



# Hemodinamia Ventricular en datos de 4DFlow MRI: Evaluación de los Desafíos y Soluciones Tecnológicas en la Investigación Cardiológica Caso VentiFlow

Gianfranco Dissi Molina

[gianfranco.dissi@usm.cl](mailto:gianfranco.dissi@usm.cl)

Profesor Guía: Julio Sotelo

Profesor Correferente: Ricardo Salas

**Resumen:** Este proyecto examina las limitaciones en el análisis de flujos ventriculares mediante la técnica de resonancia magnética de flujo en cuatro dimensiones (también conocida como 4D Flow MRI), tecnología avanzada que permite observar las velocidades del flujo sanguíneo del sistema cardiovascular. A pesar de sus beneficios, enfrenta obstáculos técnicos, como la falta de estandarización, requiere de un procesamiento de datos complejo, tiempos prolongados de adquisición y baja compatibilidad entre softwares, lo cual limita su precisión y aplicabilidad en investigación cardiológica. Este estudio analiza estas problemáticas y evidenciando la propuesta realizada en la Feria de Software, y sugiriendo mejoras potenciales que podrían optimizar el uso de 4D Flow MRI en la investigación y diagnóstico cardiovascular.

**Palabras Clave:** 4D Flow MRI, Flujos ventriculares, Cardiología, Procesamiento de datos, Estandarización.

## 1 Introducción

### 1.1 Contexto y motivación

La Resonancia Magnética de Flujo en Cuatro Dimensiones o 4DFlow MRI (Four-Dimensional Flow Magnetic Resonance Imaging) se ha posicionado como una tecnología de punta en la evaluación no invasiva de la hemodinamia del sistema cardiovascular. Su capacidad para cuantificar la velocidad del flujo sanguíneo en las tres dimensiones espaciales más el tiempo permite obtener una representación detallada y dinámica del comportamiento hemodinámico del corazón, abriendo posibilidades para estudios más precisos y personalizados (Bissell et al. 2023).

No obstante, su implementación generalizada sigue limitada por una serie de problemáticas técnicas y operativas. Entre ellas, una de las más críticas es la falta de estandarización entre los distintos softwares de posprocesamiento. Estas plataformas utilizan algoritmos y metodologías distintas que pueden conducir a resultados inconsistentes incluso cuando se trabaja con los mismos datos de entrada. Oechtering et al. (2023) evidenciaron que métricas fundamentales como el volumen sistólico o la velocidad pico de flujo varían significativamente dependiendo del software utilizado, comprometiendo así la reproducibilidad y confiabilidad del análisis en entornos multicéntricos.

El problema se agrava cuando se considera que, en comparación con órganos inmóviles como el cerebro, el corazón representa un escenario mucho más desafiante para este tipo de técnicas. Naranjo (2017), en su trabajo sobre segmentación de lesiones cerebrales en imágenes de resonancia, expone cómo la inmovilidad del cerebro permite realizar análisis más estandarizados y comparables. Esto contrasta fuertemente con el movimiento constante del corazón, donde la sincronización entre la adquisición de datos y el ciclo cardíaco es esencial para obtener resultados precisos.



## CONSTANCIA DE VALIDACIÓN Y CONFIDENCIALIDAD DE MONOGRAFÍA A REPOSITORIO ACADÉMICO

### 1.- IDENTIFICACIÓN DEL TRABAJO ACADÉMICO

**Tipo de monografía (marcar una opción):** ☒ Memoria o trabajo de título; ☐ Tesis de Postgrado;

**Título del trabajo:** Hemodinamia Ventricular en datos de 4DFlow MRI: Evaluación de los Desafíos y Soluciones Tecnológicas en la Investigación Cardiológica Caso VentriFlow

**Nombre del candidato(a):** Gianfranco Dissi Molina

**Carrera / Grado:** Ingeniería Civil Informática

**Campus:** Santiago San Joaquín ; **Departamento:** Informática

### 2.- VALIDACIÓN DEL PROFESOR GUÍA/DIRECTOR DE TESIS

Yo, Julio Andrés Sotelo Parraguez, en mi calidad de profesor(a) guía/director(a) del trabajo académico mencionado anteriormente **DEJO CONSTANCIA** que:

- He revisado esta versión del documento y corresponde a la versión final aprobada del trabajo.
- El trabajo cumple con los requisitos académicos y de formato establecidos por la institución

### 3.- EVALUACIÓN DE CONFIDENCIALIDAD POR PROPIEDAD INDUSTRIAL

☒ El trabajo **NO contiene información que amerite confidencialidad** y puede ser publicado de inmediato en repositorio con acceso abierto.

☐ El trabajo **CONTIENE** información con potenciales implicancias de propiedad industrial o intelectual y requiere un periodo de confidencialidad (embargo) por:

☐ 6 meses; ☐ 12 meses; ☐ 2 años; ☐ 3 años; ☐ 5 años; ☐ 10 años

Fundamentación de la necesidad de confidencialidad (obligatorio si se solicita embargo):

### 4.- FIRMAS

**Profesor(a) guía o director(a) de memoria o tesis:**

**Fecha:** 20/08/2025

**; Firma:**

**Estudiante o Candidato(a):**

**Fecha:** 20/08/2025

**; Firma:**

*Este formulario debe ser insertado como página 2 de la memoria o tesis, completado y firmado por estudiante y profesor(a) antes de la entrega en portal PRISMA de Biblioteca USM.*

## 1.2 Definición del problema

Desde un punto de vista técnico, el análisis de flujos ventriculares mediante 4D Flow MRI enfrenta múltiples obstáculos. El primero, como ya se ha mencionado, es la falta de estandarización entre los distintos softwares de análisis. Dyverfeldt et al. (2015), en su declaración de consenso sobre el uso de 4DFlow MRI, subrayan que sin un marco común que regule la adquisición y el procesamiento de datos, esta tecnología difícilmente podrá consolidarse como estándar clínico. El establecimiento de normas claras es fundamental para que los resultados obtenidos en distintos centros puedan compararse de manera objetiva.

A esto se suma otro factor limitante: el extenso tiempo requerido para la adquisición de datos. Corrias et al. (2020) destacan que, para lograr una adecuada resolución espacio-temporal del flujo en el corazón y en los grandes vasos, es necesario realizar escaneos prolongados. Esta duración dificulta la viabilidad del 4D Flow MRI en contextos clínicos rutinarios, donde el tiempo es un recurso limitado.

El desafío no termina con la adquisición. Técnicas derivadas de las imágenes de 4D Flow MRI como la 4D PC-MRCA (4D phase-contrast magnetic resonance CardioAngiography), mencionadas por Bustamante et al., requieren de un procesamiento computacional intensivo para generar imágenes de alta calidad. Esto implica el uso de infraestructura tecnológica robusta, lo cual representa una barrera para su adopción en entornos con recursos limitados o con necesidad de resultados en tiempos acotados.

## 1.3 Hipótesis y objetivos

La hipótesis de este documento se plantea de la siguiente forma:

El análisis de flujos ventriculares mediante 4D Flow MRI presenta barreras técnicas y problemas de estandarización que afectan la calidad y reproducibilidad de los resultados en investigación cardiovascular. Se plantea que una caracterización detallada de estas limitaciones, junto con la exploración de soluciones tecnológicas emergentes, como lo es el desarrollo de Ventriflow, un software especializado, podría contribuir significativamente al establecimiento de recomendaciones que favorezcan la estandarización del postprocesamiento.

En función de lo anterior, se establece como **objetivo general** de esta investigación:

Evaluar y evidenciar las limitaciones y desafíos del análisis de flujos ventriculares mediante 4D Flow MRI en la investigación cardiológica, proponiendo posibles soluciones y mejoras para optimizar su aplicabilidad.

Y como **objetivos específicos**:

- Analizar las principales barreras técnicas en la adquisición y procesamiento de imágenes 4D Flow MRI en ventrículos.
- Identificar los problemas de compatibilidad y estandarización entre diferentes softwares de postprocesamiento.
- Evidenciar las oportunidades de mejora planteadas en la Feria de Software.
- Proponer recomendaciones para optimizar el uso de 4D Flow MRI en investigación y diagnóstico cardiovascular.

## 1.4 Metodología aplicada

Para validar esta propuesta, se emplea como caso de estudio el software **Ventriflow**, desarrollado bajo una metodología ágil de tipo Scrum. Durante el proceso, se definieron historias de usuario orientadas al análisis cuantitativo del flujo sanguíneo, visualización de volúmenes cardíacos a lo largo del tiempo, y segmentación especializada de los ventrículos. Cada iteración permitió evaluar la capacidad del software para responder a

necesidades reales de investigación, considerando además las limitaciones técnicas que enfrenta actualmente el ecosistema 4D Flow MRI.

Complementariamente, se realizó una revisión de literatura científica actualizada, con el fin de contrastar las soluciones implementadas con las problemáticas documentadas en estudios previos, identificando oportunidades de mejora e innovación tecnológica en este campo.

## 2 Marco Conceptual

En este apartado se abordan los conceptos fundamentales que sustentan el desarrollo y análisis del software VentriFlow, centrado en el estudio de los ventrículos cardíacos mediante imágenes de 4D Flow MRI. Se explican las características de las imágenes utilizadas, los parámetros hemodinámicos relevantes, los fundamentos del proceso de segmentación y las herramientas computacionales empleadas para su implementación y procesamiento.

### 2.1 Imagen 4DFlow

La imagen de 4D Flow MRI es una técnica avanzada de resonancia magnética que permite capturar simultáneamente información espacial y temporal del flujo sanguíneo, generando una representación tridimensional dinámica del comportamiento hemodinámico a lo largo del ciclo cardíaco. Esta tecnología permite cuantificar velocidades y calcular parámetros derivados del flujo dentro de cavidades cardíacas. También se han abordado los problemas de reproducibilidad, interoperabilidad y adquisición prolongada en el contexto del 4D Flow MRI. Markl et al. (2012), por ejemplo, plantean que, si estas barreras se superan adecuadamente, la tecnología podría integrarse efectivamente en la práctica de la investigación clínica, permitiendo investigaciones más precisas y resultados más personalizados basados en flujos específicos de cada paciente.

Según Demirkiran et al. (2022), el 4D Flow MRI intra-cardíaco no solo proporciona visualización detallada del flujo, sino que también permite realizar mediciones cuantitativas clínicamente relevantes, como el volumen de regurgitación, flujos interauriculares, o gradientes de presión estimados, con alta reproducibilidad. Su integración en contextos clínicos especializados ya está en curso, y su valor como herramienta diagnóstica y de seguimiento continúa expandiéndose.

Otro de los principales desafíos técnicos en el análisis de flujos ventriculares mediante 4D Flow MRI es la dificultad de segmentar directamente sobre las imágenes 4D Flow MRI. Estas imágenes, al estar optimizadas para capturar el flujo sanguíneo, carecen del contraste anatómico necesario para permitir una segmentación precisa de las cavidades cardíacas, generando a su vez ruido visual de otras partes del cuerpo. Esto imposibilita la obtención directa de máscaras anatómicas confiables a partir del 4D Flow MRI.

Debido a esta limitación, se vuelve necesario complementar el análisis utilizando una segunda secuencia: las imágenes de eje corto (Short Axis - SAX), que sí presentan mejor resolución espacial y contraste anatómico. Sin embargo, este enfoque introduce un nuevo problema: las dos secuencias se adquieren en momentos diferentes, con parámetros espaciales distintos, por lo que no están alineadas en el mismo sistema de coordenadas y tampoco en el tiempo.

Este desalineamiento entre imágenes impide, de forma directa, proyectar las máscaras segmentadas en el SAX sobre el volumen de 4D Flow MRI para, por ejemplo, extraer los parámetros hemodinámicos del flujo sanguíneo de manera localizada. Por tanto, es imprescindible realizar un proceso de registro y alineamiento entre ambas secuencias, trasladando la segmentación del eje corto al espacio del 4D Flow MRI, antes de poder aplicar cualquier análisis hemodinámico.

## 2.2 Imagen de eje corto del corazón

Las imágenes de SAX son cortes transversales obtenidos mediante resonancia magnética que permiten observar la morfología y contractilidad de los ventrículos, especialmente del ventrículo izquierdo. Estas imágenes son fundamentales para la evaluación de la función cardíaca, ya que permiten calcular volúmenes sistólico y diastólico, así como la fracción de eyección. Además, sirven como referencia anatómica para superponer los datos de flujo capturados por el 4D Flow MRI, lo que facilita el análisis segmentado del flujo ventricular (Corrias et al., 2020; Cerqueira et al., 2002).

## 2.3 Parámetros hemodinámicos

Los parámetros hemodinámicos derivados del 4DFlow MRI permiten caracterizar cuantitativamente el flujo sanguíneo desde un punto de vista físico y funcional. Entre los más relevantes se encuentran:

Vorticidad: representa la rotación local del flujo, y es útil para identificar zonas de alteración del patrón de circulación.

Energía cinética: cuantifica la energía del movimiento del fluido en cada fase del ciclo cardíaco.

Helicidad: mide el grado de torsión del flujo, un parámetro útil para caracterizar flujos complejos en cavidades como el ventrículo izquierdo.

Disipación viscosa: cuantifica la pérdida de energía del flujo sanguíneo causada por la fricción interna del fluido. Es útil para evaluar la eficiencia del flujo y detectar posibles alteraciones en la dinámica ventricular.

Estos parámetros permiten detectar signos tempranos de disfunción cardíaca y establecer correlaciones con estados patológicos. Kamphuis et al. (2021) destacan que el análisis conjunto de vorticidad, helicidad y disipación viscosa puede correlacionarse con la eficiencia del llenado y vaciado ventricular, incluso en poblaciones pediátricas y pacientes con cirugía previa.

## 2.4 Segmentación

La segmentación es el proceso mediante el cual se delimitan estructuras anatómicas dentro de una imagen médica. En el caso del análisis cardíaco, permite aislar los ventrículos, las aurículas o los grandes vasos, con el fin de evaluar individualmente su función o las condiciones del flujo sanguíneo que los atraviesa. Naranjo (2017) subraya que la segmentación precisa es crítica para asegurar mediciones confiables, especialmente cuando se utilizan imágenes obtenidas por resonancia magnética.

En los últimos años, la segmentación automática basada en inteligencia artificial ha cobrado gran relevancia. Winter et al. (2024) presentan un modelo de red neuronal convolucional (CNN) entrenado para segmentar automáticamente vasos intracraneales en 4D Flow MRI, logrando resultados comparables a los métodos manuales con una considerable reducción del tiempo de procesamiento. Esta clase de enfoques automatizados es especialmente prometedora en la segmentación ventricular, como el propuesto por Ventriflow.

## 2.5 MATLAB

MATLAB (Matrix Laboratory) es una plataforma de cálculo numérico y análisis de datos ampliamente utilizada en ingeniería biomédica y procesamiento de imágenes médicas. Su entorno permite ejecutar algoritmos avanzados de interpolación, segmentación, visualización tridimensional y cálculo de métricas personalizadas.

En el contexto de esta investigación, MATLAB fue utilizado para desarrollar los módulos de análisis de flujo, simulación de cortes y extracción de parámetros hemodinámicos.

Según Shoelson<sup>1</sup>, MATLAB proporciona herramientas robustas para el procesamiento de imágenes médicas, incluyendo funciones para la visualización de volúmenes, análisis de imágenes angiográficas y detección de lesiones en tomografías tridimensionales.

## 2.6 Malla de elementos finitos

En el ámbito del análisis de flujo sanguíneo, una malla de elementos finitos es una representación tridimensional que subdivide una región anatómica, como los ventrículos cardíacos, en pequeñas unidades geométricas (por ejemplo, tetraedros). Esta subdivisión permite realizar cálculos localizados, como la interpolación de vectores de flujo y la cuantificación de parámetros hemodinámicos en regiones específicas del corazón. Su uso es común en simulaciones numéricas y en el procesamiento avanzado de imágenes médicas.

En el desarrollo de Ventriflow, la generación de la malla de elementos finitos se realiza a partir de cortes axiales del corazón obtenidos mediante imágenes de eje corto (SAX). Para cada corte, se extraen los píxeles correspondientes al borde del ventrículo segmentado. Estos contornos son suavizados con el fin de eliminar irregularidades y asegurar una geometría más precisa que facilite la construcción de una superficie tridimensional coherente. Posteriormente, se aplica la triangulación de Delaunay para conectar los puntos de borde entre cortes, formando una cáscara tridimensional compuesta por triángulos. Esta técnica es ampliamente utilizada en la reconstrucción de superficies a partir de datos biomédicos, ya que permite preservar la topología anatómica y generar mallas geoméricamente estables (Lim et al., 2014).

La geometría inicial así obtenida se retoca utilizando la herramienta Iso2Mesh, una biblioteca de código abierto compatible con MATLAB/Octave. Esta herramienta permite convertir superficies segmentadas en mallas tetraédricas optimizadas, aptas para simulaciones numéricas o para la interpolación de vectores sobre estructuras anatómicas. Por su versatilidad, flexibilidad y precisión, Iso2Mesh ha sido ampliamente adoptada en estudios que requieren conversión eficiente desde imágenes médicas a modelos computacionales robustos (Fang & Boas, 2009).

Este proceso se aplica de forma independiente a cada una de las estructuras segmentadas (ventrículo izquierdo, ventrículo derecho y miocardio) permitiendo un análisis localizado por región anatómica, así como una visualización más detallada del comportamiento del flujo sanguíneo.

## 2.7 Diagrama AHA16Seg: Segmentación Estándar del Ventrículo Izquierdo

El modelo AHA16Seg (American Heart Association 16 Segments) es un esquema de segmentación estandarizado ampliamente utilizado en cardiología clínica para evaluar la función regional del miocardio, en particular del ventrículo izquierdo. Su diseño fue propuesto por Cerqueira et al. (2002) con el objetivo de establecer una nomenclatura común y facilitar la comparación de estudios multimodales, como la ecocardiografía, resonancia magnética y tomografía computarizada. Esta estandarización permite diagnósticos coherentes y reproducibles entre distintas instituciones y equipos de especialistas.

El modelo divide el ventrículo izquierdo en 16 segmentos distribuidos en tres niveles transversales a lo largo del eje longitudinal del corazón: seis segmentos en el nivel basal (adyacente a la válvula mitral), seis en el nivel medio, y cuatro en el nivel apical (cerca del vértice del ventrículo). Esta distribución refleja la organización anatómica y funcional del miocardio, permitiendo representar los resultados en un formato circular denominado bullseye diagram, que facilita la evaluación visual de zonas con alteraciones funcionales o estructurales.

---

<sup>1</sup> <https://es.scribd.com/document/479665822/Procesamiento-de-imagenes-medicas-con-MATLAB>

Los conceptos abordados en este capítulo entregan el marco técnico necesario para entender los fundamentos del análisis de flujos ventriculares y el desarrollo del software VentriFlow. Comprender las propiedades de las imágenes utilizadas, los parámetros hemodinámicos derivados y la importancia de una segmentación precisa permite contextualizar las decisiones de diseño e implementación de la solución propuesta. En los siguientes capítulos se examinará cómo estas definiciones se integran en el sistema desarrollado.

### 3 Propuesta de solución

Como respuesta a estas limitaciones, esta investigación propone el análisis de **VentriFlow**, un software especializado en el estudio de los ventrículos cardíacos mediante datos obtenidos por 4D Flow MRI. Esta herramienta fue desarrollada con un enfoque dirigido específicamente a las necesidades de la investigación cardiológica, integrando funciones como la visualización tridimensional del flujo, la simulación segmentada de los ventrículos y el cálculo de parámetros hemodinámicos clave como la vorticidad y la energía cinética.

A continuación, se mostrarán las partes más importantes del software VentriFlow:

#### 3.1 Segmentación automatizada de los ventrículos y miocardio

Una de las funcionalidades centrales de VentriFlow es la segmentación automática de los ventrículos y el miocardio sobre imágenes de resonancia magnética cardíaca en eje corto (SAX). Este proceso es crucial, ya que las imágenes 4D Flow MRI, pese a entregar información detallada sobre la dinámica del flujo sanguíneo, no poseen suficiente contraste anatómico para permitir una segmentación precisa de estructuras cardíacas. Por este motivo, se utiliza la secuencia anatómica para segmentar y luego transferir esta información al volumen 4D Flow MRI, permitiendo una evaluación espacialmente coherente del flujo.

La segmentación se realiza mediante un modelo basado en redes neuronales convolucionales previamente entrenado, desarrollado por y explicada por León, A., et al. (2023) y adaptado a la interfaz de VentriFlow. Este modelo fue diseñado para segmentar de forma automática múltiples fases del ciclo cardíaco, reduciendo significativamente el tiempo de análisis.

En la interfaz del sistema, al cargar los datos, se despliega una visualización superpuesta de la imagen original y su segmentación anatómica correspondiente. Los usuarios pueden explorar libremente los distintos cortes y fases del ciclo cardíaco mediante sliders interactivos, y elegir si desean visualizar las distintas estructuras cardíacas mediante casillas de selección. Este sistema de visualización dinámica permite validar fácilmente la calidad de la segmentación automática (Imagen 1).

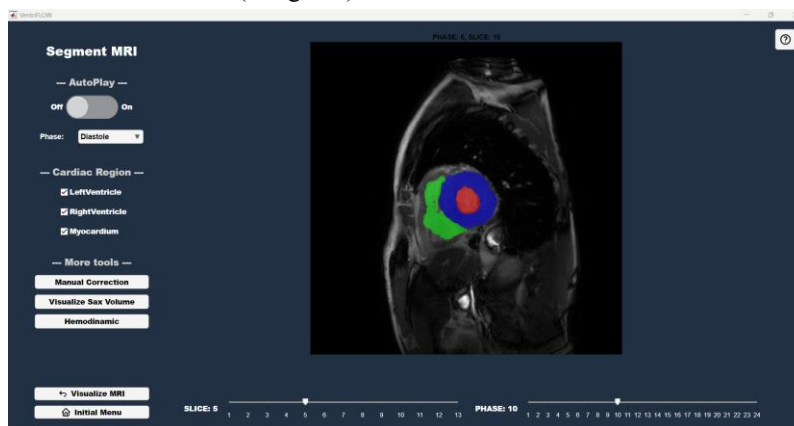


Imagen 1: Segmentación Automatizada

Fuente: Elaboración Propia

El sistema además identifica automáticamente las fases de sístole y diástole mediante un análisis del área ventricular segmentada en cada fase, facilitando el posicionamiento del usuario en los momentos clave del ciclo cardíaco.

Adicionalmente, Ventriflow cuenta con una herramienta de corrección manual de segmentación (Imagen 2), pensada para contextos donde el modelo automático no logra una segmentación completamente precisa. Esta funcionalidad permite modificar directamente la máscara segmentada en cada imagen mediante una interfaz gráfica adicional, integrándose con fluidez al flujo de trabajo del usuario (Imagen 3). Su activación está disponible desde el menú lateral izquierdo del módulo de segmentación.

Este enfoque híbrido, combinando segmentación automática y herramientas de edición manual, proporciona una solución eficiente y flexible para la exploración anatómica cardíaca en estudios de dinámica de flujo. Según León, A., et al. (2023), el modelo base utilizado alcanza métricas de precisión comparables a expertos clínicos en múltiples centros hospitalarios, con un promedio cercano al 85%, según menciona en sus resultados.

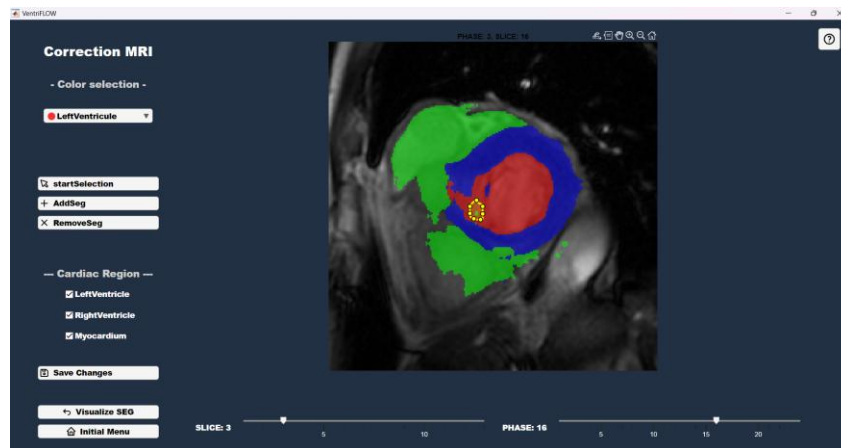


Imagen 2: Selección área a corregir de la segmentación

Fuente: Elaboración Propia

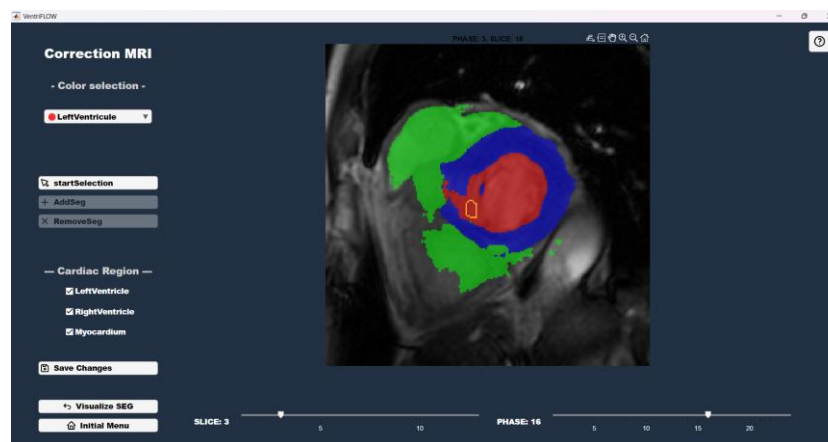


Imagen 3: Segmentación corregida

Fuente: Elaboración Propia

### 3.2 Visualización de la Magnitud: Interpolación, Alineaciones Temporales y Espaciales

Luego de la segmentación inicial, el módulo *visualizeMAGNITUDE* permite visualizar y preparar los volúmenes de magnitud adquiridos mediante 4D Flow MRI en las tres orientaciones clásicas (sagital, coronal y axial), facilitando el análisis en distintas fases del ciclo cardíaco (Imagen 4).

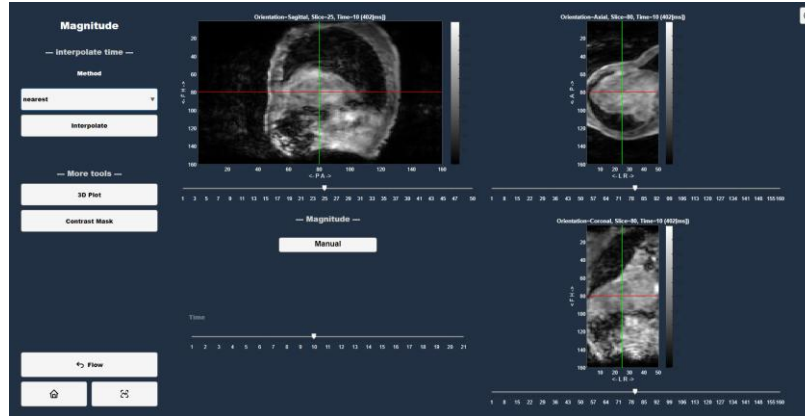


Imagen 4: Vista general del módulo *visualizeMAGNITUDE*

Fuente: Elaboración Propia

Una de las funcionalidades centrales de este módulo es la interpolación temporal del volumen de flujo. Este proceso consiste en reconstruir artificialmente una nueva serie temporal de imágenes a partir del volumen original, de modo que coincida en tiempo con una serie de referencia, generalmente la anatómica (SAX). Es importante aclarar que la interpolación no es lo mismo que una alineación temporal. Mientras que la alineación busca establecer correspondencias espaciales entre dos conjuntos de datos, la interpolación crea nuevos valores intermedios donde no existen muestras originales, ajustando los datos de flujo a una secuencia temporal de mayor calidad o resolución, anatómicamente hablando.

El algoritmo utilizado en Ventriflow para esta interpolación está encapsulado en la función *interpolate*, cuya lógica se muestra a continuación:

```
T_hat = mean(time_mri, [1, 2]); % Tiempo objetivo (referencia)
T = time_4dflow(:,1,:); % Tiempo original 4DFlow

% Aplicación del método de interpolación para cada orientación, donde V_AP es velocidad anterior-
% posterior, V_FH es velocidad pies-cabeza, V_RL es velocidad derecha-izquierda, method es igual a
% interpolación lineal
interpolated_MR_PCA_AP(:,:,i,:) = permute(interpl(T, V_AP, T_hat, method, 'extrap'), [2, 3, 1]);
interpolated_MR_PCA_FH(:,:,i,:) = permute(interpl(T, V_FH, T_hat, method, 'extrap'), [2, 3, 1]);
interpolated_MR_PCA_RL(:,:,i,:) = permute(interpl(T, V_RL, T_hat, method, 'extrap'), [2, 3, 1]);
```

El resultado de esta etapa es un nuevo volumen interpolado guardado como *interpolated\_data.mat*, en el cual cada fase del flujo ha sido ajustada a las marcas temporales de la serie Short Axis. Esto permite analizar simultáneamente magnitud y velocidad dentro de un mismo marco temporal de referencia.

El desarrollo de una rutina interna para interpolar los volúmenes de flujo hacia las fases cardíacas de referencia permite una integración directa con las segmentaciones anatómicas. Esto elimina la necesidad de realizar ajustes temporales externos o manuales, y garantiza que los datos hemodinámicos estén sincronizados con momentos

clínicamente relevantes como sístole y diástole. Además, el uso de distintos métodos de interpolación permite adaptar el análisis a características específicas del dataset.

Una vez realizada la interpolación, es necesario un segundo proceso: la alineación espacial. A pesar de que los volúmenes anatómicos y de flujo pueden coincidir temporalmente, sus ubicaciones físicas en el espacio tridimensional pueden diferir debido a variaciones de adquisición, movimiento del paciente o diferencias entre modalidades. Por tanto, es necesario ajustar los datos de flujo para que coincidan espacialmente con el volumen de referencia.

Esta tarea es ejecutada en VentriFlow mediante la función *AliningRealSax*, que realiza una transformación espacial del volumen 4D Flow MRI ya interpolado, alineándolo con la referencia anatómica (*data\_SA*) y con las máscaras segmentadas (*dataSEG*):

```
% Proyección de los datos de flujo interpolados sobre el espacio tridimensional  
% de referencia definido por la secuencia anatómica, corrigiendo posibles desplazamientos  
% o diferencias de adquisición entre volúmenes, donde data_4D es el volumen de flujo interpolado  
% temporalmente  
SEG4D = AliningRealSax(data_4D, data_SA, dataSEG, 2, 'nearest', 'nearest', true);
```

Esta función aplica una interpolación sobre los datos de flujo, ajustando sus coordenadas y orientaciones a las del volumen de referencia. Además, corrige el contorno segmentado (*dataSEG*) para que se superponga correctamente sobre las estructuras reales del corazón, ya enmarcadas en la forma anatómica.

El alineamiento espacial mediante *AliningRealSax* permite mapear con precisión las estructuras segmentadas sobre los volúmenes de flujo, generando un sistema de coordenadas común donde la anatomía y la dinámica circulatoria están referenciadas coherentemente. Esta solución es particularmente útil para estudios que requieren cuantificación espacial del flujo o integración con modelos anatómicos externos, y evita errores comunes derivados del desacople entre modalidades.

Finalmente, una vez que los datos han sido interpolados temporalmente y alineados espacialmente, se puede considerar que el volumen de flujo resultante ha sido proyectado sobre el espacio real. Este espacio corresponde al sistema tridimensional de referencia que respeta tanto la dinámica del flujo como la anatomía estructural del corazón en un mismo marco común. Todo el análisis posterior, como la creación de superficies, mallas o vectores de velocidad, se basa en este espacio común, garantizando integridad clínica y precisión investigativa.

### 3.3 Visualización 3D, Vectores y Visualización Parámetros Hemodinámicos

Una vez completadas las etapas de segmentación, interpolación temporal y alineamiento espacial, se habilita la posibilidad de representar tridimensionalmente las estructuras cardíacas en VentriFlow. Esta etapa es fundamental para ofrecer una visualización anatómica intuitiva del corazón y sus flujos, permitiendo a los usuarios explorar superficies, mallas y vectores en un espacio real generado a partir de datos alineados y procesados.

La visualización se realiza mediante la interfaz Visualize3DFLOW, que permite al usuario cargar los datos procesados y seleccionar entre distintos tipos de representación: Surface, Mesh o Flow. En cada uno de estos modos, se puede modificar parámetros como la opacidad, la fase cardíaca y la selección de ventrículos a mostrar. Esto permite explorar tanto la morfología como la dirección y magnitud del flujo en tiempo real, sin depender de software de posprocesamiento. La posibilidad de ajustar múltiples configuraciones visuales facilita la interpretación clínica, comparativa e investigativa de los datos.

**Superficie:** Esta opción permite visualizar las superficies externas del ventrículo izquierdo y derecho para cada fase (Imagen 5). Utiliza la función *trisurf*, alimentada con las caras y nodos previamente calculados mediante *SaveSurface*, que emplea los datos alineados *dataSEG4D* y los flujos interpolados *data4D*:

```
% Generación de la superficie externa de los ventriculos alineados, utilizando los datos
% segmentados y de flujo. Esta función calcula las superficies visibles para cada fase,
% permitiendo su representación tridimensional
app.Surface = SaveSurface(app.dataSEG4D, app.data4D, 2, app.surface_iterations.Value,
app.surface_alpha.Value, app.surface_method.Value);
```

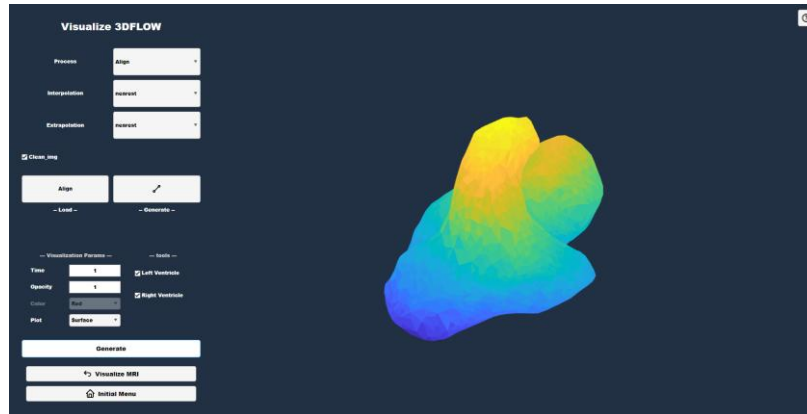


Imagen 5: Visualización de las superficies externas del ventriculo izquierdo y derecho

Fuente: Elaboración Propia

Malla (Mesh): Permite representar la malla de tetraedros generada a partir de las superficies mediante *saveMesh*, utilizando algoritmos como *tetgen* para discretizar volúmenes internos (Imagen 6). La visualización se realiza mediante patch, ajustando propiedades visuales como color y opacidad:

```
% Generación de una malla volumétrica de tipo tetraédrica a partir de la superficie previamente
% calculada.
% Esta malla es usada para realizar análisis internos del flujo y cálculos hemodinámicos sobre volúmenes
% discretizados.
% mesh_keepratio.Value: porcentaje de reducción del número de nodos para simplificar la malla.
% mesh_maxvol.Value: volumen máximo permitido por tetraedro, para controlar la resolución de la malla.
% mesh_method.Value: método elegido para la generación de la malla.
app.Mesh = saveMesh(app.Surface, app.mesh_keepratio.Value, app.mesh_maxvol.Value,
app.mesh_method.Value);
```

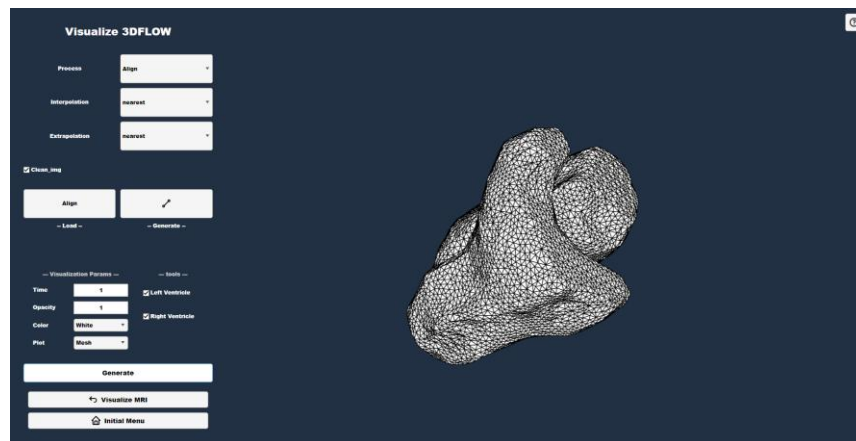


Imagen 6: Visualización de la malla de tetraedros del ventriculo izquierdo y derecho

Fuente: Elaboración Propia

Vectores de flujo (Flow): Se habilita la visualización de vectores de velocidad mediante *quiver3*, empleando los valores calculados con *saveVel*, que se proyectan sobre la malla (Imagen 7):

```
% Cálculo y asignación de vectores de velocidad a cada nodo de la malla tridimensional,
% permitiendo su visualización sobre la geometría ventricular.
% Mesh: malla tetraédrica sobre la cual se interpolan los vectores de velocidad.
% data4D: volumen de velocidades 4D Flow MRI ya alineado e interpolado.
% vel_method.Value: valor del método de interpolación utilizado para extraer los vectores
app.Velocities = saveVel(app.Mesh, app.data4D, 2, app.vel_method.Value);
```

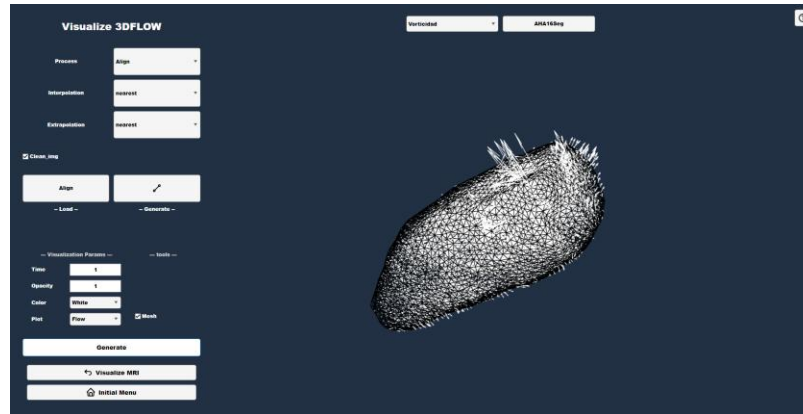


Imagen 7: Visualización de los vectores de flujo del ventrículo izquierdo

Fuente: Elaboración Propia

Interpolación y alineamiento: Antes de la visualización, es necesario realizar la interpolación temporal y el alineamiento espacial. Aunque están relacionados, cumplen funciones distintas y complementarias:

La interpolación temporal armoniza el eje tiempo entre distintas secuencias de imágenes. Se aplica para igualar las fases cardíacas entre imágenes 4D Flow MRI y las segmentadas desde Short Axis (*data\_SA.mat*). Esto se realiza mediante:

```
% Interpolación temporal de los datos de flujo 4D Flow MRI para armonizar las fases cardíacas
% con respecto a la secuencia anatómica de referencia (Short Axis), permitiendo que ambas
% compartan el mismo eje temporal.
% data_4D: volumen original de velocidades 4D Flow MRI.
% data_SA: volumen anatómico de referencia (SAX).
% method: método de interpolación temporal aplicado
interpolate(data_4D, data_SA, method);
```

El alineamiento espacial ajusta las coordenadas anatómicas para que las estructuras segmentadas coincidan espacialmente con los datos de flujo. Se utiliza la función *AliningRealSax*, que genera el nuevo conjunto alineado:

```
% Alineamiento espacial entre la segmentación anatómica y los datos de flujo, ajustando
% las coordenadas para que ambas secuencias coincidan espacialmente.
% data4D: volumen original de velocidades 4D Flow MRI.
% dataSA: volumen anatómico de referencia (SAX).
% dataSEG: segmentaciones extraídas desde dataSA.
% align_inter.Value: método de interpolación aplicado sobre el volumen.
% align_extra.Value: método de interpolación para extrapolaciones fuera del dominio.
% Align_Clean_imgCheckBox.Value: valor booleano que indica si se limpiará tras el alineamiento.
SEG4D = AliningRealSax(app.data4D, app.dataSA, app.dataSEG, 2, app.align_inter.Value,
app.align_extra.Value, app.Align_Clean_imgCheckBox.Value);
```

Una vez finalizados ambos procesos, el sistema opera sobre un espacio real, es decir, un marco tridimensional común que integra coherentemente la anatomía segmentada y la dinámica hemodinámica. Cabe señalar que no se implementó una validación para evitar la extrapolación fuera del intervalo de interpolación temporal original, lo cual representa una debilidad metodológica. En futuras versiones se sugiere restringir la interpolación estrictamente al dominio válido, evitando así errores por valores artificialmente proyectados más allá de los datos adquiridos.

**Visualización de parámetros hemodinámicos:** Al seleccionar el modo Flow en el menú de visualización, se activa también la posibilidad de calcular y representar parámetros hemodinámicos avanzados. Estos parámetros permiten analizar con precisión la interacción del flujo sanguíneo con las paredes ventriculares, su eficiencia energética, y la dinámica tridimensional del movimiento intracardiaco.

Todos los cálculos se realizan mediante el script *FAST\_FEM*, el cual implementa un modelo de elementos finitos sobre la malla tetraédrica generada previamente. Esta elección metodológica se basa en su capacidad para integrar gradientes de velocidad, normal de superficie y propiedades físicas en un único modelo, permitiendo así estimaciones punto a punto en la geometría cardíaca sin depender de supuestos simplificadores. Otros métodos, como los basados en posprocesamiento con software externo, suelen perder fidelidad geométrica o requerir interpolaciones adicionales.

Parámetros calculados:

- a) **Wall Shear Stress (WSS):** representa el esfuerzo tangencial ejercido por el flujo sobre las paredes. Es clave en estudios de remodelado ventricular, aneurismas y formación de trombos. Se calcula como el componente tangencial de la tracción ejercida por el tensor de esfuerzos viscosos:

$$\vec{\tau}_{WSS} = \vec{n} \times ((2\mu\epsilon\vec{n}) \times \vec{n}),$$

donde  $\vec{n}$  corresponde al vector normal en cada nodo de la superficie,  $\mu$  corresponde a la viscosidad de la sangre 0.004 cPoise,  $\epsilon$  corresponde al tensor de esfuerzos de corte.

- b) **Oscillatory Shear Index (OSI):** mide la direccionalidad del WSS a lo largo del tiempo. Valores altos indican inversión de flujo, asociado a disfunción endotelial. Su cálculo incluye la integral vectorial del WSS y su magnitud total:

$$OSI = \frac{1}{2} \left( 1 - \frac{\left| \int_0^T (2\mu\epsilon\vec{n}) dt \right|}{\int_0^T |2\mu\epsilon\vec{n}| dt} \right)$$

donde la integral superior corresponde la componente neta del esfuerzo cortante, mientras que la inferior representa la magnitud total acumulada sin dirección. La multiplicación de la fracción garantiza que el OSI tome valores en el rango [0, 0.5[.

- c) **Vorticity (VOR):** indica la cantidad de giro o rotación del flujo local. Se obtiene del rotacional de la velocidad sobre cada elemento:

$$\vec{\omega} = |\nabla \times \vec{v}|$$

donde  $\vec{v}$  representa el vector de velocidad del flujo y  $|\nabla \times \vec{v}|$  es la operación vectorial de rotación del fluido en torno a un punto.

- d) **Helicity Density (HD):** producto entre vorticidad y velocidad. Evalúa si las estructuras de flujo son coherentes y organizadas, como hélices:

$$HD = \vec{\omega} \cdot \vec{v}$$

donde  $\vec{\omega}$  corresponde a la vorticidad (el rotacional del campo de velocidades) y  $\vec{v}$  es el vector de velocidad en ese punto.

- e) Relative Helicity Density (RHD): helicidad normalizada por magnitud, para eliminar el sesgo introducido por la magnitud de los vectores involucrados. Es decir, permite comparar de forma coherente distintas zonas del ventrículo, independientemente de la intensidad del flujo o del giro local.:

$$RHD = \frac{\vec{v} \cdot \vec{\omega}}{\|\vec{v}\| \cdot \|\vec{\omega}\|}$$

donde  $\vec{v}$  es el vector de velocidad del flujo en el nodo,  $\vec{\omega}$  es el vector de vorticidad,  $\|\vec{v}\|$  es la norma del vector de velocidad y  $\|\vec{\omega}\|$  la norma del vector de vorticidad.

- f) Viscous Dissipation (VD): mide la eficiencia del llenado y vaciado ventricular, así como en el estudio del impacto hemodinámico de enfermedades que generan alteraciones en la geometría o viscosidad sanguínea:

$$\Phi_{\vec{v}} = \frac{1}{2} e^T \left[ \varepsilon - \frac{2}{3} (\nabla \cdot \vec{v}) \right]^2 e$$

donde  $e$  es el vector columna que representa el cambio de forma de un volumen de fluido bajo esfuerzo,  $\varepsilon$  es el tensor de esfuerzo de corte y  $\nabla \cdot \vec{v}$  es la divergencia del campo de velocidad.

- g) Energy Loss (EL): energía disipada por viscosidad, considerando el volumen nodal. Se interpreta como la cantidad total de energía que se pierde debido a la fricción interna del fluido al desplazarse por el ventrículo:

$$E_L = \mu \Phi_{\vec{v}} V$$

donde  $\mu$  corresponde a la viscosidad de la sangre 0.004 cPoise,  $\Phi_{\vec{v}}$  representa la disipación viscosa y  $V$  es el volumen asociado al nodo (volumen nodal).

- h) Kinetic Energy (KE): energía cinética del flujo sanguíneo, asociada al movimiento de las partículas de fluido dentro del volumen del ventrículo:

$$KE = \frac{1}{2} \rho |\vec{v}|^2 V$$

donde  $\rho$  es la densidad de la sangre,  $|\vec{v}|^2$  es el cuadrado de la magnitud del vector velocidad en cada nodo y  $V$  es el volumen nodal.

Todos estos cálculos, obtenidos de Sotelo et al., 2022, se integran en la interfaz de VentriFlow sin necesidad de software externo, permitiendo una exploración directa y confiable. Esta aproximación asegura que las medidas se obtengan sobre la geometría cardíaca real, alineada y segmentada, mejorando la trazabilidad y precisión del análisis.

Finalmente, al habilitar la opción *Plot* en modo Flow, también se despliega la posibilidad de utilizar el modelo *AHA16Seg*, que permite dividir el ventrículo izquierdo en 16 segmentos estandarizados para análisis regional, un enfoque adoptado frecuentemente en estudios clínicos y que será abordado en secciones posteriores.

### 3.4 Construcción del Mallado

Una vez finalizadas las etapas de segmentación anatómica y alineación de los datos de flujo, el siguiente paso en VentriFlow consiste en la generación de una malla tridimensional del corazón. Esta malla, compuesta por elementos tetraédricos, permite representar computacionalmente el volumen de los ventrículos para su posterior análisis mediante métodos numéricos, como el cálculo de parámetros hemodinámicos o simulaciones dinámicas.

El proceso de mallado parte desde las superficies segmentadas de cada ventrículo, disponibles para todas las fases del ciclo cardíaco. Estas superficies se componen de vértices (nodos) y caras triangulares, obtenidas a partir del contorno segmentado y suavizado. Para cada fase, se toma esta representación superficial y se convierte en una malla volumétrica usando una técnica de teselación conocida como "malla tetraédrica". Este procedimiento se implementa dentro de la función *saveMesh*, diseñada para recorrer automáticamente todas las fases y generar una malla distinta para cada momento del ciclo cardíaco.

En la práctica, el mallado se realiza mediante la función *s2m*, que transforma superficies trianguladas en dominios volumétricos discretos. Los parámetros *keepratio* y *maxvol* permiten al usuario controlar el nivel de reducción de nodos de la superficie y el volumen máximo permitido por tetraedro, respectivamente, influyendo directamente en la resolución y complejidad computacional del modelo. Estos valores se definen dinámicamente en la interfaz, lo que otorga flexibilidad para distintos objetivos: desde análisis exploratorios rápidos hasta simulaciones clínicas de alta precisión.

Durante la ejecución, el código recorre las fases temporales y procesa los ventrículos izquierdo y derecho, omitiendo el miocardio en esta etapa por no ser un dominio de flujo. Para cada combinación de fase y ventrículo, se extraen los vértices (*vertices*) y las caras (*facets*), y se ejecuta el siguiente bloque de mallado:

```
% Generación de la malla tetraédrica a partir de una superficie segmentada.
% vertices: matriz que contiene las coordenadas (x, y, z) de los nodos de la superficie.
% facets: matriz con los índices de los nodos que conforman cada triángulo superficial.
% keepratio: proporción de nodos originales que se conservan durante el mallado, para controlar la
% densidad.
% maxvol: volumen máximo permitido para los elementos tetraédricos generados, que regula la resolución
% de la malla.
% method: algoritmo utilizado para la discretización
[node, elem, face] = s2m(vertices, facets, keepratio, maxvol, method);
```

Esta línea genera los nodos del volumen, los tetraedros internos y las caras externas de la malla. Si en algún instante o región no se logra generar volumen válido (por ejemplo, si la superficie es degenerada), se activa un bloque de control de errores que rellena la malla con ceros y permite continuar con las demás fases sin interrumpir el flujo del programa:

```
% Manejo de errores durante la generación de la malla.
% Si ocurre un error (por ejemplo, si no hay volumen suficiente para discretizar
% el ventriculo en esa fase), se rellenan las estructuras con matrices de ceros.
% Esto permite continuar la ejecución del procesamiento sin detener el programa.
catch
    temp_mesh_data.(ventricle_name).elem = zeros(100000, 5);
    temp_mesh_data.(ventricle_name).nodes = zeros(100000, 3);
    temp_mesh_data.(ventricle_name).faces = zeros(100000, 4);
```

El mallado es estrictamente temporal, es decir, se genera una malla distinta para cada fase cardíaca. Esta sincronía garantiza que la geometría interna esté alineada con las deformaciones fisiológicas del corazón, permitiendo realizar análisis dinámicos de parámetros hemodinámicos a lo largo del ciclo cardíaco. Cada una de estas mallas se almacena en una celda *mesh{t}*, y al finalizar se guarda todo el conjunto con:

```
% Guardado del conjunto completo de mallas en un archivo .mat, donde cada celda mesh{t}
% contiene la malla correspondiente a una fase cardíaca t, permitiendo análisis hemodinámicos
```

```
% fase a fase. Este archivo es esencial para las visualizaciones y cálculos.  
save('temp/save/Mallas.mat', 'mesh');
```

Desde una perspectiva metodológica, este enfoque ofrece varias ventajas. Primero, garantiza la fidelidad anatómica de cada fase cardíaca sin necesidad de interpolar geometría entre momentos. Segundo, permite utilizar los resultados en módulos posteriores de forma directa, ya que la estructura generada es compatible con el modelo de elementos finitos usado en la rutina *FAST\_FEM*. Tercero, el uso de bibliotecas estables como *TetGen* asegura una generación robusta de mallas, minimizando artefactos geométricos o topologías inválidas.

Esta funcionalidad representa una pieza clave dentro del pipeline de *VentriFlow*, ya que convierte las estructuras segmentadas en dominios computacionales listos para análisis tridimensionales avanzados. Su integración automática al flujo de trabajo garantiza coherencia espacial y temporal, facilitando la generación de resultados reproducibles y clínicamente relevantes.

En la siguiente sección, se detallará cómo estos volúmenes mallados permiten realizar la proyección AHA16Seg y la exportación final de métricas clínicas relevantes.

### 3.5 Diagrama AHA16Seg

Una vez construida la malla tridimensional del ventrículo izquierdo, *VentriFlow* permite realizar una segmentación estandarizada según el esquema AHA16Seg, comúnmente utilizado en cardiología clínica para describir regiones funcionales del miocardio. Esta segmentación se proyecta sobre los nodos de la malla alineada del ventrículo izquierdo, dividiendo el volumen en 16 sectores anatómicamente definidos, y permite calcular estadísticas locales de parámetros hemodinámicos.

La decisión de trabajar exclusivamente sobre el ventrículo izquierdo se fundamenta en su relevancia clínica y biomecánica: este ventrículo es el principal responsable del bombeo sistémico, por lo que alteraciones en su dinámica hemodinámica están directamente asociadas a patologías cardiovasculares relevantes como insuficiencia cardíaca, hipertrofia o disfunción sistólica. Por otro lado, el ventrículo derecho y el miocardio no fueron incluidos en esta segmentación debido a su complejidad morfológica y a la ausencia de un modelo de referencia equivalente validado para estas estructuras.

El proceso parte desde la extracción de los nodos del ventrículo izquierdo ya alineado, los cuales son centrados mediante una traslación a su centroide global. Luego, se divide el eje longitudinal del corazón en 3 zonas equiespaciadas utilizando centroides interpolados de cortes horizontales. Esto permite generar los niveles basal, medio y apical. Cada nivel es posteriormente subdividido radialmente usando vectores orientados desde el centro a puntos de corte específicos, determinados a partir de intersecciones manuales y geometría derivada.

La creación de estos planos de corte se basa en una combinación de rotaciones geométricas, segmentación manual del eje longitudinal y duplicación/reflexión de puntos para garantizar simetría. Para los niveles basal y medio se aplica una partición de 6 sectores, mientras que el nivel apical se segmenta en 4 sectores, siguiendo el modelo AHA.

El proceso comienza con la obtención de los centroides, definidos como los centros geométricos de cortes horizontales del ventrículo izquierdo. Estos se generan mediante una interpolación uniforme a lo largo del eje longitudinal del corazón, lo cual permite dividir el volumen ventricular en capas equiespaciadas. Luego, cada capa se subdivide radialmente en sectores angulares según la orientación espacial de sus nodos, definiendo así los 16 segmentos según las especificaciones del modelo.

Como paso intermedio, se realiza una interpolación de 1000 centroides definidos como los centros geométricos de cortes horizontales del ventrículo izquierdo. Estos se generan mediante la interpolación uniforme a lo largo del eje longitudinal del corazón, lo cual permite dividir el volumen ventricular en capas equiespaciadas. Luego,

cada capa se subdivide radialmente en sectores angulares según la orientación espacial de sus nodos, definiendo así los 16 segmentos según las especificaciones del modelo:

```
% Interpolación de 1000 centroides a lo largo del eje longitudinal del ventriculo izquierdo,
% utilizando interp1 sobre los centroides originales.
% Esto permite generar una distribución uniforme de cortes horizontales equiespaciados,
% facilitando la partición del volumen en capas para la segmentación AHA16.
% t: vector con 1000 valores equidistantes entre 1 y el número total de centroides originales.
% interp1: función de interpolación unidimensional que estima nuevos puntos entre los existentes
% usando un método lineal.
t = linspace(1, size(app.centroids, 1), 1000);
app.proximity_centroids = interp1(1:size(app.centroids, 1), app.centroids, t);
```

Este sistema no solo asigna los nodos a sectores, sino que permite calcular promedios espaciales o métricas locales directamente sobre la geometría original. Esto es clave para vincular datos hemodinámicos con zonas específicas del ventrículo izquierdo.

Como se aprecia en las interfaces de usuario del software (Imagen 8), el sistema ofrece controles para elegir explícitamente el nivel anatómico y el parámetro hemodinámico de interés antes de ejecutar la generación del AHA16Seg. Esta configuración contextual es fundamental, ya que permite generar mapas dirigidos según la necesidad clínica o investigativa del usuario.

No obstante, una limitación importante es que los valores representados en el diagrama AHA actualmente están normalizados entre 0 y 1. Si bien esto facilita una visualización homogénea, tiene como desventaja que suaviza las diferencias reales en magnitud, dificultando la identificación de zonas críticas. En la Imagen 11 imagen se evidencia cómo sectores con valores extremos se muestran en una escala visual similar al resto, impidiendo resaltar anomalías hemodinámicas. Por tanto, se recomienda implementar una visualización con escala absoluta o bien habilitar un control de normalización ajustable, para adaptar la interpretación al contexto clínico.

Finalmente, el flujo operativo para generar el AHA16Seg parte de la selección manual de puntos de intersección entre ventrículos (Imagen 9), seguida del cálculo de centroides y su interpolación, la segmentación anatómica en sectores (Imagen 10), y culmina con la representación visual del diagrama AHA (Imagen 11). Cada paso está claramente asistido por la interfaz, asegurando un proceso guiado y reproducible para el usuario.

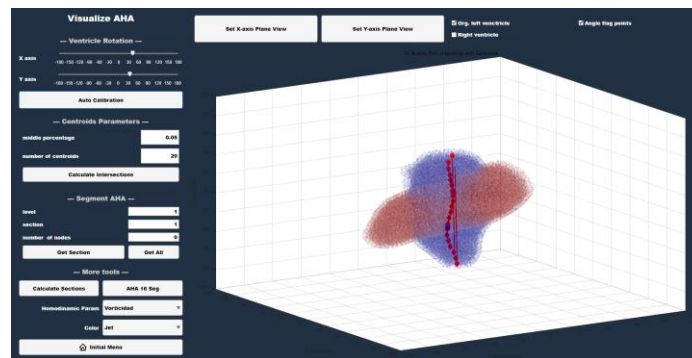


Imagen 8: Flujo operativo para generar el AHA16Seg del ventrículo izquierdo

Fuente: Elaboración Propia

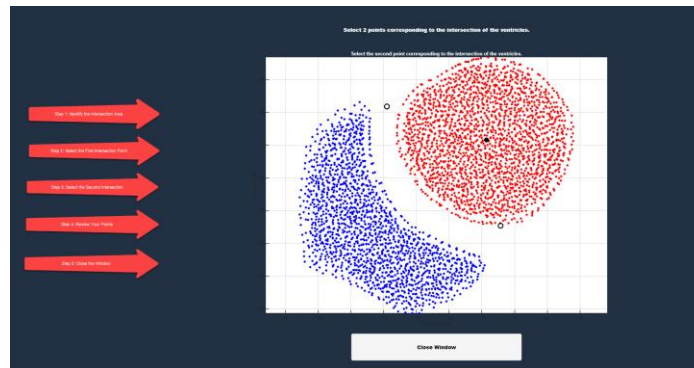


Imagen 9: Flujo operativo para generar el AHA16Seg del ventrículo izquierdo; selección manual de puntos de intersección entre ventrículos

Fuente: Elaboración Propia

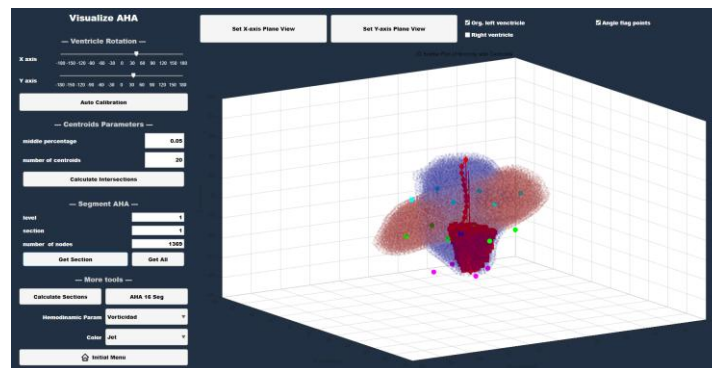


Imagen 10: Flujo operativo para generar el AHA16Seg del ventrículo izquierdo; obtención sección del ventrículo

Fuente: Elaboración Propia

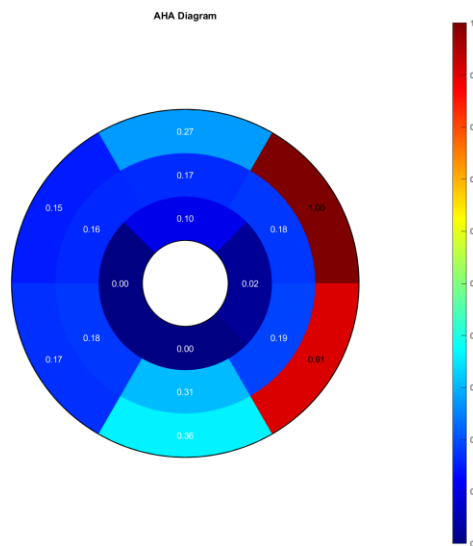


Imagen 11: Flujo operativo para generar el AHA16Seg del ventrículo izquierdo; generación del diagrama AHA

Fuente: Elaboración Propia

## 4 Conclusiones

Este trabajo permitió abordar, desde un enfoque técnico y aplicado, las principales limitaciones que enfrenta actualmente el análisis de flujos ventriculares mediante imágenes 4DFlow MRI, proponiendo como solución la implementación y evaluación de VentriFlow, un software especializado diseñado para responder a estos desafíos con precisión, eficiencia y estandarización.

En cuanto a los alcances del trabajo, se logró implementar una solución integral que abarca desde la segmentación anatómica hasta el análisis regional de parámetros hemodinámicos avanzados, todo dentro de un mismo entorno computacional. Se construyó un línea coherente y automatizado capaz de procesar múltiples fases cardíacas, alinear espacial y temporalmente secuencias dispares, generar mallas tetraédricas, calcular parámetros derivados del flujo y visualizar los resultados sobre estructuras anatómicas reales, todo sin necesidad de software externo. Esta integración representa una contribución sustancial al campo, al reducir tanto los tiempos de análisis como la dependencia de herramientas propietarias.

No obstante, también se identificaron limitaciones relevantes. Una de ellas corresponde al proceso de interpolación temporal, donde no se implementó una validación para evitar extrapolaciones fuera del intervalo válido, lo que puede introducir errores metodológicos al generar valores artificiales sin sustento en los datos originales. Otra limitación identificada fue la visualización de parámetros hemodinámicos sobre el diagrama AHA16Seg: al normalizar automáticamente los valores entre 0 y 1, se pierde la capacidad de identificar valores extremos clínica y/o investigativamente relevantes, lo que podría afectar el juicio clínico o la interpretación investigativa. Además, si bien el sistema permite segmentar automáticamente los ventrículos izquierdo y derecho, solo se trabajó con el ventrículo izquierdo para el análisis AHA debido a su relevancia clínica e investigativa y a la falta de modelos estandarizados para el ventrículo derecho o el miocardio, lo cual limita parcialmente la cobertura del análisis.

Las principales contribuciones del trabajo incluyen la incorporación de un enfoque altamente especializado al análisis de 4DFlow MRI, lo cual permitió superar el enfoque generalista de softwares previos, usualmente diseñados para estudios vasculares o extracardíacos. La implementación del modelo AHA16Seg directamente sobre mallas alineadas y anatómicamente coherentes representa un avance en la regionalización funcional del análisis hemodinámico. A nivel de visualización, VentriFlow también provee herramientas tridimensionales que permiten observar simultáneamente vectores de velocidad, estructuras anatómicas, mallas y métricas derivadas en un espacio real, mejorando la interpretación y comunicación de resultados.

El impacto de estos resultados es transversal. Desde la perspectiva investigativa, este sistema habilita nuevos estudios sobre patrones de flujo regionalizados, eficiencia energética y dinámica helicoidal en contextos patológicos específicos. Desde el punto de vista clínico e investigativo, ofrece una herramienta potencial para complementar diagnósticos en insuficiencia cardíaca, disfunción ventricular o cardiopatías congénitas, siempre que su validación sea extendida a cohortes clínicas. Además, al utilizar MATLAB y bibliotecas de código abierto como Iso2Mesh, se garantiza su replicabilidad, auditabilidad y futura extensión por parte de otros equipos académicos.

Entre las recomendaciones futuras, se sugiere implementar mecanismos de validación para controlar la extrapolación durante la interpolación temporal, incorporar visualizaciones con escalas absolutas o ajustables en el diagrama AHA, y expandir el modelo de regionalización a otras estructuras como el ventrículo derecho o el miocardio, considerando su relevancia en patologías específicas. Asimismo, sería valioso integrar métricas adicionales como tracción sobre el endocardio o presión derivada para enriquecer el perfil funcional de cada región segmentada. Finalmente, también se recomienda automatizar la selección de puntos de intersección entre ventrículos, para mejorar la reproducibilidad del AHA16Seg.

Desde un plano personal, el desarrollo de este trabajo permitió integrar habilidades de procesamiento de imágenes médicas, modelado computacional y visualización avanzada, todo enmarcado dentro de una

problemática biomédica real. Además, proporcionó una instancia valiosa para conectar ingeniería e investigación clínica, demostrando que el desarrollo de software no solo responde a necesidades abstractas, sino que puede tener un impacto directo en el estudio, diagnóstico y seguimiento de enfermedades cardiovasculares.

## 5 Agradecimientos

Esta memoria está dedicada a las siguientes personas:

A mis padres, Ana Molina y Marco Dissi, por su constante preocupación y apoyo.

A mis hermanos, Stefania Dissi y Dante Dissi, por su cariño y risas en esos días difíciles.

A Nicole Moya, por acompañarme con amor y paciencia, brindándome la calma que necesitaba.

A Mauricio Cortés, por esas largas noches de estudio y juegos que aligeraban la carga.

A mis amigos y compañeros, por cada risa y consejo.

Y finalmente a mi profesor guía, Julio Sotelo, que me supo dirigir con su destacable calma y sabiduría en este último tramo.

## Referencias

Bissell, M.M., Raimondi, F., Ait Ali, L. *et al.* 4D Flow cardiovascular magnetic resonance consensus statement: 2023 update. *J Cardiovasc Magn Reson* **25**, 40 (2023). <https://doi.org/10.1186/s12968-023-00942-z>

Bustamante, C., et al. Improving Visualization in Cardiac MRI with 4D PC-MRCA. Recuperado de <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1097664723010815>

Cerqueira, M. D., Weissman, N. J., Dilsizian, V., Jacobs, A. K., Kaul, S., Laskey, W. K., ... & American Heart Association Writing Group on Myocardial Segmentation and Registration for Cardiac Imaging. (2002). Standardized myocardial segmentation and nomenclature for tomographic imaging of the heart: A statement for healthcare professionals. *Circulation*, 105(4), 539-542. <https://doi.org/10.1161/hc0402.102975>

Corrias, G., et al. Heart Applications of 4D Flow MRI. Recuperado de <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7487367/>

Demirkiran, A., van Ooij, P., Westenberg, J. J. M., Hofman, M. B. M., van Assen, H. C., Schoonmade, L. J., Asim, U., Blanken, C. P. S., Nederveen, A. J., & van Rossum, A. C. (2022). Clinical intra-cardiac 4D flow CMR: acquisition, analysis, and clinical applications. *European Heart Journal - Cardiovascular Imaging*, 23(2), 154–165. <https://doi.org/10.1093/ehjci/jeab112>

Dyverfeldt, P., Bissell, M., Barker, A. J. et al. (2015). 4D flow cardiovascular magnetic resonance consensus statement. *Journal of Cardiovascular Magnetic Resonance*, 17, 72. <https://doi.org/10.1186/s12968-015-0174-5>

Fang, Q., & Boas, D. A. (2009). Tetrahedral mesh generation from volumetric binary and gray-scale images. *Proceedings of IEEE International Symposium on Biomedical Imaging*, 1142–1145. <https://doi.org/10.1109/ISBI.2009.5193259>

Kamphuis, V. P., Roest, A. A. W., van den Boogaard, P. J., et al. (2021). Hemodynamic interplay of vorticity, viscous energy loss, and kinetic energy from 4D Flow MRI and link to cardiac function in healthy subjects and Fontan patients. *American Journal of Physiology-Heart and Circulatory Physiology*, 320(5), H1687–H1698. <https://doi.org/10.1152/ajpheart.00806.2020>

León, A., Herrera, R., Urbina, J., et al. (2023). VENTSEG: Efficient Open Source Framework for Ventricular Segmentation. *Proceedings of SPIE*, 12567, 125670Q.



- Lim, C. W., Su, Y., Yeo, S. Y., Ng, G. M., Nguyen, V. T., Zhong, L., Tan, R. S., Poh, K. K., & Chai, P. (2014). Automatic 4D reconstruction of patient-specific cardiac mesh with 1-to-1 vertex correspondence from segmented contour lines. PLOS ONE, 9(4), e93747. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0093747>
- Markl, M., Frydrychowicz, A., Kozerke, S., Hope, M., & Wieben, O. (2012). 4D flow MRI. Journal of Magnetic Resonance Imaging, 36(5), 1015-1036. <https://doi.org/10.1002/jmri.23632>
- Naranjo, R. (2017). Redes Neuronales de Convolución aplicadas a la segmentación de lesiones de Esclerosis Múltiple en Imágenes de Resonancia Magnética 3D [Tesis de pregrado, Universidad Técnica Federico Santa María]. Recuperado de <https://repositorio.usm.cl/server/api/core/bitstreams/44d3aeaa-d025-4962-bd98-24fc7cdfdd1e/content>
- Oechtering, T. H., Nowak, A., Sieren, M. M. et al. (2023). Repeatability and reproducibility of various 4D Flow MRI postprocessing software programs in a multi-software and multi-vendor cross-over comparison study. Journal of Cardiovascular Magnetic Resonance, 25, 22. <https://doi.org/10.1186/s12968-023-00921-4>
- Sotelo, J., Franco, P., Guala, A., Dux-Santoy, L., Ruiz-Muñoz, A., Evangelista, A., Mella, H., Mura, J., Hurtado, D. E., Rodríguez-Palomares, J. F., & Uribe, S. (2022). Fully Three-Dimensional Hemodynamic Characterization of Altered Blood Flow in Bicuspid Aortic Valve Patients With Respect to Aortic Dilatation: A Finite Element Approach. Frontiers in Cardiovascular Medicine, 9, 885338. <https://doi.org/10.3389/fcvm.2022.885338>
- Winter, P., Berhane, H., Moore, J. E., et al. (2024). Automated intracranial vessel segmentation of 4D flow MRI data in patients with atherosclerotic stenosis using a convolutional neural network. Frontiers in Radiology, 4, 1385424. <https://doi.org/10.3389/fradi.2024.1385424>