k}|X = x)$ with $j = \{1, 2\}$.

$\hat{\mathbf{E}}(x, y, z, t)$ is the matrix whose columns are the most probably directions, i.e. \mathbf{v}_k^1 , \mathbf{v}_k^2 and \mathbf{v}_k^3 . Note that $\mathbf{D}(x, y, z, t)$ defines a linear application where coordinates of input vectors in the basis $\{\mathbf{v}_k^1, \mathbf{v}_k^2, \mathbf{v}_k^3\}$ are multiplied by λ_1 , λ_2 and λ_3 respectively. They are defined as:

$$\lambda_1 = 1 - |\nabla_{\mathbf{v}_k^1, \sigma} P(Y = \hat{k}|X = x)| \quad (23)$$

$$\lambda_2 = 1 - |\nabla_{\mathbf{v}_k^2, \sigma} P(Y = \hat{k}|X = x)| \quad (24)$$

$$\lambda_3 = 1 \quad (25)$$

Note that although temporal dependence is omitted, structure tensor and hence $\mathbf{E}(x, y, z, t)$, λ_1 , λ_2 and λ_3 depend on time since all are obtained from $u(x, y, z, t)$.

Because the gradient operator is usually expressed in the canonical basis, some change-basis matrix is needed. $\mathbf{E}(x, y, z, t)$ transforms canonical coordinates of the gradient into the coordinates in $\{\mathbf{v}_k^1, \mathbf{v}_k^2, \mathbf{v}_k^3\}$ basis.

In presence of an edge, diffusion turns out to be highly anisotropic, because $\nabla u \approx \mathbf{v}_k^1$ and $\lambda_1 \approx 0$ due to $|\nabla_{\mathbf{v}_k^1, \sigma} P(Y = \hat{k} | X = x)| \approx 1$, so diffusion is performed along \mathbf{v}_k^3 , i.e. edge direction mainly. In homogeneous zones, isotropic diffusion is performed, because $|\nabla_{\mathbf{v}_k^j, \sigma} P(Y = \hat{k} | X = x)| \approx 0$ with $j = 1, 2$ and $\lambda_1 \approx \lambda_2 \approx \lambda_3 = 1$.

B. Speckle Models

In order to obtain probability maps, we need to consider some probabilistic model which depends on the ultrasound formation process, known as speckle. Speckle is a random process whose statistical features depends on tissue classes [10]. Specifically, complex signal at transducer can be seen as a Complex Random Walk, whose probabilistic distribution depends on the number of effective scatters N_{eff} into the resolution cell and their size in relation to wavelength ultrasound [25]. Four types of speckle are considered depending on N_{eff} and the presence of deterministic component in the Random walk [26]. When there is not any deterministic component and N_{eff} is high, typically $N_{eff} > 10$, speckle is known as Fully Formed and the envelope of Random walk follows a Rayleigh Distribution. If the latter N_{eff} condition holds but there is a deterministic component, speckle is known as Fully Resolved and the resulting distribution is a Rice one. However, when N_{eff} is small, envelope distribution deviates from Rayleigh or Rice cases. If there is not any deterministic component, the envelope follows a K distribution. In this case, the speckle is named as Partially Formed Speckle. Finally, besides of small N_{eff} , the presence of deterministic component leads to the Partially Resolved Speckle, where envelope follows a K Homodyne distribution. Typically, only the two first speckle models are considered, i.e. Fully-Formed and Fully-Resolved, because assumption about the number of N_{eff} holds often in ultrasound and ecocardiography images, and then Rayleigh and Rice distributions obtain well performance [2]. When several tissue classes and Partial Volume Effect (PVE) [2] are considered, mixture of probability density functions (PDF) results as a natural way to model the PDF of the whole image.

IV. EXPERIMENTS AND DISCUSSION

This section is devoted to show the performance of our filter when comparing to other speckle filters used in literacy. Particularly we use Lee [16], Kuan [17], Gamma MAP [19], Frost [18], SRAD [22], DPAD [23], OSRAD [24], POSRAD [30] and Non Local Means designed for speckle [33] (NL). We carried out experiments with both synthetic and real images. Synthetic experiments allow us to demonstrate numerically that the proposed filter manage to maintain structural information and speckle tissue details as well as perform a considerable filter in regions where no medical information is expected.

For this purpose we realize two synthetic experiments. First one is intended to show the capability of preserving details and structure morphology in contrast to second experiment, whose main goal is demonstrate the filter ability.

Lee, Kuan, Gamma MAP and POSRAD have been implemented by the authors in Matlab. Frost filter has been implemented by Debdoot Sheet and can be found in ¹. OSRAD and DPAD codes can be found in ² and ³ respectively. DPAD code, implemented by Aja Fernndez [23], includes SRAD diffusion method (user select the desired filter). The Matlab code for NL can be obtained from Coupe's personal web ⁴.

A. Synthetic Images

For the first experiment we simulate an anatomic phantom of a kidney scan. For that purpose, we used the kidney map proposed by [34]. This phantom can be downloaded from Jensen's page ⁵. In order to simulate a realistic speckle pattern we use the model proposed in [35]. This model does not take into account any probabilistic function in contrast to multiplicative noise typically proposed in literature [24], [23], [33], [30] in order to avoid any bias of the results. This simulator use the random walk model where specular reflections depend on kidney phantom and scattering part consist of M scatters with Gaussian amplitude which models the echolucent response. Specifically, kidney map is sampled varying angle and depth of adquisition. We use 120 angular samples and 200 radial samples in order to show resolution limits of US adquisition system (some small structure are inside into resolution cell). The number of scatters M is varied following a uniform distribution between 5 and 20 to produce both Fully and Partially speckle. Finally, the envelope of the complex random walk which is obtained in a polar coordinate system, is interpolated to transform image into a Cartesian one. The sampling of the kidney and th resulting B-mode image are represented in Fig. 2. Region which is shown in Fig. 2.(b) indicates where OSRAD and SRAD noise estimation is obtained. We choose this region because no structures are contained inside which is needed to obtain a good estimate [24], [22].

1) *Signal To Noise Ratio (SNR)*: The first measure used is the Signal to Noise Ratio (SNR) as it is defined in Coupé's paper [33]:

$$SNR = 10 \log_{10} \frac{\sum_{x_i \in \Omega} (v(x_i)^2 + \hat{v}(x_i)^2)}{\sum_{x_i \in \Omega} (v(x_i) - \hat{v}(x_i))^2} \quad (26)$$

where $v(x_i)$ is the true image at pixel x_i and $\hat{v}(x_i)$ is the restored one. Definitions of filter parameters can be found in their original papers. In the case of our filter, we use a Gamma mixture model (GMM) due to the arguments provided in [26] about linear combination of Rayleigh RV, in this

¹<http://www.mathworks.com/matlabcentral/fileexchange/35073-frosts-filter>

²<http://viva.ee.virginia.edu/downloads.html>

³<http://www.mathworks.com/matlabcentral/fileexchange/36906-detail-preserving-anisotropic-diffusion-for-speckle-filtering-dpad>

⁴<https://sites.google.com/site/pierrickcoupe/software/denoising-for-medical-imaging/speckle-reduction/obnlm-package>

⁵<http://field-ii.dk/>

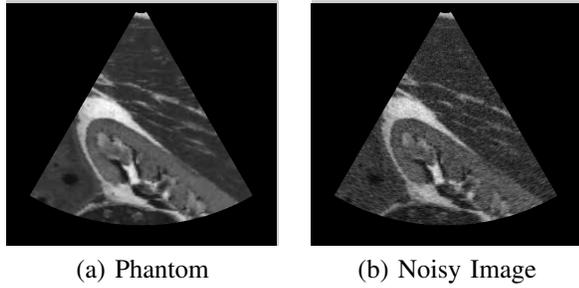


Fig. 2. Kidney phantom and noisy image used for the first synthetic experiment.

case, bilinear interpolation in the speckle simulator [35]. The selected GMM is formed by two components which it is the optimal configuration after some experiments. Parameters of the GMM are estimated using the EM algorithm [36]. The tissue to be filtered corresponds to the mixture component with maximum *a priori* probability, because it is reasonable to assume that this model component reflects the most important information. Then, $p_{tissue}(x, y, t)$ is the associated probability map. Regarding the memory mechanism, we use the following memory function,

$$g(s) = \begin{cases} K & s \leq P_{threshold} \\ 0 & P_{threshold} < s \leq 1 \end{cases} \quad (27)$$

with $K = 10^{13}$ and $P_{threshold} = 0.99$.

Results are shown in Table I and denoised images are shown in Fig.3. All filters parameters have been chosen optimally in the sense that SNR is maximized for each filter when those configuration is selected.

The proposed filter obtains the maximum SNR value, followed by DPAD. Filters which use a multiplicative noise model do not obtain satisfactory results, e.g. SRAD, Lee, Kuan, Frost. Performance of OSRAD, POSRAD, and Non-Local Means is acceptable, however they tend to suppress details and hence reduce SNR. The lost of definition in small structures can be observed in Fig.3.

2) *Q Factor*: The second experiment is based on the cyst phantom of Field II but we have created another class to assess the filters performance with details included on noisy scenario, e.g., tinny structures in a noisy background. This phantom contains four homogeneous regions, C_1, C_2, C_3 and C_4 which corresponds to white ellipses, black ellipses, gray ellipses and background. The intensity values are 1, 0, 0.2 and 0.1 respectively. We use a different configuration for the simulation speckle model. Particularly, the variance of scatters amplitude, which follows again a zero mean Gaussian distribution, varies uniformly between 0.01 and 0.02 through the phantom. This variability tries to capture the complexity of scatters distribution. The distribution of the scatters numbers, M , is the same as the used in the first experiment. Both phantom and noisy image are shown in Fig.4. Region for local estimates in case of OSRAD and SRAD filtering is shown in Fig.5. To assess the performance of the filtering we use a modified version of the parameter, introduced in [37] and used

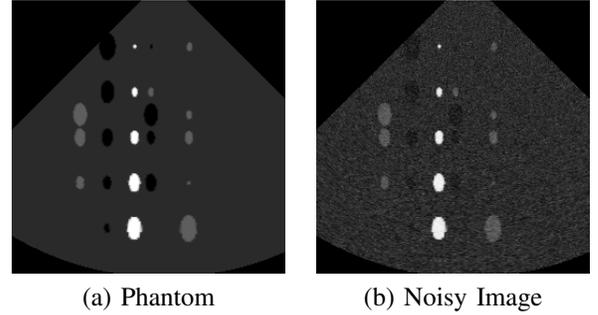


Fig. 4. Field II-based Phantom and noisy image used in the second synthetic experiment

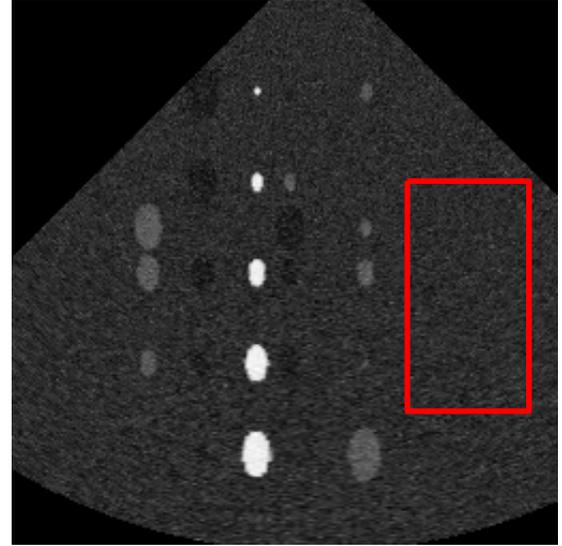


Fig. 5. Region selected by user where local estimates are obtained.

in [33], which is defined as,

$$Q = \frac{\sum_{r \neq l} (\mu_r - \mu_l)^2}{\sum_r \sigma_r^2} \quad (28)$$

where μ_r and σ_r^2 is the mean and variance of r th class after denoising. If classes of filtered image are well distinguished, numerator of Eq.28 is high. Besides, if these classes are nearly to be homogeneous, σ_r^2 tends to zero, hence denominator tends to zero and Q factor increases. To avoid problems with image resolution, Q factor is normalized by Q_{id} [33], which is the same measure applied to noisy image ($Q_{id} = 617$). Then, the new factor is defined as $\hat{Q} = \frac{Q}{Q_{id}}$. Consequently, the higher \hat{Q} is, the better filter is. However, we consider that taking into account variance of the background is meaningless. This is because the main goal phantom tries to represent is extracting small structures and making it distinguishable from non tissue speckle, which is modeled as background class in this phantom. Therefore, the new parameter is defined as,

$$Q = \frac{\sum_{r \neq l} (\mu_r - \mu_l)^2}{\sum_{r \neq 4} \sigma_r^2} \quad (29)$$

where C_4 is the background class.

We use again a GMM, but in this case, the number of components is fixed to four (the number of different classes).

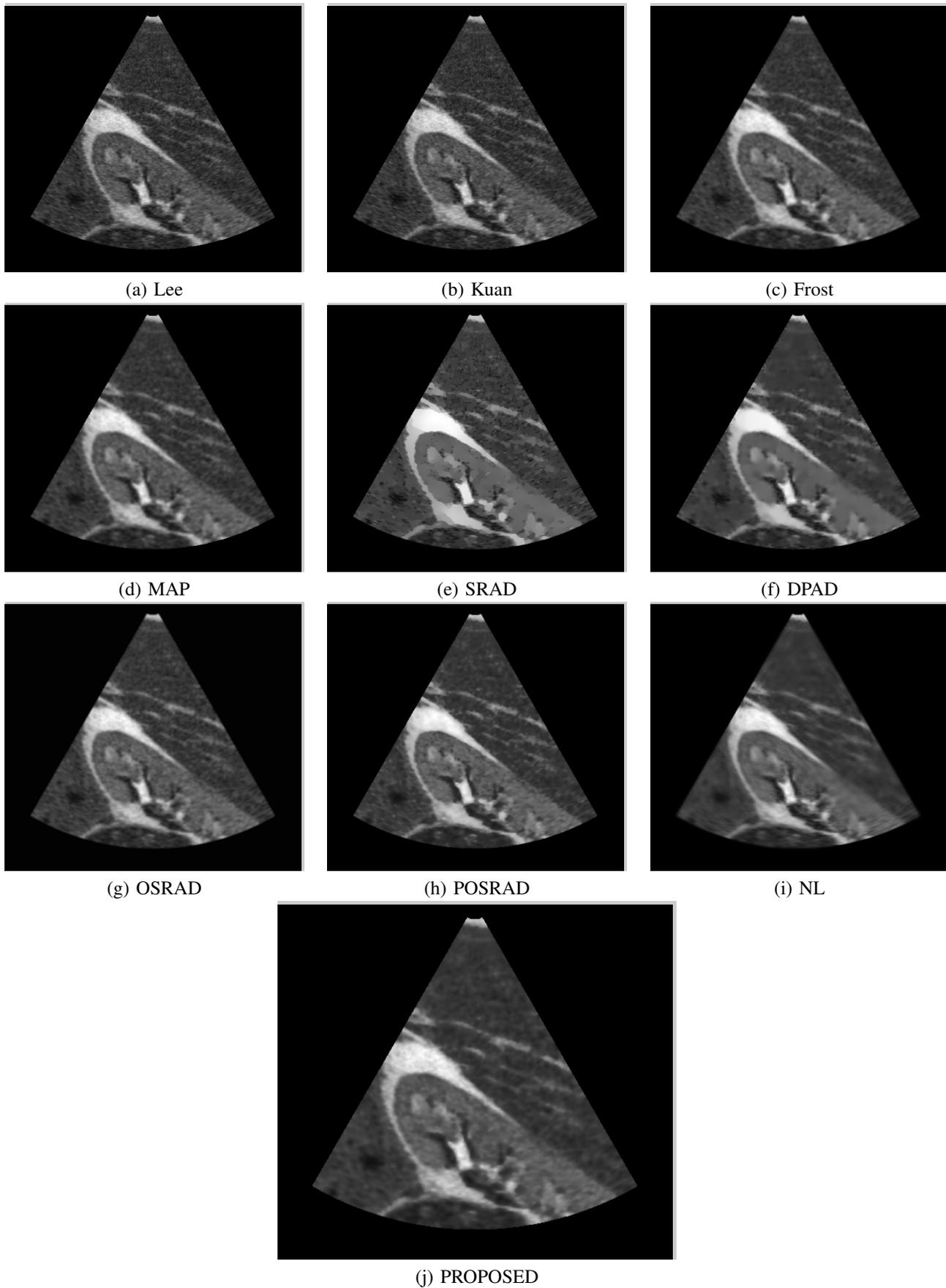


Fig. 3. Comparative of different filter for synthetic image (Fig.2)

TABLE I
SNR RESULTS

Filter	SNR	Parameters
Noisy Image	20.46	
Lee	21.15	$\eta_u = 1$ $\sigma_u = 0.02$ Window 3x3
Kuan	21.23	$\eta_u = 1$ $\sigma_u = 0.02$ Window 3x3
Lopes Gamma MAP	23.78	Window 5x5 Number of Looks (L) 200
Frost	23.44	Window 5x5
SRAD	22.41	$\Delta_t = 0.001$ $n_{iter} = 156$ ROI for noise estimation selected by user*
DPAD	24.24	$\Delta_t = 0.3$ $n_{iter} = 9$ Noise estimation (C_s): Local Mode with Windows Size 13x13
OSRAD	23.53	$\Delta_t = 0.5$ $n_{iter} = 5$ $\sigma = 0.05$, $\text{tang} = 3$, ROI for noise estimation selected by user*
POSRAD	23.66	$\Delta_t = 0.05$ $n_{iter} = 28$ $\sigma = 0.05$ $\rho = 0.05$, Gamma mixture model (GMM) of three components
NL Means Speckle	23.5	$M = 3$, $\alpha = 20$, $h = 1$
Proposed	24.32	$\Delta_t = 0.1$ $n_{iter} = 14$ g(s) defined in Section. GMM of two components IV-A1 $K = 10^{13}$ $P_{threshold} = 0.99$

TABLE II
 \hat{Q} RESULTS

Filter	\hat{Q}	Parameters
Noisy Image	1	
Lee	1	$\eta_u = 1$ $\sigma_u = 0.02$ Window 5x5
Kuan	1.567	$\eta_u = 1$ $\sigma_u = 0.02$ Window 3x3
Lopes Gamma MAP	1.771	Window 9x9 Number of Looks (L) 2000
Frost	0.53	Window 3x3
SRAD	5.129	$\Delta_t = 0.3$ $n_{iter} = 4$ Noise estimation (C_s): ROI for noise estimation selected by user (Fig.5)
DPAD	2.817	$\Delta_t = 0.3$ $n_{iter} = 10$ Noise estimation (C_s): Local Mode with Windows Size 5x5
OSRAD	4.665	$\Delta_t = 0.3$ $n_{iter} = 7$ $\sigma = 1$, $\text{tang} = 3$, ROI for noise estimation selected by user (Fig.5)
POSRAD	5.215	$\Delta_t = 0.3$ $n_{iter} = 6$, GMM of four components, $\sigma = 0.05$ and $\rho = 0.05$
NL Means Speckle	3.427	$M = 20$, $\alpha = 1$, $h = 0.8$
Proposed	5.387	$\Delta_t = 0.3$ $n_{iter} = 15$ g(s) defined in Section.IV-A2 with $n = 2$, GMM of four components, $\sigma = 0.05$ and $\rho = 0.05$

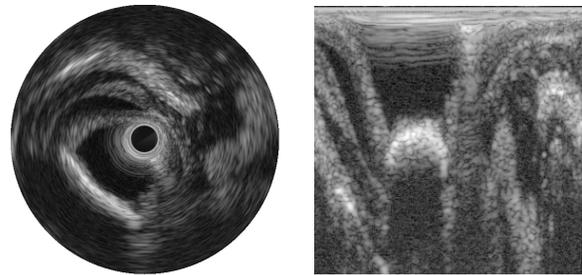
Results are shown in Table II. As in the first experiment, our filter achieves the best result. In this case, we use a different configuration of memory function, to show the versatility of the memory mechanism. Operation over eigenvalues is not made here, i.e. $\mathcal{S}\{\mathbf{D}\} = \mathbf{D}$. Furthermore, another memory function is used which does not use a thresholding, concretely, expression of Eq.(10). We have selected a exponent of $n = 2$ (first green curve of Fig.1) to carried out the experiment. $p_{tissue}(x, y, t)$ corresponds to probability map whose *a priori* probability is the highest for the same reason argued in SNR experiment. Images filtered are shown in Fig.6. Except of diffusion based filters and NL, the rest blur tinny structures. Our filter manage to enhance edge definition and at the same time transform region inside tinny structures into nearly constant zones.

B. Real Images

Synthetic experiments have demonstrated that the proposed filter outperforms the common speckle filters proposed in the field of medical image filtering. Particularly, our filter achieves the best numerical results according to SNR and \hat{Q} measures. In this section, we compare the performance when real ultrasound medical images are considered. With this purpose, we use an IVUS image and a 3D Cardiac image.

1) *IVUS*: The IVUS image we filter in this experiment has been acquired with the Galaxy II IVUS Imaging System (Boston Scientific) with a catheter Atlantis SR Pro 40 MHz (Boston Scientific) [2]. These Real-time Radio-Frequency (RF) data has been stored with a 12-bit Acquiris acquisition card with a sampling rate of 200MHz. RF data are pre-processed using a image reconstruction algorithm [38] to finally obtain the polar representation of the envelope, showed in Fig

7.(b) . Polar image is transformed to Cartesian coordinates for ease of visualization. This representation is shown in Fig7.(a). Both images has been logarithmically compressed to enhance visualization.



(a) Cartesian coordinates (b) Polar coordinates

Fig. 7. IVUS image used in the experiment in both coordinates systems

Although we show the resulted image after filtering in Cartesian coordinates, filtering has been performance in the polar domain, without no logarithmic compression. The IVUS image contains three type of plaques such as calcified, lipidic an fibrotic and one different kind of tissue, Lumen [2]. To obtain probability maps we model the speckle as a random process which follows a mixture of density functions, as it is proposed in [2]. In this paper, it is argued that each component of the mixture of density functions follows a Rayleigh distribution, because Fully-Formed Speckle arises.

In order to model the mixture of density function for each type of tissue: calcified, lipidic, fibrotic and Lumen, we propose a Gamma Mixture Model (GMM) for each one. In all tissues fully-formed speckle appears, then according to [26] Gamma distribution is suitable for modelling linear combination of Rayleigh R.V. In the algorithm for pre-processing [38] a linear combination of envelope samples is performed

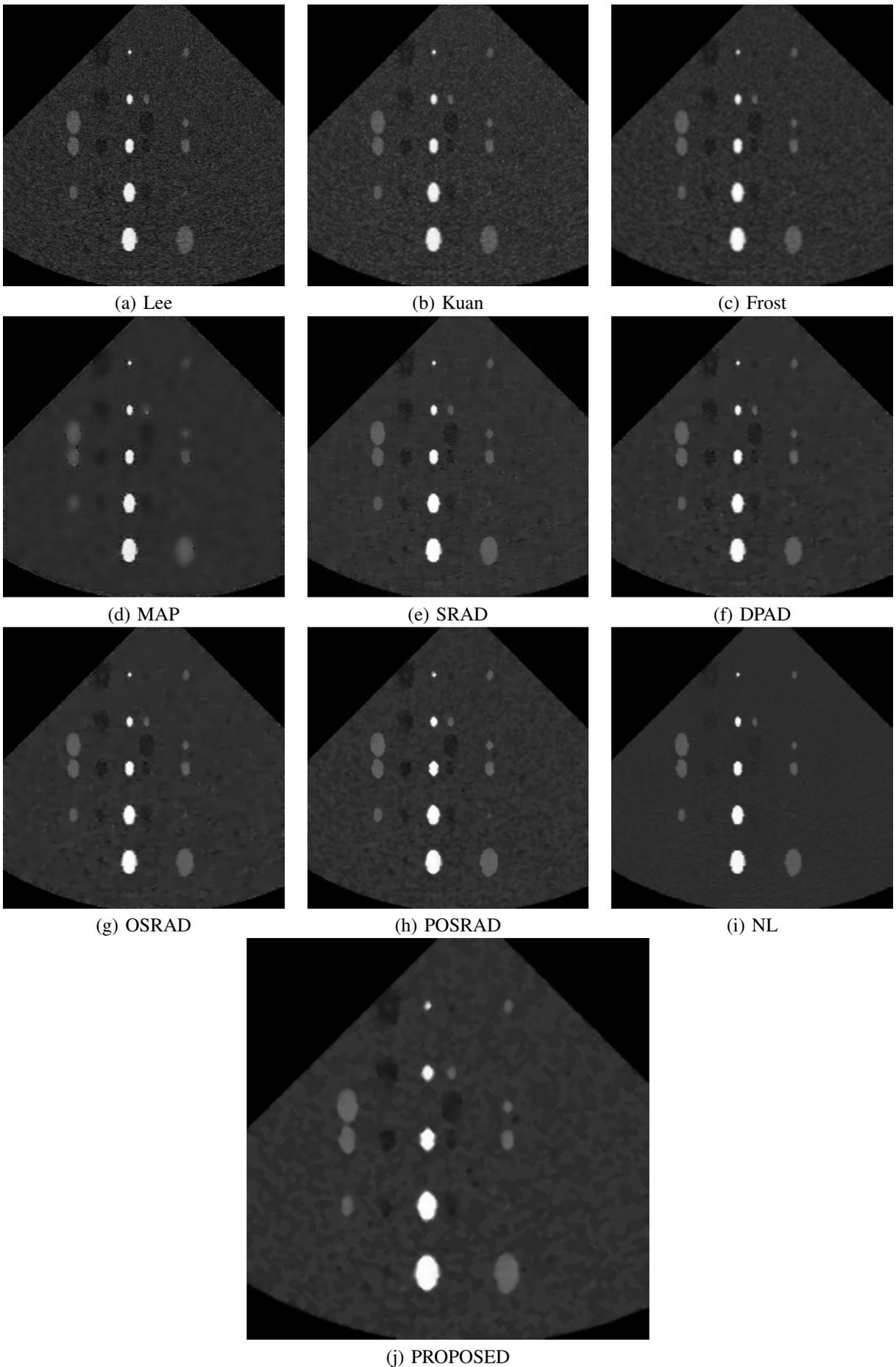


Fig. 6. Comparative of different filter for synthetic image (Fig.4)

because one of the steps is a Butterworth filter. The number of components of the GMM has been selected maximizing Kolmogorov Smirnov statistic and Kulback-Leibler divergence between the GMM and the empirical distribution. Parameters of each Gamma class is estimated using the EM algorithm [36]. The tissue which is filtered is the Lumen, because it does not contain important medical information in contrast to calcified, lipidic and fibrotic plaques.

The selection of the filter parameters is shown in Table IV. These parameters has been chosen so as to, in our opinion, obtain the best trade-off between filtering and detail preservation. Filtered images has been transformed into a Cartesian system followed by a logarithmic compression. Results are shown in Fig.8. Lee, Kuan, Frost and Map filters do not remove noise in Lumen areas (black regions). On the other hand, SRAD, DPAD, OSRAD and POSRAD performs a considerable filtering but they blur small structures. Clearly, best results are obtained by Non Local Means and the proposed filter. Both of them performs higher filtering than the others (Note the noise removal in Lumen zone), but at the same time they achieve to preserve fine details, specially in the red angular region. The zoom in this region allow to demonstrate that details definition and smallest structures preservation is better in our filter than in the NL filter. This region is shown in polar coordinates for both filters, Fig.8.(h). Lines at the middle of the polar image are better defined in the case of the proposed filter, besides, contrast is higher than the NL image.

2) Cardiac Image: -Ask Santi for ECO4D information

- Describe the Eco4D we use in this last experiment
- Acquisition Parameters

In this last experiment, we use a 3D cardiac image where three transversal slides have been acquired: axial, sagittal and coronal. Each 2D image is filtered to compare the performance. Three slides in a 3D representation are shown in Fig.9. The mixture of probability densities contains Gamma and Normal classes. Statistic of cardiac images are well modeled using this kind of distribution [28], [26]. $p_{tissue}(x, y, t)$ is the probability map of the mixture model class whose mean is the lowest because we are intending to filter blood in cardiac cavities. Parameters of each class are estimated using the EM algorithm. Observing Fig.10 we can realize how classical diffusion filters (SRAD, DPAD, OSRAD, POSRAD) overfilter structures of interest, e.g. myocardium. On the other hand, Lee, Kuan, FROST and MAP performs an insignificant noise removal. Again, Non Local Means and our filter maintains a good balance between filtering and detail preservation. However, we state that the proposed filter maintain details and edge definition better than NL does. In order to support it, we show in Fig.12 some regions which contains considerable details (Fig.11) and has been filtered by NL and our filter. Noise has been removed in cavities which is a hard task due to the presence of strong scatters, specially in axial image, Fig.(12.(a)). NL means loses details in the myocardium structure and this does not occur when proposed filter is used. As an example, poor definition is obtained when NL is performed in zones of myocardium where intensity is not

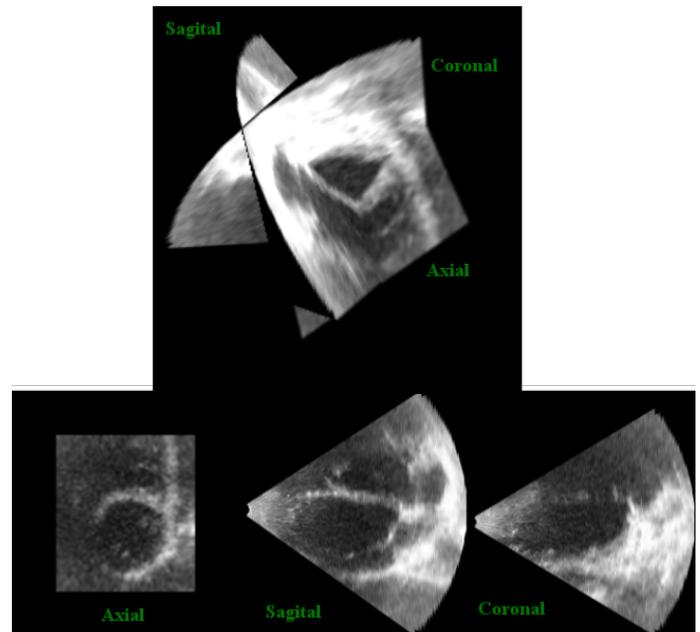


Fig. 9. 3D Cardiac image used for filtering

very high (See bottom-right zone in Sagittal Image, Fig.12.(b)). If we observe Coronal image, Fig.12.(c), the lost of details is more noticeable. Note the absence of low intensity zones in the bottom-right corner in the case of NL. Our filter achieves to maintain them and besides, a better definition in areas located on the middle is obtained.

V. CONCLUSION

We have presented an anisotropic diffusion filter for medical ultrasound images which allows preserving details of tissues while noise removal is performed in uninteresting areas selected by user. Classical speckle filters and diffusion-based ones tend to overfilter medical images, as a result, useful medical information is lost. In our case, detail preservation is achieved by a memory mechanism, implemented as a evolutionary differential equation for the diffusion tensor. This is the main contribution of the paper. This evolutionary equation is tissue selective, because relaxation time depends on the uninteresting zone probability. Experiments shows that our filter performs better than classical and diffusion filters does. The highest SNR and \hat{Q} values have been obtained when synthetic images have been filtered with the proposed one. Moreover, according to IVUS and cardiac filtered images, our filter maintains finest details such as edges definition and small structures and performs a considerable filtering in zones where practically no medical information is expected, e.g Lumen and blood in cavities.

ACKNOWLEDGMENT

The authors would like to thank...

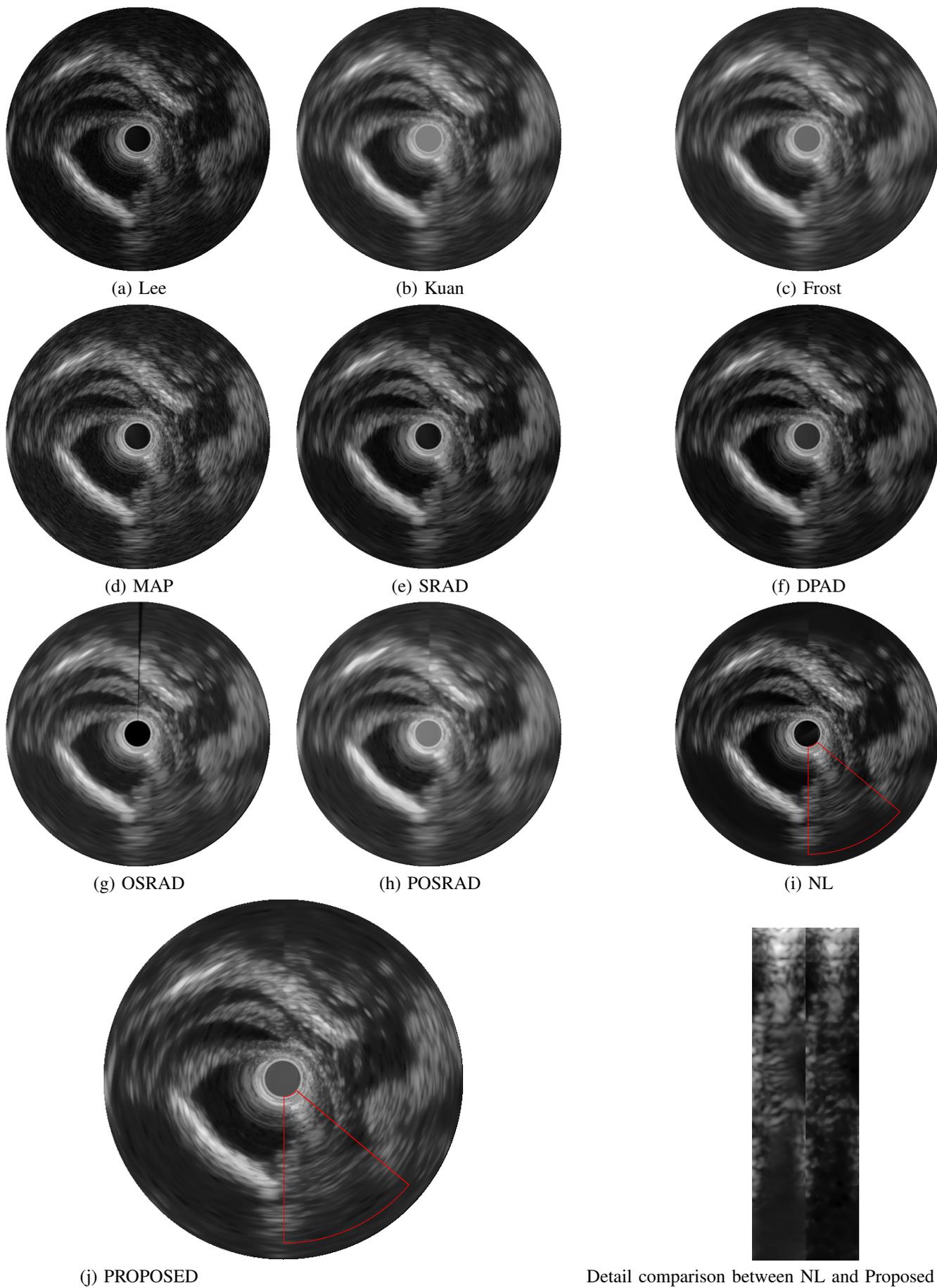


Fig. 8. Comparative with different filters for IVUS image

TABLE III
PARAMETERS FOR IVUS IMAGE (CAN BE OMITTED)

Filter	Parameters
Noisy Image	1
Lee	$\eta_u = 1$ $\sigma_u = 0.2$ Window 6x6
Kuan	$\eta_u = 1$ $\sigma_u = 0.2$ Window 5x5
Lopes Gamma MAP	Window 9x9 Number of Looks (L) 2000
Frost	Window 3x3
SRAD	$\Delta_t = 0.3$ $n_{iter} = 10$
DPAD	$\Delta_t = 0.3$ $n_{iter} = 10$ Noise estimation (C_s): Local Mode with Windows Size 5x5
OSRAD	$\Delta_t = 0.3$ $n_{iter} = 18$ $\sigma = 0.5$, $tang = 0.05$, ROI for noise estimation selected by user ((Fig.5)
POSRAD	$\Delta_t = 0.3$ $n_{iter} = 6$, GMM of four components, $\sigma = 0.05$ and $\rho = 0.05$
NL Means Speckle	$M=6$, $\alpha = 6$, $h=0.05$
Proposed	$\Delta_t = 0.3$ $n_{iter} = 19$ g(s) defined in Section.IV-A2 with $n = 5$, GMM of four components, $\sigma = 0.05$ and $\rho = 0.05$

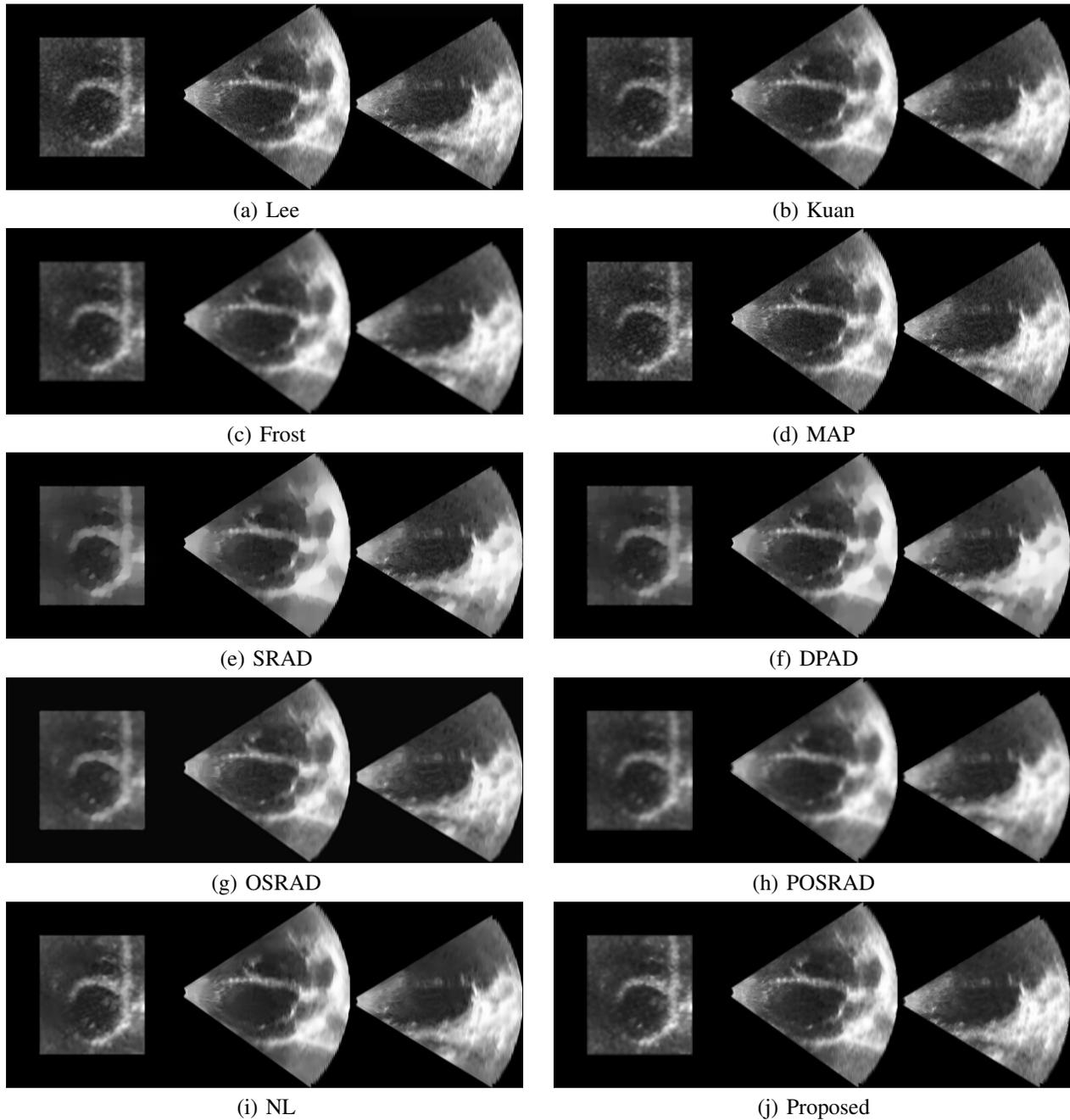


Fig. 10. Comparative with different filters for Cardiac image

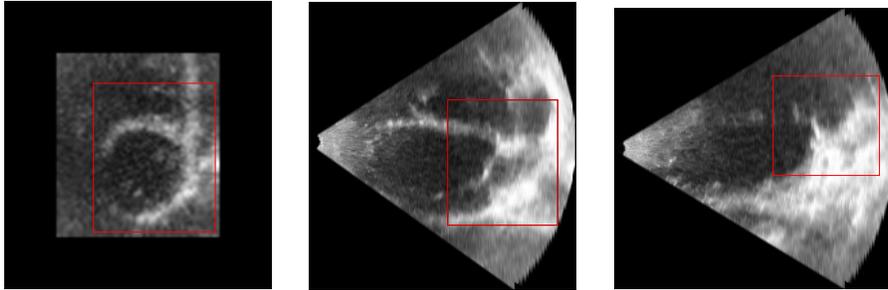
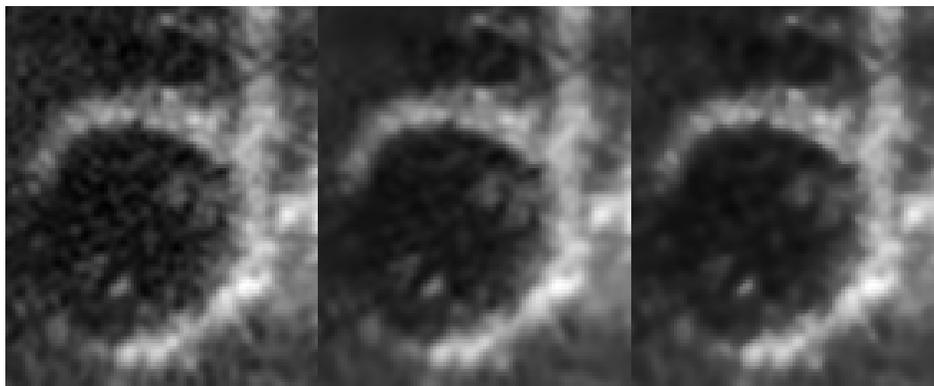
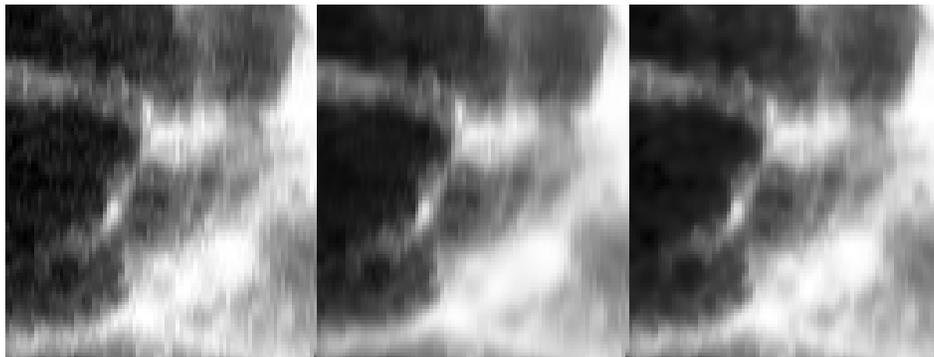


Fig. 11. Regions for zooming in Axial, Sagittal, and Coronal slides



(a) From left to right: Original, NL, and Proposed for Axial Slide



(b) From left to right: Original, NL, and Proposed for Sagittal Slide



(c) From left to right: Original, NL, and Proposed for Coronal Slide

Fig. 12. Detail comparison in 3D Cardiac Image for NL and Proposed Filter

TABLE IV
PARAMETERS FOR CARDIAC IMAGE (CAN BE OMITTED)

Filter	Parameters
Noisy Image	1
Lee	$\eta_u = 1$ $\sigma_u = 0.02$ Window 5x5
Kuan	$\eta_u = 1$ $\sigma_u = 0.02$ Window 3x3
Lopes Gamma MAP	Window 9x9 Number of Looks (L) 2000
Frost	Window 3x3
SRAD	$\Delta_t = 0.3$ $n_{iter} = 10$
DPAD	$\Delta_t = 0.3$ $n_{iter} = 10$ Noise estimation (C_s): Local Mode with Windows Size 5x5
OSRAD	$\Delta_t = 0.5$ $n_{iter} = 10$ $\sigma = 2.1$, $\text{tang} = 2$
POSRAD	$\Delta_t = 0.3$ $\sigma = 0.05$ and $\rho = 0.05$ $n_{iter} = 11$, 1 Normal 1 Gamma $n_{iter} = 11$, 1 Normal 1 Gamma $n_{iter} = 10$, 1 Normal 2 Gamma
NL Means Speckle	$M=6$, $\alpha = 6$, $h=0.5$
Proposed	$\Delta_t = 0.3$ $n_{iter} = 10$ g(s) defined in Section.IV-A2 with $n = 3$, $\sigma = 0.05$ and $\rho = 0.05$, 2 Gamma 1 Normal (Coronal), $n_{iter} = 14$, $n_{iter} = 8$, 1 Gamma 1 Normal n=8

REFERENCES

- [1] L. Spagnoli, A. Mauriello, G. Sangiorgi, S. Fratoni, E. Bonnano, R. Schwartz, D. Piepgras, R. Pistolesse, A. Ippoliti, and D. J. Holmes, "Extracranial thrombotically active carotid plaque as a risk factor for ischemic stroke," *JAMA: The Journal of the American Medical Association*, vol. 292, no. 15, pp. 1845–1852, 2004. [Online]. Available: + <http://dx.doi.org/10.1001/jama.292.15.1845>
- [2] J. Seabra, F. Ciompi, O. Pujol, J. Mauri, P. Radeva, and J. Sanches, "Rayleigh mixture model for plaque characterization in intravascular ultrasound," *Biomedical Engineering, IEEE Transactions on*, vol. 58, no. 5, pp. 1314–1324, may 2011.
- [3] X. Zhang, C. McKay, and M. Sonka, "Tissue characterization in intravascular ultrasound images," *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, vol. 17, no. 6, pp. 889–899, dec. 1998.
- [4] F. Destrempes, J. Meunier, M.-F. Giroux, G. Soulez, and G. Cloutier, "Segmentation in ultrasonic b-mode images of healthy carotid arteries using mixtures of nakagami distributions and stochastic optimization," *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, vol. 28, no. 2, pp. 215–229, feb. 2009.
- [5] T. H. Marwick, "Measurement of strain and strain rate by echocardiography ready for prime time?" *Journal of the American College of Cardiology*, vol. 47, no. 7, pp. 1313–1327, 2006. [Online]. Available: + <http://dx.doi.org/10.1016/j.jacc.2005.11.063>
- [6] J. Xie, Y. Jiang, and H.-T. Tsui, "Segmentation of kidney from ultrasound images based on texture and shape priors," *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, vol. 24, no. 1, pp. 45–57, 2005.
- [7] E. K. Kerut, M. Given, and T. D. Giles, "Review of methods for texture analysis of myocardium from echocardiographic images: A means of tissue characterization," *Echocardiography*, vol. 20, no. 8, pp. 727–736, 2003. [Online]. Available: <http://dx.doi.org/10.1111/j.0742-2822.2003.01126.x>
- [8] T. L. Szabo, *Diagnostic Ultrasound Imaging: Inside Out: Inside Out*. Academic Press, 2004.
- [9] C. Burckhardt, "Speckle in ultrasound b-mode scans," *Sonics and Ultrasonics, IEEE Transactions on*, vol. 25, no. 1, pp. 1–6, 1978.
- [10] R. Wagner, S. Smith, J. Sandrik, and H. Lopez, "Statistics of speckle in ultrasound b-scans," *Sonics and Ultrasonics, IEEE Transactions on*, vol. 30, no. 3, pp. 156–163, may 1983.
- [11] J. W. Goodman, "Some fundamental properties of speckle," *J. Opt. Soc. Am.*, vol. 66, no. 11, pp. 1145–1150, Nov 1976. [Online]. Available: <http://www.opticsinfobase.org/abstract.cfm?URI=josa-66-11-1145>
- [12] J. Noble and D. Boukerroui, "Ultrasound image segmentation: a survey," *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, vol. 25, no. 8, pp. 987–1010, 2006.
- [13] J. M. Thijssen and B. J. Oosterveld, "Texture in tissue echograms: speckle or information," *American Institute of Ultrasound in Medicine* 9, no. 9, pp. 215–229, 1990.
- [14] G. Sleafie and P. Lele, "Tissue characterization based on scatterer number density estimation," *Ultrasonics, Ferroelectrics and Frequency Control, IEEE Transactions on*, vol. 35, no. 6, pp. 749–757, 1988.
- [15] R. Wagner, M. Insana, and S. Smith, "Fundamental correlation lengths of coherent speckle in medical ultrasonic images," *Ultrasonics, Ferroelectrics and Frequency Control, IEEE Transactions on*, vol. 35, no. 1, pp. 34–44, 1988.
- [16] J.-S. Lee, "Digital image enhancement and noise filtering by use of local statistics," *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, vol. PAMI-2, no. 2, pp. 165–168, march 1980.
- [17] D. T. Kuan, A. A. Sawchuk, T. C. Strand, and P. Chavel, "Adaptive noise smoothing filter for images with signal-dependent noise," *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, vol. PAMI-7, no. 2, pp. 165–177, march 1985.
- [18] V. S. Frost, J. A. Stiles, K. S. Shanmugan, and J. C. Holtzman, "A model for radar images and its application to adaptive digital filtering of multiplicative noise," *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, vol. PAMI-4, no. 2, pp. 157–166, march 1982.
- [19] A. Lopes, E. Nezry, R. Touzi, and H. Laur, "Maximum a posteriori speckle filtering and first order texture models in sar images," in *Geoscience and Remote Sensing Symposium, 1990. IGARSS '90. 'Remote Sensing Science for the Nineties', 10th Annual International*, may 1990, pp. 2409–2412.
- [20] T. Aysal and K. Barner, "Rayleigh-maximum-likelihood filtering for speckle reduction of ultrasound images," *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, vol. 26, no. 5, pp. 712–727, may 2007.
- [21] P. Perona and J. Malik, "Scale-space and edge detection using anisotropic diffusion," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 12, pp. 629–639, 1990.
- [22] Y. Yu and S. Acton, "Speckle reducing anisotropic diffusion," *Image Processing, IEEE Transactions on*, vol. 11, no. 11, pp. 1260–1270, nov 2002.
- [23] S. Aja-Fernandez and C. Alberola-Lopez, "On the estimation of the coefficient of variation for anisotropic diffusion speckle filtering," *Image Processing, IEEE Transactions on*, vol. 15, no. 9, pp. 2694–2701, sept. 2006.
- [24] K. Krissian, C.-F. Westin, R. Kikinis, and K. Vosburgh, "Oriented speckle reducing anisotropic diffusion," *Image Processing, IEEE Transactions on*, vol. 16, no. 5, pp. 1412–1424, may 2007.
- [25] P. Mohana Shankar, "A general statistical model for ultrasonic backscattering from tissues," *Ultrasonics, Ferroelectrics and Frequency Control, IEEE Transactions on*, vol. 47, no. 3, pp. 727–736, may 2000.
- [26] G. Vegas-Sánchez-Ferrero, D. Martín-Martínez, S. Aja-Fernández, and C. Palencia, "On the influence of interpolation on probabilistic models for ultrasonic images," in *Biomedical Imaging: From Nano to Macro, 2010 IEEE International Symposium on*, april 2010, pp. 292–295.
- [27] G. Vegas-Sanchez-Ferrero, S. Aja-Fernandez, C. Palencia, and M. Martin-Fernandez, "A generalized gamma mixture model for ultrasonic tissue characterization," *Computational and Mathematical Methods in Medicine*, vol. 2012, p. 25, 2012.
- [28] Z. Tao, H. Tagare, and J. Beaty, "Evaluation of four probability distribution models for speckle in clinical cardiac ultrasound images," *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, vol. 25, no. 11, pp. 1483–1491, nov. 2006.
- [29] K. Kaluzynski, X. Chen, S. Emelianov, A. Skovoroda, and M. O'Donnell, "Strain rate imaging using two-dimensional speckle tracking," *Ultrasonics, Ferroelectrics and Frequency Control, IEEE Transactions on*, vol. 48, no. 4, pp. 1111–1123, july 2001.
- [30] G. Vegas-Sanchez-Ferrero, S. Aja-Fernandez, M. Martin-Fernandez, A. F. Frangi, and C. Palencia, "Probabilistic-driven oriented speckle reducing anisotropic diffusion with application to cardiac ultrasonic images," in *Proceedings of the 13th international conference on Medical image computing and computer-assisted intervention: Part I, ser. MICCAI '10*. Berlin, Heidelberg: Springer-Verlag, 2010, pp. 518–525. [Online]. Available: <http://dl.acm.org/citation.cfm?id=1928208.1928281>
- [31] G. Cottet and M. Ayyadi, "A volterra type model for image processing," *Image Processing, IEEE Transactions on*, vol. 7, no. 3, pp. 292–303, mar 1998.
- [32] J. Weickert, *Anisotropic Diffusion in Image Processing*. B.G Teubner (Stuttgart), 1998.
- [33] P. Coupe, P. Hellier, C. Kervrann, and C. Barillot, "Nonlocal means-based speckle filtering for ultrasound images," *Image Processing, IEEE Transactions on*, vol. 18, no. 10, pp. 2221–2229, oct. 2009.
- [34] J. A. Jensen, "Field: A program for simulating ultrasound systems," in *10th Nordic Baltic Conference On Biomedical Imaging, vol. 4, Supplement 1, Part 1:351–353*, 1996, pp. 351–353.

- [35] C. Perreault and M.-F. Auclair-Fortier, "Speckle simulation based on b-mode echographic image acquisition model," in *Computer and Robot Vision, 2007. CRV '07. Fourth Canadian Conference on*, may 2007, pp. 379–386.
- [36] T. Moon, "The expectation-maximization algorithm," *Signal Processing Magazine, IEEE*, vol. 13, no. 6, pp. 47–60, nov 1996.
- [37] P. C. Tay, S. T. Acton, and J. A. Hossack, "Ultrasound despeckling using an adaptive window stochastic approach," in *Image Processing, IEEE International Conference*, 2006, pp. 2549–2552.
- [38] F. Ciompi, Puyol.O, Gatta.C, R. Leor.O, M. F. J, and P. Radeva, "Fusing in-vitro and in-vivo intravascular ultrasound data for plaque cha," *International Journal of Cardiovascular Imaging*, 2009.

Anisotropic Diffusion Filtering for Correlated Multiple-Coil MRI

Gonzalo Vegas-Sánchez-Ferrero, Gabriel Ramos-Llordén, Rodrigo de Luis-García,
Antonio Tristán-Vega, Santiago Aja-Fernández

Abstract—Recently, some methods have been proposed for filtering multi-coil MRI acquisitions with correlation between coils. Those methods are based on statistical models of noise to develop a Linear Minimum Mean Square Error (LMMSE) filter. The advantage of LMMSE-based filters stems from their simplicity and robustness. However, they exhibit some drawbacks: their performance strongly depends on the underlying statistical model and on the way the local moments are estimated. The first problem can be avoided when considering effective values provided by recent studies on the models of noise in multi-coil systems with correlation between coils. However, the local moments are estimated in square neighborhoods which can include different kinds of tissues. Thus, the local variance is biased towards upper values, which results in an inaccurate estimate in regions close to tissue boundaries. In this work we propose to overcome this problem by introducing an anisotropic diffusion step in the LMMSE estimate for correlated multi-coil systems which improves the estimation of the signal in regions where other LMMSE methods fail. Results demonstrate the better behavior in different noisy scenarios.

Index Terms—MRI, LMMSE, multi-coil, estimate, filtering.

I. INTRODUCTION

Statistical models of noise in magnetic resonance (MR) depend on the scanner coil architecture. In the simplest case (a single-coil acquisition) the complex spatial MR data is typically assumed to be a complex Gaussian process, where real and imaginary parts of the original signal are corrupted with uncorrelated Gaussian noise with zero mean and equal variance. Thus, the magnitude signal calculated as the envelope of the complex signal is Rician distributed [1].

However, this simple case does not hold in modern architectures that include new acquisition technologies aiming to speed-up the acquisition of MRI. These methods are commonly referred to as Parallel Magnetic Resonance Imaging (pMRI), and are based on the simultaneous acquisition of different parts of the subsampled k-space by different receiving coils. As a consequence, in these more complex architectures, the Rician model is not valid any more.

Finding a proper statistical noise model in pMRI becomes important for anatomical evaluation and as a previous step for segmentation, registration or tensor estimation in diffusion tensor MRI (DT-MRI) [2]. When multiple-coil MR acquisition systems are considered, the noise in each receiving coil in the k-space is modeled as a complex stationary additive Gaussian noise process, with zero mean and equal variance

[3]. Under the assumptions of noise components identically and independently distributed with no acceleration (the k-space is fully sampled); the composite magnitude signal (CMS) calculated as the sum of squares (SoS) of the received signal in each coil follows a non-central χ (nc- χ) distribution [4]. The noise variance is the same for all image points in both the k-space and x-space domains, i.e., the noise in the image may be considered spatial-stationary.

This statistical behavior does not hold when the coils in the scanner show a different variance of noise or under the presence of correlation between coils. In practical cases, correlation between coils exists, and therefore, the standard nc- χ model is not valid. In [5], the authors showed that if multiple coils and correlated noise are considered, the data do not strictly follow a nc- χ . However, for practical purposes, it can be modeled as such, but taking into account two effects: 1) Effective parameters must be considered. Thus, due to the correlation, the distribution is very similar to a nc- χ but considering a smaller number of coils and a greater variance of noise. 2) The effective parameters will also depend on the signal and hence on the position within the image. As a result, there will be different variance of noise in different areas of the image and the pattern of noise will be spatially variant, and the noise becomes non-stationary.

Due to these effects, an improper estimate of the effective parameters and a wrong supposition on the statistical model may cause an inaccurate estimate of the actual signal. Thus, in [6], a methodology to estimate the effective parameters in the presence of correlation between coils was proposed as well as the extension of the LMMSE filter to the case of correlated systems.

The main advantage of the LMMSE filters stems from their simplicity and robustness. However, their performance strongly depends on the underlying statistical model. An additional problem lies in the way the local moments are estimated. In those voxels corresponding to image edges, the square neighborhood comprises different kinds of tissues. Thus, the local variance increases and the LMMSE provides inaccurate estimates which results in a poor estimate of the actual value.

In this work, we propose to overcome this limitation by introducing an anisotropic diffusion step in the LMMSE estimate for correlated pMRI which improves the estimation of the signal in the regions where the LMMSE method proposed in [6] and conventional LMMSE methods fail. Results obtained from multiple-coil data evidence the better performance of the proposed filter with respect to other state-

The authors are with the LPI, ETSI Telecomunicación, Universidad de Valladolid, Spain. The authors acknowledge the Ministerio de Ciencia y Educación for Research Grant TEC2010-17982 and the Junta de Castilla y León for grant VA376A11-2 and SAN103/VA40/11. Contact: gvegsan@lpi.tel.uva.es.

of-the-art methods for all the noisy scenarios considered.

II. BACKGROUND

A. Noise Model

Noise in multiple coil systems, if the k-space is fully sampled and SoS is used to recover the CMS, is assumed to follow a nc- χ model [4], [7], [8] with parameters L (number of coils) and σ_n^2 (variance of noise in each coil) and with probability density function (PDF):

$$p_{M_L}(M_L|A_L, \sigma_n, L) = \frac{A_L^{1-L}}{\sigma_n^2} M_L^L e^{-\frac{M_L^2 + A_L^2}{2\sigma_n^2}} I_{L-1}\left(\frac{A_L M_L}{\sigma_n^2}\right), \quad (1)$$

with $M_L(\mathbf{x}) > 0$, $A_L^2(\mathbf{x}) = \sum_{l=1}^L |A_l(\mathbf{x})|^2$ and $A_l(\mathbf{x})$ the original complex signal in each coil, $I_L(\cdot)$ the L -th order modified Bessel function of the first kind. In the background, this PDF simplifies to a central χ (c- χ).

When the variance of noise varies from coil to coil or there is some correlation between coils, the statistical distribution of data is affected. This deviation from the ideal case usually happens in multi-coil systems [9].

The general case can be formulated considering a covariance matrix, Σ , where the correlation terms are considered in the off-diagonal elements. For this case, the distribution does not follow a nc- χ . However, the nc- χ becomes a good approximation of the actual distribution when effective parameters of L and σ_n are considered [5]:

$$L_{\text{eff}}(\mathbf{x}) = \frac{A_L^2(\mathbf{x}) + (\text{tr}(\Sigma))^2}{\mathbf{A}^*(\mathbf{x})\Sigma\mathbf{A}(\mathbf{x}) + \|\Sigma\|_F^2} \quad (2)$$

$$\sigma_{\text{eff}}^2(\mathbf{x}) = \frac{\text{tr}(\Sigma)}{L_{\text{eff}}(\mathbf{x})} \quad (3)$$

where $\|\cdot\|_F$ is the Frobenius norm and $\mathbf{A}(\mathbf{x}) = [A_1(\mathbf{x}) \cdots A_L(\mathbf{x})]^T$.

From this equations, one should notice that the effective variance of noise increases due to the correlations between coils, whereas the effective number of coils is reduced. Additionally, both effective values will depend on the position, \mathbf{x} , so the distribution is non-stationary. However, the product, $L_{\text{eff}}(\mathbf{x})\sigma_{\text{eff}}^2(\mathbf{x}) = \text{tr}(\Sigma) = \sum_{l=1}^L \sigma_l^2 = L\sigma_n^2$, does not depend on the position.

B. Noise Filtering

In this section we present the filtering schemes that make use of the underlying statistical models of noise. The main advantage of using these methods is that they are based on an estimation philosophy. The simplest case is the so-called *conventional approach* (CA) which is an averaging of the squared signal with bias removal, assuming a Rician distribution of the data. Thus, the filtered signal is an estimate of the actual signal without any source of noise and, when there is no information to obtain a proper estimate of the signal, the noisy data is preserved. In the case of the nc- χ , the estimate is:

$$\hat{A}(\mathbf{x}) = \sqrt{\max(\langle M_L^2(\mathbf{x}) \rangle_{\mathbf{x}} - 2\sigma_n^2 L, 0)}. \quad (4)$$

Note that the sample estimation, $\langle \cdot \rangle_{\mathbf{x}}$, is used to estimate the second order moment:

$$\langle M_L^2(\mathbf{x}) \rangle_{\mathbf{x}} = \frac{1}{|\eta(\mathbf{x})|} \sum_{\mathbf{y} \in \eta(\mathbf{x})} M_L^2(\mathbf{x}), \quad (5)$$

with $\eta(\mathbf{x})$ a neighborhood centered in \mathbf{x} , and $|\eta(\mathbf{x})|$ its cardinal.

Note also that this is a zero order estimate of the signal. Instead of this approach, a linear model can be adopted which takes into account not only the first moment of M_L^2 but also the second order moment in the local neighborhood. The linear model give rise to the LMMSE estimate. The LMMSE with Rician model is the simplest case when $L = 1$ and no correlation is considered. The importance of the formulation presented in Eqs. (2) and (3) is that the formulation of the filters do not need to be recalculated, since the effective values implicitly decorrelate the noise between coils and the nc- χ model can be used directly. The Rician LMMSE model was proposed in [2], whereas the nc- χ extension was presented in [10], [6]:

$$\widehat{A}^2(\mathbf{x}) = \langle M_L^2(\mathbf{x}) \rangle_{\mathbf{x}} - 2L\sigma_n^2 + K_L(\mathbf{x})(M_L^2(\mathbf{x}) - \langle M_L^2(\mathbf{x}) \rangle_{\mathbf{x}}), \quad (6)$$

where $K_L(\mathbf{x})$ is defined as:

$$K_L(\mathbf{x}) = 1 - \frac{4\sigma_n^2(\langle M_L^2(\mathbf{x}) \rangle_{\mathbf{x}} - L\sigma_n^2)}{\langle M_L^4(\mathbf{x}) \rangle_{\mathbf{x}} - \langle M_L^2(\mathbf{x}) \rangle_{\mathbf{x}}^2}. \quad (7)$$

Note that, when there is some correlation between coils, the effective values shown in Eqs. (2) and (3) must be used instead of L and σ_n [6].

III. ANISOTROPIC DIFFUSION LMMSE FOR CORRELATED DATA

One of the problems of the LMMSE philosophy is that it is based on the computation of the mean and variance of the data being filtered according to an assumed noise model, which is usually accomplished by calculating local moments over square neighborhoods. In pixels corresponding to image contours, the local moments estimate results in an inaccurate calculation of the $K_L(\mathbf{x})$ term of Eq. (7), which bias the value towards 1, due to an increase of the local variance $\langle M_L^4(\mathbf{x}) \rangle_{\mathbf{x}} - \langle M_L^2(\mathbf{x}) \rangle_{\mathbf{x}}^2$. The effect is that image is not filtered. This is a desired property of the LMMSE philosophy, since it is preferable to preserve the noisy value rather than assume a poor estimate.

However, a proper estimate can be consider if the neighborhood is established in the tangent direction of the border instead of square neighborhoods. This way, the local moments can be calculated along the borders. For this purpose, we adopt the anisotropic scheme proposed in [11] for the Rician case and we adopt it for the correlated nc- χ . This way, the correlation of multiple coil acquisitions is considered and the behavior of the correlated nc- χ LMMSE is improved in the tissue contours.

We propose to adapt the correlated nc- χ LMMSE into a Partial Differential Equation scheme that models a diffusion

process governed by the following equation:

$$\begin{cases} u(\mathbf{x}, 0) &= \langle M_L^2(\mathbf{x}) \rangle_{\mathbf{x}} + K_L(\mathbf{x})(M_L^2(\mathbf{x}) - \langle M_L^2(\mathbf{x}) \rangle_{\mathbf{x}}) \\ \frac{\partial u(\mathbf{x}, t)}{\partial t} &= \text{div}(D\nabla u(\mathbf{x}, t)) \end{cases} \quad (8)$$

where D is the diffusion tensor depending on the local statistics of the image and on the noise model. The matrix D can be expressed in a diagonal form with the eigenvectors \mathbf{v}_i , where i varies from 1 to the number of the dimensions of the image. In the 2D case it is defined as:

$$D = E \begin{pmatrix} \lambda_1 & 0 \\ 0 & \lambda_2 \end{pmatrix} E^T, \text{ with } \begin{cases} \lambda_1 = K_L \\ \lambda_2 = 0 \end{cases} \quad (9)$$

with $E = (\mathbf{v}_1^t, \mathbf{v}_2^t)$. We choose the eigenbase obtained from the structure tensor calculated from $u(\mathbf{x}, 0)$ as follows:

$$T = G_\sigma * (\nabla_\sigma u(\mathbf{x}, 0) \cdot \nabla_\sigma u(\mathbf{x}, 0)^t) \quad (10)$$

where G_σ is a Gaussian kernel with standard deviation σ , and $\nabla_\sigma u(\mathbf{x}, 0)$ is the gradient of the LMMSE estimate without bias correction filtered by a Gaussian kernel with standard deviation σ . The eigenbase E is obtained from the diagonalization of T .

The statistical information is included in the diffusion equation scheme by assigning $K_L(\mathbf{x})$ obtained from the nc- χ LMMSE as the eigenvalue associated to the eigenvector tangential to the contour. This definition takes the advantage of the coefficient K_L when it is close to 1, which means that there are more than one type of tissue in the neighborhood. In this case, filtering is performed along the detected contour.

Note that this formulation complements the correlated nc- χ LMMSE method, which makes use of isotropic neighborhoods, by adding an anisotropic diffusion in along the contours detected within the neighborhood of each voxel. Hence, the initial estimate is, at least, as good as the isotropic nc- χ LMMSE method and refines the estimate in the tissue contours in just a few iterations (we considered $t_{\text{end}} = 5$ iterations with a time step of 0.1). After the diffusion process, the bias is corrected as $\hat{A}(\mathbf{x}) = \sqrt{\max(u(\mathbf{x}, t_{\text{end}}) - 2L_{\text{eff}}(\mathbf{x})\sigma_{\text{eff}}^2(\mathbf{x}), 0)}$. The 3D extension of this filter can be obtained easily considering a planar neighborhood obtained from the plane tangent to the contour of the image. A semi-implicit scheme was adopted for the numerical implementation of the diffusion equation.

IV. RESULTS

To test the performance of the filters we considered a synthetic experiment. A phantom was built using different levels of noise for a noticeable level of correlation between coils ($\rho = 0.1$). The phantom is a two-dimensional synthetic slice (see Fig. 1) from a BrainWeb MR volume [12] with intensity values in $[0 - 255]$. An eight-coil system is simulated using an artificial sensitivity map coded for each coil so that $A_L^2(\mathbf{x}) = \sum_l |A_l(\mathbf{x})|^2$. The signal in each coil is corrupted with complex Gaussian noise with σ_n (in both the real and imaginary parts) ranging from 1 to 20. The CMS

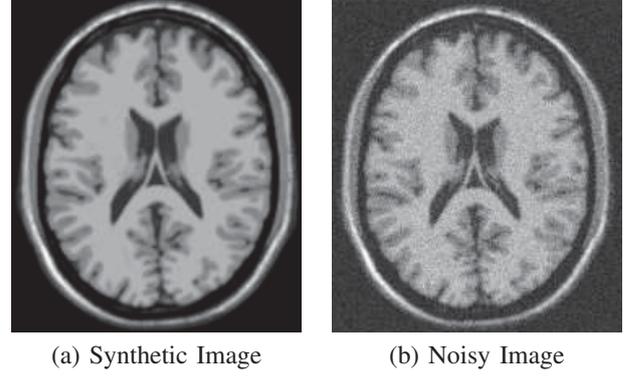


Fig. 1. Phantom obtained from a BrainWeb MR volume [12] and the simulated noisy image for an eight-coil system corrupted with $\sigma_n = 10$ in both the real and imaginary parts and correlation between coils $\rho = 0.1$.

is reconstructed from the data in each coil using SoS. One hundred realizations were generated for each σ_n .

The estimates of L_{eff} and σ_{eff} were obtained following the method proposed in [6]. All the isotropic local moments were calculated using 7×7 neighborhoods. Five filters were tested with the proposed phantom. 1) The conventional approach (CA) for the nc- χ statistical model described by Eq. (4). 2) The Rice LMMSE, where no correlations and $L = 1$ are assumed (Rice-LMMSE). 3) The nc- χ LMMSE without the assumption of correlation (nc- χ -LMMSE). 4) The correlated nc- χ LMMSE with the estimation assuming correlations between coils (c-nc- χ -LMMSE). 5) The proposed anisotropic version of the c-nc- χ -LMMSE method.

A visual comparison is depicted in Fig. 2 for $\sigma_n = 10$ and coils correlation $\rho = 0.1$. The performance of the c-nc- χ -LMMSE method results in a better estimate of the values in homogeneous regions compared to the nc- χ -LMMSE filter. This behavior owes the correction of the effective values. However, there still are some unfiltered regions in the boundaries of tissues because of the inaccurate calculation of the coefficient K_L . This effect is avoided with the proposed filter (Fig. 2.(e)) where the anisotropic filtering performed along the contour of tissues results in a better definition of edges. Both the CA and the Rice-LMMSE methods underestimate the value of K_L (in the case of the conventional approach is equal to zero) which provides an over-smoothed image due to a wrong statistical assumption (Rice instead of nc- χ) or an oversimplified estimate (zero order estimate in the case of CA).

The numerical comparison between methods was performed by using two quality indexes: the Structural Similarity (SSIM) index [13] and the Mean Squared Error (MSE). The SSIM provides a measure of the structural similarity between the ground truth and the estimated images. The closer to 1, the better the quality is. These quality measures were applied to those areas of the original image with intensities greater than zero in order to avoid any bias due to non relevant parts of the image. The results for an increasing σ_n are shown in Fig. 3. Note that the proposed method obtains the best performance compared to the rest of the LMMSE-based methods. This result is due to the better

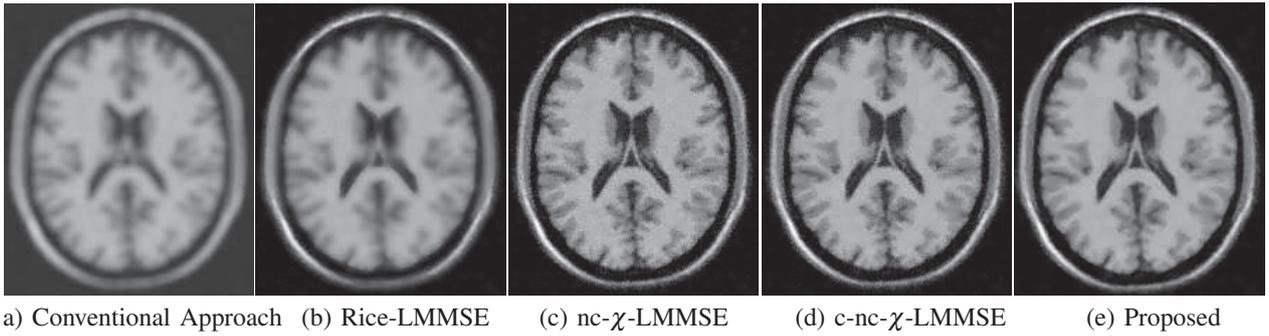


Fig. 2. Filtered images from a phantom simulated in an eight-coil system for $\sigma_n = 10$ and correlation between coils $\rho = 0.1$.

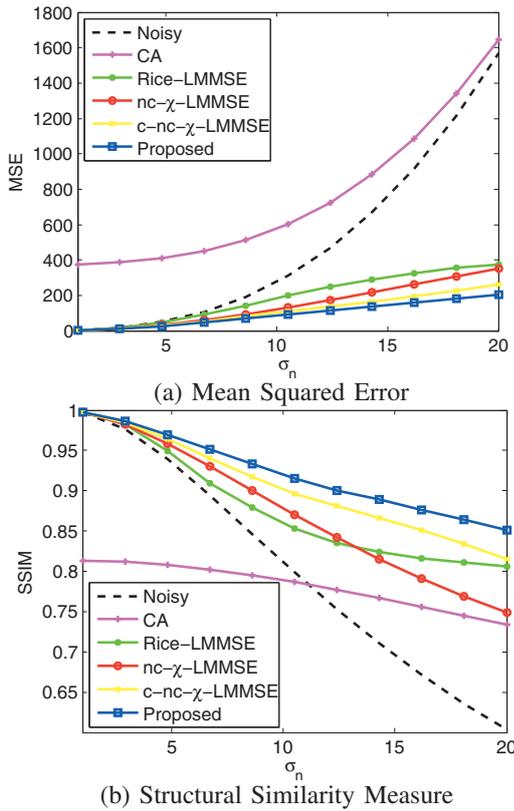


Fig. 3. Quality measures for the LMMSE-based schemes for an increasing σ_n . These values were obtained as the mean value of 100 independent experiments of an eight-coil system and correlation between coils $\rho = 0.1$.

estimate obtained in the neighbors of the image contours, where different tissues cause an inaccurate estimate of K_L .

V. CONCLUSIONS

In this work we presented a methodology to avoid inaccurate estimates of the signal in neighborhoods close to tissue boundaries. This problem usually appears as noisy regions when applying LMMSE-based filters, which is due to an overestimation of the local variance. We propose to include an anisotropic diffusion step which acts in regions where the local variance is overestimated. Thus, the diffusion process performs an estimate in a tangential direction to the contours or tissues while the contours are preserved.

The proposed method takes advantage of the isotropic LMMSE for correlated multi-coil systems and performs

anisotropic filtering in regions where the LMMSE cannot provide a suitable estimate of the variance due to the presence of multiple tissues in the neighborhood. Thus, the implementation of the proposed method provides an estimate of the signal at least as good as that one obtained with the isotropic LMMSE with the advantage of providing well defined contours of tissues in those regions where isotropic LMMSE methods fail. Results obtained with an increasing σ_n of noise and a noticeable correlation $\rho = 0.1$ exhibit the desired behavior of the proposed filter, which obtains better results for both the MSE and MSSIM in all noisy scenarios.

REFERENCES

- [1] H. Gudbjartsson and S. Patz, "The Rician distribution of noisy MRI data," *Magnetic resonance in medicine*, vol. 34, pp. 910–914, 1995.
- [2] S. Aja-Fernandez, M. Niethammer, M. Kubicki, M. E. Shenton, and C. F. Westin, "Restoration of DWI Data Using a Rician LMMSE Estimator," *Medical Imaging, IEEE Transactions on*, vol. 27, no. 10, pp. 1389–1403, 2008.
- [3] R. M. Henkelman, "Measurement of signal intensities in the presence of noise in MR images," *Medical physics*, vol. 12, pp. 232–233, 1985.
- [4] C. Constantinides, E. Atalar, and E. McVeigh, "Signal-to-noise measurements in magnitude images from NMR based arrays," *Magnetic Resonance in Medicine*, vol. 38, no. 5, pp. 852–857, 1997.
- [5] S. Aja-Fernandez and A. Tristan-Vega, "Influence of noise correlation in multiple-coil statistical models with sum of squares reconstruction," *Magnetic Resonance in Medicine*, vol. 67, no. 2, 2012.
- [6] S. Aja-Fernandez, V. Brion, and A. Tristan-Vega, "Effective noise estimation and filtering from correlated multiple-coil mr data," *Magnetic Resonance Imaging*, vol. 31, pp. 272–285, 2013.
- [7] S. Aja-Fernandez, A. Tristan-Vega, and C. Alberola-Lopez, "Noise estimation in single- and multiple-coil magnetic resonance data based on statistical models," *Magnetic Resonance Imaging*, vol. 27, 2009.
- [8] S. Aja-Fernandez, G. Vegas-Sanchez-Ferrero, and A. Tristan-Vega, "About the background distribution in mr data: a local variance study," *Magnetic Resonance Imaging*, vol. 28, no. 5, pp. 739–752, 2010.
- [9] C. E. Hayes and P. B. Roemer, "Noise correlations in data simultaneously acquired from multiple surface coil arrays," *Magnetic Resonance in Medicine*, vol. 16, no. 2, pp. 181–191, 1990.
- [10] V. Brion, C. Poupon, O. Riff, S. Aja-Fernandez, A. Tristan-Vega, J. F. Mangin, D. Le Bihan, and F. Poupon, "Parallel MRI Noise Correction: An Extension of the LMMSE to Non Central chi Distributions," in *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention - MICCAI 2011*. Springer Verlag, 2011.
- [11] K. Krissian and S. Aja-Fernández, "Noise-driven anisotropic diffusion filtering of MRI," *Image Processing, IEEE transactions on*, vol. 18, no. 10, pp. 2265–2274, 2009.
- [12] D. L. Collins, A. P. Zijdenbos, V. Kollokian, J. G. Sled, N. J. Kabani, C. J. Holmes, and A. C. Evans, "Design and construction of a realistic digital brain phantom," *Medical Imaging, IEEE transactions on*, vol. 17, no. 3, pp. 463–468, 1998.
- [13] Z. Wang, A. C. Bovik, H. R. Sheikh, and E. P. Simoncelli, "Image quality assessment: from error visibility to structural similarity," *Image Processing, IEEE Transactions on*, vol. 13, no. 4, pp. 600–612, 2004.