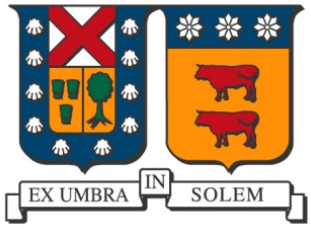
UNIVERSIDAD TÉCNICA FEDERICO SANTA MARÍA
DEPARTAMENTO DE INFORMÁTICA
SANTIAGO - CHILE



“ALINEAMIENTO ESPACIAL Y TEMPORAL DE IMÁGENES CARDÍACAS MEDIANTE REGISTRO MULTIMODAL”

EDUARDO MAXIMILIANO RAFAEL FLORES GUZMÁN

MEMORIA PARA OPTAR AL TÍTULO DE
INGENIERO CIVIL EN INFORMÁTICA

Profesor Guía: Julio Sotelo Parraguez
Profesor Correferente: Jeremias Garay

Mayo - 2026

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: Alineamiento espacial y temporal de imágenes cardíacas mediante registro multimodal

Nombre del candidato(a): Eduardo Maximiliano Rafael Flores Guzmán

Carrera / Grado: Ingeniería Civil Informática

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

2.- VALIDACIÓN DEL PROFESOR GUÍA/DIRECTOR DE TESIS

Yo, Julio 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 (marcar una opción)

☑ 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 **(marcar una opción)**:

☐ 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: 11/11/2026 **Firma:** 

Estudiante o Candidato(a):

Fecha: 11/11/2026 **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.

DEDICATORIA

A mi padre, Juan Flores Cisterna, por confiar en mí desde que era pequeño y por enseñarme, con su ejemplo, que el origen nunca define hasta dónde puede llegar una persona. A él, y también a mis hermanas Katherinne, Carolina y Edith, por demostrarme que, incluso viniendo de una comuna vulnerable, siempre es posible salir adelante con esfuerzo, convicción y apoyo familiar.

A mi madre, por estar presente de forma incondicional, especialmente en mis momentos más bajos, cuando avanzar parecía más difícil. Y a mis sobrinas, por llenar mi vida de alegría en momentos de cansancio y estrés, recordándome que siempre existían razones para seguir.

AGRADECIMIENTOS

Quisiera agradecer profundamente a mi profesor guía, Julio Sotelo Parraguez, por su apoyo durante el desarrollo de esta memoria. Su orientación, insistencia y motivación fueron fundamentales para ordenar las ideas, sostener el avance del trabajo y enfrentar las distintas etapas del proceso. Agradezco especialmente su disposición para guiarme tanto en los aspectos técnicos como en la forma de plantear correctamente el problema y la solución propuesta.

También agradezco a mis amigos de la Universidad, quienes estuvieron presentes durante este camino y confiaron en mí incluso en momentos en que yo mismo dudaba de mis capacidades. Sus palabras de ánimo, su compañía y esa confianza casi irresponsable de decirme que podía con todo fueron parte importante de este proceso.

Finalmente, agradezco a mi familia por el apoyo, la paciencia y la compañía durante todos estos años. Esta memoria no representa solo el cierre de una etapa académica, sino también el resultado de muchas personas que, de distintas formas, me ayudaron a seguir avanzando.

RESUMEN

Resumen— La resonancia magnética cardíaca permite estudiar el corazón mediante distintas secuencias de adquisición. Las imágenes cine de eje corto (*Short-Axis*, SAX) se utilizan para analizar la anatomía y la función ventricular, permitiendo segmentar estructuras como el ventrículo izquierdo, el ventrículo derecho y el miocardio. El *4D Flow MRI*, por su parte, mide campos tridimensionales de velocidad sanguínea a lo largo del ciclo cardíaco, entregando información funcional no disponible en las secuencias anatómicas. La integración de ambas modalidades es necesaria para relacionar la anatomía segmentada con el campo de velocidades, pero no es directa debido a diferencias de resolución espacial, resolución temporal, orientación, contraste y condiciones de adquisición. En particular, la anatomía segmentada desde las imágenes SAX puede quedar desplazada respecto del dominio donde se encuentran definidas las velocidades del *4D Flow MRI*, invalidando cualquier análisis posterior. Esta memoria propone una metodología computacional semi-automática para la alineación espacial y temporal de imágenes cardíacas multimodales mediante registro rígido. El pipeline desarrollado utiliza segmentaciones anatómicas obtenidas desde imágenes SAX, metadatos DICOM para una proyección geométrica inicial, sincronización temporal entre fases, normalización de orientación, corrección manual inicial y refinamiento mediante registro rígido automático. Posteriormente, la segmentación alineada se emplea para reconstruir geometrías ventriculares y proyectar sobre ellas vectores de velocidad provenientes del *4D Flow MRI*. La metodología fue implementada en MATLAB y evaluada sobre datos anonimizados de cuatro pacientes con miocardiopatía hipertrófica. La validación se enfocó en la consistencia técnica del pipeline mediante inspección visual, comparación de métodos de registro, métricas geométricas entre malla y segmentación, comparación volumétrica y revisión de la proyección de velocidades. Los resultados muestran que el pipeline permite integrar anatomía segmentada y datos de velocidad en un mismo sistema de coordenadas, generando una base reproducible para visualización, análisis exploratorio y futuras extensiones hacia evaluaciones hemodinámicas.

Palabras Clave— Resonancia magnética cardíaca; 4D Flow MRI; Imágenes SAX; Registro multimodal; Alineamiento temporal.

ABSTRACT

Abstract— Cardiac magnetic resonance imaging enables the study of the heart through different acquisition sequences. Short-axis (*Short-Axis*, SAX) cine images are used to analyze ventricular anatomy and function, allowing the segmentation of structures such as the left ventricle, right ventricle, and myocardium. *4D Flow MRI*, in turn, measures three-dimensional blood velocity fields throughout the cardiac cycle, providing functional information not available in anatomical sequences. Integrating both modalities is necessary to relate the segmented anatomy with the velocity field, but it is not straightforward due to differences in spatial resolution, temporal resolution, orientation, contrast, and acquisition conditions. In particular, the anatomy segmented from SAX images may be displaced with respect to the domain where *4D Flow MRI* velocities are defined, rendering any subsequent analysis invalid. This thesis proposes a semi-automatic computational methodology for the spatial and temporal alignment of multimodal cardiac images through rigid registration. The developed pipeline uses anatomical segmentations obtained from SAX images, DICOM metadata for an initial geometric projection, temporal synchronization between phases, orientation normalization, initial manual correction, and refinement through automatic rigid registration. The aligned segmentation is then used to reconstruct ventricular geometries and project velocity vectors from *4D Flow MRI* onto them. The methodology was implemented in MATLAB and evaluated using anonymized data from four patients with hypertrophic cardiomyopathy. Validation focused on the technical consistency of the pipeline through visual inspection, comparison of registration methods, geometric metrics between mesh and segmentation, volumetric comparison, and review of the projected velocity fields. The results show that the pipeline enables the integration of segmented anatomy and velocity data into a common coordinate system, providing a reproducible basis for visualization, exploratory analysis, and future extensions toward hemodynamic evaluations.

Keywords— Cardiac magnetic resonance; 4D Flow MRI; SAX images; Multimodal registration; Temporal alignment.

GLOSARIO

4D Flow MRI: Four-Dimensional Flow Magnetic Resonance Imaging. Técnica de resonancia magnética que permite medir campos tridimensionales de velocidad sanguínea a lo largo del ciclo cardíaco.
AP: Anterior-Posterior. Dirección anatómica utilizada para representar una de las componentes del campo de velocidad.
CMR: Cardiac Magnetic Resonance. Resonancia magnética cardíaca.
CNN: Convolutional Neural Network. Red neuronal convolucional utilizada para tareas de procesamiento de imágenes, como segmentación automática.
DICOM: Digital Imaging and Communications in Medicine. Estándar utilizado para almacenar, transmitir y describir imágenes médicas y sus metadatos asociados.
DI: Departamento de Informática.
FFE: Fast Field Echo. Secuencia de resonancia magnética utilizada para representar información de magnitud en los datos de 4D Flow MRI.
FH: Feet-Head. Dirección anatómica pies-cabeza utilizada para representar una de las componentes del campo de velocidad.
IPCMRA: Intra-Cardiac Phase-Contrast Magnetic Resonance Angiography. Representación angiográfica derivada de datos de 4D Flow MRI, utilizada como referencia visual del flujo intracardíaco.
MI: Mutual Information. Información mutua, métrica de similitud utilizada en registro multimodal de imágenes.
MRI: Magnetic Resonance Imaging. Imagen por resonancia magnética.
PCA: Phase-Contrast Angiography. Información asociada a la codificación de fase utilizada para representar componentes de velocidad en 4D Flow MRI.
PVD: ParaView Data. Archivo índice utilizado para agrupar una secuencia temporal de archivos compatibles con VTK.
RL: Right-Left. Dirección anatómica derecha-izquierda utilizada para representar una de las componentes del campo de velocidad.
ROI: Region of Interest. Región de interés utilizada para restringir análisis o procesos a una zona específica de la imagen.
SAX: Short-Axis. Secuencia cine de eje corto utilizada como referencia anatómica cardíaca.
UTFSM: Universidad Técnica Federico Santa María.
VENC: Velocity Encoding. Parámetro de codificación de velocidad utilizado en adquisiciones de contraste de fase.
VI: Ventrículo izquierdo.
VD: Ventrículo derecho.
VTK: Visualization Toolkit. Biblioteca y familia de formatos utilizados para visualización científica de datos volumétricos, superficies, mallas y campos vectoriales.
VTI: Visualization Toolkit ImageData. Formato de archivo utilizado para representar datos volumétricos definidos sobre una grilla regular.
VTU: Visualization Toolkit Unstructured Grid. Formato de archivo utilizado para representar mallas no estructuradas, como mallas tetraédricas.

ÍNDICE DE CONTENIDOS

RESUMEN iv

ABSTRACT v

GLOSARIO vi

ÍNDICE DE FIGURAS ix

ÍNDICE DE TABLAS xi

INTRODUCCIÓN 1

CAPÍTULO 1: DEFINICIÓN DEL PROBLEMA 3
1.1 Contexto . . . 3
1.2 Organización . . . 3
1.3 Situación actual . . . 4
1.4 Definición del problema . . . 5
1.5 Consecuencias si no se soluciona . . . 5
1.6 Objetivo de una solución . . . 6
1.6.1 Objetivo General . . . 6
1.6.2 Objetivos Específicos . . . 6
1.6.3 Alcance . . . 6

CAPÍTULO 2: MARCO CONCEPTUAL 8
2.1 Imágenes cardíacas SAX y 4D Flow MRI . . . 8
2.2 Segmentación anatómica y alineación entre modalidades . . . 9
2.3 Representación espacial de imágenes médicas . . . 10
2.3.1 Sistema de coordenadas de referencia del paciente . . . 10
2.3.2 Módulo de plano de imagen (*Image Plane Module*) . . . 10
2.3.3 Transformación de vóxel a coordenadas físicas . . . 11
2.3.4 Normalización de orientación . . . 12
2.4 Interpolación y remuestreo de imágenes médicas . . . 13
2.4.1 Interpolación de imágenes de intensidad continua . . . 13
2.4.2 Remuestreo de máscaras de segmentación . . . 13
2.5 Registro rígido multimodal de imágenes médicas . . . 14
2.6 Reconstrucción geométrica y mallas volumétricas . . . 15
2.7 Métricas de consistencia geométrica y funcional . . . 17
2.8 Herramientas computacionales y formatos de visualización científica . . . 18

CAPÍTULO 3: PROPUESTA DE SOLUCIÓN 19
3.1 Datos de entrada . . . 19
3.2 Segmentación automática de las imágenes SAX . . . 20
3.3 Sincronización temporal entre modalidades . . . 21

3.4 Alineamiento geométrico inicial a partir de metadatos DICOM 22
3.4.1 Reconstrucción de la geometría de adquisición 23
3.4.2 Remuestreo de la segmentación SAX 23
3.4.3 Extensión a todas las fases cardíacas 27
3.4.4 Limpieza morfológica 27
3.4.5 Alcance de la proyección inicial 28
3.5 Normalización de orientación y corrección manual del desplazamiento 29
3.5.1 Normalización de orientación 29
3.5.2 Corrección manual inicial del desplazamiento residual 31
3.6 Refinamiento mediante registro rígido automático 32
3.6.1 Formulación del registro rígido 33
3.6.2 Imagen fija, imagen móvil y fase de referencia 33
3.6.3 Métrica de similitud 34
3.6.4 Preprocesamiento para la optimización 34
3.6.5 Optimización y propagación temporal 35
3.6.6 Resultado y alcance de la etapa 35
3.7 Reconstrucción geométrica del ventrículo y proyección de velocidades 36
3.7.1 Conversión de la segmentación a superficie ventricular 36
3.7.2 Regularización de la superficie 37
3.7.3 Generación de la malla tetraédrica 38
3.7.4 Cálculo de volumen y eventos fisiológicos 38
3.7.5 Proyección de velocidades sobre la malla 40
3.7.6 Resultado de la etapa 40
3.8 Almacenamiento y formatos de salida 41

CAPÍTULO 4: VALIDACIÓN DE LA SOLUCIÓN **42**
4.1 Fases representativas utilizadas en la inspección visual 42
4.2 Inicialización manual 45
4.3 Comparación visual y cuantitativa del registro automático 47
4.4 Inspección tridimensional del alineamiento final 49
4.5 Geometría de mallas ventriculares 49
4.6 Proyección de velocidades 52

CAPÍTULO 5: CONCLUSIONES **56**
5.1 Conclusiones generales 56
5.2 Cumplimiento de objetivos 57
5.3 Limitaciones y trabajo futuro 57

ANEXOS **59**

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS **61**

ÍNDICE DE FIGURAS

1 Comparación entre ambas modalidades de imagen. (a) Corte SAX cine, que presenta alto contraste entre sangre y miocardio, permitiendo distinguir las cavidades ventriculares. (b) Imagen de *4D Flow MRI*, con menor resolución anatómica pero que contiene información de velocidad del flujo sanguíneo. Fuente: Elaboración propia. 8

2 Sistema de Coordenadas de Referencia del Paciente (RCS). Define los ejes anatómicos estándar para la adquisición de imágenes: el eje X (Izquierda/Derecha), el eje Y (Anterior/Posterior) y el eje Z (Inferior/Superior). Fuente: [Sharma, 2021]. 11

3 Mapeo espacial de un plano de imagen DICOM. (a) El corte se ubica en el espacio tridimensional del paciente mediante un vector de posición inicial (IPP) y dos vectores directores que definen la orientación de sus filas y columnas (IOP). (b) Geometría utilizada para calcular la coordenada física tridimensional de cualquier píxel (i, j) de la matriz bidimensional. Fuente: [Sharma, 2021]. 12

4 Ejemplo de registro rígido de imágenes médicas en un corte transversal del cerebro. (a) Antes del registro, se observa un desfase espacial entre las imágenes (representadas en colores verde y magenta). (b) Después del registro, las estructuras anatómicas y los contornos del cráneo quedan correctamente alineados. Fuente: Elaboración propia. 15

5 Progresión de la reconstrucción geométrica a partir de imágenes médicas (ejemplo generado con Iso2Mesh [Fang y Boas, 2009] sobre un modelo cefálico). (a) Planos ortogonales del volumen de datos original. (b) Máscara de segmentación (vóxeles etiquetados) que delimita las distintas regiones anatómicas. (c) Malla volumétrica generada a partir de los datos segmentados, definiendo un dominio computacional continuo. Fuente: Iso2Mesh. 16

6 Resultado de la segmentación automática sobre un corte SAX cine. Rojo: ventrículo izquierdo (VI). Azul: ventrículo derecho (VD). Amarillo: miocardio. Fuente: Elaboración propia. 21

7 Esquema de interpolación temporal para sincronizar las fases de *4D Flow MRI* con las fases de la segmentación SAX a lo largo del ciclo cardíaco normalizado (eje horizontal, $0\,\%$--$100\,\%$). La línea azul (`v original`) representa las 21 fases originales del *4D Flow MRI*. La línea naranja (`data_int`) representa las 24 fases objetivo del SAX, cuyos valores de velocidad (PCA y FFE) se obtienen mediante interpolación lineal entre las fases originales adyacentes (líneas sólidas). La línea verde (`metadata asignada`) indica los metadatos espaciales heredados por cada fase interpolada, asignados por vecino más cercano (líneas punteadas). El recuadro central destaca el caso de la fase SAX 12, que interpola sus valores de velocidad desde las fases originales 11 y 12 (líneas rojas sólidas) y hereda los metadatos de la fase original 12 por ser la más próxima (línea roja punteada). Fuente: Elaboración propia. 22

8 Estado inicial de las grillas de adquisición. Las secuencias SAX (512×512 px, 13 cortes) y *4D Flow* (160×160 px, 50 cortes) existen en espacios físicos distintos y resoluciones diferentes. Fuente: Elaboración propia. 24
9 Grilla unificada tras la transformación geométrica. La imagen SAX ha sido interpolada para coincidir con el dominio tridimensional del *4D Flow* (160×160 px, 50 cortes). Fuente: Elaboración propia. 25
10 Resultado de la alineación de la segmentación mediante la transformación de coordenadas DICOM. (a) Estado inicial en el sistema de coordenadas del paciente (RCS), donde las máscaras de segmentación (rojo: VI, azul: VD, amarillo: miocardio) presentan un desfase espacial respecto de la referencia anatómica del *4D Flow* (gris). (b) Resultado tras aplicar la transformación, donde las máscaras coinciden con el dominio del flujo. Fuente: Elaboración propia. . 26
11 Mallas tetraédricas del ventrículo izquierdo en distintas fases del ciclo cardíaco. La transformación espacial y la reconstrucción geométrica se aplican de manera consistente a lo largo del tiempo, preservando la dinámica fisiológica de contracción (sístole) y relajación (diástole). Fuente: Elaboración propia. . . 27
12 Efecto del suavizado sobre las máscaras de segmentación. (a) Tras la transformación espacial mediante vecino más cercano, los contornos presentan *aliasing* (bordes en escalera). (b) Resultado tras aplicar un filtro de regularización espacial, logrando fronteras continuas y anatómicamente plausibles sin alterar el volumen global de las cavidades. Fuente: Elaboración propia. . . 28
13 Ejemplo de la normalización de orientación aplicada al vector de velocidad. (a) El vector $\mathbf{v}_{\text{phys}}$ se expresa en las coordenadas anatómicas del escáner (R-L, A-P, F-H). (b) Tras reorientar el arreglo tridimensional, los ejes de indexación cambian (azul) y las componentes del vector se redistribuyen según la Ecuación 11. Fuente: Elaboración propia. 31
14 Corrección espacial entre modalidades en vista sagital. Los paneles muestran la imagen de angiografía (ANGIO), la imagen anatómica de eje corto (SAX) y la mezcla de ambas con los contornos de segmentación (MEZCLA + SEG). (a) Estado inicial con un desfase evidente entre los contornos y la señal de flujo. (b) Resultado tras el ajuste, donde la segmentación coincide con la anatomía subyacente. 32
15 Reconstrucción volumétrica del ventrículo izquierdo (VI) en la fase 12 (etiqueta 1). (a) Nube de puntos 3D obtenida a partir de la segmentación. (b) Superficie cerrada envolvente generada mediante el algoritmo *alphaShape* (utilizando un radio $\alpha = 4{,}032$ mm frente a un crítico de $3{,}360$ mm). En ambos casos se observa un plano angiográfico intersecando el centroide de la cavidad. Coordenadas espaciales expresadas en milímetros. Fuente: Elaboración propia. 37
16 Malla volumétrica tetraédrica de los ventrículos cardíacos. El ventrículo izquierdo (VI, rojo) y el ventrículo derecho (VD, azul) se representan como dominios computacionales continuos compuestos por elementos tetraédricos. Fuente: Elaboración propia. 39

17 Fase de fin de diástole de la secuencia SAX con segmentación. Fuente: Elaboración propia. 43
18 Fase cercana al máximo flujo observado en la secuencia SAX con segmentación. Fuente: Elaboración propia. 44
19 Fase de fin de sístole de la secuencia SAX con segmentación. Fuente: Elaboración propia. 45
20 Comparación antes y después de la corrección manual inicial en vistas coronal y sagital. Fuente: Elaboración propia. 46
21 Comparación visual de distintos métodos de registro para el Dato 01. Columnas (izquierda a derecha): sin registro, SSD, Grad+MI, MI+ROI y MI libre. Filas (arriba a abajo): vista sagital, coronal y axial. Fuente: Elaboración propia. . . . 47
22 Inspección tridimensional del alineamiento final en ParaView, mostrando ambos ventrículos y la referencia angiográfica. Fuente: Elaboración propia. . 49
23 Comparación visual entre malla tetraédrica y segmentación alineada para el Dato 01 en fin de diástole y fin de sístole. Fuente: Elaboración propia. 50
24 Segmentación alineada sobre la imagen de magnitud del *4D Flow MRI*. (a-b) Fin de sístole desde dos vistas. (c-d) Fin de diástole desde dos vistas. Las máscaras (rojo: VI, azul: VD, amarillo: miocardio) se ajustan a las cavidades visibles en la imagen de magnitud, confirmando la consistencia de la alineación con los datos de flujo. Fuente: Elaboración propia. 51
25 Velocidades proyectadas sobre la malla en una fase previa al fin de sístole, con vectores orientados hacia la salida de la cavidad. Fuente: Elaboración propia. 53
26 Cavidad reducida cercana al fin de sístole con velocidades proyectadas sobre la malla. Fuente: Elaboración propia. 54
27 Velocidades proyectadas sobre la malla en una fase posterior al fin de sístole, con vectores orientados hacia el interior de la cavidad. Fuente: Elaboración propia. 55
28 Comparación visual de métodos de registro para el Dato 02. Fuente: Elaboración propia. 59
29 Comparación visual de métodos de registro para el Dato 03. Fuente: Elaboración propia. 60
30 Comparación visual de métodos de registro para el Dato 04. Fuente: Elaboración propia. 60

ÍNDICE DE TABLAS

1 Parámetros de adquisición de las secuencias SAX cine y 4D Flow MRI. 19
2 Desplazamientos manuales aplicados como inicialización en cada conjunto de datos. Fuente: Elaboración propia. 46
3 Comparación cuantitativa de métodos de registro para el Dato 01. Fuente: Elaboración propia. 48

4 Resultados de la configuración MI+ROI en los cuatro conjuntos de datos. Fuente: Elaboración propia. 48
5 Resumen de consistencia geométrica entre malla y segmentación alineada. Fuente: Elaboración propia. 52

INTRODUCCIÓN

La resonancia magnética cardíaca permite estudiar el corazón mediante distintas secuencias de adquisición. Las imágenes cine de eje corto (Short-Axis, SAX) entregan una representación anatómica detallada de los ventrículos a lo largo del ciclo cardíaco, y se utilizan como base para segmentar estructuras como el ventrículo izquierdo, el ventrículo derecho y el miocardio. Las imágenes de 4D Flow MRI, por su parte, miden el campo tridimensional de velocidades sanguíneas durante el ciclo cardíaco, aportando información funcional no disponible en las secuencias anatómicas convencionales [Markl *et al.*, 2012, Dyverfeldt *et al.*, 2015].

Ambas modalidades son complementarias, pero su integración no es directa. Las adquisiciones presentan diferencias en resolución espacial, resolución temporal, contraste, orientación y condiciones respiratorias. En particular, la secuencia SAX se adquiere en apnea, mientras que el 4D Flow MRI puede registrarse bajo respiración libre, lo que introduce desplazamientos entre ambas representaciones del corazón. Como consecuencia, una segmentación obtenida desde SAX no puede proyectarse directamente sobre el volumen de 4D Flow MRI sin una etapa previa de sincronización y alineamiento.

El problema abordado en esta memoria es la construcción de una alineación espacial y temporal coherente entre imágenes SAX cine y datos de 4D Flow MRI, con el fin de expresar la anatomía ventricular segmentada en el dominio donde se encuentran definidos los campos de velocidad. Una alineación deficiente provoca que los ventrículos segmentados queden desplazados respecto de la señal de flujo, lo que afecta directamente las etapas posteriores del análisis. Dichas etapas incluyen la reconstrucción de mallas ventriculares, que son representaciones geométricas tridimensionales de las cavidades del corazón, y la obtención de mediciones derivadas como volúmenes ventriculares, energía cinética y vorticidad, las cuales se calculan proyectando los vectores de velocidad del 4D Flow MRI sobre la geometría reconstruida. Si la alineación entre anatomía y flujo es incorrecta, estas mediciones carecen de validez.

Para abordar este problema, se propone una metodología computacional semi-automática de alineamiento entre secuencias SAX y 4D Flow MRI. La propuesta parte de la segmentación anatómica obtenida desde SAX mediante una red neuronal preentrenada [León *et al.*, 2023] y de los metadatos DICOM de ambas adquisiciones para reconstruir una primera alineación geométrica [National Electrical Manufacturers Association (NEMA), 2024]. Posteriormente, se realiza una sincronización temporal entre fases, una proyección inicial de la segmentación hacia el espacio del 4D Flow MRI, una normalización de orientación, una corrección manual inicial del desplazamiento residual y un refinamiento mediante registro rígido automático. Finalmente, la segmentación alineada se utiliza para reconstruir geometrías ventriculares y proyectar sobre ellas los vectores de velocidad del 4D Flow MRI.

La metodología se implementa en MATLAB y se evalúa sobre datos anonimizados de cuatro pacientes con miocardiopatía hipertrófica. La validación se plantea como una evaluación téc-

nica de consistencia geométrica, espacial y funcional del pipeline, sin pretender establecer una validación clínica. Se consideran inspecciones visuales de la alineación entre modalidades, comparación de métodos de registro, métricas geométricas entre segmentación y malla, comparación volumétrica y revisión de la coherencia de los vectores de velocidad proyectados sobre la geometría ventricular.

El documento se organiza en cinco capítulos. El Capítulo 1 presenta la definición del problema. El Capítulo 2 desarrolla el marco conceptual necesario para comprender las modalidades de imagen, la segmentación, el registro rígido multimodal, la reconstrucción geométrica y las métricas de evaluación. El Capítulo 3 describe la propuesta de solución, detallando cada etapa del pipeline. El Capítulo 4 presenta los resultados de validación. Finalmente, el Capítulo 5 expone las conclusiones, limitaciones y líneas de trabajo futuro.

CAPÍTULO 1
DEFINICIÓN DEL PROBLEMA

1.1. Contexto

La Resonancia Magnética Cardíaca (CMR) permite caracterizar de manera no invasiva la estructura y la función del corazón mediante secuencias especializadas. Entre las más utilizadas se encuentran las secuencias cine de eje corto (*Short-Axis*, SAX), que describen la geometría ventricular con alta resolución espacial, y las secuencias de *4D Flow MRI*, que capturan el campo dinámico de velocidades sanguíneas en tres dimensiones a lo largo del tiempo [Markl *et al.*, 2012, Dyverfeldt *et al.*, 2015].

Ambas modalidades entregan información complementaria. Por una parte, SAX permite observar con mayor claridad la anatomía ventricular y suele utilizarse como base para segmentar estructuras como el ventrículo izquierdo (VI), el ventrículo derecho (VD) y el miocardio. Por otra parte, el *4D Flow MRI* permite medir velocidades sanguíneas en un volumen tridimensional durante el ciclo cardíaco, entregando información funcional que no se encuentra disponible directamente en la secuencia SAX.

Sin embargo, la integración entre ambas secuencias no es directa. El *4D Flow MRI* proporciona imágenes de magnitud y permite derivar representaciones angiográficas como la *IPCMRA*, pero la segmentación anatómica directa sobre estas imágenes resulta compleja debido a su menor resolución anatómica, la presencia de ruido y los artefactos propios de la codificación de flujo [Markl *et al.*, 2012, Oechtering *et al.*, 2023]. Por ello, una estrategia natural consiste en utilizar la anatomía segmentada desde SAX y registrarla con el campo de velocidades medido por *4D Flow MRI*.

Debido a estas limitaciones técnicas, la alineación de ambas modalidades se vuelve necesaria para avanzar hacia una caracterización anatómico-funcional más consistente del corazón. En este contexto, una alineación adecuada permite relacionar la anatomía ventricular segmentada con el campo de velocidades medido por *4D Flow MRI*, generando una base para inspección visual, análisis exploratorio y eventuales cálculos hemodinámicos posteriores [Sotelo *et al.*, 2022].

1.2. Organización

Este trabajo de memoria se desarrolla en el Departamento de Informática de la Universidad Técnica Federico Santa María (DI UTFSM). La investigación se sitúa en el ámbito del procesamiento de imágenes médicas multimodales, específicamente en el diseño de una metodología computacional para alinear información anatómica proveniente de SAX con información

de velocidad proveniente de *4D Flow MRI*.

Para la evaluación inicial de la metodología propuesta, se utilizan datos anonimizados de cuatro pacientes con miocardiopatía hipertrófica, tanto obstructiva como no obstructiva. El pipeline se evalúa sobre estas anatomías patológicas, lo que permite observar su comportamiento frente a variaciones reales en la geometría ventricular, sin pretender establecer una validación estadística o clínica generalizable.

1.3. Situación actual

En el flujo de trabajo actual, el alineamiento entre las secuencias SAX y *4D Flow MRI* se resuelve de manera semi-manual, tomando como punto de partida la geometría inicial obtenida desde las cabeceras DICOM. Estos metadatos permiten reconstruir una primera relación espacial entre las adquisiciones, pero no siempre son suficientes para obtener una alineación anatómica adecuada. Esto se debe, entre otros factores, a que la secuencia SAX suele adquirirse en apnea, mientras que el *4D Flow MRI* se registra frecuentemente en respiración libre o bajo condiciones respiratorias distintas, lo que puede generar desplazamientos globales del corazón entre adquisiciones [Dyverfeldt *et al.*, 2015].

El procedimiento típico de postprocesamiento consiste en cargar los volúmenes de SAX y *4D Flow MRI*, revisar su alineación y realizar ajustes manuales de posición con el fin de hacer coincidir la anatomía segmentada con la señal de flujo o con la referencia angiográfica disponible. Posteriormente, el resultado debe revisarse a lo largo de las distintas fases del ciclo cardíaco para verificar que la relación entre anatomía y flujo se mantenga en niveles razonables.

Este proceso presenta deficiencias críticas:

- **Diferencias espaciales:** La anatomía segmentada en SAX puede quedar desplazada respecto del volumen de *4D Flow MRI*, afectando la relación entre cavidad ventricular y campo de velocidades.
- **Poca reproducibilidad:** El ajuste depende del criterio del observador, lo que dificulta la estandarización del procedimiento y la comparación entre estudios.
- **Consumo de tiempo:** La revisión manual de la alineación entre modalidades consume tiempo y limita la posibilidad de aplicar el proceso sobre bases de datos más extensas.
- **Diferencias temporales:** SAX y *4D Flow MRI* pueden presentar distinto número de fases, distinta resolución temporal y distinto instante fisiológico de referencia, lo que dificulta establecer una alineación fase a fase directa.

Estas inconsistencias suelen hacerse más evidentes en regiones anatómicas como la base y el ápex cardíaco, donde el movimiento y la resolución espacial pueden comprometer la calidad del alineamiento.

1.4. Definición del problema

Se requiere alinear espacial y temporalmente las imágenes SAX cine y los datos de *4D Flow MRI*, de modo que la anatomía ventricular segmentada esté representada en el mismo dominio donde se encuentran definidos los campos de velocidad. Debido a las diferencias en movimiento respiratorio, resolución, orientación, discretización temporal y condiciones de adquisición, la matriz afín derivada de los metadatos DICOM no resulta suficiente para asegurar una alineación anatómica adecuada entre ambas modalidades.

El problema, por tanto, no consiste únicamente en transformar coordenadas entre dos volúmenes, sino en construir un pipeline que permita proyectar la segmentación SAX, refinar su alineamiento respecto de una referencia de flujo, preservar una relación coherente a lo largo del ciclo cardíaco y generar una geometría ventricular sobre la cual puedan incorporarse las velocidades provenientes del *4D Flow MRI*.

La evidencia de una mala alineación se observa visualmente cuando las cavidades ventriculares segmentadas no se ubican en regiones compatibles con la señal de flujo.

1.5. Consecuencias si no se soluciona

Si el problema de desalineamiento persiste, se generan las siguientes consecuencias:

- **Alineación incorrecta entre anatomía y velocidad:** Una segmentación mal alineada puede vincular el campo de velocidades con regiones que no corresponden a la cavidad ventricular, afectando cualquier interpretación anatómico-funcional posterior.
- **Resultados dependientes del observador:** Sin un procedimiento estandarizado de inicialización, registro y revisión visual, el alineamiento queda condicionado por el criterio de cada observador, dificultando la reproducibilidad del proceso.
- **Limitación para escalar el análisis:** Si el alineamiento permanece completamente manual, el procesamiento de nuevas bases de datos se vuelve costoso y poco práctico, restringiendo el uso del pipeline a estudios exploratorios de baja escala.
- **Dificultad para generar geometrías funcionales confiables:** Una mala alineación espacial afecta la reconstrucción de modelos geométricos tridimensionales de los ventrículos y la posterior proyección de velocidades sobre ellos, lo que invalida los cálculos hemodinámicos derivados de dicha geometría.

1.6. Objetivo de una solución

1.6.1. Objetivo General

Definir y evaluar una metodología semi-automática de registro rígido para la alineación espacial y temporal de secuencias multimodales de resonancia magnética cardíaca SAX y *4D Flow MRI*, refinando la alineación geométrica inicial derivada de metadatos DICOM y permitiendo la proyección coherente de velocidades sobre una geometría ventricular reconstruida.

1.6.2. Objetivos Específicos

1. Generar modelos tridimensionales de los ventrículos a partir de imágenes SAX cine segmentadas mediante redes neuronales.
2. Implementar un método de registro rígido en MATLAB que mejore la alineación espacial inicial obtenida desde los metadatos DICOM, utilizando una fase de referencia del ciclo cardíaco.
3. Garantizar la consistencia temporal del alineamiento, propagando la transformación obtenida en la fase de referencia al resto de las fases del ciclo cardíaco.
4. Evaluar la consistencia del método mediante inspección visual, métricas de distancia y comparación volumétrica, considerando además la coherencia de la proyección de velocidades sobre la geometría ventricular reconstruida.

1.6.3. Alcance

El alcance de esta memoria se limita a las siguientes condiciones:

- **Tipo de registro:** Únicamente registro rígido, compuesto por traslaciones y rotaciones, con el fin de preservar la geometría original de la segmentación.
- **Foco anatómico:** Análisis centrado en el ventrículo izquierdo (VI) y ventrículo derecho (VD).
- **Herramientas:** Desarrollo basado en scripts de MATLAB para el procesamiento, reconstrucción, registro y evaluación del pipeline.
- **Exclusiones:**
    - No se aborda el desarrollo de algoritmos de segmentación, ya que se utiliza una red neuronal preentrenada.

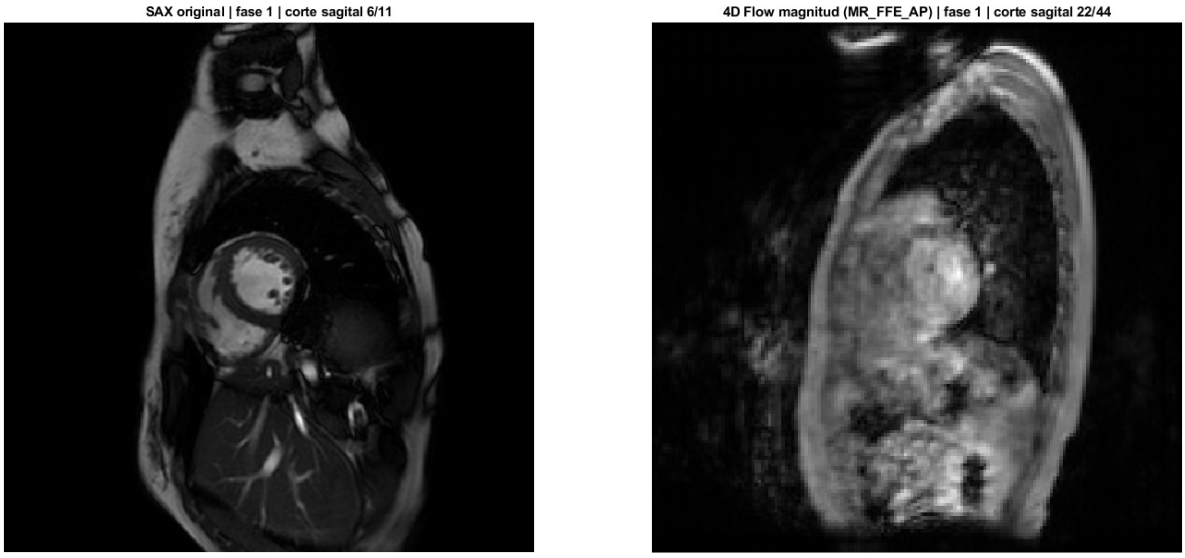
- No se realiza registro deformable o no lineal.
- No se calculan ni validan parámetros hemodinámicos clínicos avanzados; el trabajo se limita a proyectar velocidades sobre la geometría ventricular reconstruida y evaluar la coherencia técnica de dicha proyección.
- No se realiza una validación clínica diagnóstica ni se pretende sustituir el criterio médico profesional.

CAPÍTULO 2
MARCO CONCEPTUAL

2.1. Imágenes cardíacas SAX y 4D Flow MRI

La resonancia magnética cardíaca permite estudiar el corazón mediante distintos tipos de secuencias de imágenes, dependiendo de la información que se desea obtener. En este trabajo se consideran dos modalidades complementarias de imágenes: las imágenes cine de eje corto (*Short-Axis*, SAX), usadas principalmente para el análisis anatómico y funcional de los ventrículos, y las imágenes de *4D Flow MRI*, usadas para la medición tridimensional del campo de velocidades sanguíneas a lo largo del ciclo cardíaco [Markl *et al.*, 2012, Dyverfeldt *et al.*, 2015].

Las imágenes SAX corresponden a cortes transversales del corazón que permiten observar la morfología y contracción ventricular en distintas fases cardíacas. Debido a su mayor contraste entre sangre y miocardio, estas imágenes son utilizadas frecuentemente como referencia anatómica para la segmentación de cavidades cardíacas. En particular, permiten delimitar estructuras como el ventrículo izquierdo, el ventrículo derecho y el miocardio, las cuales pueden ser representadas posteriormente mediante máscaras, superficies o mallas tridimensionales. La Figura 1 muestra la diferencia visual entre ambas modalidades.



(a) (b)

Figura 1: Comparación entre ambas modalidades de imagen. (a) Corte SAX cine, que presenta alto contraste entre sangre y miocardio, permitiendo distinguir las cavidades ventriculares. (b) Imagen de *4D Flow MRI*, con menor resolución anatómica pero que contiene información de velocidad del flujo sanguíneo. Fuente: Elaboración propia.

Por otro lado, el *4D Flow MRI* permite cuantificar las tres componentes de velocidad del flujo sanguíneo dentro de un volumen tridimensional durante el ciclo cardíaco. Esta técnica entrega información dinámica que no se encuentra disponible en las secuencias cine convencionales, permitiendo estudiar patrones de flujo y parámetros hemodinámicos. Sin embargo, su contraste anatómico suele ser insuficiente para segmentar directamente las cavidades ventriculares con la precisión requerida para análisis localizados.

Esta diferencia entre ambas modalidades explica la necesidad de trabajar de forma combinada: la secuencia SAX aporta la anatomía segmentada, mientras que el *4D Flow MRI* aporta la información de velocidad. No obstante, al tratarse de adquisiciones independientes, ambas pueden diferir en resolución espacial, resolución temporal, orientación, posición del corazón y condiciones respiratorias. Por esta razón, la integración de ambas fuentes requiere procesos de sincronización temporal y registro espacial antes de transferir las máscaras anatómicas al dominio del flujo.

2.2. Segmentación anatómica y alineación entre modalidades

La segmentación de imágenes médicas consiste en identificar regiones anatómicas de interés dentro de una imagen. En el caso cardíaco, esta tarea permite aislar cavidades y tejidos específicos, como los ventrículos y el miocardio, generando máscaras que representan de forma estructurada la anatomía. Dichas máscaras son fundamentales para restringir el análisis de flujo a una región particular del corazón o para construir modelos geométricos a partir de la imagen original.

La segmentación automática basada en redes neuronales convolucionales ha permitido reducir la dependencia de segmentaciones manuales, especialmente en imágenes cine cardíacas [Bai *et al.*, 2018]. Estos modelos aprenden patrones espaciales desde datos previamente anotados y generan máscaras anatómicas para múltiples fases del ciclo cardíaco. Sin embargo, la segmentación automática requiere revisión, ya que errores locales en los contornos pueden propagarse hacia procesos posteriores de reconstrucción, registro o análisis hemodinámico.

Cuando la segmentación proviene de una secuencia SAX y el flujo se obtiene desde una secuencia *4D Flow MRI*, el problema central no es únicamente segmentar, sino alinear ambas modalidades de forma válida [Zhao *et al.*, 2024]. Esta alineación tiene dos dimensiones. La primera es temporal, dado que ambas secuencias pueden tener distinto número de fases cardíacas o marcas temporales. La segunda es espacial, ya que las adquisiciones pueden no compartir la misma posición física del corazón. Solo al resolver ambas diferencias es posible proyectar la anatomía segmentada sobre el volumen de flujo de manera consistente.

2.3. Representación espacial de imágenes médicas

Una imagen médica volumétrica no solo contiene valores de intensidad, sino también información geométrica que permite ubicar cada vóxel en una posición física dentro del cuerpo del paciente. Esta información se almacena en los metadatos del formato DICOM y es fundamental para integrar adquisiciones obtenidas de forma independiente, como las secuencias SAX y *4D Flow MRI* [National Electrical Manufacturers Association (NEMA), 2024].

2.3.1. Sistema de coordenadas de referencia del paciente

El estándar DICOM define un sistema de coordenadas de referencia (RCS, *Reference Coordinate System*) orientado respecto del paciente [National Electrical Manufacturers Association (NEMA), 2024, Sharma, 2021]:

- El eje X positivo apunta hacia la **izquierda** del paciente.
- El eje Y positivo apunta hacia la **parte posterior** del paciente (de anterior a posterior).
- El eje Z positivo apunta hacia la **cabeza** del paciente (de inferior a superior).

Este sistema, conocido como convención LPS (*Left*, *Posterior*, *Superior*), permite expresar la posición y orientación de cualquier imagen en coordenadas físicas (milímetros) relativas al paciente. La Figura 2 ilustra la disposición de estos ejes sobre el cuerpo del paciente.

2.3.2. Módulo de plano de imagen (*Image Plane Module*)

Cada corte bidimensional de una adquisición DICOM se ubica en el espacio tridimensional del paciente mediante cuatro atributos principales [National Electrical Manufacturers Association (NEMA), 2024, Sharma, 2021]:

- `ImagePositionPatient` (IPP): coordenadas (S_x, S_y, S_z) del centro del primer vóxel transmitido del corte, en milímetros respecto del RCS. Define dónde se encuentra el corte en el espacio.
- `ImageOrientationPatient` (IOP): dos vectores unitarios (cosenos directores) que indican la dirección de las filas $\hat{\mathbf{X}} = (X_x, X_y, X_z)$ y las columnas $\hat{\mathbf{Y}} = (Y_x, Y_y, Y_z)$ del arreglo de píxeles respecto del RCS. Define **cómo** está orientado el corte en el espacio. El tercer eje (normal al plano) se obtiene como $\hat{\mathbf{n}} = \hat{\mathbf{X}} \times \hat{\mathbf{Y}}$.

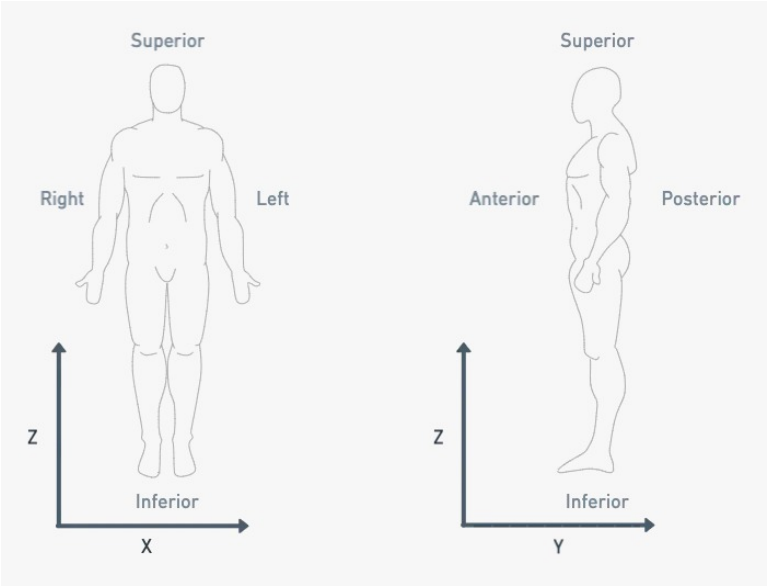


Figura 2: Sistema de Coordenadas de Referencia del Paciente (RCS). Define los ejes anatómicos estándar para la adquisición de imágenes: el eje X (Izquierda/Derecha), el eje Y (Anterior/Posterior) y el eje Z (Inferior/Superior). Fuente: [Sharma, 2021].

- `PixelSpacing`: distancia física en milímetros entre centros de vóxeles consecutivos a lo largo de las filas (Δi) y las columnas (Δj). Define el tamaño de cada vóxel en el plano de imagen.
- `SliceThickness`: espesor del corte en milímetros (Δs). Define la dimensión del vóxel en la dirección normal al plano de imagen.

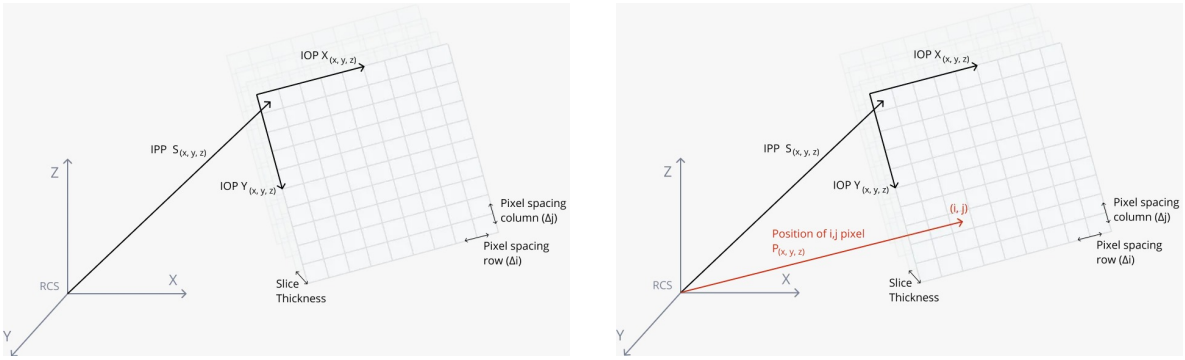
La Figura 3(a) muestra cómo el plano de imagen se ubica en el espacio tridimensional del paciente mediante el vector de posición IPP y los vectores directores IOP.

2.3.3. Transformación de vóxel a coordenadas físicas

Con los atributos descritos, es posible calcular la posición física de cualquier vóxel (i, j) de un corte en el sistema de coordenadas del paciente. Como muestra la Figura 3(b), la posición se obtiene sumando al origen del corte (IPP) los desplazamientos a lo largo de las direcciones de fila y columna, escalados por el *Pixel Spacing*. La ecuación resultante es:

$$\begin{bmatrix} P_x \\ P_y \\ P_z \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} S_x \\ S_y \\ S_z \end{bmatrix} + i\,\Delta i \begin{bmatrix} X_x \\ X_y \\ X_z \end{bmatrix} + j\,\Delta j \begin{bmatrix} Y_x \\ Y_y \\ Y_z \end{bmatrix} \tag{1}$$

donde $\mathbf{S} = (S_x, S_y, S_z)^T$ es el `ImagePositionPatient`, $\hat{\mathbf{X}}$ y $\hat{\mathbf{Y}}$ son los cosenos directores del `ImageOrientationPatient`, Δi y Δj son los valores de `PixelSpacing`, e (i, j) son los índices del vóxel en la matriz de imagen.



(a) Vectores de Orientación (IPP e IOP) (b) Posición Física del Píxel (i, j)

Figura 3: Mapeo espacial de un plano de imagen DICOM. (a) El corte se ubica en el espacio tridimensional del paciente mediante un vector de posición inicial (IPP) y dos vectores directores que definen la orientación de sus filas y columnas (IOP). (b) Geometría utilizada para calcular la coordenada física tridimensional de cualquier píxel (i, j) de la matriz bidimensional. Fuente: [Sharma, 2021].

Para un volumen tridimensional completo, se incorpora la tercera dimensión mediante el vector normal $\hat{\mathbf{n}} = \hat{\mathbf{X}} \times \hat{\mathbf{Y}}$ y el espesor de corte Δs. La transformación afín completa para un vóxel (i, j, k) queda:

$$\begin{bmatrix} P_x \\ P_y \\ P_z \end{bmatrix} = \underbrace{\begin{bmatrix} X_x \cdot \Delta i & Y_x \cdot \Delta j & n_x \cdot \Delta s \\ X_y \cdot \Delta i & Y_y \cdot \Delta j & n_y \cdot \Delta s \\ X_z \cdot \Delta i & Y_z \cdot \Delta j & n_z \cdot \Delta s \end{bmatrix}}_{\mathbf{M}} \begin{bmatrix} i \\ j \\ k \end{bmatrix} + \underbrace{\begin{bmatrix} S_x \\ S_y \\ S_z \end{bmatrix}}_{\mathbf{t}} \tag{2}$$

donde **M** es la matriz que incorpora la orientación y el espaciado en las tres dimensiones, y **t** es el vector de posición del origen del volumen. En forma compacta, esta transformación se escribe como $\mathbf{P} = \mathbf{M} \cdot \mathbf{v} + \mathbf{t}$, donde $\mathbf{v} = (i, j, k)^T$. Esta ecuación permite convertir cualquier índice de vóxel en una posición física en milímetros dentro del espacio del paciente, lo que es necesario para alinear adquisiciones obtenidas con distintas geometrías.

2.3.4. Normalización de orientación

Además de la transformación geométrica definida por los metadatos, es necesario considerar las convenciones de orientación e indexación utilizadas por cada volumen. Dos arreglos pueden representar la misma región anatómica y visualizarse con ejes permutados, cortes

presentados en orden opuesto (inferior-superior vs. superior-inferior) o ejes espaciales reflejados respecto de la convención LPS [Sharma, 2021]. Estas diferencias no indican un problema de registro, sino que se originan en la forma en que cada secuencia almacena y ordena los datos del volumen adquirido. Por ello, antes de aplicar un método de registro espacial, es necesario normalizar la orientación de los volúmenes y, si corresponde, definir una inicialización geométrica que acerque las estructuras a alinear.

2.4. Interpolación y remuestreo de imágenes médicas

Cuando se integran dos adquisiciones con distinta resolución o posición espacial, es necesario transferir información desde una grilla de origen hacia una grilla de destino. Este proceso se denomina remuestreo y requiere estimar valores en ubicaciones que no coinciden exactamente con los puntos de la imagen original. La elección del método de interpolación depende del tipo de dato que se transfiere [Lehmann *et al.*, 1999, Maintz y Viergever, 1998].

2.4.1. Interpolación de imágenes de intensidad continua

Para imágenes donde los valores de vóxel representan magnitudes continuas, como una imagen anatómica o una imagen de magnitud de *4D Flow MRI*, se utiliza interpolación trilineal [Lehmann *et al.*, 1999]. Este método estima el valor en un punto arbitrario del espacio como una combinación ponderada de los ocho vóxeles vecinos más cercanos en la grilla tridimensional. Para un punto $\mathbf{p} = (x, y, z)$ ubicado dentro de un cubo definido por vóxeles conocidos, el valor interpolado se calcula como:

$$f(\mathbf{p}) = \sum_{i=0}^{1} \sum_{j=0}^{1} \sum_{k=0}^{1} w_{ijk} \cdot f(x_i, y_j, z_k) \tag{3}$$

donde w_{ijk} son pesos proporcionales a la distancia del punto **p** respecto de cada vértice del cubo, y $f(x_i, y_j, z_k)$ son los valores conocidos en los vóxeles vecinos. Este método produce transiciones suaves entre vóxeles y es adecuado para señales de intensidad continua.

2.4.2. Remuestreo de máscaras de segmentación

Cuando los valores de vóxel representan etiquetas anatómicas discretas (por ejemplo, 1 para ventrículo izquierdo, 2 para ventrículo derecho, 3 para miocardio), la interpolación aritmética genera valores intermedios (como 1.5) que no corresponden a ninguna estructura anatómica. Por ello, se utilizan estrategias discretas como el vecino más cercano (*nearest*

neighbor), que asigna a cada punto de la grilla de destino la etiqueta del vóxel más próximo en la grilla de origen [Lehmann *et al.*, 1999]:

$$f(\mathbf{p}) = f(\mathbf{v}^*), \qquad \mathbf{v}^* = \arg\min_{\mathbf{v}_i} \|\mathbf{p} - \mathbf{v}_i\| \tag{4}$$

donde $\mathbf{v}^*$ es el vóxel de la grilla de origen cuya posición es más cercana al punto de destino $\mathbf{p}$. Este método preserva la identidad de cada clase sin crear valores intermedios, lo que es fundamental para mantener la integridad anatómica de la segmentación durante el cambio de resolución.

La distinción entre ambos métodos es relevante en este trabajo porque el pipeline transfiere simultáneamente imágenes de intensidad y máscaras de segmentación desde el espacio SAX hacia el espacio del *4D Flow MRI*. Aplicar interpolación trilineal sobre una máscara de segmentación mezclaría etiquetas de distintas estructuras, mientras que aplicar vecino más cercano sobre una imagen de intensidad introduciría discontinuidades artificiales en la señal.

2.5. Registro rígido multimodal de imágenes médicas

El registro de imágenes médicas consiste en estimar una transformación geométrica que permita alinear una imagen móvil con una imagen fija dentro de un sistema de referencia común. Este procedimiento es necesario cuando se integran imágenes adquiridas en momentos, secuencias o modalidades distintas, ya que pueden existir diferencias de posición, orientación, resolución o contraste entre ellas [Maintz y Viergever, 1998, Zitová y Flusser, 2003].

En el caso de una transformación rígida tridimensional, el alineamiento se restringe a rotaciones y traslaciones. Para un punto espacial $\mathbf{x}$, esta transformación se expresa como:

$$T(\mathbf{x}) = R\,\mathbf{x} + \mathbf{t} \tag{5}$$

donde $R \in \mathbb{R}^{3\times3}$ es una matriz de rotación y $\mathbf{t} \in \mathbb{R}^3$ es un vector de traslación. Este tipo de registro preserva distancias y ángulos, por lo que resulta adecuado para corregir diferencias globales de posición y orientación entre adquisiciones, sin modificar localmente la forma de la anatomía. La Figura 4 ilustra el efecto de aplicar una transformación rígida sobre dos imágenes inicialmente desalineadas.

Cuando las imágenes provienen de modalidades distintas, la elección de la métrica de similitud es un aspecto central del registro. Métricas basadas en igualdad directa de intensidades, como SSD o SAD, resultan inadecuadas si las imágenes no comparten el mismo contraste físico. En este contexto, la información mutua (*Mutual Information*, MI) se utiliza frecuentemente en registro multimodal, ya que mide la dependencia estadística entre las distribuciones de intensidad sin exigir una relación lineal entre ellas [Viola y Wells III, 1997, Maes *et al.*, 1997].

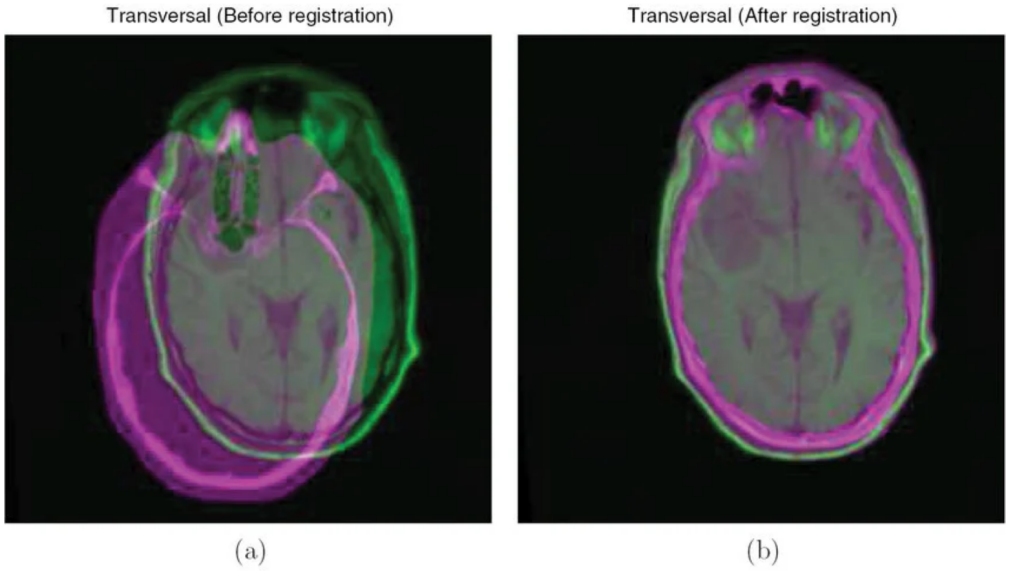


Figura 4: Ejemplo de registro rígido de imágenes médicas en un corte transversal del cerebro. (a) Antes del registro, se observa un desfase espacial entre las imágenes (representadas en colores verde y magenta). (b) Después del registro, las estructuras anatómicas y los contornos del cráneo quedan correctamente alineados. Fuente: Elaboración propia.

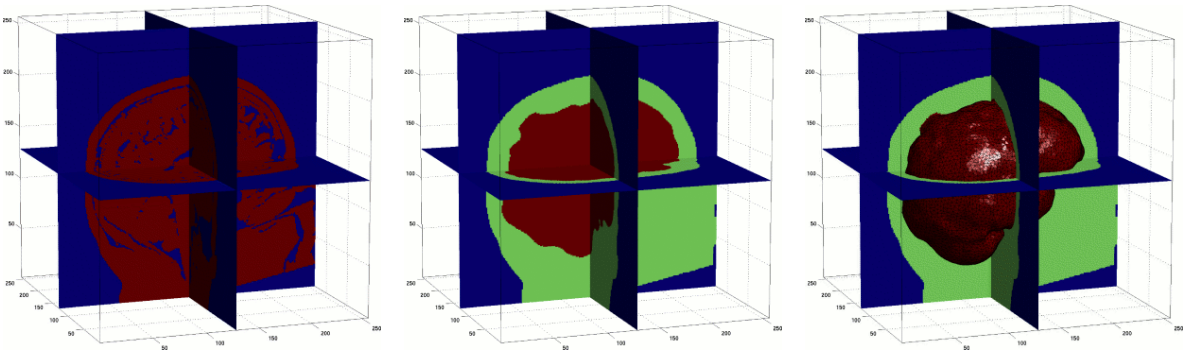
En esta memoria, el registro rígido se utiliza para refinar la alineación espacial entre la anatomía segmentada desde SAX y una referencia derivada del *4D Flow MRI*. Dado que las diferencias entre ambas adquisiciones se deben principalmente al movimiento respiratorio y a variaciones en el posicionamiento del paciente, una transformación rígida es suficiente para corregir estos desplazamientos globales sin alterar la geometría de la segmentación.

2.6. Reconstrucción geométrica y mallas volumétricas

Una segmentación volumétrica representa una estructura anatómica mediante vóxeles etiquetados. Esta representación es adecuada para identificar regiones dentro de una imagen, pero resulta limitada cuando se requiere realizar análisis geométricos, visualizaciones tridimensionales o interpolación de campos físicos sobre una anatomía continua [Taylor y Figueroa, 2009]. Por ello, en procesamiento de imágenes médicas es habitual transformar las máscaras segmentadas en superficies y posteriormente en mallas volumétricas.

Una malla superficial describe la frontera de una estructura mediante vértices y caras, usualmente triangulares. Una malla volumétrica, en cambio, representa también el interior del dominio anatómico, dividiéndolo en elementos simples como tetraedros. Esta representación permite asignar información a nodos o elementos internos del volumen, lo que resulta útil para interpolación de datos y visualización de variables espaciales dentro de la cavidad. La Figura 5 ilustra esta progresión, desde el volumen original hasta la malla volumétrica re-

sultante.



(a) (b) (c)

Figura 5: Progresión de la reconstrucción geométrica a partir de imágenes médicas (ejemplo generado con Iso2Mesh [Fang y Boas, 2009] sobre un modelo cefálico). (a) Planos ortogonales del volumen de datos original. (b) Máscara de segmentación (vóxeles etiquetados) que delimita las distintas regiones anatómicas. (c) Malla volumétrica generada a partir de los datos segmentados, definiendo un dominio computacional continuo. Fuente: Iso2Mesh.

En el caso cardíaco, las mallas tetraédricas permiten representar los ventrículos como dominios tridimensionales derivados de una segmentación anatómica. Su calidad depende de la superficie de entrada, de la regularidad de los elementos generados y del nivel de detalle requerido. Una malla demasiado dispersa puede perder información geométrica relevante, mientras que una malla demasiado densa aumenta el costo computacional y puede dificultar el procesamiento posterior.

Para construir estas mallas desde imágenes médicas se utilizan herramientas capaces de convertir superficies cerradas en dominios tetraédricos. Iso2Mesh, por ejemplo, genera mallas superficiales y volumétricas a partir de datos segmentados, integrando herramientas de tetraedralización compatibles con flujos de trabajo en MATLAB [Fang y Boas, 2009]. En este proceso, la reconstrucción geométrica define el dominio computacional sobre el cual se proyectarán posteriormente variables funcionales, como las velocidades medidas mediante *4D Flow MRI*.

Una vez generada la malla, los campos definidos originalmente sobre una grilla regular pueden transferirse a sus nodos mediante interpolación espacial. En el contexto de esta memoria, esto permite asignar a cada nodo ventricular un vector de velocidad proveniente del *4D Flow MRI*, integrando así la anatomía reconstruida desde SAX con la información funcional del flujo [Sotelo *et al.*, 2022].

2.7. Métricas de consistencia geométrica y funcional

La evaluación de un pipeline de registro y reconstrucción geométrica requiere métricas que permitan verificar si las representaciones generadas mantienen coherencia con las estructuras anatómicas originales. En este contexto, las métricas no se interpretan como una validación clínica diagnóstica, sino como indicadores técnicos de consistencia entre segmentaciones, mallas y campos de velocidad.

Una primera familia de métricas corresponde a las medidas de solapamiento volumétrico. Entre ellas se encuentra el coeficiente de Dice, utilizado extensamente en procesamiento de imágenes médicas para comparar dos regiones binarias [Taha y Hanbury, 2015]. Dadas dos máscaras A y B, el coeficiente se define como:

$$\text{Dice}(A, B) = \frac{2|A \cap B|}{|A| + |B|} \tag{6}$$

Un valor cercano a 1 indica alto solapamiento entre ambas regiones, mientras que un valor cercano a 0 indica escasa alineación espacial.

Además del solapamiento, es necesario considerar diferencias de superficie. Para ello se utilizan métricas basadas en distancia entre conjuntos de puntos. La distancia de Hausdorff mide la mayor discrepancia entre dos superficies y se define como [Huttenlocher *et al.*, 1993]:

$$d_H(A, B) = \max \left\{ \sup_{a \in A} \inf_{b \in B} d(a, b),\ \sup_{b \in B} \inf_{a \in A} d(a, b) \right\} \tag{7}$$

donde A y B representan conjuntos de puntos superficiales y $d(a, b)$ corresponde a la distancia euclidiana entre puntos. Esta métrica es sensible a errores localizados, por lo que resulta útil para detectar discrepancias máximas entre una malla y una segmentación de referencia.

Como complemento, puede calcularse una distancia media de superficie, que resume el error promedio entre ambas superficies mediante distancias mínimas recíprocas [Taha y Hanbury, 2015]. A diferencia de la distancia de Hausdorff, esta métrica entrega una medida más estable de la separación global entre las superficies comparadas, ya que no depende únicamente del peor caso observado.

Otra medida relevante corresponde a la consistencia volumétrica. En el caso de una malla tetraédrica, el volumen puede estimarse como la suma de los volúmenes de sus elementos. Este valor puede compararse con el volumen obtenido desde una segmentación binaria, calculado a partir del número de vóxeles etiquetados y el volumen físico de cada vóxel. La diferencia entre ambos permite evaluar si la reconstrucción geométrica preserva adecuadamente el tamaño de la cavidad ventricular.

Finalmente, cuando se proyecta un campo de velocidades sobre una malla, la evaluación funcional consiste en verificar que los datos de velocidad se hayan transferido correctamente sobre la geometría ventricular reconstruida. Esto implica comprobar que los vectores de velocidad queden definidos dentro de la malla, que no existan valores anómalamente altos o nulos en regiones donde se espera flujo activo, y que la evolución temporal de la malla sea comparable con eventos funcionales globales, como fin de diástole y fin de sístole [Sotelo *et al.*, 2022]. En esta memoria, esta revisión funcional no pretende reemplazar un análisis hemodinámico clínico, sino comprobar que la salida generada por el pipeline es utilizable para análisis posteriores.

2.8. Herramientas computacionales y formatos de visualización científica

El procesamiento de imágenes médicas y mallas tridimensionales requiere herramientas capaces de manejar volúmenes, segmentaciones, geometrías y campos vectoriales. En esta memoria, MATLAB se utiliza como entorno principal de desarrollo, debido a su capacidad para manipular arreglos multidimensionales, aplicar interpolaciones, procesar imágenes volumétricas y construir estructuras geométricas a partir de datos médicos.

Para la visualización de los resultados, se utilizan formatos de la familia VTK (*Visualization Toolkit*), ampliamente adoptados en visualización científica para representar datos volumétricos, mallas y campos escalares o vectoriales [Schroeder *et al.*, 2006]. Estos formatos permiten inspeccionar los resultados en herramientas como ParaView, facilitando la revisión de la geometría, la segmentación y los campos de velocidad.

Dentro de esta familia, el formato `VTI` se utiliza para datos de tipo *ImageData*, es decir, volúmenes definidos sobre una grilla regular. Este tipo de representación es adecuado para almacenar imágenes voxelizadas, segmentaciones, volúmenes de magnitud o campos vectoriales definidos sobre una grilla cartesiana. Los formatos `VTK` o `VTU`, en cambio, permiten representar mallas no estructuradas, como mallas tetraédricas, mediante nodos, conectividad de elementos y datos asignados a puntos o celdas.

Cuando los datos representan una secuencia temporal, puede utilizarse un archivo `PVD` como índice de colección. Este archivo no contiene los datos volumétricos o geométricos, sino que referencia una serie de archivos y les asigna un *timestep*. De esta manera, una secuencia fase a fase puede visualizarse en ParaView como una evolución temporal continua.

En el contexto de esta memoria, estos formatos permiten separar dos representaciones complementarias del resultado: una representación volumétrica regular, para inspeccionar segmentaciones, magnitud, angiografía y velocidades sobre grilla; y una representación mallada, para revisar la geometría tetraédrica ventricular y los campos proyectados sobre sus nodos.

CAPÍTULO 3
PROPUESTA DE SOLUCIÓN

3.1. Datos de entrada

La metodología propuesta utiliza dos secuencias de resonancia magnética cardíaca adquiridas dentro de un mismo estudio: una secuencia cine de eje corto (*Short-Axis*, SAX) y una adquisición de *4D Flow MRI*. La secuencia SAX se utiliza como referencia anatómica para obtener las máscaras ventriculares, mientras que el *4D Flow MRI* proporciona los volúmenes de magnitud y las componentes de velocidad necesarias para el análisis del flujo.

La secuencia SAX disponible está compuesta por imágenes de dimensión $512 \times 512 \times 13 \times 24$, correspondientes a 13 cortes y 24 fases del ciclo cardíaco. Su resolución espacial en el plano es de $0{,}70 \times 0{,}70$ mm^2, con un espesor de corte de 10 mm y un intervalo temporal aproximado de 40.85 ms entre fases. Esta secuencia constituye la base anatómica del pipeline, ya que desde ella se obtienen las segmentaciones del ventrículo izquierdo (VI), ventrículo derecho (VD) y miocardio.

La adquisición de *4D Flow MRI* contiene un volumen de magnitud y tres volúmenes de velocidad codificados en fase, correspondientes a las direcciones anterior-posterior, pies-cabeza y derecha-izquierda. Sus dimensiones son $160 \times 160 \times 50 \times 21$, con una resolución espacial de $2{,}125 \times 2{,}125 \times 3{,}0$ mm^3, 21 fases cardíacas nativas, un intervalo temporal cercano a 42 ms y un *VENC* de 448 cm/s. A partir de estos datos se genera además una imagen IPCMRA mediante la *4D-Flow-Matlab-Toolbox* [Sotelo, 2025], la cual se utiliza como referencia visual para inspeccionar la alineación entre la anatomía segmentada y la señal de flujo intracardíaco. La Tabla 1 resume los parámetros de adquisición de ambas secuencias.

Tabla 1: Parámetros de adquisición de las secuencias SAX cine y 4D Flow MRI.

Parámetro	**SAX cine**	**4D Flow MRI**
Dimensiones (vóxeles)	$512 \times 512 \times 13$	$160 \times 160 \times 50$
Fases cardíacas	24	21 (nativas)
Resolución en plano (mm^2)	$0{,}70 \times 0{,}70$	$2{,}125 \times 2{,}125$
Espesor de corte (mm)	10.0	3.0
Intervalo temporal (ms)	$\approx$40.85	$\approx$42
VENC (cm/s)	—	448

Además de los volúmenes de imagen, se utilizan los metadatos DICOM de cada secuencia. En particular, se consideran los campos `ImagePositionPatient`, `ImageOrientationPatient`, `PixelSpacing` y `SpacingBetweenSlices` o `SliceThickness`, ya que permiten reconstruir la posición y orientación de los cortes en coordenadas físicas del paciente. Esta información es necesaria para que el registro no

dependa únicamente de coordenadas de vóxel, sino de una representación geométrica consistente entre modalidades.

La validación experimental se realiza sobre datos anonimizados de cuatro pacientes con miocardiopatía hipertrófica, tanto obstructiva como no obstructiva. Dado que no se dispone de sujetos sanos en la cohorte, el pipeline se evalúa exclusivamente sobre anatomías patológicas, lo que permite observar su comportamiento frente a variaciones reales en la geometría ventricular.

En esta memoria se distingue entre coordenadas físicas del paciente y coordenadas del espacio de trabajo del pipeline. Los metadatos DICOM se utilizan para establecer la alineación espacial inicial entre SAX y *4D Flow MRI*. Sin embargo, las etapas posteriores de reconstrucción geométrica, interpolación de velocidades y exportación de resultados (mallas, segmentaciones y campos de velocidad en formatos VTK) se realizan sobre una grilla computacional del volumen de *4D Flow MRI*, expresada en coordenadas de imagen escaladas por el tamaño de vóxel. Esta decisión permite mantener consistencia con el dominio donde se encuentran definidos los campos de velocidad y con los formatos de salida utilizados para visualización y validación.

3.2. Segmentación automática de las imágenes SAX

La primera etapa del pipeline consiste en obtener las máscaras anatómicas de la secuencia SAX. El desarrollo de un nuevo algoritmo de segmentación no forma parte del aporte de este trabajo, por lo que se utiliza un modelo preentrenado basado en redes neuronales convolucionales, desarrollado por León [León *et al.*, 2023].

El modelo recibe como entrada los cortes de la secuencia SAX cine y genera como salida una máscara para cada combinación de corte y fase cardíaca. Cada máscara delimita tres estructuras anatómicas: ventrículo izquierdo (VI), ventrículo derecho (VD) y miocardio. Este proceso se ejecuta sobre los 13 cortes y las 24 fases del estudio, obteniéndose un volumen de etiquetas de dimensión $512 \times 512 \times 13 \times 24$.

En la Figura 6 se muestra un ejemplo del resultado obtenido sobre un corte SAX representativo. Las regiones coloreadas corresponden al ventrículo izquierdo, ventrículo derecho y miocardio, sobre la imagen anatómica original.

Estas máscaras se utilizan como referencia anatómica para las etapas posteriores del pipeline. A partir de ellas se extraen contornos, se reconstruyen superficies y se generan modelos geométricos que luego deben ser transferidos hacia el espacio del *4D Flow MRI*. Por esta razón, la calidad de la segmentación incide directamente en el resultado del registro. Cuando se observan errores puntuales, especialmente en cortes cercanos a la base o al ápex cardíaco, se contempla una revisión visual y la posibilidad de realizar correcciones manuales antes de continuar con la reconstrucción geométrica.

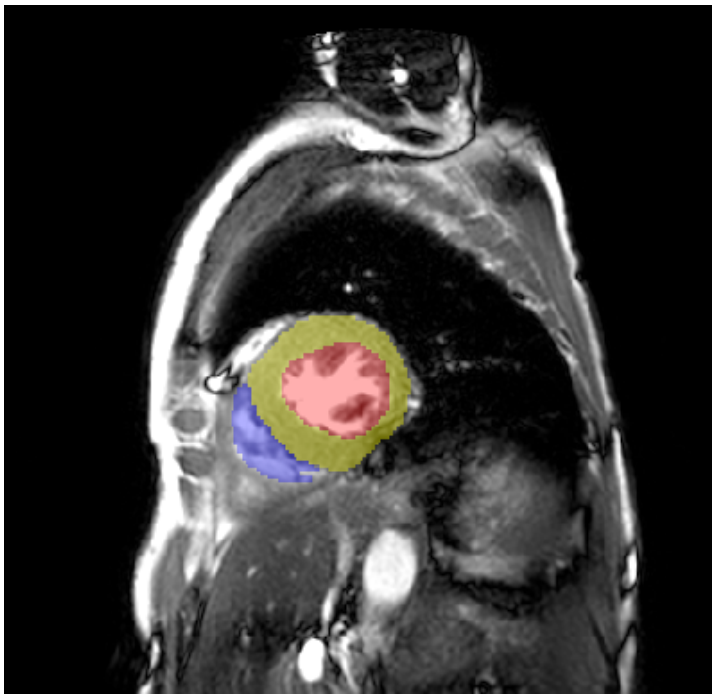


Figura 6: Resultado de la segmentación automática sobre un corte SAX cine. Rojo: ventrículo izquierdo (VI). Azul: ventrículo derecho (VD). Amarillo: miocardio. Fuente: Elaboración propia.

3.3. Sincronización temporal entre modalidades

Una vez obtenidas las máscaras anatómicas desde SAX, se sincronizan temporalmente los datos de *4D Flow MRI* con la secuencia anatómica. Esta etapa es necesaria porque ambas modalidades representan el ciclo cardíaco con distinta cantidad de fases: el SAX contiene 24 fases, mientras que el *4D Flow MRI* contiene 21 fases nativas. Por lo tanto, antes de realizar el alineamiento espacial, se remuestrea el flujo para que cada fase SAX tenga un volumen de magnitud y un campo de velocidades correspondiente.

Cada fase cardíaca posee una marca temporal conocida como *Trigger Time*, almacenada en los metadatos DICOM. A partir de estas marcas se construye un eje temporal para cada modalidad. Dado que las fases del SAX y del *4D Flow MRI* no coinciden en cantidad ni en sus instantes exactos, se utiliza interpolación lineal para estimar los valores de magnitud y de las tres componentes de velocidad del *4D Flow MRI* en cada uno de los 24 instantes temporales del SAX. De este modo, si una fase SAX cae entre dos fases originales del *4D Flow MRI*, su valor se calcula como una combinación proporcional de ambas fases vecinas.

Sin embargo, los metadatos espaciales de cada fase (posición y orientación de los cortes) no pueden interpolarse, ya que no representan magnitudes continuas. Para resolver esto, a cada fase interpolada se le asigna la metadata espacial de la fase original del *4D Flow MRI* cuyo *Trigger Time* sea el más cercano. La Figura 7 ilustra este proceso de sincronización,

mostrando la interpolación lineal aplicada a los datos de flujo y la asignación por vecino más cercano para los metadatos.

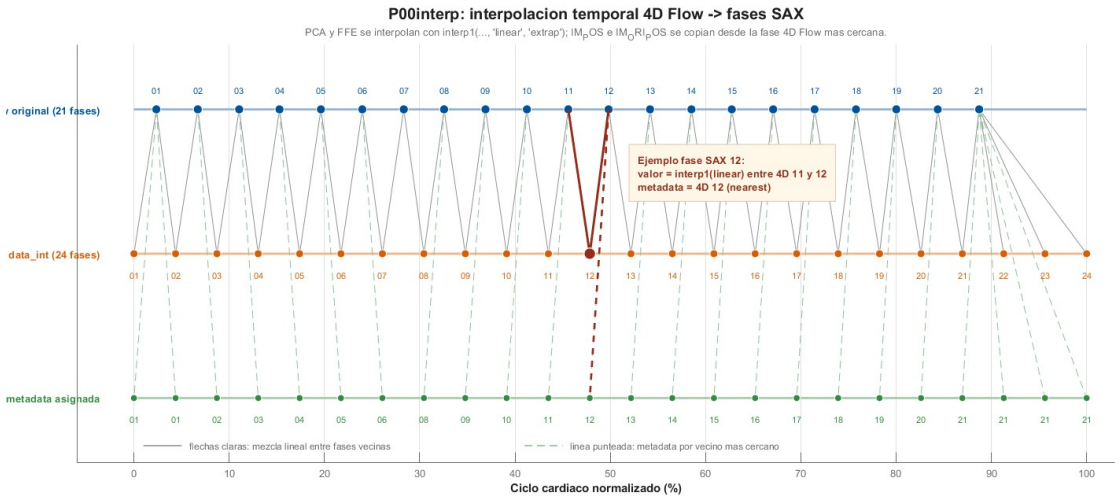


Figura 7: Esquema de interpolación temporal para sincronizar las fases de *4D Flow MRI* con las fases de la segmentación SAX a lo largo del ciclo cardíaco normalizado (eje horizontal, $0\,\%$–$100\,\%$). La línea azul (`v original`) representa las 21 fases originales del *4D Flow MRI*. La línea naranja (`data_int`) representa las 24 fases objetivo del SAX, cuyos valores de velocidad (PCA y FFE) se obtienen mediante interpolación lineal entre las fases originales adyacentes (líneas sólidas). La línea verde (`metadata asignada`) indica los metadatos espaciales heredados por cada fase interpolada, asignados por vecino más cercano (líneas punteadas). El recuadro central destaca el caso de la fase SAX 12, que interpola sus valores de velocidad desde las fases originales 11 y 12 (líneas rojas sólidas) y hereda los metadatos de la fase original 12 por ser la más próxima (línea roja punteada). Fuente: Elaboración propia.

El resultado de esta etapa es una versión temporalmente alineada del *4D Flow MRI*, donde cada fase SAX posee un volumen de magnitud y un campo de velocidades. Esta sincronización no corrige diferencias espaciales entre modalidades; únicamente prepara los datos para que el registro geométrico se realice fase a fase sobre información temporalmente comparable.

3.4. Alineamiento geométrico inicial a partir de metadatos DICOM

Luego de sincronizar temporalmente ambas modalidades, se realiza una primera proyección geométrica de la segmentación SAX hacia el espacio del *4D Flow MRI*. El volumen de *4D Flow* se define como referencia espacial fija, ya que sobre su grilla se encuentran los campos de velocidad utilizados en las etapas posteriores. La segmentación anatómica proveniente del SAX debe ser remuestreada hacia dicho dominio.

3.4.1. Reconstrucción de la geometría de adquisición

La ubicación espacial de ambas secuencias se reconstruye a partir de los metadatos DICOM, utilizando la transformación descrita en la Sección 2.3. En particular, se aplican los campos `ImagePositionPatient`, `ImageOrientationPatient`, `PixelSpacing` y `SliceThickness` para expresar los índices discretos de cada imagen en coordenadas físicas del paciente [National Electrical Manufacturers Association (NEMA), 2024].

Para la secuencia SAX, esta relación se reconstruye corte a corte, ya que cada plano de eje corto posee una posición específica dentro del volumen cardíaco. Para un corte s, la coordenada física de un punto (i, j) se calcula como:

$$\mathbf{p}^{\text{SAX}}(i, j, s) = \mathbf{S}_s + i \cdot \Delta i_s \, \hat{\mathbf{X}}_s + j \cdot \Delta j_s \, \hat{\mathbf{Y}}_s \tag{8}$$

donde $\mathbf{S}_s$ corresponde al `ImagePositionPatient` del corte, $\hat{\mathbf{X}}_s$ y $\hat{\mathbf{Y}}_s$ son los cosenos directores de filas y columnas obtenidos desde `ImageOrientationPatient`, y Δi_s, Δj_s representan el `PixelSpacing` del plano.

En el caso del *4D Flow MRI*, la geometría se reconstruye como un volumen tridimensional completo. Para cada punto (i, j, k) de su grilla, la posición física se define como:

$$\mathbf{p}^{\text{Flow}}(i, j, k) = \mathbf{S}^{\text{Flow}} + i \cdot \Delta i \, \hat{\mathbf{X}} + j \cdot \Delta j \, \hat{\mathbf{Y}} + k \cdot \Delta s \, \hat{\mathbf{n}} \tag{9}$$

donde $\hat{\mathbf{n}} = \hat{\mathbf{X}} \times \hat{\mathbf{Y}}$ es el vector normal al plano de imagen y Δs corresponde al `SliceThickness`.

La Figura 8 muestra el resultado de esta reconstrucción: las adquisiciones SAX y *4D Flow MRI* existen en espacios físicos distintos, con diferencias en resolución, extensión y posición. La Figura 9 muestra el resultado tras aplicar la transformación geométrica, donde la imagen SAX ha sido remuestreada al dominio del *4D Flow MRI*.

3.4.2. Remuestreo de la segmentación SAX

Una vez reconstruida la geometría de adquisición, se transfiere la segmentación SAX al espacio del *4D Flow MRI*. Para ello, se recorre la grilla del volumen de referencia y, para cada vóxel del *4D Flow*, se calcula su posición en el espacio del SAX mediante la transformación inversa. La etiqueta anatómica correspondiente se asigna según el método de remuestreo utilizado.

El método de remuestreo depende del tipo de dato, según los principios descritos en la Sección 2.4. Para la imagen anatómica SAX se utiliza interpolación trilineal, ya que corresponde

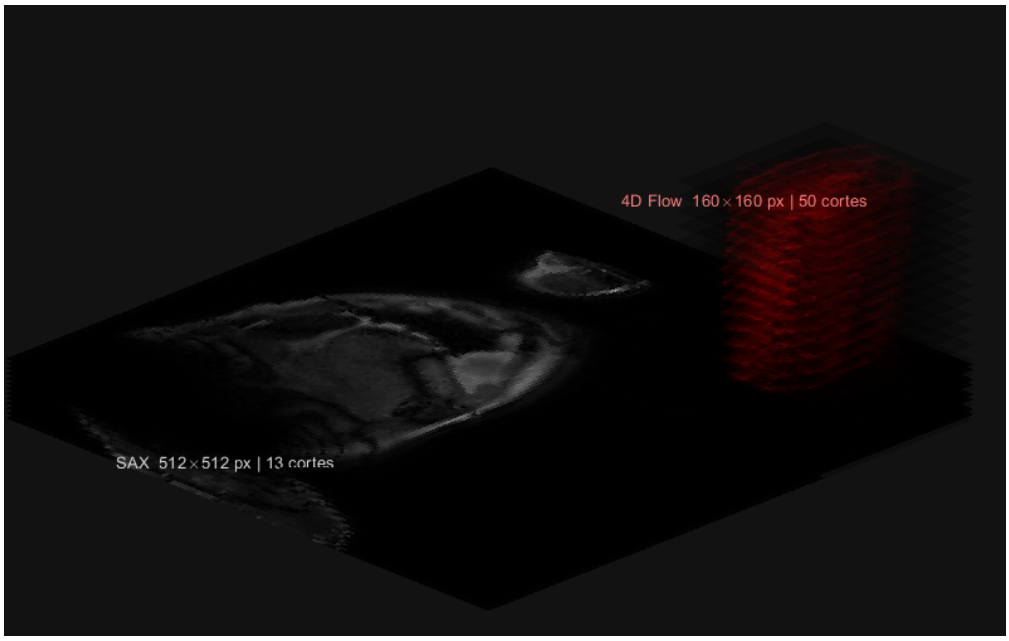


Figura 8: Estado inicial de las grillas de adquisición. Las secuencias SAX (512×512 px, 13 cortes) y *4D Flow* (160×160 px, 50 cortes) existen en espacios físicos distintos y resoluciones diferentes. Fuente: Elaboración propia.

a una señal de intensidad continua. Para la segmentación se utiliza vecino más cercano, ya que sus valores representan etiquetas de clases anatómicas discretas (VI, VD, miocardio) y la interpolación aritmética generaría valores sin significado anatómico.

La Figura 10 muestra el efecto de este proceso sobre las máscaras de segmentación. En el panel (a) se observa el estado inicial, donde las máscaras y la anatomía SAX presentan un desfase espacial respecto de la referencia del *4D Flow*. En el panel (b), tras aplicar la transformación de coordenadas, las máscaras quedan alineadas con el dominio del flujo.

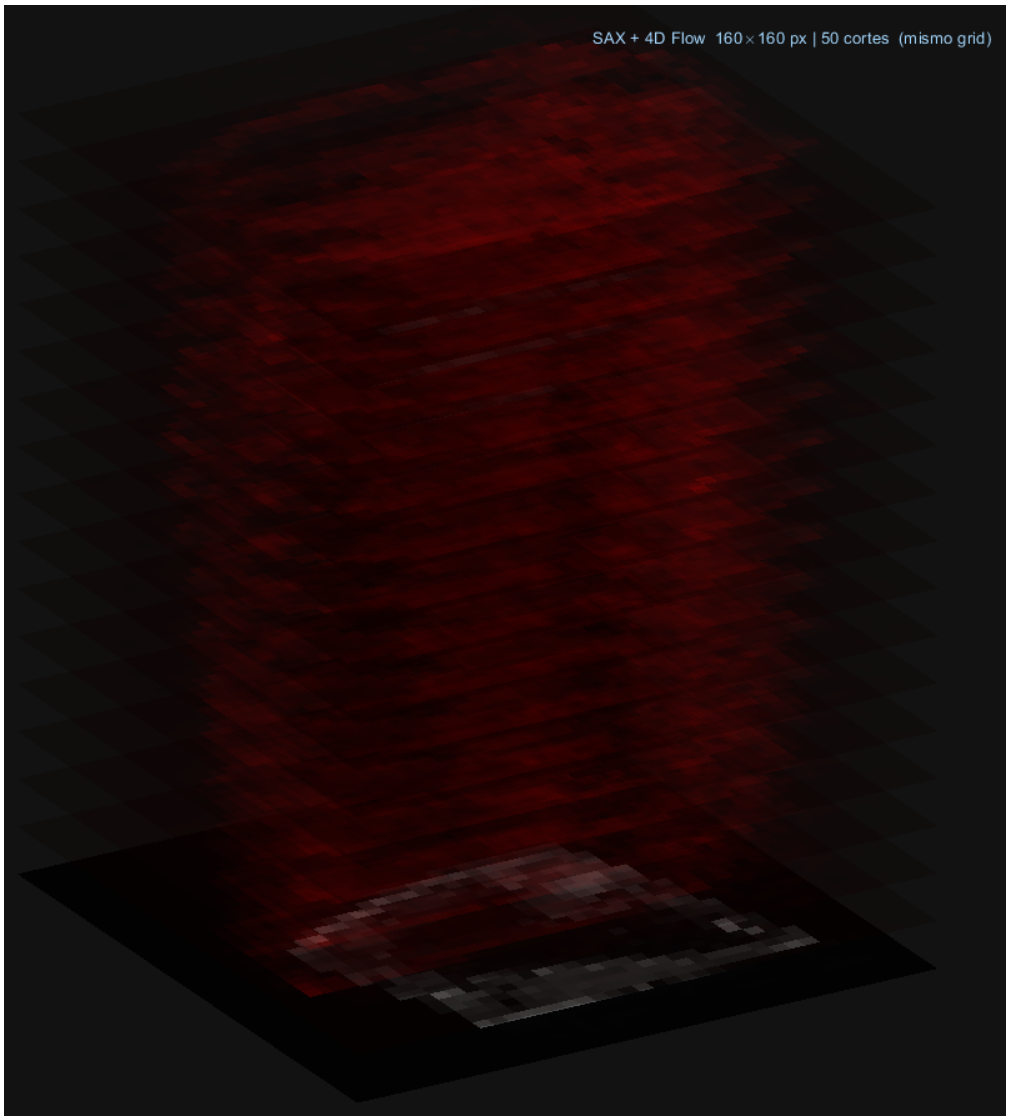
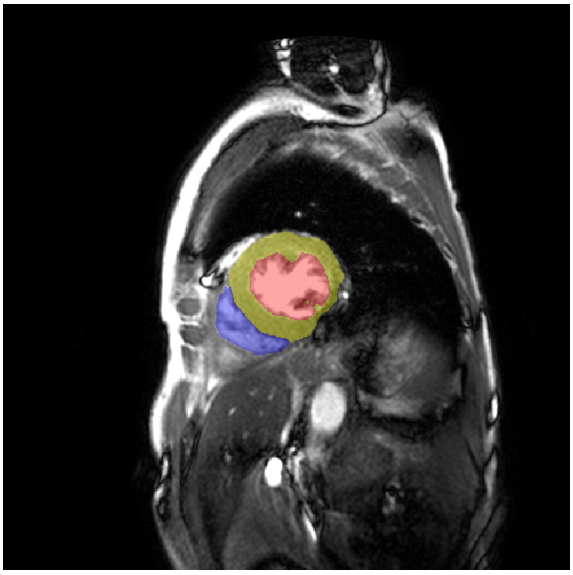
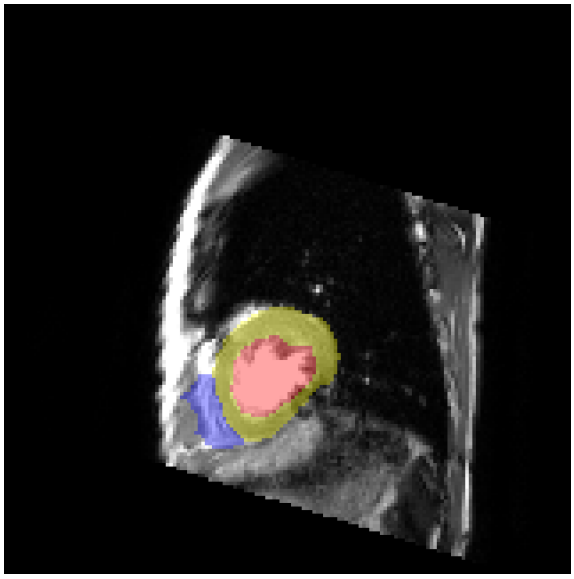


Figura 9: Grilla unificada tras la transformación geométrica. La imagen SAX ha sido interpolada para coincidir con el dominio tridimensional del *4D Flow* (160×160 px, 50 cortes). Fuente: Elaboración propia.



(a) Segmentación en espacio SAX



(b) Segmentación alineada al espacio 4D Flow

Figura 10: Resultado de la alineación de la segmentación mediante la transformación de coordenadas DICOM. (a) Estado inicial en el sistema de coordenadas del paciente (RCS), donde las máscaras de segmentación (rojo: VI, azul: VD, amarillo: miocardio) presentan un desfase espacial respecto de la referencia anatómica del *4D Flow* (gris). (b) Resultado tras aplicar la transformación, donde las máscaras coinciden con el dominio del flujo. Fuente: Elaboración propia.

3.4.3. Extensión a todas las fases cardíacas

La proyección geométrica descrita se aplica sobre las 24 fases del ciclo cardíaco previamente sincronizadas. De esta forma, cada fase SAX segmentada queda representada en la grilla del *4D Flow MRI*. La Figura 11 muestra las mallas tetraédricas del ventrículo izquierdo reconstruidas en distintas fases del ciclo, donde se observa la dinámica de contracción y relajación ventricular. La transformación espacial se aplica de manera consistente a todas las fases, preservando la evolución fisiológica del volumen ventricular.

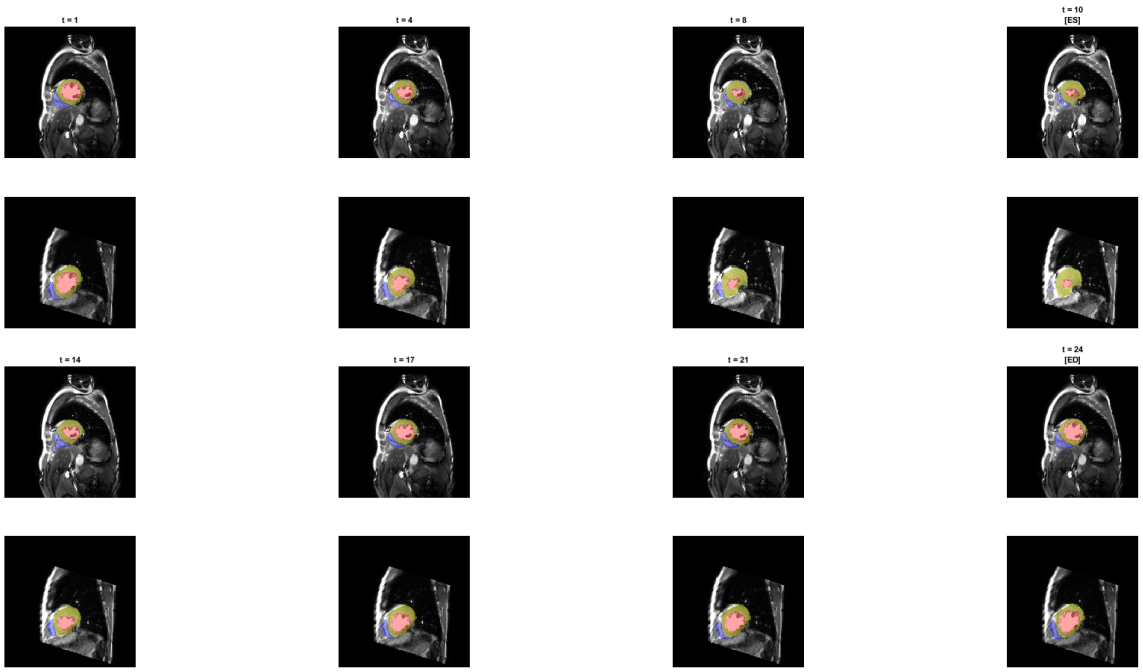


Figura 11: Mallas tetraédricas del ventrículo izquierdo en distintas fases del ciclo cardíaco. La transformación espacial y la reconstrucción geométrica se aplican de manera consistente a lo largo del tiempo, preservando la dinámica fisiológica de contracción (sístole) y relajación (diástole). Fuente: Elaboración propia.

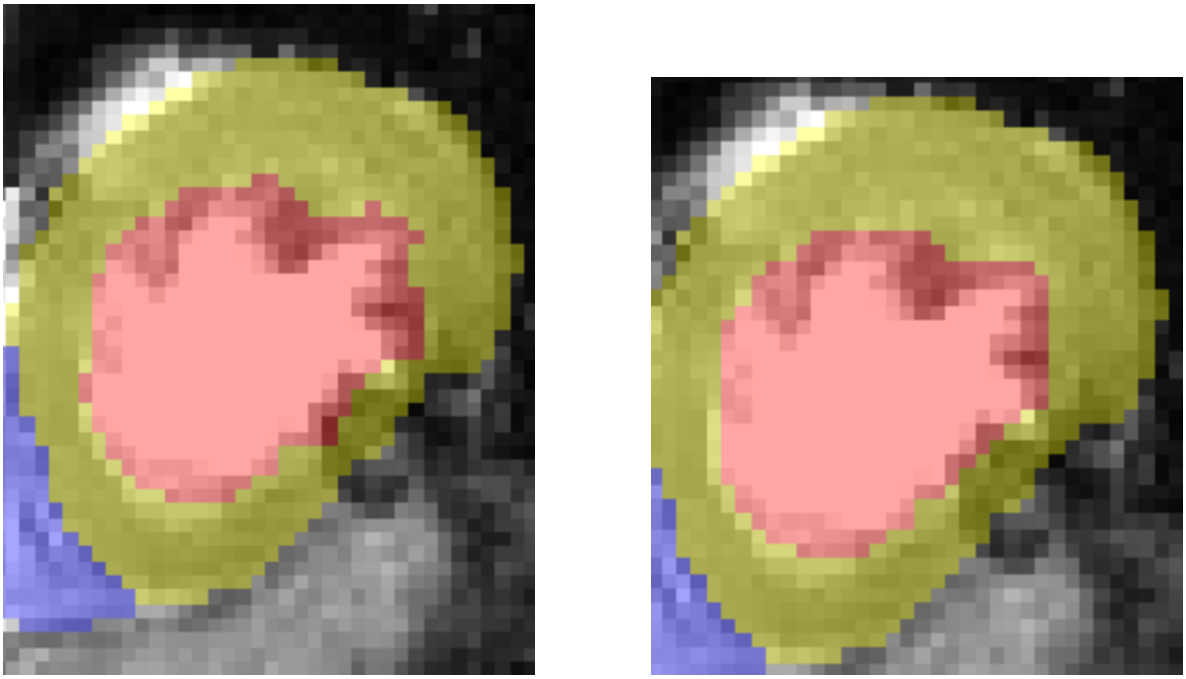
El resultado de esta etapa es una segmentación compuesta por ventrículo izquierdo, ventrículo derecho y miocardio, definida en el mismo dominio espacial donde se encuentran los campos de velocidad para las 24 fases del ciclo cardíaco.

3.4.4. Limpieza morfológica

Después del remuestreo, la segmentación puede presentar artefactos derivados del cambio de resolución entre grillas. Dado que las máscaras se transfieren mediante vecino más cercano, los contornos presentan un efecto de *aliasing* (bordes dentados o en escalera) que no refleja la curvatura real de las paredes ventriculares. Si estos bordes se utilizaran direc-

tamente para generar mallas tetraédricas, los elementos intentarían modelar los escalones artificiales, afectando la calidad de la reconstrucción.

Para reducir este efecto se aplica un filtro de regularización espacial que suaviza los contornos de la segmentación sin alterar el volumen global de las cavidades. La Figura 12 muestra el resultado de este proceso: los bordes dentados del panel (a) se transforman en contornos continuos y anatómicamente plausibles en el panel (b).



(a) Máscara transformada (sin suavizar) (b) Máscara con filtro de suavizado

Figura 12: Efecto del suavizado sobre las máscaras de segmentación. (a) Tras la transformación espacial mediante vecino más cercano, los contornos presentan *aliasing* (bordes en escalera). (b) Resultado tras aplicar un filtro de regularización espacial, logrando fronteras continuas y anatómicamente plausibles sin alterar el volumen global de las cavidades. Fuente: Elaboración propia.

3.4.5. Alcance de la proyección inicial

Esta etapa establece una primera alineación espacial entre la segmentación SAX y el volumen de *4D Flow MRI*, basada exclusivamente en los metadatos de adquisición. Solo se transfiere el contenido proveniente del SAX (segmentación y, cuando es necesario, la imagen anatómica remuestreada). La magnitud del *4D Flow MRI* no se proyecta ya que define el espacio de referencia, y la imagen IPCMRA se utiliza posteriormente como apoyo visual para el refinamiento del alineamiento.

Esta proyección inicial no corrige los desplazamientos residuales entre modalidades produci-

dos por el movimiento respiratorio o variaciones en el posicionamiento del paciente. Dichos desplazamientos se abordan en las etapas siguientes mediante la corrección manual inicial y el registro rígido automático.

3.5. Normalización de orientación y corrección manual del desplazamiento

Después de proyectar la segmentación SAX hacia el dominio del *4D Flow MRI*, se realiza una etapa de preparación previa al registro rígido automático. Esta etapa tiene dos objetivos: primero, asegurar que las imágenes y máscaras utilizadas en el pipeline compartan una misma convención de orientación; y segundo, corregir de forma aproximada posibles desplazamientos residuales entre la anatomía segmentada y la señal de flujo observada en la *IPCMRA*.

3.5.1. Normalización de orientación

La imagen SAX remuestreada, la segmentación, la magnitud del *4D Flow MRI* y la *IPCMRA* pueden quedar expresadas con diferencias en el orden de sus ejes o con cortes dispuestos en dirección opuesta (por ejemplo, inferior-superior en una modalidad y superior-inferior en otra). Estas diferencias no indican un desalineamiento anatómico real, sino que se originan en las convenciones de indexación utilizadas por cada volumen.

Para reducir estas inconsistencias, se aplica una normalización discreta de orientación sobre los volúmenes involucrados. Esta normalización se implementa mediante permutaciones de ejes, reflejos (*flips*) y rotaciones equivalentes a múltiplos de $90°$. Al tratarse de operaciones discretas, no se requiere interpolación espacial adicional.

En el caso de la secuencia SAX, la misma transformación se aplica de forma conjunta sobre la imagen anatómica y su segmentación. Esto permite conservar la relación vóxel a vóxel entre la intensidad de la imagen y la etiqueta anatómica de cada punto. Aplicar una transformación solo sobre la imagen o solo sobre la máscara rompería esta coherencia y afectaría las etapas posteriores del pipeline.

La *IPCMRA*, al ser una imagen escalar tridimensional derivada del *4D Flow MRI*, se normaliza con el mismo tipo de operaciones discretas. Su función en esta etapa es servir como referencia visual para comparar la posición de la anatomía segmentada con las regiones donde existe señal de flujo intracardíaco.

El caso del *4D Flow MRI* requiere un tratamiento adicional, ya que no contiene solo imágenes escalares, sino también tres componentes de velocidad codificadas en direcciones anatómicas (v_{RL}, v_{AP}, v_{FH}). Las operaciones de permutación y *flip* se aplican de manera consistente sobre la magnitud y sobre los campos de velocidad, fase a fase. Con ello, cada componente

de velocidad continúa asignada al mismo punto anatómico después del cambio de orientación.

Sin embargo, las componentes de velocidad reindexadas no se asumen automáticamente como componentes directas del nuevo sistema de ejes del volumen. Para mantener esta relación de forma explícita, se conserva una matriz de cambio de base:

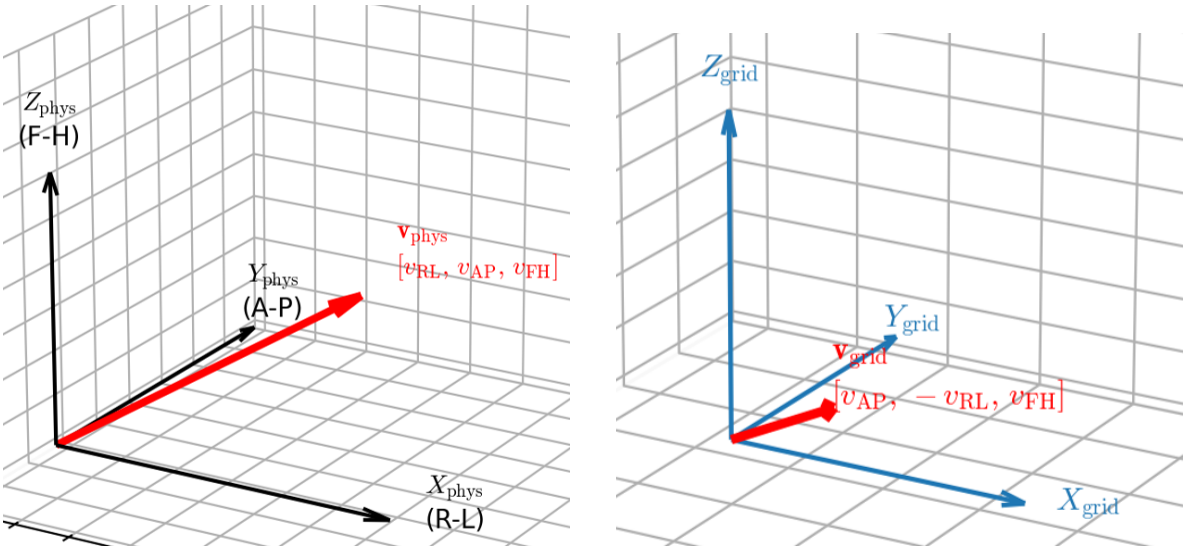
$$\mathbf{v}_{\text{grid}} = \mathbf{R}_{\text{grid}\leftarrow\text{phys}}\, \mathbf{v}_{\text{phys}}, \qquad \mathbf{v}_{\text{phys}} = \begin{bmatrix} v_{\text{RL}} \\ v_{\text{AP}} \\ v_{\text{FH}} \end{bmatrix} \tag{10}$$

donde $\mathbf{v}_{\text{phys}}$ corresponde al vector de velocidad en la base física original (derecha-izquierda, anterior-posterior, pies-cabeza) y $\mathbf{v}_{\text{grid}}$ representa el mismo vector expresado en los ejes del volumen orientado. La matriz $\mathbf{R}_{\text{grid}\leftarrow\text{phys}}$ incorpora tanto la permutación de ejes como los cambios de signo producidos por los *flips*. Por ejemplo, si durante la normalización el eje X del volumen pasa a corresponder al eje Z físico con sentido invertido, la matriz asigna la componente v_{FH} a la primera posición del vector y le cambia el signo. De esta forma, al consultar la velocidad en un vóxel del volumen orientado, las tres componentes siguen representando las mismas direcciones anatómicas originales. La Figura 13 ilustra este proceso con un ejemplo concreto de permutación y cambio de signo, donde la matriz $\mathbf{R}_{\text{grid}\leftarrow\text{phys}}$ reordena las componentes:

$$\begin{bmatrix} v_{\text{grid},X} \\ v_{\text{grid},Y} \\ v_{\text{grid},Z} \end{bmatrix} = \underbrace{\begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 \\ -1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}}_{\mathbf{R}_{\text{grid}\leftarrow\text{phys}}} \cdot \begin{bmatrix} v_{\text{RL}} \\ v_{\text{AP}} \\ v_{\text{FH}} \end{bmatrix} \tag{11}$$

En este ejemplo, el eje X del volumen orientado recibe la componente A-P, el eje Y recibe la componente R-L con signo invertido, y el eje Z conserva la componente F-H sin cambio.

Junto con modificar los arreglos volumétricos, se actualizan los metadatos geométricos del *4D Flow MRI*, incluyendo el tamaño de vóxel por eje, la forma del arreglo orientado y la matriz afín que relaciona índices de vóxel con coordenadas físicas. De esta manera, un mismo punto anatómico conserva su posición física aunque cambie su forma de indexación dentro del arreglo.



(a) Vector en el espacio físico (b) Vector en el volumen orientado

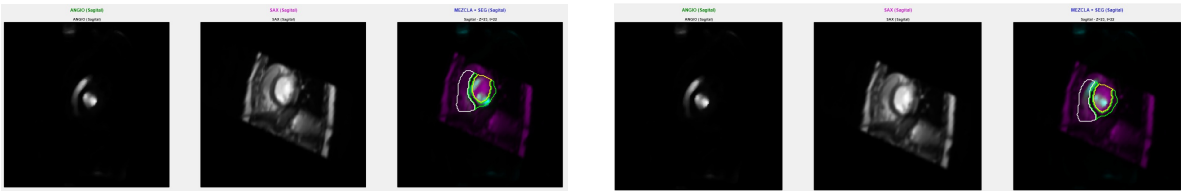
Figura 13: Ejemplo de la normalización de orientación aplicada al vector de velocidad. (a) El vector $\mathbf{v}_{\text{phys}}$ se expresa en las coordenadas anatómicas del escáner (R-L, A-P, F-H). (b) Tras reorientar el arreglo tridimensional, los ejes de indexación cambian (azul) y las componentes del vector se redistribuyen según la Ecuación 11. Fuente: Elaboración propia.

3.5.2. Corrección manual inicial del desplazamiento residual

Una vez normalizada la orientación, las modalidades comparten una convención espacial común para su visualización. No obstante, la segmentación SAX puede seguir presentando un desplazamiento residual respecto de la señal de flujo observada en la *IPCMRA*. Esto ocurre porque la geometría obtenida desde los metadatos DICOM no compensa completamente diferencias producidas por el movimiento respiratorio, la posición del corazón entre adquisiciones o pequeñas variaciones entre secuencias.

Para abordar este problema, se incorpora una corrección manual inicial basada en una traslación tridimensional global. En esta etapa, la *IPCMRA* se mantiene como referencia fija, mientras que la imagen SAX y su segmentación se desplazan conjuntamente mediante un mismo vector de traslación. Esta corrección no incluye rotaciones, escalamiento ni deformaciones locales; solo modifica la posición global del bloque SAX–segmentación respecto del volumen de flujo.

Antes de aplicar el desplazamiento, se igualan las dimensiones matriciales entre la *IPCMRA* y el volumen SAX. Para ello se recortan o rellenan con ceros los bordes del arreglo de menor tamaño hasta que ambos volúmenes tengan la misma cantidad de vóxeles por eje. Esto permite operar sobre arreglos del mismo tamaño sin alterar la escala geométrica de la referencia. Luego, la traslación se aplica sobre la imagen SAX utilizando interpolación lineal y sobre la segmentación utilizando vecino más cercano, de modo que las etiquetas anatómicas discretas se preserven sin generar valores intermedios.



(a) Antes del ajuste (b) Después del ajuste

Figura 14: Corrección espacial entre modalidades en vista sagital. Los paneles muestran la imagen de angiografía (ANGIO), la imagen anatómica de eje corto (SAX) y la mezcla de ambas con los contornos de segmentación (MEZCLA + SEG). (a) Estado inicial con un desfase evidente entre los contornos y la señal de flujo. (b) Resultado tras el ajuste, donde la segmentación coincide con la anatomía subyacente.

El ajuste se realiza de manera interactiva sobre vistas representativas. El observador modifica los desplazamientos hasta obtener una alineación inicial razonable entre las cavidades segmentadas y la señal angiográfica, como se ilustra en la Figura 14. Una vez definido el vector de traslación, la misma corrección se aplica a todas las fases temporales del SAX y de la segmentación. De esta forma, la intervención manual queda limitada a un único ajuste global, evitando correcciones independientes fase a fase.

El propósito de esta corrección no es reemplazar el registro rígido automático, sino entregar un punto de partida más cercano a la solución esperada. Al reducir el desplazamiento inicial entre modalidades, se disminuye el riesgo de que el optimizador converja hacia un alineamiento anatómicamente incorrecto.

3.6. Refinamiento mediante registro rígido automático

Las etapas anteriores permiten obtener una segmentación SAX proyectada al dominio de trabajo del *4D Flow MRI*, con orientación normalizada y una corrección manual inicial del desplazamiento residual. Sin embargo, esta alineación inicial todavía puede presentar diferencias espaciales entre modalidades, producidas por desplazamientos remanentes, discrepancias angulares o variaciones en las condiciones de adquisición. En particular, la secuencia SAX se adquiere en apnea, mientras que el *4D Flow MRI* suele obtenerse bajo respiración libre, lo que puede generar una diferencia global de posición y orientación entre ambas adquisiciones.

Para refinar esta alineación se incorpora una etapa de registro rígido automático. Esta etapa estima una transformación global compuesta únicamente por rotaciones y traslaciones, sin escalamiento, cizalle ni deformaciones locales. Su objetivo es mejorar la alineación entre la imagen anatómica SAX y la referencia angiográfica derivada del *4D Flow MRI*, preservando la geometría de las estructuras segmentadas.

3.6.1. Formulación del registro rígido

Dadas una imagen fija I_A y una imagen móvil I_B, el problema de registro se formula como la búsqueda de una transformación T que maximice una métrica de similitud entre la imagen fija y la imagen móvil transformada:

$$T^* = \arg\max_T \; C(I_A,\; I_B \circ T) \tag{12}$$

donde C representa el criterio de similitud utilizado durante la optimización [Maintz y Viergever, 1998, Zitová y Flusser, 2003].

En esta memoria, la transformación se restringe al caso rígido tridimensional. Para un punto espacial $\mathbf{x} = [x, y, z]^T$, se define:

$$T(\mathbf{x}) = R\,\mathbf{x} + \mathbf{t} \tag{13}$$

donde $R \in \mathbb{R}^{3\times3}$ corresponde a una matriz de rotación y $\mathbf{t} \in \mathbb{R}^3$ a un vector de traslación. La matriz de rotación cumple:

$$R^T R = I, \qquad \det(R) = +1 \tag{14}$$

lo que asegura que la transformación preserve distancias, ángulos y orientación. En forma homogénea, la transformación se representa como:

$$T = \begin{bmatrix} R & \mathbf{t} \\ \mathbf{0}^T & 1 \end{bmatrix} \tag{15}$$

Esta restricción rígida es coherente con el objetivo de la etapa: corregir la relación espacial global entre dos adquisiciones, sin modelar la deformación cardíaca ni ajustar localmente los contornos ventriculares. De esta forma, se evita introducir deformaciones artificiales sobre la segmentación que posteriormente será utilizada para reconstrucción geométrica y proyección de velocidades.

3.6.2. Imagen fija, imagen móvil y fase de referencia

En la configuración propuesta, la imagen fija corresponde a la *IPCMRA* derivada del *4D Flow MRI*. Esta imagen se utiliza como referencia porque pertenece al mismo dominio espacial

donde se encuentran definidos los campos de velocidad y resalta regiones con señal de flujo intracardíaco. La imagen móvil corresponde al volumen SAX previamente remuestreado, orientado y desplazado mediante la corrección manual inicial descrita en la etapa anterior.

El registro se estima sobre una única fase de referencia, correspondiente al fin de diástole. Esta fase se selecciona porque el volumen ventricular es mayor y la cavidad presenta una geometría más amplia, lo que entrega una referencia anatómica más estable para guiar la alineación. La transformación resultante se interpreta como una corrección global entre estudios, no como una descripción del movimiento cardíaco.

3.6.3. Métrica de similitud

Dado que SAX e *IPCMRA* poseen contrastes distintos, no se utiliza una métrica basada en igualdad directa de intensidades. La *IPCMRA* enfatiza regiones de flujo, mientras que el SAX representa con mayor claridad la anatomía ventricular y el miocardio. Por ello, métricas como SSD, SAD o correlación cruzada pueden penalizar diferencias de intensidad que no corresponden a errores de alineamiento, sino a diferencias propias de cada modalidad.

Se utiliza información mutua (*Mutual Information*, MI) como métrica de similitud, debido a su uso consolidado en registro multimodal [Viola y Wells III, 1997, Maes *et al.*, 1997]. La información mutua se define como:

$$\mathrm{MI}(I_A,\ I_B \circ T) = H(I_A) + H(I_B \circ T) - H(I_A,\ I_B \circ T) \tag{16}$$

donde $H(I_A)$ y $H(I_B \circ T)$ son las entropías marginales de la imagen fija y de la imagen móvil transformada, mientras que $H(I_A, I_B \circ T)$ corresponde a la entropía conjunta entre ambas distribuciones.

Cuando las imágenes están mal alineadas, las coocurrencias de intensidad tienden a dispersarse en el histograma conjunto. A medida que la transformación mejora la alineación, las relaciones estadísticas entre intensidades se vuelven más consistentes, disminuyendo la entropía conjunta y aumentando el valor de MI. Esta propiedad permite registrar imágenes con contrastes distintos sin exigir una relación directa entre sus valores de intensidad.

3.6.4. Preprocesamiento para la optimización

Antes de ejecutar el registro, se acondicionan las imágenes involucradas. Primero, se verifica que la imagen fija y la imagen móvil posean dimensiones iguales dentro de la grilla de trabajo. Cuando es necesario, el volumen SAX se ajusta a las dimensiones de la *IPCMRA* para poder evaluar la métrica de similitud.

Luego, ambas imágenes se normalizan al rango $[0, 1]$. Aunque la información mutua no requiere igualdad de intensidades, esta normalización mejora la estabilidad numérica del cálculo y evita que diferencias extremas de escala afecten la estimación de las distribuciones de intensidad.

Adicionalmente, se construye una región de interés (*ROI*) para restringir la evaluación de la métrica a la zona anatómica relevante. Esta *ROI* se obtiene a partir de máscaras simples derivadas del SAX y de la *IPCMRA*, utilizando operaciones de umbral, dilatación e intersección. Si la intersección resulta demasiado pequeña, la restricción se relaja para conservar una región de análisis suficiente.

La *ROI* no modifica la transformación estimada, que sigue siendo rígida. Su función es limitar la información utilizada por la métrica, reduciendo la influencia del fondo, tejido pulmonar u otras estructuras que no aportan al alineamiento cardíaco.

3.6.5. Optimización y propagación temporal

Con las imágenes preprocesadas y la *ROI* definida, se ejecuta una optimización multimodal restringida a seis grados de libertad: tres rotaciones y tres traslaciones. El optimizador busca la transformación rígida que maximiza la información mutua entre la *IPCMRA* fija y el SAX móvil.

Una vez estimada la transformación sobre la fase de referencia, esta se aplica al volumen SAX completo y a su segmentación en todas las fases del ciclo cardíaco. La imagen SAX se transforma mediante interpolación lineal, debido a que corresponde a una señal de intensidad continua. La segmentación se transforma mediante interpolación de vecino más cercano, preservando sus etiquetas discretas y evitando la aparición de valores intermedios sin significado anatómico.

La transformación se calcula una sola vez y se propaga uniformemente a todas las fases. Esta decisión evita estimar registros independientes por fase, lo que podría introducir variaciones artificiales entre volúmenes consecutivos debido a diferencias en la convergencia del optimizador. Así, todas las fases conservan un mismo marco de alineamiento respecto del *4D Flow MRI*, mientras que la dinámica cardíaca propia de la secuencia SAX se mantiene contenida en sus deformaciones originales. En otras palabras, el registro corrige la relación espacial entre adquisiciones, no el movimiento fisiológico del corazón durante el ciclo cardíaco.

3.6.6. Resultado y alcance de la etapa

La salida de esta etapa corresponde al volumen SAX y a la segmentación multiclase (ventrículo izquierdo, ventrículo derecho y miocardio), ambos definidos sobre las 24 fases del ciclo cardíaco, refinados espacialmente respecto de la referencia de flujo. Estos resultados

quedan expresados en el espacio de trabajo del *4D Flow MRI* y disponibles para las etapas posteriores de reconstrucción geométrica, generación de superficies, mallado y proyección de velocidades.

El alcance del método se limita a corregir diferencias globales de posición y orientación. No corrige deformaciones locales, no ajusta contornos de manera independiente y no estima una transformación distinta para cada fase cardíaca. Esta restricción permite preservar la forma original de la segmentación y evitar que el registro introduzca alteraciones geométricas que podrían afectar el análisis posterior.

3.7. Reconstrucción geométrica del ventrículo y proyección de velocidades

Una vez que la segmentación SAX se encuentra alineada al espacio del *4D Flow MRI* en todas las fases cardíacas, el pipeline transforma la representación basada en vóxeles en una representación geométrica basada en mallas. Esta etapa cumple dos funciones principales: reconstruir una malla tetraédrica para cada cavidad ventricular y proyectar sobre sus nodos el campo de velocidades medido por el *4D Flow*. Con ello, la anatomía segmentada y la información de flujo quedan expresadas en un mismo sistema de coordenadas, permitiendo que cada nodo de la malla contenga tanto su posición espacial como su vector de velocidad.

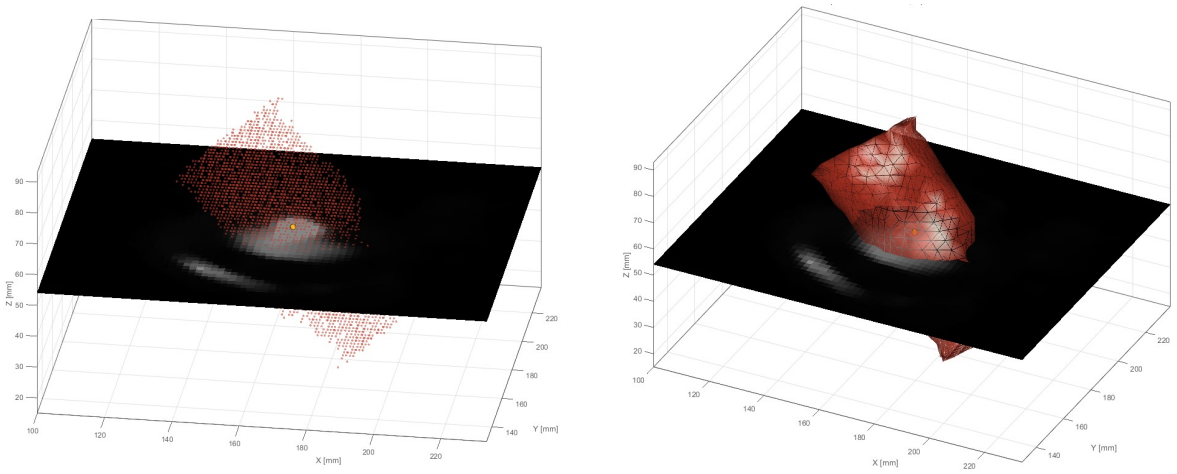
3.7.1. Conversión de la segmentación a superficie ventricular

La reconstrucción comienza desde la segmentación previamente alineada. Para cada fase del ciclo cardíaco se aíslan de forma independiente las etiquetas correspondientes al ventrículo izquierdo y al ventrículo derecho. El miocardio no se incluye en esta etapa, ya que no corresponde al dominio interno por donde circula el flujo sanguíneo.

A partir de cada máscara binaria ventricular se extraen los vóxeles pertenecientes a la cavidad y se convierten en una nube de puntos tridimensional. Las coordenadas de estos puntos se expresan multiplicando los índices de vóxel por el tamaño de vóxel correspondiente a cada eje. De esta forma, los puntos quedan en unidades métricas (milímetros) dentro de la grilla del *4D Flow MRI*, que es el mismo espacio donde se encuentran definidos los campos de velocidad.

A partir de la nube de puntos, se genera una superficie cerrada que delimite la cavidad ventricular. Para ello se utiliza la función `alphaShape` de MATLAB, que construye una envolvente tridimensional a partir de un conjunto de puntos [Edelsbrunner y Mücke, 1994]. El resultado depende de un parámetro de radio α, que controla el nivel de detalle de la superficie: valores pequeños de α generan superficies más detalladas que pueden contener huecos, mientras que valores grandes producen envolventes más suaves pero menos fieles a la geo-

metría original. En la implementación, α se inicializa a partir del radio crítico (el menor valor que genera una superficie sin huecos) y se ajusta mediante un factor multiplicativo para obtener una superficie conectada y estable. La Figura 15 muestra un ejemplo de este proceso para el ventrículo izquierdo.



(a) Nube de puntos 3D (b) Superficie cerrada reconstruida

Figura 15: Reconstrucción volumétrica del ventrículo izquierdo (VI) en la fase 12 (etiqueta 1). (a) Nube de puntos 3D obtenida a partir de la segmentación. (b) Superficie cerrada envolvente generada mediante el algoritmo *alphaShape* (utilizando un radio $\alpha = 4{,}032$ mm frente a un crítico de $3{,}360$ mm). En ambos casos se observa un plano angiográfico interseccando el centroide de la cavidad. Coordenadas espaciales expresadas en milímetros. Fuente: Elaboración propia.

3.7.2. Regularización de la superficie

La superficie obtenida puede contener irregularidades propias de la voxelización, como caras escalonadas, nodos duplicados o pequeños artefactos topológicos. Para reducir estos efectos se aplica una etapa de limpieza geométrica, que incluye la eliminación de nodos y elementos duplicados, la remoción de nodos aislados y la reparación de inconsistencias menores en la malla superficial.

Posteriormente, se aplica un suavizado laplaciano iterativo. Este procedimiento desplaza cada nodo hacia el promedio de sus vecinos, reduciendo irregularidades locales sin alterar de manera sustancial la forma global de la cavidad. Tanto el número de iteraciones como la intensidad del suavizado se mantienen como parámetros ajustables, ya que existe un compromiso entre obtener una superficie regular y conservar la fidelidad respecto de la segmentación original.

3.7.3. Generación de la malla tetraédrica

Una vez obtenida una superficie cerrada y regularizada, se genera una malla tetraédrica volumétrica mediante la función `s2m` de Iso2Mesh [Fang y Boas, 2009]. Esta función convierte una superficie triangulada en un dominio compuesto por tetraedros, utilizando TetGen como motor de tetraedralización [Si, 2015].

Los principales parámetros de control son `keepratio`, que regula la proporción de nodos conservados desde la superficie original, y `maxvol`, que define el volumen máximo permitido para los tetraedros generados. Estos parámetros permiten ajustar la densidad de la malla según el equilibrio deseado entre resolución geométrica y costo computacional.

El proceso se ejecuta de forma independiente para cada fase cardíaca y para cada ventrículo. No se construye una única malla espacio-temporal conectada, sino una secuencia de mallas tridimensionales independientes. En este trabajo, cuando se utiliza el término malla 4D, se hace referencia a esta secuencia temporal de mallas 3D, una por cada fase del ciclo cardíaco.

Cuando la superficie de una fase resulta degenerada o no permite construir un volumen válido, el pipeline registra la falla y rellena la estructura correspondiente con valores nulos. Esto evita interrumpir el procesamiento completo y permite continuar con las demás fases y cavidades disponibles. La Figura 16 muestra el resultado de este proceso para ambos ventrículos.

3.7.4. Cálculo de volumen y eventos fisiológicos

A partir de cada malla tetraédrica se calcula el volumen ventricular mediante la suma de los volúmenes de sus tetraedros. Esta serie temporal permite verificar que la geometría reconstruida conserve una evolución coherente con el ciclo cardíaco y permite identificar los eventos fisiológicos principales sobre la propia malla:

$$k_{\text{ED}} = \arg\max_{k} V_{\text{malla}}(k) \tag{17}$$

$$k_{\text{ES}} = \arg\min_{k} V_{\text{malla}}(k) \tag{18}$$

donde $V_{\text{malla}}(k)$ es el volumen de la malla en la fase k, k_{ED} corresponde al fin de diástole (máximo volumen) y k_{ES} al fin de sístole (mínimo volumen).

Esta identificación no reemplaza la información temporal original de la adquisición, pero entrega una verificación geométrica interna sobre la representación que será utilizada en las etapas posteriores.

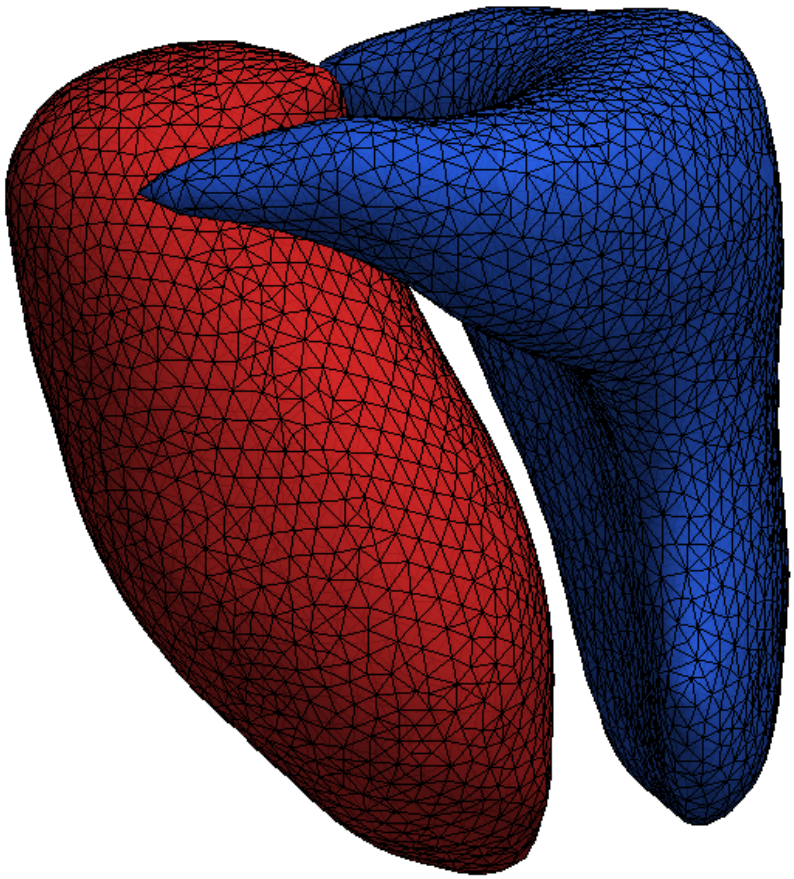


Figura 16: Malla volumétrica tetraédrica de los ventrículos cardíacos. El ventrículo izquierdo (VI, rojo) y el ventrículo derecho (VD, azul) se representan como dominios computacionales continuos compuestos por elementos tetraédricos. Fuente: Elaboración propia.

3.7.5. Proyección de velocidades sobre la malla

Construida la malla de una fase, se proyecta sobre sus nodos el campo de velocidades del *4D Flow MRI*. El campo original se encuentra definido sobre una grilla regular tridimensional y contiene tres componentes de velocidad almacenadas por separado: v_{RL}, v_{AP} y v_{FH}.

Para realizar la transferencia, se construye una función de interpolación para cada componente de velocidad por separado. Cada función toma como entrada la grilla regular del *4D Flow* y como salida estima el valor de velocidad en las coordenadas de los nodos de la malla tetraédrica. La interpolación utilizada es trilineal, lo que permite obtener un campo continuo dentro del volumen sin introducir oscilaciones propias de métodos de orden superior. Para nodos ubicados en el borde del dominio, se utiliza vecino más cercano para evitar valores indefinidos.

Las tres componentes de velocidad se conservan en sus direcciones anatómicas originales (derecha-izquierda, anterior-posterior, pies-cabeza) tal como fueron adquiridas por el *4D Flow MRI*. El resultado es un vector de velocidad tridimensional asignado a cada nodo de la malla.

Finalmente, se aplica un filtrado para reducir velocidades espurias que pueden provenir del ruido de la adquisición. En imágenes de *4D Flow MRI*, el ruido se manifiesta principalmente como vectores de magnitud anómalamente alta, producto de artefactos de codificación de fase o envoltura de velocidad (*phase wrapping*). También pueden aparecer velocidades residuales de baja magnitud en regiones donde no se espera flujo significativo. Para cada nodo n de la malla, se calcula la magnitud del vector de velocidad y se compara con un umbral máximo $v_{\text{máx}}$ y un umbral mínimo $v_{\text{mín}}$:

$$\mathbf{v}_n^{\text{filt}} = \begin{cases} \mathbf{v}_n & \text{si } v_{\text{mín}} \leq \|\mathbf{v}_n\| \leq v_{\text{máx}} \\ \mathbf{0} & \text{en caso contrario} \end{cases} \tag{19}$$

donde $\|\mathbf{v}_n\|$ es la magnitud euclidiana del vector de velocidad en el nodo n. Los vectores con magnitud fuera del rango $[v_{\text{mín}},\, v_{\text{máx}}]$ se fuerzan a cero, eliminando tanto velocidades espurias de alta magnitud como contribuciones residuales que no corresponden a flujo sanguíneo real.

3.7.6. Resultado de la etapa

El resultado de esta etapa es una secuencia de mallas tetraédricas ventriculares con vectores de velocidad asignados a sus nodos. La geometría proviene de la segmentación SAX alineada, mientras que la información funcional proviene del *4D Flow MRI*. De esta forma, cada fase del ciclo cardíaco queda representada por una malla volumétrica que integra anatomía y velocidad en un mismo sistema de coordenadas.

Esta representación constituye la base para las etapas posteriores del análisis, ya que permite trabajar directamente sobre una geometría ventricular reconstruida con campo de velocidades medido.

3.8. Almacenamiento y formatos de salida

Como etapa final de la propuesta, el pipeline almacena las salidas generadas durante el alineamiento, la reconstrucción geométrica y la proyección de velocidades. Esto permite reutilizar los resultados en la validación posterior, en visualizaciones externas y en posibles trabajos futuros, sin repetir el procesamiento completo desde los datos originales.

La información interna del método se almacena en archivos MATLAB `.mat`. En estos archivos se guardan los volúmenes alineados, las segmentaciones registradas, los metadatos geométricos relevantes, las estructuras de malla generadas fase a fase y los campos de velocidad asignados. Este formato se mantiene como representación de trabajo del pipeline, ya que permite conservar estructuras heterogéneas y arreglos multidimensionales dentro del entorno de procesamiento.

Además del almacenamiento interno, se generan salidas compatibles con ParaView. Por una parte, se exportan archivos `.vti` para representar los resultados definidos sobre grilla regular. Estos archivos permiten revisar, fase a fase, la segmentación alineada, la *IPCMRA*, la magnitud del *4D Flow MRI* y el campo de velocidades dentro de un mismo volumen.

Por otra parte, la geometría ventricular reconstruida se exporta en archivos `.vtu` (*VTK Unstructured Grid*), que corresponden al formato utilizado para representar mallas no estructuradas. Cada archivo `.vtu` contiene, para un ventrículo y una fase determinados, los nodos de la malla tetraédrica, su conectividad volumétrica y los campos nodales de velocidad derivados de la proyección. De esta forma, el pipeline conserva tanto la representación voxelizada del resultado (en `.vti`) como la representación geométrica basada en malla (en `.vtu`).

Para organizar las salidas temporales se generan archivos `.pvd` (*ParaView Data*), que actúan como índices de colección. Cada archivo `.pvd` referencia la secuencia de archivos `.vtu` o `.vti` correspondientes a las distintas fases del ciclo cardíaco y les asigna una marca temporal. Esto permite abrir en ParaView el ciclo cardíaco completo como una serie temporal continua, facilitando la inspección de la evolución de la anatomía alineada, la geometría reconstruida y los campos de velocidad proyectados.

Estas salidas constituyen el cierre operativo del pipeline propuesto. A partir de ellas se realiza la validación posterior de la metodología, considerando la coherencia del alineamiento, la consistencia geométrica de las mallas y la utilidad de la información de velocidad proyectada.

CAPÍTULO 4
VALIDACIÓN DE LA SOLUCIÓN

Este capítulo presenta los resultados obtenidos al aplicar el pipeline propuesto sobre cuatro conjuntos de datos anonimizados de pacientes con miocardiopatía hipertrófica, denominados Dato 01, Dato 02, Dato 03 y Dato 04. En todos los casos se consideran las 24 fases cardíacas sincronizadas y se analizan de forma independiente el ventrículo izquierdo (VI) y el ventrículo derecho (VD).

La validación se organiza en cinco partes: selección de fases representativas, inicialización manual, comparación del registro automático, geometría de mallas ventriculares y proyección de velocidades. Los resultados se presentan mediante inspección visual y métricas cuantitativas de consistencia geométrica.

4.1. Fases representativas utilizadas en la inspección visual

Las figuras de este capítulo se concentran en tres fases representativas del ciclo cardíaco: fin de diástole (cavidad expandida), fase cercana al máximo flujo y fin de sístole (cavidad contraída). Las métricas geométricas se calculan sobre las 24 fases disponibles.

Las Figuras 17, 18 y 19 muestran la segmentación automática sobre la secuencia SAX en cada uno de estos momentos. Estas máscaras constituyen la base anatómica que se proyecta al espacio del *4D Flow MRI*, se alinea y se utiliza para reconstruir las mallas ventriculares.

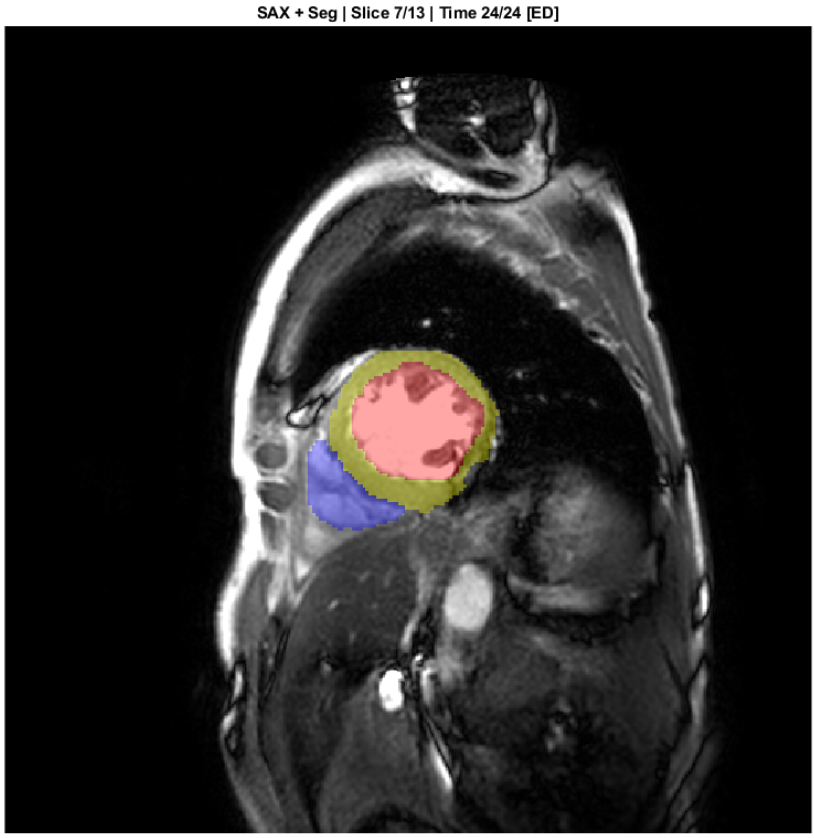


Figura 17: Fase de fin de diástole de la secuencia SAX con segmentación. Fuente: Elaboración propia.

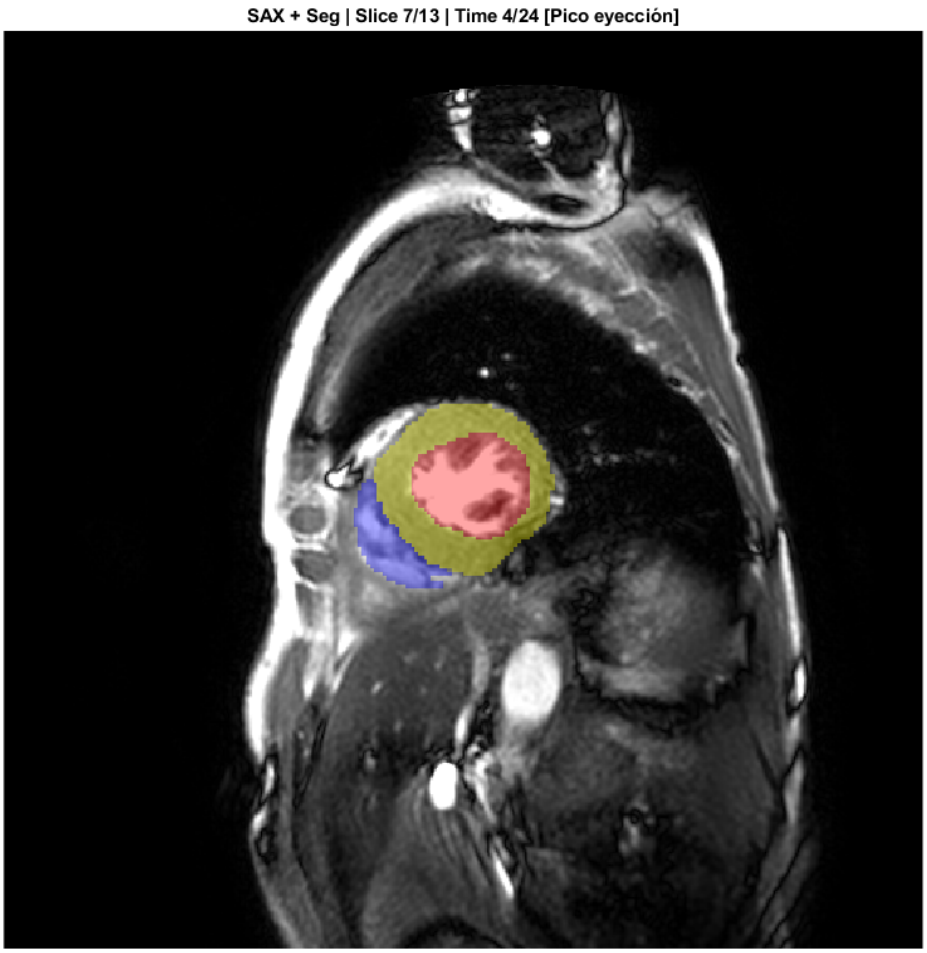


Figura 18: Fase cercana al máximo flujo observado en la secuencia SAX con segmentación. Fuente: Elaboración propia.

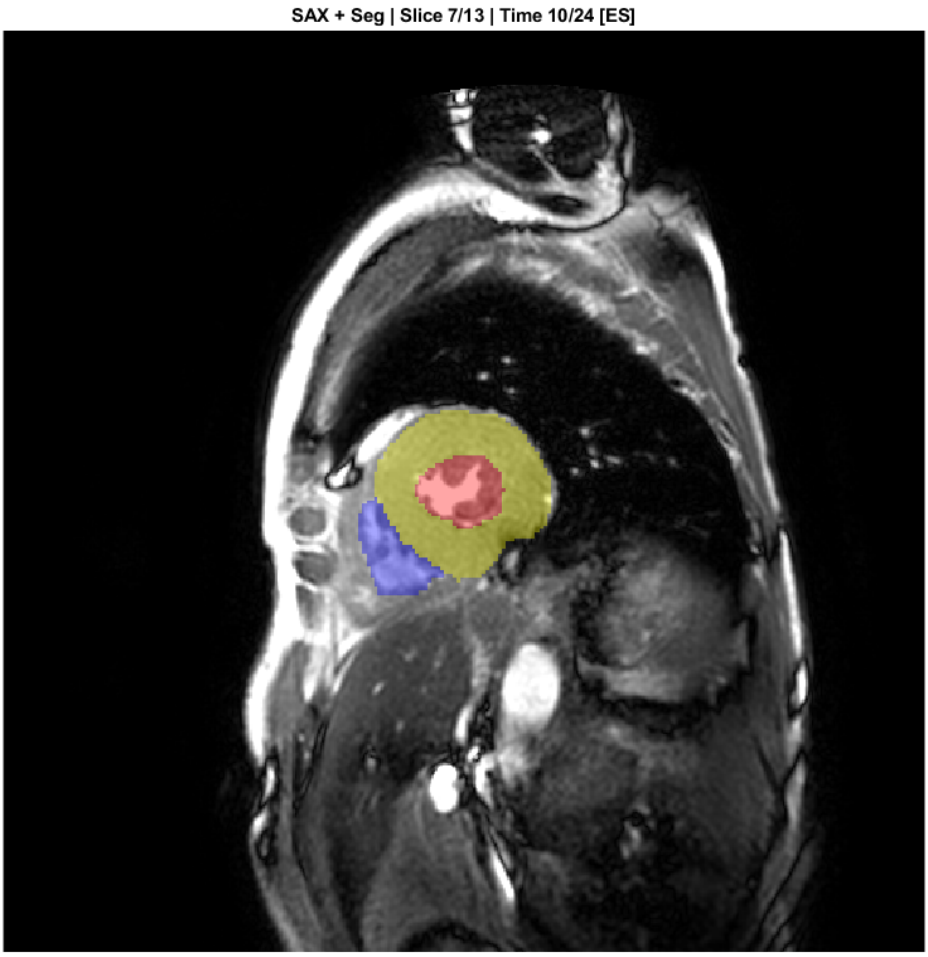


Figura 19: Fase de fin de sístole de la secuencia SAX con segmentación. Fuente: Elaboración propia.

4.2. Inicialización manual

Antes del registro rígido automático se aplica una corrección manual inicial basada en traslación global. Esta etapa aproxima la segmentación SAX a una posición razonable respecto de la *IPCMRA*, reduciendo el riesgo de que el optimizador parta desde una configuración demasiado alejada y converja hacia un óptimo local.

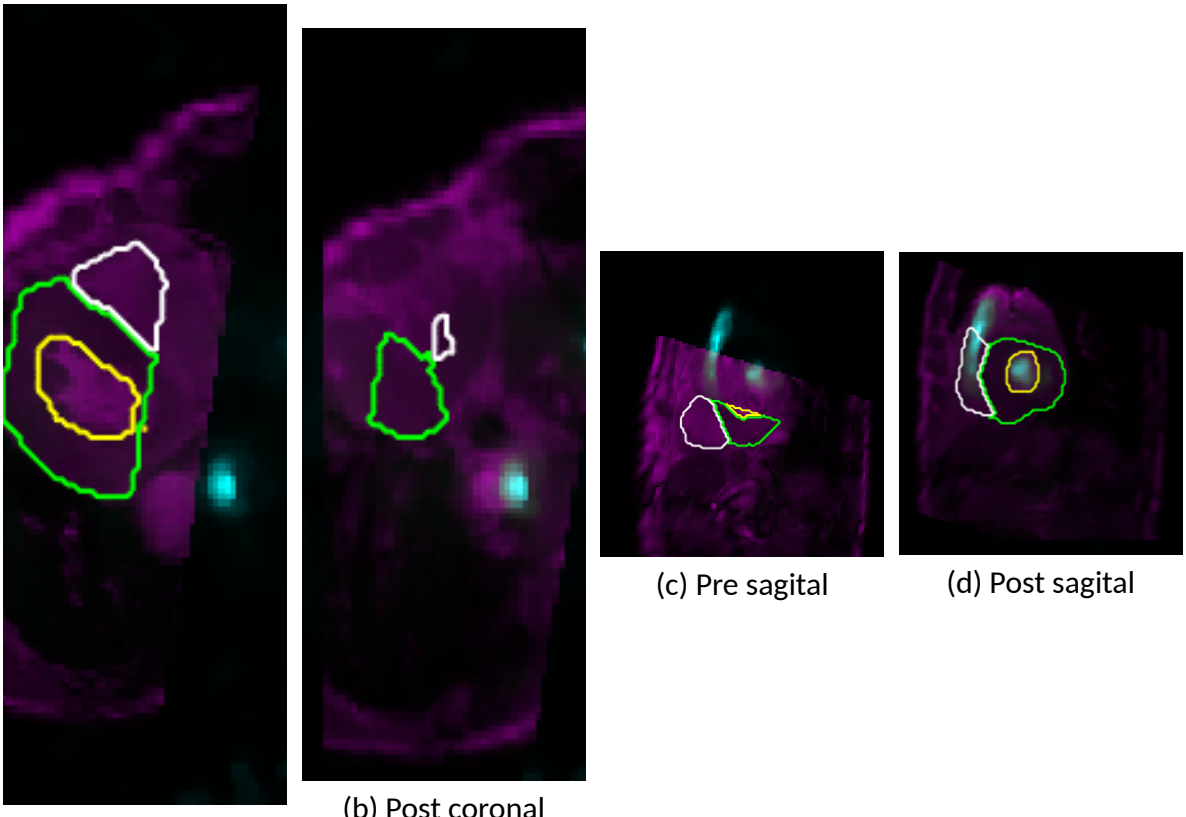
Los desplazamientos aplicados varían entre conjuntos de datos, lo que refleja que el desacople inicial entre SAX y *4D Flow MRI* depende de las condiciones particulares de cada adquisición. La Tabla 2 presenta los desplazamientos utilizados para cada sujeto.

Tabla 2: Desplazamientos manuales aplicados como inicialización en cada conjunto de datos. Fuente: Elaboración propia.

Dato	Δx [vox]	Δy [vox]	Δz [vox]
Dato 01	-14.0	5.5	6.0
Dato 02	-12.0	2.5	2.0
Dato 03	-10.0	0.0	0.5
Dato 04	-3.5	5.0	1.5

La variación de estos desplazamientos muestra que el desacople entre SAX y *4D Flow MRI* no puede corregirse mediante un valor fijo común a todos los estudios. Aunque todos los casos requieren una traslación inicial, la magnitud y dirección del ajuste dependen del dato.

La Figura 20 muestra el efecto de la traslación manual sobre la posición de la segmentación en vistas coronal y sagital. Después del ajuste, la segmentación queda en una zona más cercana a la región angiográfica visible, lo que facilita que el registro automático opere sobre estructuras ya comparables.



(a) Pre coronal (b) Post coronal (c) Pre sagital (d) Post sagital

Figura 20: Comparación antes y después de la corrección manual inicial en vistas coronal y sagital. Fuente: Elaboración propia.

4.3. Comparación visual y cuantitativa del registro automático

Se compararon cuatro configuraciones de registro automático sobre la fase de referencia (fin de diástole): SSD, gradiente con información mutua (Grad+MI), información mutua con región de interés (MI+ROI) e información mutua sin restricción (MI libre). Cada método se evaluó mediante el coeficiente de correlación cruzada normalizada (NCC) posterior al registro, la magnitud de la rotación y traslación estimadas, y el tiempo de ejecución.

La Figura 21 muestra el resultado visual de los distintos métodos para el Dato 01. Cada columna corresponde a una configuración de registro (sin registro, SSD, Grad+MI, MI+ROI y MI libre, de izquierda a derecha), y cada fila muestra una vista anatómica distinta (sagital, coronal y axial, de arriba hacia abajo). Las comparativas equivalentes para los Datos 02, 03 y 04 se presentan en el Anexo A (Figuras 28, 29 y 30).

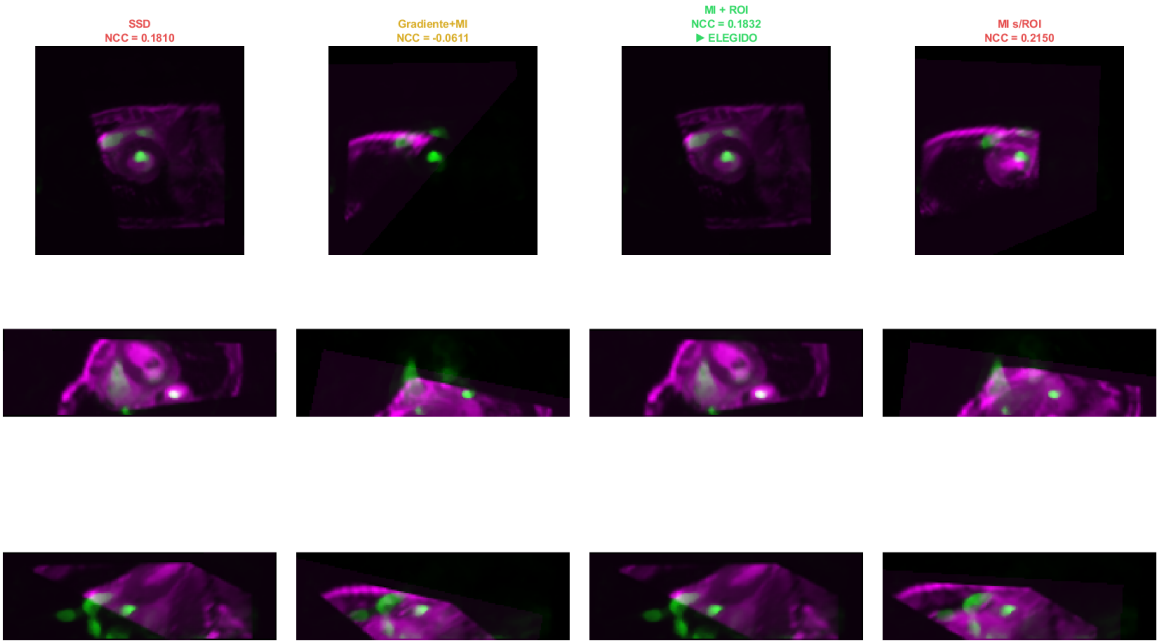


Figura 21: Comparación visual de distintos métodos de registro para el Dato 01. Columnas (izquierda a derecha): sin registro, SSD, Grad+MI, MI+ROI y MI libre. Filas (arriba a abajo): vista sagital, coronal y axial. Fuente: Elaboración propia.

La Tabla 3 presenta los resultados cuantitativos para el Dato 01. Los métodos Grad+MI y MI libre producen transformaciones de gran magnitud (rotaciones superiores a 9° y traslaciones mayores a 20 vóxeles), lo que indica convergencia a óptimos locales donde la alineación resultante no es anatómicamente correcta. SSD y MI+ROI, en cambio, generan transformaciones acotadas consistentes con un refinamiento de la alineación inicial.

Tabla 3: Comparación cuantitativa de métodos de registro para el Dato 01. Fuente: Elaboración propia.

Método	NCC post	Rotación [grados]	Traslación [vox]	Tiempo [s]
Sin registro	0.166	0.000	0.000	0.0
SSD	0.181	0.435	0.797	5.5
Grad+MI	-0.061	17.373	26.874	27.2
MI+ROI	0.183	0.725	1.879	36.2
MI libre	0.215	9.024	20.777	29.4

Se seleccionó MI+ROI como configuración del pipeline. A pesar de que MI libre obtiene un NCC mayor (0.215 vs 0.183), su transformación de gran magnitud desplaza la segmentación fuera de la posición anatómica esperada. MI+ROI combina una métrica adecuada para imágenes multimodales con una restricción espacial que limita la evaluación a la región cardíaca, evitando este tipo de convergencia errónea.

La Tabla 4 muestra los resultados de MI+ROI en los cuatro conjuntos de datos. En todos los casos, las rotaciones se mantienen menores a 1° y las traslaciones acotadas a menos de 2.5 vóxeles, lo que confirma un comportamiento estable y consistente con el rol de refinamiento del registro.

Tabla 4: Resultados de la configuración MI+ROI en los cuatro conjuntos de datos. Fuente: Elaboración propia.

Dato	NCC post	Rotación [grados]	Traslación [vox]	Tiempo [s]
Dato 01	0.183	0.725	1.879	36.2
Dato 02	0.064	0.561	1.519	71.3
Dato 03	0.299	0.543	1.528	32.2
Dato 04	0.203	0.934	2.349	33.0

4.4. Inspección tridimensional del alineamiento final

La Figura 22 muestra la inspección tridimensional del resultado final en ParaView, donde se visualizan simultáneamente el ventrículo izquierdo, el ventrículo derecho y la *IPCMRA* derivada del *4D Flow MRI*. En los cuatro conjuntos de datos, las cavidades reconstruidas se ubican dentro de las regiones con señal de flujo, confirmando que la alineación obtenida es adecuada para continuar con la reconstrucción geométrica y la proyección de velocidades.

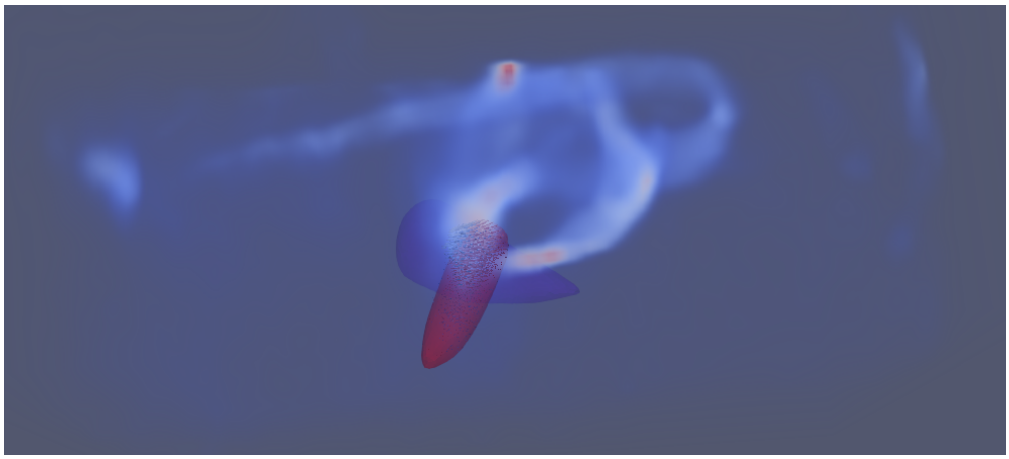
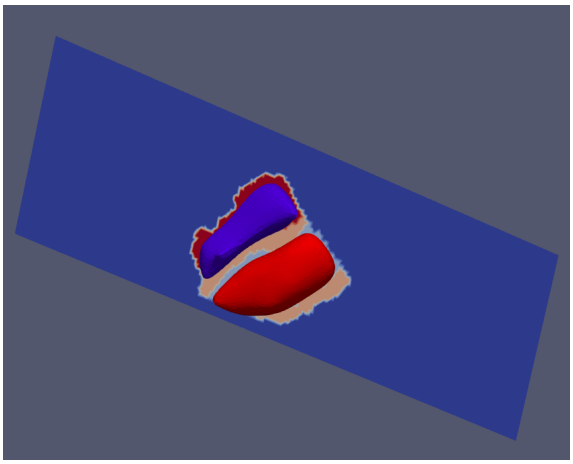


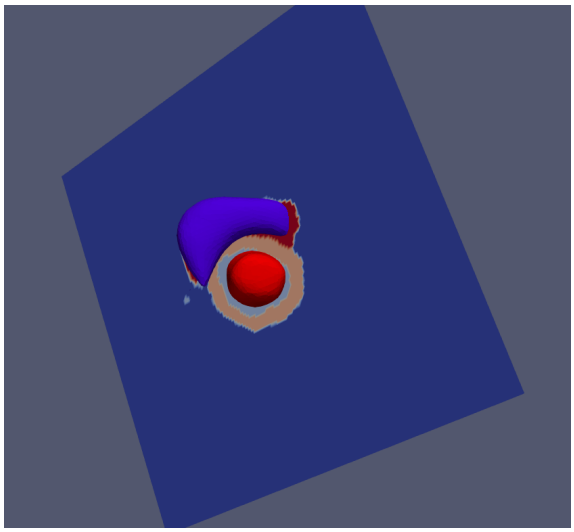
Figura 22: Inspección tridimensional del alineamiento final en ParaView, mostrando ambos ventrículos y la referencia angiográfica. Fuente: Elaboración propia.

4.5. Geometría de mallas ventriculares

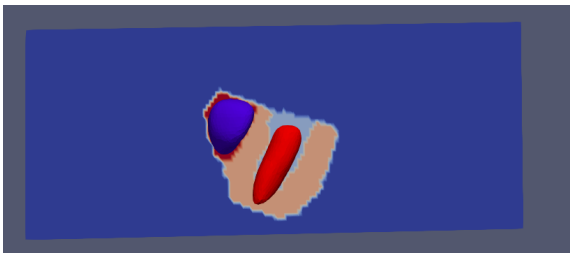
Una vez alineadas las segmentaciones, el pipeline reconstruye mallas tetraédricas para el VI y el VD en cada fase del ciclo cardíaco. La Figura 23 muestra la comparación visual entre la malla reconstruida y la segmentación alineada para el Dato 01 en fin de diástole y fin de sístole. Las visualizaciones de los datos restantes se incluyen en los anexos.



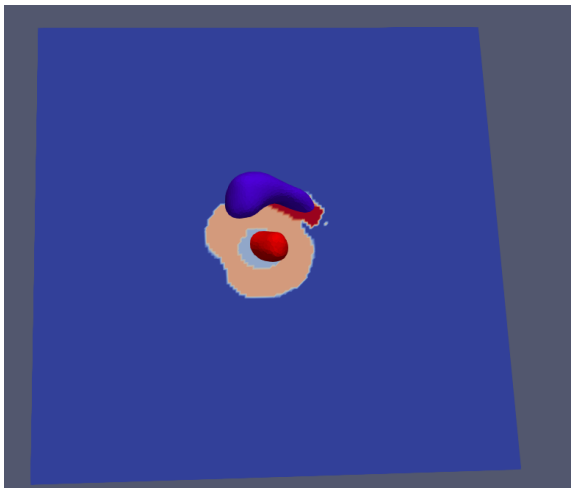
(a) ED, vista 1



(b) ED, vista 2



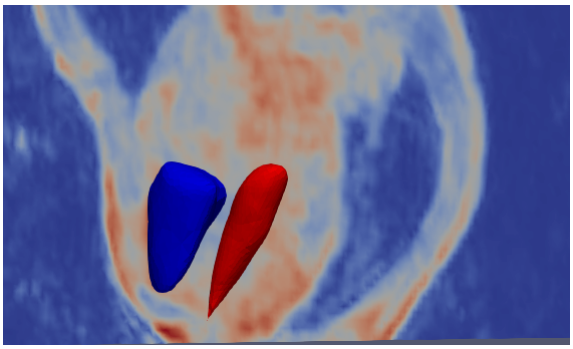
(c) ES, vista 1



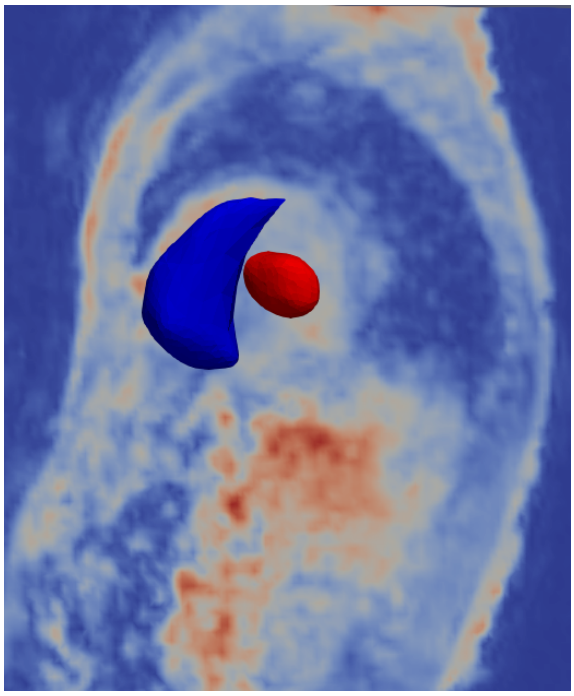
(d) ES, vista 2

Figura 23: Comparación visual entre malla tetraédrica y segmentación alineada para el Dato 01 en fin de diástole y fin de sístole. Fuente: Elaboración propia.

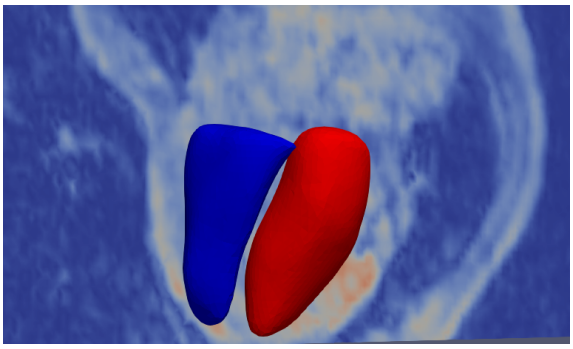
Para verificar que la segmentación alineada coincide correctamente con los datos del *4D Flow MRI*, la Figura 24 muestra las máscaras anatómicas sobre la imagen de magnitud del *4D Flow* en fin de sístole y fin de diástole. Las máscaras se ajustan a las cavidades visibles en la imagen de magnitud, lo que confirma que la transformación espacial es consistente tanto con la referencia angiográfica como con los datos de flujo subyacentes.



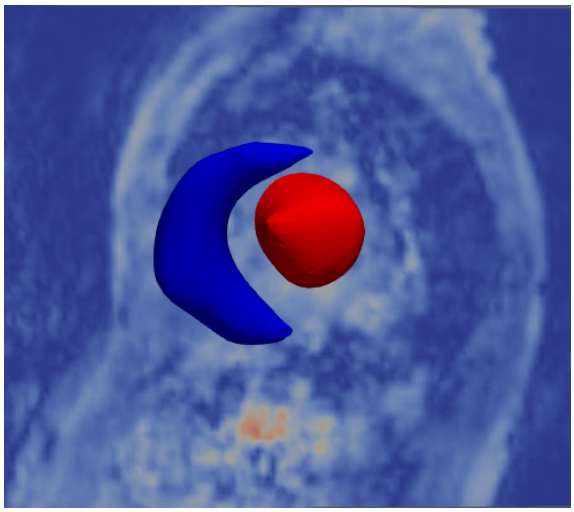
(a) ES, vista 1



(b) ES, vista 2



(c) ED, vista 1



(d) ED, vista 2

Figura 24: Segmentación alineada sobre la imagen de magnitud del *4D Flow MRI*. (a-b) Fin de sístole desde dos vistas. (c-d) Fin de diástole desde dos vistas. Las máscaras (rojo: VI, azul: VD, amarillo: miocardio) se ajustan a las cavidades visibles en la imagen de magnitud, confirmando la consistencia de la alineación con los datos de flujo. Fuente: Elaboración propia.

La malla conserva la ubicación general de las cavidades segmentadas, con diferencias locales producto del suavizado y la tetraedralización. La evaluación cuantitativa se realizó sobre los cuatro conjuntos de datos y las 24 fases, utilizando distancia de Hausdorff, distancia media de superficie y comparación volumétrica. La Tabla 5 presenta los valores promedio por sujeto

y ventrículo.

Tabla 5: Resumen de consistencia geométrica entre malla y segmentación alineada. Fuente: Elaboración propia.

Dato	Ventrículo	HD medio [mm]	MSD medio [mm]	Vol. malla [mL]	Vol. seg. [mL]
Dato 01	VI	17.471	4.768	69.405	111.458
Dato 01	VD	17.560	4.121	77.356	125.952
Dato 02	VI	16.776	3.818	77.024	100.664
Dato 02	VD	14.713	3.179	92.531	119.864
Dato 03	VI	17.367	4.846	68.061	110.124
Dato 03	VD	17.980	3.512	96.943	142.256
Dato 04	VI	15.677	4.525	40.243	74.350
Dato 04	VD	13.520	3.581	50.797	86.318

La distancia media de superficie se mantiene entre 3.18 mm y 4.85 mm según sujeto y ventrículo. La distancia de Hausdorff alcanza valores entre 13.52 mm y 17.98 mm, reflejando discrepancias locales máximas concentradas en regiones como la base y el ápex cardíaco. En todos los casos, el volumen de la malla es menor que el volumen de la segmentación, lo que indica que la reconstrucción geométrica subestima sistemáticamente el tamaño de la cavidad. Esta diferencia debe considerarse si se utilizan las mallas para cuantificación volumétrica.

4.6. Proyección de velocidades

Las Figuras 25, 26 y 27 muestran el campo de velocidades del *4D Flow MRI* proyectado sobre la malla del ventrículo izquierdo en tres fases consecutivas alrededor del fin de sístole (fase 10) para el Dato 01.

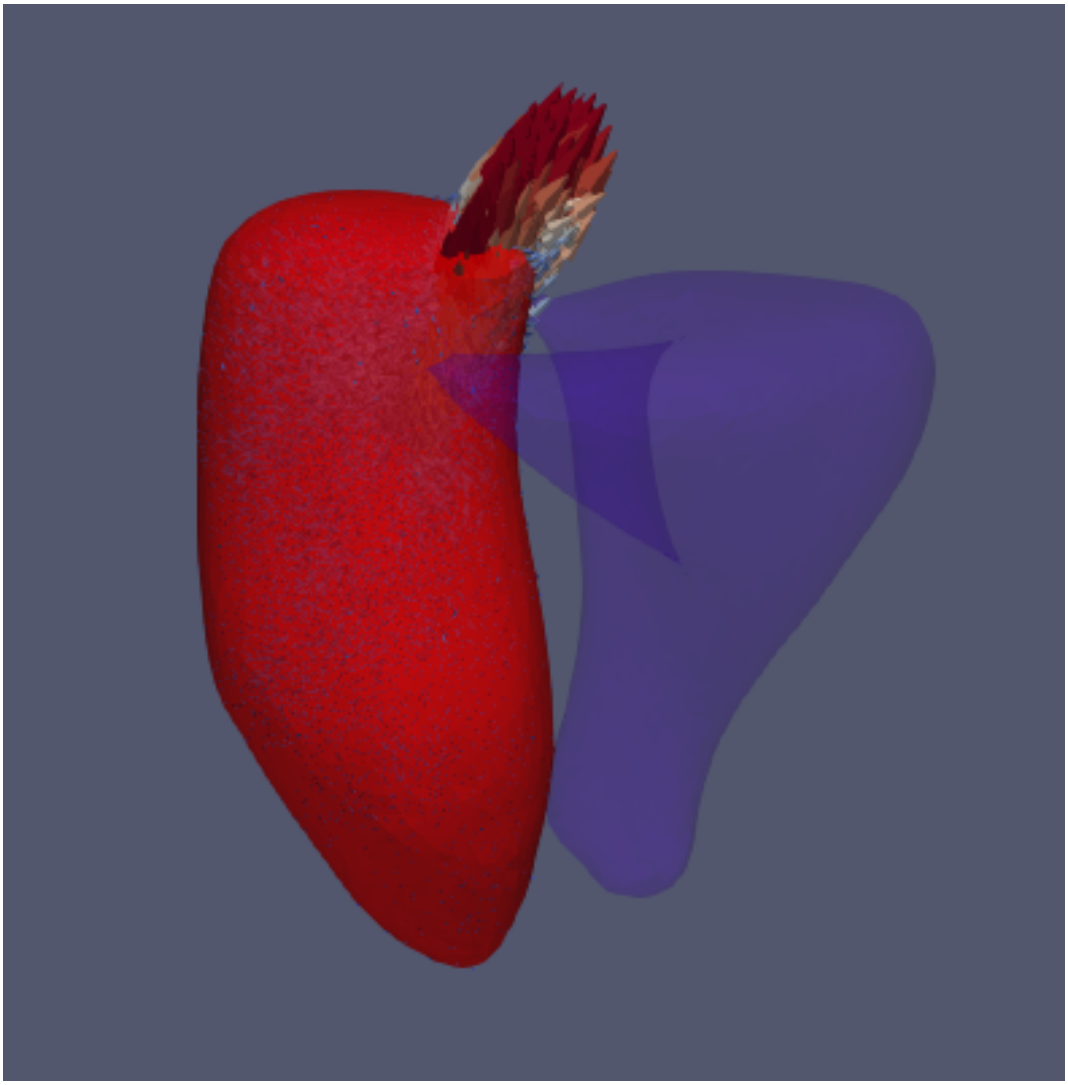


Figura 25: Velocidades proyectadas sobre la malla en una fase previa al fin de sístole, con vectores orientados hacia la salida de la cavidad. Fuente: Elaboración propia.

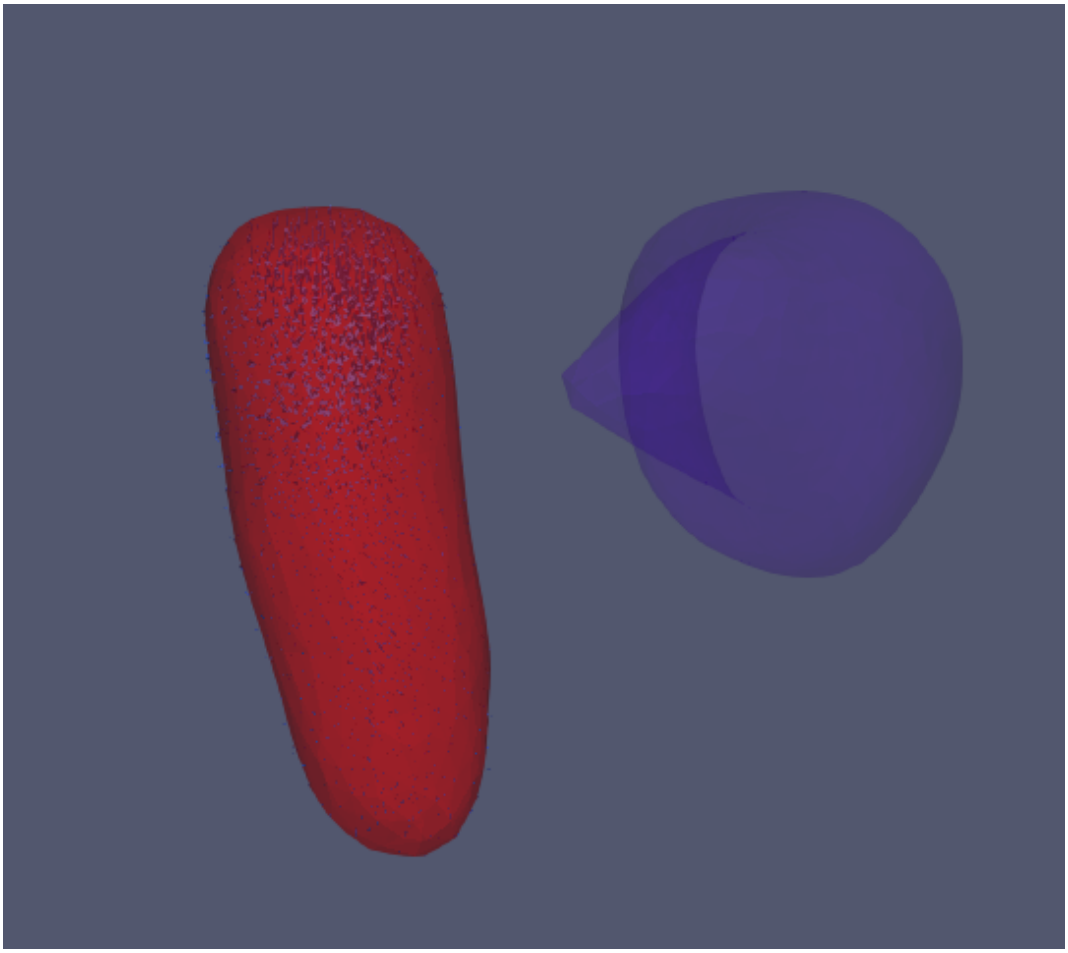


Figura 26: Cavidad reducida cercana al fin de sístole con velocidades proyectadas sobre la malla. Fuente: Elaboración propia.

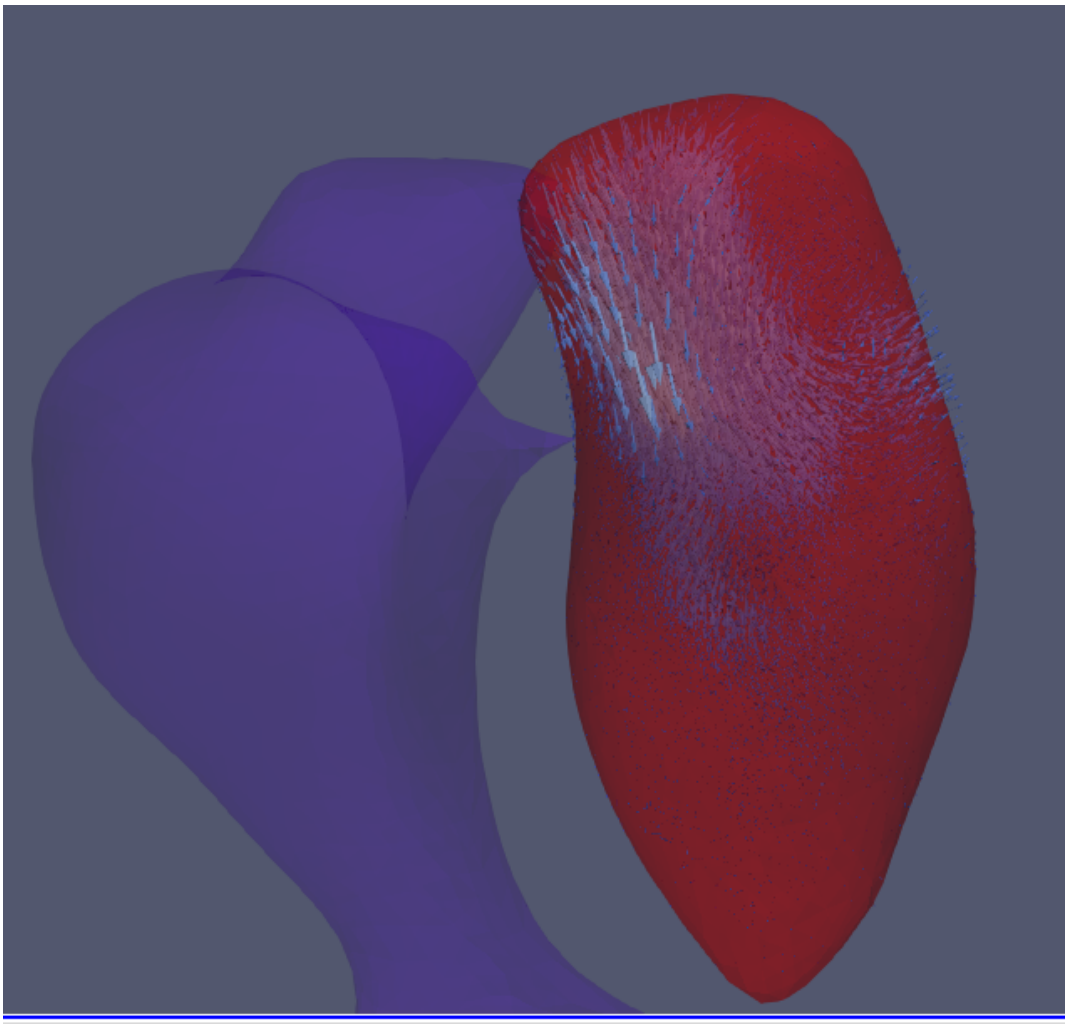


Figura 27: Velocidades proyectadas sobre la malla en una fase posterior al fin de sístole, con vectores orientados hacia el interior de la cavidad. Fuente: Elaboración propia.

Antes del fin de sístole los vectores se orientan hacia la salida de la cavidad, consistente con la eyección ventricular. Después del fin de sístole, la dirección se invierte hacia el interior, consistente con el llenado diastólico. En las tres fases, los vectores se mantienen contenidos dentro de la geometría ventricular reconstruida, lo que confirma que la alineación y la proyección son correctas.

CAPÍTULO 5
CONCLUSIONES

Esta memoria abordó el problema de alinear espacial y temporalmente imágenes cine de eje corto (*Short-Axis*, SAX) con datos de *4D Flow MRI*, con el fin de proyectar la anatomía ventricular segmentada sobre el dominio donde se encuentran definidos los campos de velocidad. Se trabajó con datos anonimizados de cuatro pacientes con miocardiopatía hipertrófica y se implementó un pipeline semi-automático en MATLAB que integra segmentación, sincronización temporal, alineamiento geométrico basado en metadatos DICOM, registro rígido automático, reconstrucción de mallas tetraédricas y proyección de velocidades.

Los resultados muestran que el pipeline logra llevar la anatomía segmentada desde SAX hacia el espacio del *4D Flow MRI* y generar una representación ventricular con velocidades asignadas a sus nodos. Visualmente, los ventrículos se ubican en regiones coherentes con la señal angiográfica, las mallas conservan la forma general de las cavidades y los vectores de velocidad presentan direcciones consistentes con las fases de eyección y llenado del ciclo cardíaco.

5.1. Conclusiones generales

El alineamiento entre SAX y *4D Flow MRI* requiere una cadena de procesamiento completa y no una única transformación directa. Antes del registro rígido fue necesario sincronizar temporalmente las fases, reconstruir la geometría de adquisición mediante metadatos DICOM, normalizar la orientación de los volúmenes y aplicar una corrección manual inicial. Solo después de estas etapas el registro automático pudo actuar como refinamiento de la posición inicial.

En registros multimodales de este tipo, las métricas de similitud no pueden interpretarse de forma aislada. La comparación de métodos mostró que una métrica puede mejorar numéricamente y producir una alineación anatómicamente incorrecta. Esto se debe a que SAX e *IPCMRA* representan información física distinta: anatomía en un caso y señal de flujo en el otro. La inspección visual y el criterio del observador siguen siendo necesarios dentro del proceso.

El registro rígido permitió corregir diferencias globales de posición y orientación sin deformar la segmentación original. Esta restricción preserva la geometría anatómica proveniente de SAX, pero limita la capacidad del método para corregir diferencias locales entre adquisiciones.

La reconstrucción de mallas ventriculares transformó las segmentaciones alineadas en una representación geométrica utilizable para visualización y proyección de velocidades. La com-

paración volumétrica mostró una subestimación sistemática del volumen respecto de la segmentación original, lo que restringe el uso de las mallas para cuantificación volumétrica precisa.

La proyección de velocidades sobre la malla permitió obtener una salida donde anatomía y flujo quedan integrados. Los vectores se mantienen dentro de la geometría ventricular y cambian de dirección entre fases de eyección y llenado, lo que confirma que la alineación es coherente.

5.2. Cumplimiento de objetivos

El objetivo general fue definir y evaluar una metodología semi-automática de registro rígido para la alineación espacial y temporal de secuencias SAX y *4D Flow MRI*. A partir de los resultados obtenidos, este objetivo se considera cumplido dentro del alcance técnico definido.

Respecto del primer objetivo específico, se generaron modelos tridimensionales de los ventrículos a partir de segmentaciones SAX obtenidas mediante redes neuronales, incluyendo superficies y mallas tetraédricas para VI y VD.

El segundo objetivo se cumplió mediante la implementación en MATLAB de un método de registro rígido que mejora la alineación espacial inicial obtenida desde los metadatos DICOM. Se evaluaron distintas configuraciones y se seleccionó MI+ROI por producir transformaciones acotadas y consistentes con el refinamiento esperado.

El tercer objetivo se cumplió propagando la transformación obtenida en la fase de referencia al resto de las fases del ciclo cardíaco, garantizando la consistencia temporal del alineamiento y evitando registros independientes por fase que podrían introducir saltos artificiales entre instantes consecutivos.

El cuarto objetivo se cumplió mediante una evaluación de consistencia espacial, geométrica y funcional. Se analizaron resultados visuales, métricas de superficie, comparación volumétrica y comportamiento de las velocidades proyectadas. Los resultados respaldan la viabilidad técnica del método, aunque también muestran limitaciones en la automatización y la reconstrucción volumétrica de las mallas.

5.3. Limitaciones y trabajo futuro

La principal limitación es la dependencia de una corrección manual inicial. Esta etapa requiere criterio del observador y puede variar entre operadores. Una línea futura es estudiar si los desplazamientos aplicados presentan patrones repetibles al aumentar la cantidad de datos, lo que permitiría automatizar parcialmente esta etapa.

Otra limitación es la diferencia temporal entre modalidades. SAX y *4D Flow MRI* no poseen necesariamente el mismo número de fases ni el mismo instante fisiológico de referencia. Como trabajo futuro, sería relevante analizar relaciones entre fases consecutivas para buscar patrones de deformación que permitan establecer una alineación temporal más precisa.

La subestimación volumétrica de las mallas indica que deben ajustarse los parámetros de reconstrucción de superficie y tetraedralización, o explorar métodos alternativos de reconstrucción desde segmentaciones médicas. Una malla más fiel al volumen original permitiría extender el pipeline hacia análisis cuantitativos más robustos.

En cuanto al registro, una extensión natural sería incorporar estrategias para evitar óptimos locales, mediante restricciones anatómicas, métricas complementarias o modelos que combinen registro rígido con correcciones locales controladas.

Finalmente, el pipeline debe evaluarse sobre una cohorte mayor y con revisión de especialistas. Cuatro conjuntos de datos permiten demostrar viabilidad inicial, pero no son suficientes para establecer conclusiones estadísticas generales. Una validación futura debería incluir más sujetos, distintas calidades de imagen, mayor variabilidad anatómica y comparación con mediciones de referencia.

ANEXOS

Anexo A: Comparativas de registro en datos complementarios

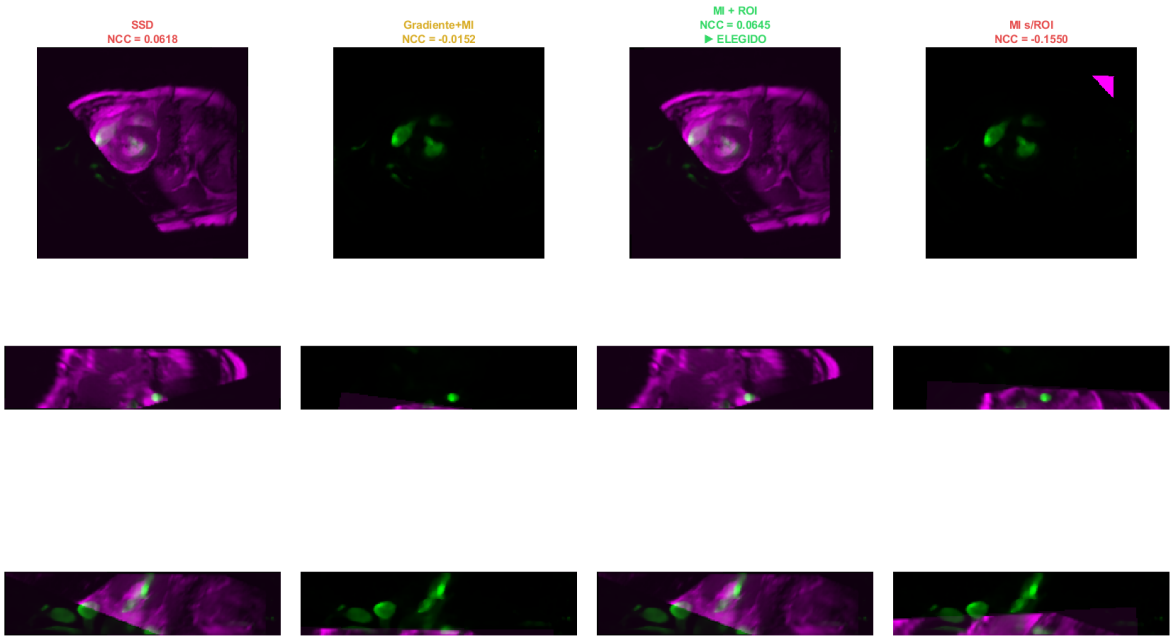


Figura 28: Comparación visual de métodos de registro para el Dato 02. Fuente: Elaboración propia.

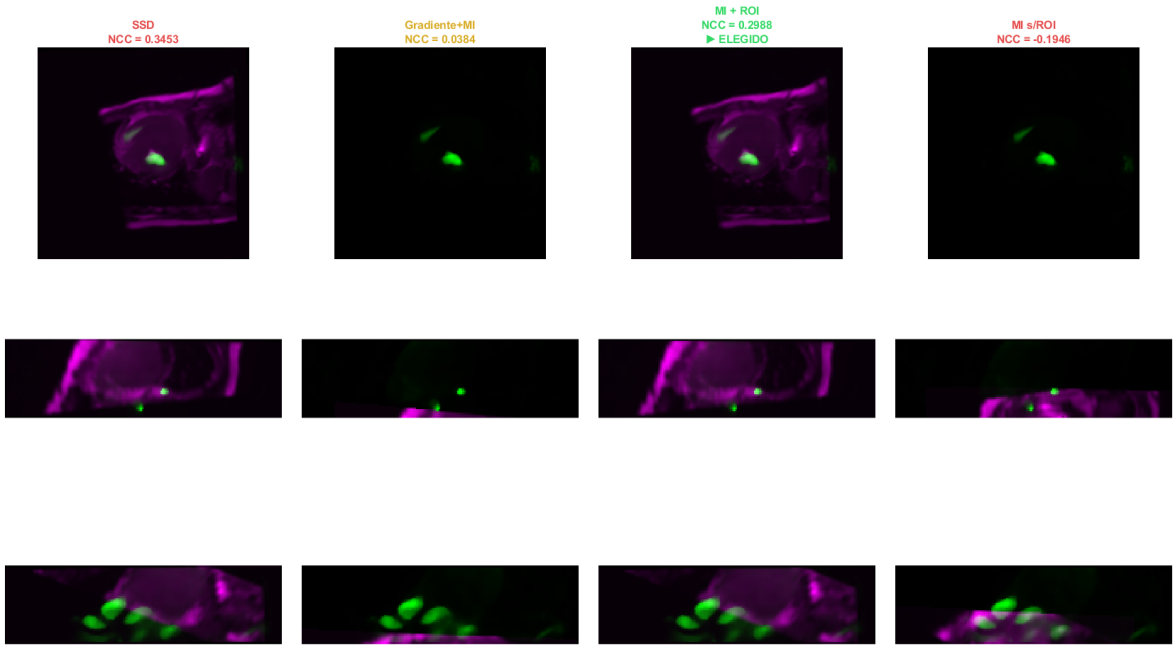


Figura 29: Comparación visual de métodos de registro para el Dato 03. Fuente: Elaboración propia.

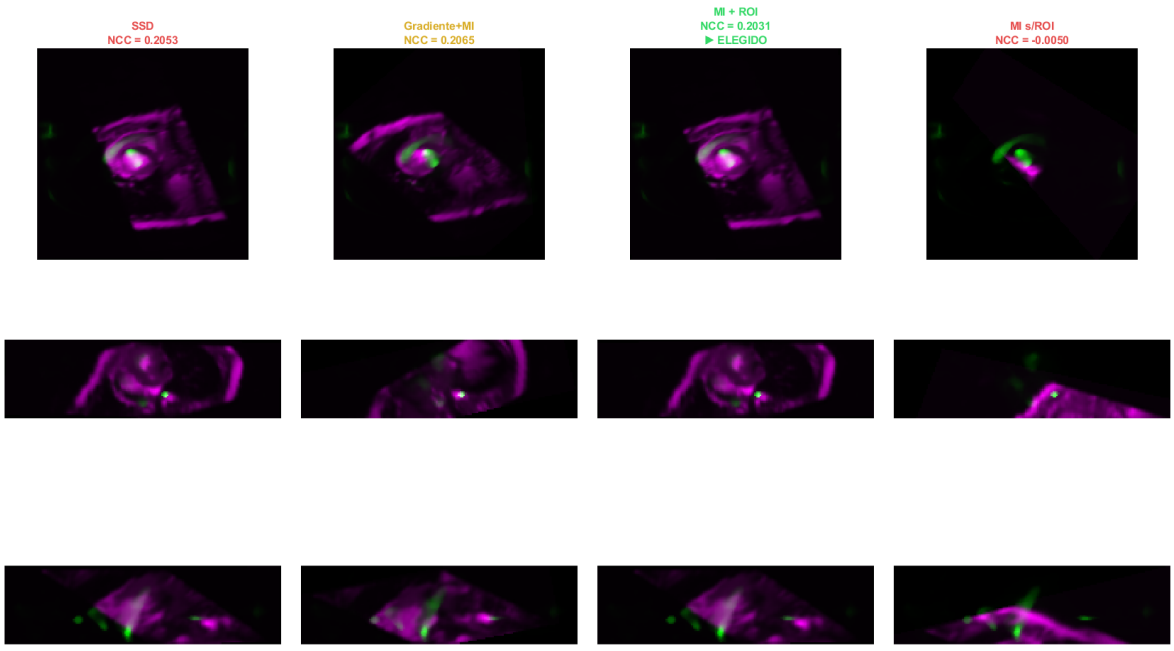


Figura 30: Comparación visual de métodos de registro para el Dato 04. Fuente: Elaboración propia.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

[Bai *et al.*, 2018] Bai, W., Sinclair, M., Tarroni, G., Oktay, O., Rajchl, M., Vaillant, G., Lee, A. M., Aung, N., Lukaschuk, E., Sanghvi, M. M., Berber, F., Fung, K., Paiva, J. M., Piechnik, S. K., Neubauer, S., Petersen, S. E., y Rueckert, D. (2018). Automated cardiovascular magnetic resonance image analysis with fully convolutional networks. *Journal of Cardiovascular Magnetic Resonance*, 20(1):1–14.

[Dyverfeldt *et al.*, 2015] Dyverfeldt, P., Bissell, M., Barker, A. J., Bolger, A. F., Carlhäll, C.-J., Ebbers, T., François, C. J., Frydrychowicz, A., Geiger, J., Giese, D., Hope, M. D., Kilner, P. J., Kozerke, S., Myerson, S., Neubauer, S., Wieben, O., y Markl, M. (2015). 4d flow cardiovascular magnetic resonance consensus statement. *Journal of Cardiovascular Magnetic Resonance*, 17(1):72.

[Edelsbrunner y Mücke, 1994] Edelsbrunner, H. y Mücke, E. P. (1994). Three-dimensional alpha shapes. *ACM Transactions on Graphics*, 13(1):43–72.

[Fang y Boas, 2009] Fang, Q. y Boas, D. A. (2009). Tetrahedral mesh generation from volumetric binary and gray-scale images. En *Proceedings of the IEEE International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)*, pp. 1142–1145.

[Huttenlocher *et al.*, 1993] Huttenlocher, D. P., Klanderman, G. A., y Rucklidge, W. J. (1993). Comparing images using the hausdorff distance. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 15(9):850–863.

[Lehmann *et al.*, 1999] Lehmann, T. M., Gonner, C., y Spitzer, K. (1999). Survey: Interpolation methods in medical image processing. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(11):1049–1075.

[León *et al.*, 2023] León, A., Sotelo, J., Figueroa, C., Valdés, S., Cadiz, M., Barrera, C., Irarrázaval, P., Tejos, C., y Andia, M. E. (2023). Cardiac segmentation of short-axis mri using deep learning. *Biomedical Signal Processing and Control*, 86:105236.

[Maes *et al.*, 1997] Maes, F., Collignon, A., Vandermeulen, D., Marchal, G., y Suetens, P. (1997). Multimodality image registration by maximization of mutual information. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(2):187–198.

[Maintz y Viergever, 1998] Maintz, J. B. A. y Viergever, M. A. (1998). A survey of medical image registration. *Medical Image Analysis*, 2(1):1–36.

[Markl *et al.*, 2012] Markl, M., Frydrychowicz, A., Kozerke, S., Hope, M., y Wieben, O. (2012). 4d flow mri. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 36(5):1015–1036.

[National Electrical Manufacturers Association (NEMA), 2024] National Electrical Manufacturers Association (NEMA) (2024). *Digital Imaging and Communications in Medicine (DICOM), Part 3: Information Object Definitions*. Disponible en: `https://dicom.nema.`

org/medical/dicom/current/output/html/part03.html. Consultado el 29 de abril de 2026.

[Oechtering *et al.*, 2023] Oechtering, T. H., Sieren, M. M., Hunold, P., Hennemuth, A., Markl, M., Forman, C., Bock, J., Huellebrand, M., Neuhaus, E., Knobelsdorff-Brenkenhoff, F. v., Schulz-Menger, J., Jena, B., Beerbaum, P., Bollmann, A., Elgeti, T., Ertl, G., Foldyna, B., Gutberlet, M., Hamm, C. K., Lehmkuhl, L., Lund, G., Mahrholdt, H., Metzler, B., Nagel, E., Pilz, G., Sandstede, J., Schaefer, A., Schuler, G., Schwitter, J., Sechtem, U., Thiele, H., Ulmer, H., y Barkhausen, J. (2023). Repeatability and reproducibility of various 4d flow mri postprocessing software programs in a multi-center, multi-vendor setting. *Journal of Cardiovascular Magnetic Resonance*, 25(1):22.

[Schroeder *et al.*, 2006] Schroeder, W., Martin, K., y Lorensen, B. (2006). *The Visualization Toolkit: An Object-Oriented Approach to 3D Graphics*. Kitware, 4 edición.

[Sharma, 2021] Sharma, S. (2021). DICOM Coordinate Systems — 3D DICOM for Computer Vision Engineers. https://medium.com/redbrick-ai/dicom-coordinate-systems-3d-dicom-for-computer-vision-engineers-pt-1-61341d87485f. Consultado el 26 de mayo de 2026.

[Si, 2015] Si, H. (2015). Tetgen, a delaunay-based quality tetrahedral mesh generator. *ACM Transactions on Mathematical Software*, 41(2):1–36.

[Sotelo, 2025] Sotelo, J. (2025). 4D-Flow-Matlab-Toolbox. https://github.com/JulioSoteloParraguez/4D-Flow-Matlab-Toolbox. Consultado el 29 de abril de 2026.

[Sotelo *et al.*, 2022] Sotelo, J., Dux-Santoy, L., Guala, A., Evangelista, A., Urbina, J., Alcaine, A., Asenjo, R., Uribe, S., Rodríguez-Palomares, J. F., Figueroa, C., y Andia, M. E. (2022). Fully three-dimensional hemodynamic characterization of altered blood flow in the aorta: A finite element approach. *Frontiers in Cardiovascular Medicine*, 9:885338.

[Taha y Hanbury, 2015] Taha, A. A. y Hanbury, A. (2015). Metrics for evaluating 3d medical image segmentation: Analysis, selection, and tool. *BMC Medical Imaging*, 15(1):29.

[Taylor y Figueroa, 2009] Taylor, C. A. y Figueroa, C. A. (2009). Patient-specific modeling of cardiovascular mechanics. *Annual Review of Biomedical Engineering*, 11:109–134.

[Viola y Wells III, 1997] Viola, P. y Wells III, W. M. (1997). Alignment by maximization of mutual information. *International Journal of Computer Vision*, 24(2):137–154.

[Zhao *et al.*, 2024] Zhao, J., Rijnberg, F. M., van der Velde, L., de Roest, G. J., y van der Geest, R. J. (2024). Deep learning based automated left ventricle segmentation and flow quantification in 4d flow cardiac mri. *Magnetic Resonance Imaging*, 108:55–63.

[Zitová y Flusser, 2003] Zitová, B. y Flusser, J. (2003). Image registration methods: A survey. *Image and Vision Computing*, 21(11):977–1000.