

Procesamiento de imágenes en Medicina Nuclear

Margarita Núñez

***Escuela Universitaria de Tecnología Médica
UdelaR, Montevideo, Uruguay
Comité de Tecnólogos de ALASBIMN***

2008

Procesamiento de Imágenes en Medicina Nuclear

1. INTRODUCCIÓN.

Los programas de adquisición de datos constituyen una pequeña fracción del software para aplicaciones clínicas disponible en una computadora de medicina nuclear. Una vez adquiridos, los datos generalmente deben sufrir algún tipo de procesamiento a fin de que la información recogida adquiera o aumente su valor diagnóstico. La mayoría de los paquetes de software clínico contienen programas de procesamiento que pueden ser clasificados bajo una de las siguientes categorías generales: *procesamiento cualitativo*, *análisis cuantitativo*, *reconstrucción de imágenes de tomografía por emisión (SPECT y PET)*, y *fusión de imágenes* de diferentes modalidades.

2. PROCESAMIENTO CUALITATIVO DE LAS IMÁGENES.

Debemos comenzar por reconocer que una imagen adquirida por un sistema de detección (p.ej. una gammacámara), queda almacenada en la computadora bajo forma de una o más *matrices*, es decir, un conjunto de unidades o *pixeles*, cada uno de los cuales contiene un número igual a la cantidad de eventos radioactivos que recibió el detector en dicha posición del espacio. En medicina nuclear, las matrices por lo general miden 64x64, 128x128 o 256x256 pixeles. El conjunto de pixeles de una matriz conteniendo información forma la imagen centellográfica. El propósito de un procesamiento cualitativo es en general *transformar* la presentación de una imagen a fin de resaltar más adecuadamente las características de valor diagnóstico de la misma.

Antiguamente, la computadora era utilizada solamente como un dispositivo de almacenamiento. Utilizando los datos de la adquisición almacenados en la computadora, se realizaban exposiciones repetidas de un film fotográfico por el método de prueba y error hasta que se obtenía la densidad fotográfica adecuada, ahorrando así el tiempo que se invertiría en repetir el estudio al paciente.

Desde estos modestos comienzos, el software para procesamiento de imágenes se ha expandido incluyendo sofisticados algoritmos para:

- resaltar características específicas de la imagen original,
- manipular la presentación de la imagen,
- corregir las distorsiones causadas por los equipos de adquisición.
- realizar otros análisis matemáticos a fin de extraer información de utilidad diagnóstica.

Esta variedad de operaciones es factible por el hecho de tener los datos de la imagen almacenados en forma numérica, lo que permite su manipulación matemática.

a) Métodos convolutivos de procesamiento de la imagen (*filtros de suavizado*).

Uno de los primeros intentos para mejorar la calidad de las imágenes radioisotópicas consistió en la utilización de *filtros de suavizado* con la finalidad de *reducir el "ruido"* de la imagen. Por el momento, definamos "ruido" como un conjunto de *detalles indeseables* contenidos en la imagen debido al relativo bajo número de cuentas adquirido. Al igual que en acústica o en electrónica, la señal original puede estar contaminada con señales accesorias que dificultan su comprensión, y al igual que en esas disciplinas, en imagenología se aplican filtros para *remover* en lo posible las señales indeseables. Como resultado de la interferencia del ruido, una superficie sólida del objeto en estudio aparece irregular y sus bordes mal definidos. En realidad, lo que da a la imagen un aspecto inhomogéneo son las *variaciones en el número de cuentas por pixel* en una región determinada de la imagen, por lo cual debemos aplicar un método para que dicha zona presente una apariencia más regular.

- **Filtro de promedio no ponderado.** Un método comúnmente utilizado para mejorar la calidad de la imagen consiste en remover el ruido aplicando un **filtro de suavizado**, que consiste en **promediar las cuentas por pixel** en la imagen. El filtro más popular es el llamado de **9 puntos**.

En realidad, el suavizado de 9 puntos consiste en mover una "**submatriz**" o "**máscara**" por encima de toda la matriz original de la imagen. Esta máscara está formada por un **bloque de 3x3 pixeles**, cada uno teniendo un valor de 1/9 del total de cuentas en la máscara. Cuando la máscara se superpone a un conjunto de nueve pixeles de la imagen original, hace que el pixel central se parezca más a sus pixeles vecinos porque **reemplaza las cuentas originales** que contiene por el **promedio de cuentas** de esos nueve pixeles. A medida que la máscara continúa desplazándose sobre la matriz original, cada pixel central sufre el mismo proceso hasta que al final se forma una imagen procesada en la cual cada pixel se distingue menos de sus pixeles vecinos. La máscara o submatriz de 3x3 pixeles se denomina "**kernel de convolución**" y el proceso de aplicarla a una imagen se denomina **filtrado de convolución**. La nueva imagen tendrá un aspecto más "borroso" pero más homogéneo que la imagen original, al **eliminar las fluctuaciones del conteo estadístico**.

El filtrado de 9 puntos asume que cada uno de los pixeles vecinos afecta el conteo del pixel central de modo equivalente. En realidad, por lo general un kernel para filtrado de convolución asume que el pixel ubicado a **mayor distancia** del centro **influye menos** que uno ubicado más próximo. Un filtro de nueve puntos ampliamente utilizado da un "peso" distinto a cada uno de los pixeles del bloque de 3x3 adjudicando un factor de **ponderación** a cada píxel de acuerdo a su posición, de la siguiente manera:

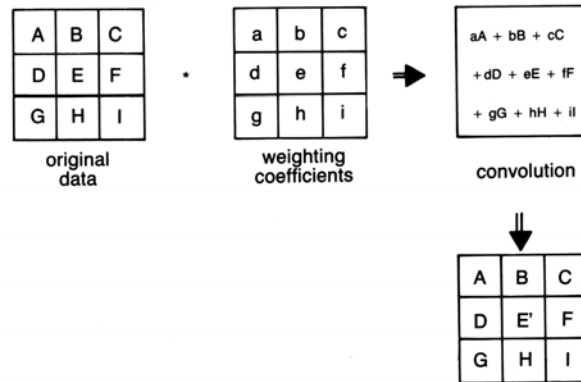
$$\frac{1}{16} \begin{bmatrix} 1 & 2 & 1 \\ 2 & 4 & 2 \\ 1 & 2 & 1 \end{bmatrix}$$

Esto significa que las cuentas en el pixel central reciben la consideración más importante durante el proceso de promediado, y "pesan" el doble que los pixeles inmediatamente vecinos. Las cuentas de los pixeles que se ubican en las esquinas diagonales de la máscara se consideran menos importantes y "pesan" solamente 1/4 durante el proceso de promediado. La suma es dividida por 16, que representa la suma de los **coeficientes de ponderación** del filtro.

- El algoritmo de **promediado ponderado** del píxel lleva a las cuentas del píxel central a aproximarse a las de sus vecinos, pero no tanto como en el caso del promedio no ponderado. Por tanto, la imagen obtenida luego del filtrado se verá menos "borroneada" y poseerá una **mayor resolución espacial** porque cada píxel retiene algo más de sus características originales.

En suma, el procedimiento de suavizado implica **modificar la distribución de cuentas de la imagen original al desplazar una "máscara" sobre cada píxel de dicha imagen**. Esta "máscara" o **kernel de convolución**, constituida por un grupo de coeficientes o factores de ponderación, es usada para calcular un nuevo valor de un píxel dado. Luego de multiplicar las cuentas del píxel por el correspondiente coeficiente de ponderación, los productos son sumados para generar un promedio ponderado que se asignará al píxel central.

El procedimiento general para un filtro de convolución de 3x3 se ilustra en el esquema. Las letras minúsculas a,b,c,d,e,f,g,h,i, son los factores de ponderación o coeficientes del kernel de convolución 3x3, mientras que las letras mayúsculas son las correspondientes cuentas de los pixeles de la imagen original, siendo E' el valor suavizado. Si todos los "pesos" de la máscara fueran iguales, las cuentas del pixel resultante serían simplemente iguales al promedio de cuentas de los pixeles vecinos. De otra forma, las cuentas serán el resultado del **promedio ponderado**. El nuevo pixel promedio no reemplaza el valor original de la imagen sino que **se crea una nueva matriz** sobre la que se almacenará los nuevos valores.



La idea básica del filtrado espacial, entonces, es producir una nueva imagen mediante la sustitución de las cuentas originales por otras modificadas por la "máscara". Pueden conseguirse diversos efectos en la imagen original asignando *diferentes coeficientes* a los píxeles de la "máscara" y al usar "máscaras" de *diferentes tamaños*. El *suavizado "mediano"* y la *detección de bordes* son ejemplos de manipulación de la imagen variando los coeficientes del kernel de convolución.

- El *"suavizado mediano"* es un tipo de filtro en el cual al píxel central se asigna el valor *mediano* de los píxeles de la "máscara", en vez del *promedio ponderado*. El valor mediano es aquel valor de cuentas mayor al del 50% de los píxeles, pero también menor del 50% restante. En un *histograma de distribución de cuentas*, el píxel mediano se sitúa exactamente en el medio. El filtro mediano es útil para eliminar la contribución de los píxeles que contienen valores extremos, y resulta en una imagen más homogénea pero con menos detalles. Debe tomarse en cuenta que *los filtros de suavizado disminuyen la resolución espacial* de la imagen y deben aplicarse conociendo este efecto. Siempre se trata de alcanzar un *compromiso* entre la disminución del "ruido" y la pérdida de resolución.

- El *"resalto de bordes"* es la operación *opuesta* al suavizado de la imagen. Mientras el suavizado intenta reducir el contraste entre los píxeles adyacentes, el resalto de bordes pretende *acentuar el contraste*. A pesar de este efecto opuesto, el resalto de bordes puede llevarse a cabo usando la misma técnica que el suavizado; la única diferencia radica en los coeficientes de la "máscara". Si al *pixel central* de la "máscara" se le asigna un *valor positivo* y a los *píxeles circundantes valores negativos*, entonces la convolución de la imagen original producirá una nueva imagen que *acentuará los bordes y los detalles* de la imagen. Un ejemplo de kernel para resaltar bordes:

-1	-2	-1
-2	13	-2
-1	-2	-1

La "máscara" siempre contiene un *número impar* de filas y columnas, de modo que siempre existe un píxel en el centro exacto. Las dimensiones de la "máscara", medidas en términos de número de píxeles por lado, varían de acuerdo a la ecuación:

$$(2N + 1) \times (2N + 1).$$

Si $N=1$, la máscara medirá 3×3 ; si $N=2$, la máscara será 5×5 , y así sucesivamente. En general, una "máscara" de mayor tamaño será más eficaz para eliminar el "ruido" de la imagen,

sin suavizar demasiado la imagen original, pero el cómputo insumirá más tiempo. Como se ve, al duplicar el tamaño de la "máscara", existe una cuadruplicación del número de píxeles y por tanto el tiempo de computación se multiplica por 4. Por esta razón, la "máscara" de 3x3 es la más ampliamente utilizada.

b) Métodos de Fourier para manipulación de imágenes.

Los filtros de convolución manipulan los datos en el dominio del espacio, como por ejemplo líneas, puntos y variables de intensidad. Un método alternativo al filtrado de convolución, es el uso de los *filtros de Fourier*. El resultado final de los filtros de Fourier es el mismo que un filtro de convolución con la excepción de que el filtro de Fourier manipula los datos en el *dominio de las frecuencias* en vez de hacerlo en el dominio del *espacio*. En realidad, el filtro de Fourier es una *equivalencia matemática* exacta de un filtro de convolución.

- **Fundamentos del análisis de Fourier.**

Cuando uno trabaja con un filtro de Fourier, los datos de la imagen están representados como una serie de ondas seno y coseno, cada una con una diferente frecuencia espacial, fase y amplitud. El *suavizado* de la imagen o el *resalte* de los bordes se logra al *eliminar o suprimir los componentes de ondas de alta y baja frecuencia respectivamente*, por lo tanto un filtro de Fourier también se conoce como un filtro de *frecuencia espacial*. El proceso de remover frecuencias indeseables en la imagen involucra tres pasos diferentes:

- transformar la imagen del dominio del espacio al dominio de las frecuencias,
- atenuar selectivamente la amplitud de las frecuencias indeseables y
- transformar la imagen modificada en el dominio de la frecuencia al dominio del espacio nuevamente.

El mayor escollo para comprender los filtros de Fourier radica en el primer paso: transformar la imagen del dominio del espacio al dominio de las frecuencias. ¿Cómo podemos transformar una imagen visual con sus puntos, líneas y planos, con sus colores y matices de gris al mundo místico de las frecuencias y las amplitudes? La metamorfosis es fácil de entender si pensamos acerca de la relación entre la música escrita por el compositor y la música ejecutada por la orquesta.

La orquesta produce un *sonido compuesto* que cambia de un momento al siguiente a medida que los diferentes instrumentos tocan sus propios tonos con distinta intensidad y a distinta secuencia de tiempo. La música puede ser almacenada grabando en una cinta o un disco las variaciones momentáneas de la presión del aire contra el micrófono. El método que graba el sonido como función del tiempo se dice que opera en el *dominio del tiempo*.

Por otra parte, un aspirante a compositor podría transcribir el sonido de la orquesta a un grupo de notas en una escala musical. Cada nota en una escala musical representa una única y distintiva *frecuencia* de sonido. Además de las notas de la escala, la partitura también describe el preciso momento en que una nota debe comenzar y la intensidad relativa a la cual debe ser interpretada, lo cual podría equivaler a la *fase* y la *amplitud* de cada nota. Por tanto, una partitura describe cada nota a ser interpretada por el instrumento en términos de la frecuencia, la amplitud y la fase del sonido. El método que registra un sonido *en términos de fase y amplitud de sus varias frecuencias* se dice que trabaja en el *dominio de las frecuencias*. Al hacer tal cosa, el aspirante a compositor está realizando una *transformada de Fourier* de la música interpretada por la orquesta del *dominio del tiempo* al *dominio de la frecuencia*. Cuando un músico lee la partitura y produce un sonido utilizando su instrumento, está realizando una *transformada inversa de Fourier*. Por tanto, la música es cambiada del dominio de las frecuencias al dominio del tiempo. Básicamente, la transformada de Fourier es simplemente una manera de *transcribir información* de un tipo de notaciones a otro o dicho de otra manera, una forma diferente de describir el mismo fenómeno.

A pesar de que utilizamos como ejemplo una función que varía con el tiempo, el análisis de Fourier puede ser utilizado para resolver una variedad de problemas mediante funciones matemáticas que se pueden aproximar a una suma de ondas periódicas. En medicina nuclear, utilizamos el método de Fourier para describir la resolución de una gammacámara y para

manipular información almacenada en una imagen. Del mismo modo, para analizar imágenes es más fácil transformar primero los datos al dominio de las frecuencias, trabajar en él para eliminar el ruido y otras frecuencias indeseables y luego transformarla de nuevo al dominio del espacio. El trabajo de transformar la imagen de un dominio al otro bien vale la pena, considerando la flexibilidad del método de Fourier para realizar una gran variedad de operaciones.

- **Filtros de Fourier.**

Manteniendo la analogía de la música en el dominio de las frecuencias, podemos aplicar la misma metodología para el análisis de una imagen. El análisis de Fourier asume que una **función matemática** puede ser representada por una **suma de ondas seno y coseno de distinta frecuencia, amplitud y fase**. Los **detalles finos** y los **bordes nítidos** de una imagen son predominantemente contruidos por componentes de **alta frecuencia**, mientras que la parte de **baja resolución** de una imagen contiene más que nada componentes de **baja frecuencia**.

Profundicemos en la transformación de una imagen radioisotópica del dominio del espacio al dominio de la frecuencia. Dado que los datos de la imagen se almacenan en forma numérica, se pueden traducir a un grupo de **funciones matemáticas**. El objetivo es transformar ese grupo de funciones al dominio de las frecuencias mediante una transformada de Fourier.

La idea de que un órgano tal como el hígado, por ejemplo, pueda ser descrito por un juego de ecuaciones matemáticas no es tan ridícula. Asumamos que un centellograma fue adquirido en una matriz de 64x64. Si graficamos el número de cuentas en cada pixel a lo largo de una línea de la matriz, digamos la línea 34, obtenemos una curva con 64 puntos. En medicina nuclear, llamamos a dicha curva **perfil de actividad**. Podemos hacer lo mismo para cada línea de la matriz y obtener un juego de 64 perfiles de actividad. Sin embargo, cada curva (y por tanto cada perfil) es en realidad una representación gráfica de una función matemática. En una matriz de 64x64 habría 64 ecuaciones y una matriz de 128x128 estaría compuesta por 128 ecuaciones simultáneas.

Utilizando la transformada de Fourier, la ecuación que representa el perfil de actividad puede ser reconstruida como una **suma de términos seno y coseno**, cada uno con diferente amplitud y frecuencia. La transformada de Fourier es simplemente una receta matemática para que la computadora descifre la fase y la amplitud (también conocidas como **coeficientes de Fourier**) de todas las frecuencias que integran el perfil de actividad. Después de realizar la transformada de Fourier en cada línea de pixeles de la matriz, se ha cumplido el traslado de los datos de la imagen del **dominio del espacio al dominio de las frecuencias**.

La siguiente tarea es **filtrar las frecuencias indeseables** de la imagen. Recordemos que los términos de **alta frecuencia** son responsables por los bordes nítidos y detalles finos. Desafortunadamente estos componentes de alta frecuencia están contaminados de una **gran cantidad de ruido estadístico**. Los bordes de un órgano tienen a menudo una apariencia irregular porque están predominantemente contruidos por componentes de alta frecuencia y éstos contienen considerable ruido estadístico debido al relativo **bajo número de cuentas** recolectado en esa región. Estos componentes de alta frecuencia pueden ser suprimidos utilizando un **filtro pasabajo**, también conocido como **filtro de suavizado**. Un filtro pasabajo actúa como un tamiz, reteniendo en la imagen sólo aquellos componentes con una baja frecuencia y eliminando los componentes con altas frecuencias. Como resultado, la imagen filtrada tiene una mejor apariencia y aspecto más homogéneo, pero los detalles están borronados debido a que los componentes de alta frecuencia se ven atenuados.

El **filtro pasa-bajo** consiste en **multiplicar las amplitudes de los componentes de alta frecuencia** en la imagen original por un **factor modificante** que puede tener un valor entre 0 y 1. Si la amplitud de una frecuencia es multiplicada por 0, la contribución de esa frecuencia a la imagen resultante se elimina. Si el factor de multiplicación es >0 pero <1 , la expresión de esa frecuencia en la imagen resultante es disminuida.

Si deseamos destacar los bordes, utilizaríamos un **filtro pasa-alto** para permitir expresarse a todos los componentes de alta frecuencia mientras se eliminan o disminuyen los componentes de baja frecuencia. Si lo que deseamos es que la imagen resultante contenga sólo aquellos aspectos ubicados dentro de un **cierto rango de frecuencias**, utilizaremos un filtro **pasa-banda**.

Un filtro pasabanda es un tamiz matemático que permite retener sólo aquellos componentes dentro de una limitada banda de frecuencias y eliminar todos los demás componentes por encima o por debajo de la banda permitida. La función del filtro pasabanda es similar a la función del *analizador de altura de pulsos* de la gamacámara, que permite registrar sólo aquellos fotones dentro de cierta ventana de energía.

El paso final en el proceso es traer nuevamente los datos de la imagen modificada del dominio de la frecuencia al dominio del espacio. El procedimiento matemático para este paso final es llamado *transformada inversa de Fourier*.

Se ha discutido solamente la técnica utilizando una transformada de Fourier *monodimensional*, pero existen varias técnicas de procesamiento de imágenes que utilizan una transformada de Fourier *bidimensional*, lo cual no es otra cosa que la sumatoria de dos procesos de transformada monodimensional. Primero se realiza una transformada monodimensional para cada *línea* de píxeles como se describió anteriormente; luego se realiza una nueva transformada monodimensional en cada uno de los coeficientes resultantes en cada *columna*.

Tanto los filtros de Fourier como los filtros de convolución pueden realizar la tarea de remover los aspectos indeseables de una imagen con la misma eficacia. Sin embargo, la técnica de convolución es usada más frecuentemente en el procesamiento de imágenes en medicina nuclear, y una de las razones es el tiempo de computación ya que la técnica de convolución es más rápida que la técnica de Fourier cuando los kernel son más pequeños de 9x9. Sin embargo, con el advenimiento de computadoras más potentes el tiempo de procesamiento ha dejado de ser una consideración importante. El método de Fourier puede generar algunos artefactos en la imagen si no se cuidan algunos detalles computacionales, lo cual es una de las razones por las que la técnica de convolución a veces es preferida para el suavizado o para el resaltado de bordes.

3. ANÁLISIS CUANTITATIVO DE LOS ESTUDIOS.

Si la virtud de la medicina nuclear frente a modalidades de imágenes competitivas es su habilidad para evaluar las funciones fisiológicas, la justificación de una computadora para medicina nuclear es la posibilidad de realizar una *evaluación cuantitativa de los datos fisiológicos* obtenidos. Las variadas técnicas de suavizado y mejoramiento del contraste son interesantes y a veces necesarias, pero la importancia de estas operaciones pasan a un segundo plano frente al análisis cuantitativo de los datos.

Una característica común a la mayoría de los análisis cuantitativos, ya se trate de estudios dinámicos o estáticos, es que tienden a calcular un *índice numérico* como expresión de una función fisiológica de un órgano. Muchos de estos índices numéricos se han transformado en términos comunes, como por ejemplo la fracción de eyección cardíaca, el flujo plasmático renal efectivo, la función renal por separado, el vaciamiento gástrico, etc. Diversas operaciones computacionales son similares para muchos estudios funcionales. El procedimiento de cuantificación de un estudio dinámico, por ejemplo, involucra la construcción de una *región de interés (ROI)* en la imagen de un órgano, calculando el *número de cuentas* dentro del ROI y generando una *curva* que representa las variaciones de cuentas en función del tiempo. Basado en la *curva de actividad/tiempo*, se pueden derivar uno o más índices numéricos representativos de la función del órgano en estudio.

a) Creación de ROIs.

Dibujar una ROI es uno de los primeros pasos en casi todas las operaciones de cuantificación de imágenes. La ROI generalmente constituye el *contorno de un órgano* cuya función fisiológica se desea evaluar al cuantificar la cantidad de actividad que atraviesa dicha región. Es necesario delinear el órgano de interés porque solamente queremos cuantificar la actividad dentro del órgano que se investiga y no en otras estructuras anatómicas incluidas en el campo de visión de la gamacámara.

La manera habitual de dibujar una ROI es mediante un dispositivo como un joystick, un trackball, o un mouse. Llevando el cursor a diferentes posiciones de la pantalla, se va trazando una línea hasta completar la ROI. También existen métodos automáticos o semi-automáticos.

Dado que el propósito de la ROI es *aislar* la actividad dentro del órgano para ser cuantificada, su trazado debe ser una representación lo más aproximada posible de los *verdaderos contornos* del órgano. Para algunos estudios como el renograma, el operador puede utilizar un juicio subjetivo para crear la ROI deseado, porque la relación de órgano a fondo es elevada y sólo estamos interesados en los cambios relativos de cuentas dentro de la ROI de una imagen a otra. Sin embargo, como regla general *los bordes del órgano no están muy bien definidos* debido a baja resolución, movimiento del órgano, baja cantidad de cuentas, actividad superpuesta de estructuras vecinas, etc. Bajo dichas circunstancias, el juicio visual para definir el contorno del órgano puede resultar dificultoso. La subjetividad del análisis y la destreza para dibujar también hacen que el trazado de la ROI sea *variable* entre distintos operadores.

La *sustracción de cuentas del background* de la imagen ayuda a incrementar el *contraste* y esto frecuentemente mejorara la definición de los contornos del órgano antes de dibujar la ROI. Alternativamente, el operador puede determinar un *umbral de cuentas* en la escala de colores para alcanzar aproximadamente el mismo efecto visual en el monitor de lo que sería una sustracción de actividad de fondo. Sin embargo, estas dos operaciones deben ser *utilizadas con cautela*. En muchas imágenes de bajo conteo y de bajo contraste como por ejemplo en los estudios de galio, el background puede ser tan alto como el 50 a 60 % de las cuentas máximas por pixel dentro de la ROI. Un umbral demasiado alto o una sustracción excesiva de background pueden subestimar el tamaño real del órgano. El aumento del contraste por *técnicas de convolución o Fourier* son utilizadas pocas veces para procesar previamente la imagen, especialmente por la posibilidad de causar distorsiones en los datos resultantes que pueden afectar la exactitud de la ROI. Con algunas imágenes de bajo conteo, a veces es útil el suavizado de la imagen con un *filtro de 9 puntos* después de la sustracción de background para reducir el ruido estadístico.

Debido a los problemas inherentes a la evaluación subjetiva, se han desarrollado ciertos algoritmos con el propósito de identificar con precisión el borde del órgano objetivamente y en forma reproducible. Estos algoritmos son conocidos como *métodos de detección automática de contorno*. La mayoría de estos métodos utilizan la *primera o segunda derivada* de los *perfiles de actividad* para estimar el borde del órgano, y se basa en el *gradiente* de cuentas. Estos *métodos de gradiente* parten de la premisa que en el borde de un órgano el pixel muestra una *brusca modificación* del número de cuentas. La premisa tiene sentido si pensamos en el borde un órgano como una fina membrana que separa el interior del órgano conteniendo un alto nivel de actividad, de un bajo nivel de actividad de fondo. La ubicación de esta membrana por tanto corresponde al *punto de transición* donde las cuentas cambian rápidamente de un valor alto a un valor muy bajo. Este punto de transición corresponde o bien al punto máximo o al punto mínimo en la *primera derivada del perfil* y se asume que corresponde al borde del órgano.

Sin embargo, la mayoría de los programas para detección de bordes usa la curva de *segunda derivada* en vez de la primera derivada para construir la ROI del borde. En un ejemplo idealizado, la segunda derivada es casi simétrica en los bordes y tiene forma de dos picos, facilitando a la computadora la ubicación de los contornos. Los puntos con valor 0 en la curva de segunda derivada corresponden a los puntos máximo y mínimo de la curva de primera derivada. En la mayoría de los programas de detección de bordes, este punto 0 es automáticamente seleccionado como la *primera aproximación* para dibujar el contorno.

Sin embargo, debido al ruido estadístico, el bajo contraste y los bordes mal definidos de la imagen, el verdadero contorno podría estar localizado *en cualquier lugar entre el punto 0 y el punto máximo de la segunda derivada*. El punto mínimo de la segunda derivada no se usa porque el pixel correspondiente se localiza en el interior del órgano y al utilizarlo como borde se subestimaría el verdadero tamaño del órgano. En caso de que el punto 0 no se correlacione bien con el verdadero borde según una inspección visual, el programa usualmente permite al operador especificar un valor diferente hasta lograr un resultado satisfactorio. El mismo procedimiento es repetido construyendo un *perfil de actividad* para cada línea de pixeles que pasan a través del órgano de interés; los puntos son después conectados a fin de construir una

ROI que represente el borde del órgano. La mayoría de los programas para detección automática de contornos comienzan solicitando al operador que coloque una ROI groseramente como un rectángulo o un círculo sobre el órgano cuyos contornos se desean determinar. La computadora entonces dibuja *varios radios desde el centro geométrico del ROI*. Para cada radio, se calcula la segunda derivada desde el centro hacia afuera y se eligen los puntos que al unirse definirán el contorno. Los programas clínicos actuales usados para detección automática de bordes involucran muchos detalles sutiles, tales como sustracción de background, detección de umbrales, suavizado de imágenes, etc. a fin de obtener una ROI tan próxima al borde verdadero del órgano como sea posible.

Estos métodos funcionan admirablemente bien para *órganos con alta captación* y relación favorable con respecto al fondo. Para imágenes con un *bajo contraste* como aquellas obtenidas con el pool cardíaco con escaso marcado de eritrocitos, los ROI generados por la computadora pueden ser erráticos. Para este tipo de imágenes es necesario alguna sustracción de background para incrementar el contraste, así como suavizado de 9 puntos para disminuir el ruido antes de aplicar el algoritmo de contornos automáticos. Para algunas imágenes de pool cardíaco, la separación entre el ventrículo y las estructuras adyacentes está tan mal definida que debemos recurrir al dibujo manual de las ROI o utilizar *imágenes funcionales* como la fase y amplitud como guía para detectar los bordes.

Una ventaja de los métodos de detección automática de contornos es la *reproducibilidad* de las ROI. Si el estudio es razonablemente de buena calidad, siempre resulta una ROI exactamente igual, independientemente del operador. Esta consistencia en la reproducibilidad es valiosa cuando se desean realizar estudios secuenciales de *seguimiento*, a fin de observar la *dirección de los cambios* en el estado fisiológico del órgano más que su valor absoluto. Para imágenes muy ruidosas, la reproducibilidad puede ser considerablemente menor.

b) Generación y procesamiento de curvas.

En muchos estudios dinámicos, como por ejemplo el renograma, estamos más interesados en las características del flujo del radiotrazador que en la visualización de los detalles anatómicos del órgano involucrado. El punto de partida para analizar cuantitativamente el *patrón de flujo* es la construcción de una *curva de actividad vs tiempo*, una gráfica del número de cuentas dentro del ROI en función del tiempo. La curva resultante es entonces utilizada para extraer uno o más *índices numéricos* para valorar la función fisiológica del órgano.

Sin embargo, los análisis cuantitativos de las curvas pueden ser difíciles si existen grandes fluctuaciones en los datos como resultante de problemas en la definición del ROI, pobre estadística de conteo y otras variables en el proceso de medida. A menos que pueda eliminarse en forma significativa el *ruido estadístico* de los datos de la curva, la información que ésta contiene puede estar severamente *distorsionada* y los datos obtenidos serán poco confiables.

Un método para remover el ruido es realizar una operación de *suavizado de la curva* (también llamado *suavizado temporal*, en contraposición al suavizado espacial bidimensional de las imágenes). La más simple de las operaciones de suavizado es “a ojo” y consiste en dibujar una nueva curva que pase en forma equidistante a través de los puntos del graficado original. Este método simple obviamente consume tiempo de operador y es subjetivo, inapropiado para el trabajo clínico de rutina. Afortunadamente hay muchas técnicas matemáticas de suavizado que se pueden implementar fácilmente en la computadora.

- **Método de promedios móviles:** es similar al método de reemplazo de los promedios para el suavizado espacial de las imágenes. Un ejemplo de un algoritmo de promedios móviles es el suavizado de 3 puntos, en el cual el valor numérico de un punto de interés es reemplazado por el promedio de los datos contenidos en el propio punto y sus dos puntos vecinos.

$$Y_{\text{nueva}} = [Y_{(n-1)} + Y_{(n)} + Y_{(n+1)}] / 3$$

donde $Y_{(\text{nueva})}$ es el nuevo valor suavizado del punto n , $Y_{(n)}$ es el valor original en ese punto, mientras $Y_{(n-1)}$ e $Y_{(n+1)}$ son los datos en los puntos inmediatamente antes y después de $Y_{(n)}$ respectivamente. Este nuevo valor suavizado no es utilizado para calcular el siguiente promedio. En vez de eso, el dato suavizado es guardado en una tabla separada y sólo los datos originales son utilizados para calcular el promedio móvil.

Dos características comunes de la utilización del método de los promedios móviles para el suavizado de una curva:

- la técnica tiende a suavizar las fluctuaciones extremas de los datos,
- el primero y el último punto no son generalmente promediados porque cada uno de esos puntos presenta datos a uno solo de sus lados.

El número de puntos incluidos en el promedio móvil puede ser cualquier número impar comenzando por el 3 (3, 5, 7, 9, etc.), por ejemplo, en un promedio móvil de 5 puntos la expresión se transforma en:

$$Y_{\text{nueva}} = [Y_{(n-2)} + Y_{(n-1)} + Y_{(n)} + Y_{(n+1)} + Y_{(n+2)}] / 5$$

Sólo un **número impar** de puntos es utilizado para evitar que los puntos suavizados se inclinen en una dirección de la curva. Cuanto más cantidad de puntos en el promedio móvil, mayor el efecto de suavizado. Debemos tomar en consideración que el suavizado de una curva no necesariamente implica que sea más representativa del fenómeno real. Por el contrario, el suavizado excesivo de una curva aleja la representación gráfica de la realidad del fenómeno que se desea analizar, por lo cual la aplicación de esta herramienta exige cautela y experiencia del operador.

- **Método de promedios móviles ponderados:** en el método de promedios móviles se asume que los datos de ambos lados de un punto de interés, no importa cuán lejos de éste, tienen igual importancia. Sin embargo, sabemos intuitivamente que la importancia de un punto de la curva *disminuye* a medida que la distancia al punto de interés se incrementa. Por tanto, el problema causado por promediar un gran número de puntos de la curva puede ser parcialmente corregido aplicando un "**peso**" determinado para cada punto. La curva suavizada con el método de los promedios ponderados retiene más de las **características de la curva original** que la curva suavizada con un promedio móvil simple.

- **Suavizado de datos por medio de ajustes de la curva.** Los métodos de promedios móviles **ponderados** y **no ponderados** tratan las fluctuaciones locales de una curva como si fueran **ruido al azar**. Las operaciones de promediado son intentos para disminuir el ruido estadístico haciendo que cada punto tome una **transición más gradual** con respecto a sus vecinos. Estos métodos no asumen cuál es el patrón particular de la curva o cuál debería ser la función matemática resultante de los datos. Un método más sofisticado de suavizado de la curva, el **análisis por regresión**, asume que la curva se ajusta a **cierta función matemática**. El procedimiento de ajuste de la curva por **regresión** o por **mínimos cuadrados** es el método analítico para describir con el menor error los parámetros de la función deseada.

El procedimiento de **ajuste de curva lineal por mínimos cuadrados** es quizás el método más común y se aplica a una gran variedad de datos de curvas. Los datos que no siguen una línea recta en el graficado original pueden ser lineales después de una transformación apropiada. Por ejemplo, cuando la actividad **decrece exponencialmente** con el tiempo, se obtiene una curva de tipo exponencial. Sin embargo, la curva exponencial se vuelve una **línea recta** en un **graficado semi-logarítmico**, cuando el **logaritmo de la actividad** se grafica en función del tiempo. La mayor parte de los procedimientos de ajuste exponencial de curvas encontrados en paquetes de software de medicina nuclear son meramente una extensión del procedimiento de ajuste lineal de mínimos cuadrados realizando primero una **transformación logarítmica** de la variable dependiente.

Para curvas que **no cambian** monótonamente en una dirección, el ajuste de mínimos cuadrados es inapropiado. Por ejemplo, la curva de volumen obtenida de un pool cardíaco gatillado es ajustada mejor por una **curva coseno**, la curva de primer paso de pulmón para

cálculo de cortocircuito cardíaco se analiza ajustando los datos originales a dos **funciones gamma** para caracterizar el flujo sistémico y el flujo pulmonar. En estos dos ejemplos de **ajuste no lineal de mínimos cuadrados**, intentamos encontrar una ecuación matemática de forma que minimice las diferencias entre los datos originales y el valor calculado.

- **Técnicas misceláneas de manipulación de curvas.** Existen otras operaciones aritméticas como la **integración del área bajo la curva** y las **operaciones aritméticas** (suma, sustracción, multiplicación y división de una curva por una constante o por otra curva.) Estas operaciones son simples y su acción sobre los datos de la curva es obvia y su disponibilidad es imprescindible en un paquete de software de medicina nuclear.

El escribir un programa de computación para suavizado de curvas, detección de bordes o análisis compartimental de funciones fisiológicas es simple. **Elegir los modelos matemáticos, los parámetros de ajuste de curvas y los criterios para juzgar la bondad del ajuste** es mucho más difícil. La computadora es conveniente y objetiva, pero las operaciones que realiza son vulnerables al ruido que contienen los datos y al desvío de los datos obtenidos del paciente de las suposiciones utilizadas para aplicar el modelo matemático elegido.

c) Situación especial: procesamiento de imágenes de PCV multigatillado.

Los estudios de pool sanguíneo cardíaco multi-gatillado son frecuentemente usados en medicina nuclear para el cálculo de la FEVI y el análisis de la motilidad parietal ventricular.

- **Análisis cualitativo de datos.** Uno de los caminos más efectivos para evaluar la contractilidad cardíaca es la **presentación cíclica** de una serie de imágenes multi-gatilladas en una sucesión rápida para crear una impresión de **cine del latido cardíaco**. Aunque esta evaluación visual de la función cardíaca es subjetiva, se ha demostrado que la magnitud y la localización de una anomalía sospechada en el movimiento parietal tiene una buena correlación con la cinecoronariografía. La presentación simultánea en modo cine de las imágenes multi-gatilladas adquiridas en diferentes proyecciones es especialmente útil para observar las regiones de contracción anormal de la pared.

Debido a la relativamente **pobre estadística de conteo**, es usualmente necesaria la **manipulación de imágenes**, siendo el suavizado espacial, temporal y la normalización de cuentas los tres procesamientos más frecuentemente usados.

- **Suavizado espacial.** Para imágenes con **bajo contraste**, tales como las que usualmente corresponden a un estudio de pool sanguíneo, la **sustracción de cuentas de background** es fundamental para incrementar el contraste. Sin embargo, esta operación también reduce el número de cuentas totales, resultando en una imagen **más ruidosa**. Por tanto, es común que cada frame en la serie sea **suavizada espacialmente** utilizando el filtro ponderado de 9 puntos, o incluso un filtro mediano. El propósito de suavizar la imagen es reducir el ruido de las altas frecuencias.

- **Suavizado temporal.** En la práctica clínica, se adquieren entre 16 y 32 frames para representar el ciclo cardíaco completo. El **suavizado temporal** es usualmente aplicado a la serie de imágenes para producir una **variación gradual en las cuentas** de un frame al siguiente, reduciendo así el **efecto de "pestañeo"** generado por los cambios abruptos de cuentas por píxel entre sucesivos frames. El número de cuentas en un píxel dado de un frame, al ser suavizado temporalmente, es sustituido por un promedio ponderado de cuentas en el píxel correspondiente de los frames que lo preceden y lo suceden (similar a lo que acontece con los puntos de una curva de actividad/tiempo cuando es suavizada). Usualmente, los **coeficientes de ponderación** son los mismos que los utilizados en el kernel de 9 puntos (esto es 1, 2, 1). Dado que el primer frame no tiene uno que lo preceda, las cuentas del píxel son promediadas tomando un factor de ponderación promedio del primer y el segundo frame. El último frame de la serie de imágenes es suavizado usando una técnica llamada **"envolvente"** ("wrapped around") la cual toma un promedio ponderado de cuentas en los píxeles correspondientes del último y el primer frame, ya que se asume que el primer y el último frame de la serie son en realidad dos intervalos de tiempo adyacentes en el ciclo cardíaco. Sin embargo, las cuentas de los píxeles de primer frame

no son promediadas con las del último frame, ya que los últimos cuadros de la serie tienen invariablemente menos cuentas debido a variaciones de muestreo resultantes de la fluctuación del intervalo R-R.

○ **Normalización.** Idealmente, los últimos cuadros deberían tener cerca del mismo número de cuentas que los iniciales. Sin embargo, debido a la **contracción arrítmica** o a **variaciones fisiológicas del ciclo cardíaco** durante la adquisición, los ciclos más cortos provocan que **los cuadros finales contengan menos cuentas que los iniciales** (generalmente se afectan las 2-3 últimas frames). Puede hacerse que esos frames tengan el mismo número de cuentas totales que el resto, **multiplicando** el número de cuentas en cada pixel por un **factor de normalización**. Este factor para un frame dado se calcula como la relación entre el número de cuentas totales en el primer frame y el número de cuentas totales en el frame a ser corregido. Luego de la normalización, los últimos frames de la serie tendrán un número de cuentas totales similar al primero. El proceso de normalización es comúnmente utilizado para reducir el **efecto de “pestaño”** de la presentación en modo cine, y habitualmente se aplica antes del suavizado temporal. También corrige la **“caída” final de la curva de volumen ventricular**, aunque **no suele afectar el resultado del cálculo cuantitativo**. La normalización es útil cuando las variaciones en la duración del ciclo cardíaco son pequeñas, ya que con **grandes fluctuaciones** en el intervalo R-R las cuentas acumuladas en un momento dado provendrán de diferentes fases del ciclo y los resultados serán poco confiables. En estas circunstancias se debe usar un programa de **rechazo de latidos** durante la adquisición del estudio, que eliminan aquellos desviados en cierto porcentaje (usualmente 10-20%) de la duración R-R media (**ventana de aceptación**).

Luego de estos pasos de **preprocesamiento**, se puede evaluar la **motilidad parietal** visualizando en modo cine, el patrón contráctil de las imágenes suavizadas y normalizadas. En general, es posible mostrar **varias ventanas de cine a la vez** lo cual facilita la comparación de múltiples estudios de un mismo paciente, por ejemplo en **reposo y esfuerzo**. Se ha demostrado que la visualización simultánea en modo cine es un método sensible y exacto para detectar disfunciones cardíacas.

• **Análisis cuantitativo de datos.** La **FEVI** es considerada por los cardiólogos uno de los parámetros diagnósticos y pronósticos más importantes de la función de bomba del corazón. Por tanto, es importante calcular este índice de forma rápida, segura y consistente. Se pueden derivar otros muchos índices numéricos como la **tasa máxima de eyección** y la **tasa máxima de llenado** a partir de los mismos datos utilizados para calcular la FEVI. El estudio de pool cardíaco de equilibrio se basa en la presuposición que la actividad vista por la gammacámara es directamente proporcional al volumen sanguíneo. Por lo tanto, los cambios en la actividad de una cavidad cardíaca, están directamente relacionados con el cambio de volumen sanguíneo en esa cavidad.

○ **Región de interés sobre el VI.** La clave para calcular la FE satisfactoriamente es el trazado de una **ROI exacta y consistente** sobre el VI. Se requiere del dibujo de 4 ROIs: una sobre la imagen del VI en fin de diástole, otra sobre el VI en la imagen de fin de sístole y las correspondientes áreas de fondo para sustraer el background de ambas imágenes. **Una vez corregidas las cuentas de fondo** en las imágenes de fin de diástole y fin de sístole, se calcula la FE de acuerdo a la fórmula:

$$FE = [(ctas\ FD - ctas\ FS) / ctas\ FD] \times 100$$

Se han desarrollado varios métodos (ya descriptos) para **detectar automáticamente** el **contorno ventricular** ahorrando tiempo y evitando subjetividades. El borde puede ser consistentemente detectado por la computadora cuando se obtienen **altas estadísticas de conteo** y el ventrículo está **anatómicamente aislado** de otras estructuras cardíacas. Cuando la estadística es baja y la actividad de fondo relativamente alta, por ejemplo por un pobre marcado de los glóbulos rojos, un observador entrenado podrá definir los bordes ventriculares en forma más exacta que la propia computadora.

○ **Curva de volumen.** La curva de actividad/tiempo del VI o curva de volumen, es generada para mostrar los cambios de volumen sanguíneo del VI en el transcurso de un ciclo cardíaco completo. Basados en la curva de volumen se pueden derivar varios índices numéricos, de los cuales los 3 más importantes son: la **FEVI**, la **tasa máxima de eyección** y la **tasa máxima de llenado**. La FEVI cuya fórmula se describe más arriba, se expresa como un porcentaje y **su valor se ve significativamente afectado por la sustracción de background**: si ésta no se realiza o se subestima, la FEVI será menor, mientras que si se resta excesivamente (p. ej. área de BKG colocada sobre algún órgano), el valor de FEVI será más alto. La tasa máxima de eyección es la máxima **pendiente negativa** de la curva de volumen (fase sistólica de la curva), mientras que la tasa máxima de llenado es la mayor **pendiente positiva** (fase diastólica de la curva). Quizás debido a la incerteza acerca de los valores normales de estos dos parámetros, en la práctica son utilizados sólo ocasionalmente.

• **Imágenes funcionales.** No son generadas para resaltar la resolución espacial de las imágenes originales sino para ilustrar los **cambios relativos de cuentas en cada píxel** como ayuda en la evaluación de la función cardíaca.

○ La **imagen de FE** es un ejemplo de imagen funcional y es producida aplicando la fórmula de FE a las imágenes de FD y FS píxel a píxel. La FE para cada píxel se muestra en un código de color y la imagen resultante nos proporciona una representación de la distribución espacial de la FE.

○ La **imagen de volumen de eyección** (“**stroke volume**”) se obtiene sustrayendo la imagen sistólica de la diastólica. La imagen resultante tiene forma de herradura y refleja la distribución relativa de actividad eyectada del ventrículo durante la sístole. Esta imagen representa cualitativamente la contribución relativa de las diferentes regiones del ventrículo al volumen eyectado.

○ La **imagen paradójal** es similar pero **inversa** a la imagen de volumen de eyección, producida sustrayendo la imagen diastólica de la imagen sistólica. En un corazón normal hay más cuentas en el ventrículo durante la diástole que durante la sístole. Cuando la imagen diastólica es sustraída de la sistólica, la imagen paradójal contendrá valores negativos en la región de los ventrículos. Sin embargo, si existe una disquinesia (movimiento anormal) de la pared ventricular libre, el segmento anormal protruye hacia fuera del área ventricular. Como resultado, el segmento disquinético dará valores positivos en la imagen paradójal.

○ **Análisis de fase.** El análisis de fase de un estudio cardíaco multigatillado resulta en dos imágenes, la **imagen de fase** y la **imagen de amplitud**. La imagen de fase es una representación gráfica de la sincronización contráctil de cada segmento cardíaco, mientras que la imagen de amplitud mide la intensidad de la contracción y es en principio proporcional al volumen de eyección. El análisis de fase trata **cada píxel** en forma independiente, construyendo una curva de actividad/tiempo correspondientes a cada píxel en la totalidad de cuadros de la serie. Para un estudio adquirido con 24 frames en matriz de 64x64, tendríamos 4096 curvas de actividad/tiempo para describir la variación de actividad durante el intervalo R-R. **El análisis de fase comienza realizando una transformada de Fourier de cada curva de actividad/tiempo de cada píxel.** De esta TF se obtienen dos índices numéricos que son la **amplitud** y el **ángulo de fase**. Básicamente, la amplitud define la **magnitud** de la contracción y el ángulo de fase define el **momento** del ciclo en que ésta ocurre. Se dice que dos píxeles están **en fase** (sincronizados) si su máxima variación de cuentas (contracción) coincide en el tiempo.

La **imagen de fase** se construye de la siguiente manera: arbitrariamente se asigna un **ángulo de fase de 0°** a todos los píxeles en el ventrículo derecho e izquierdo **al comienzo de la sístole**, por lo cual el ángulo de fase de los píxeles en la aurícula deberían estar a 180°. Sin embargo, dado que la sangre no es eyectada **simultáneamente** de todas las regiones auriculares y ventriculares, existe una **distribución de ángulos de fase** dentro de cada cámara cardíaca. Cuando se grafica los ángulos de fase de todos los píxeles correspondientes a la imagen cardíaca, se obtiene un **histograma** con dos picos: el primero, alrededor del 0° corresponde a los ventrículos y el pico alrededor del ángulo 180° corresponde a las aurículas. A cada **rango de ángulos de fase** se asigna un **color** diferente (p. ej., cada 5°) a fin de que en la imagen de fase se distinguan fácilmente los sectores que se contraen en forma asincrónica.

En la *imagen de amplitud*, se representa la *máxima amplitud* de la curva de actividad/tiempo correspondiente a cada píxel de la imagen. Asumiendo que las cuentas son proporcionales al volumen sanguíneo, la magnitud del cambio en la curva de actividad/tiempo es proporcional a los *cambios de volumen* en ese píxel durante el ciclo cardíaco. A diferencia del volumen de eyección que se obtiene sustrayendo la imagen sistólica de la diastólica (mide por tanto la variación entre *dos momentos* del ciclo), la imagen de amplitud mide el *cambio total de volumen* sin considerar en qué etapa del ciclo cardíaco tuvo lugar ese cambio. Por lo tanto, la imagen de amplitud es una *representación verdadera* del volumen sanguíneo eyectado durante el ciclo. Sin embargo, es necesario contar con la información de fase pues las áreas disquinéticas (por tanto no efectivas en la eyección) también aparecen representadas en la imagen de amplitud. En consecuencia, observando la imagen de fase y la de amplitud se obtiene *información “condensada” en 2 imágenes* acerca de la contractilidad parietal regional.

4. RECONSTRUCCIÓN DE IMÁGENES TOMOGRÁFICAS.

Con la técnica de adquisición de imágenes de SPECT, la responsabilidad del sistema es generar información tridimensional a partir de una serie de imágenes en dos dimensiones. Los algoritmos de reconstrucción son utilizados para generar estas imágenes tridimensionales, de las cuales se pueden obtener cortes tomográficos a cualquier nivel y en cualquier plano. Existen básicamente dos tipos de métodos de reconstrucción tomográfica: las técnicas de retroproyección y las iterativas.

a) Técnicas de reconstrucción por retroproyección.

El método de reconstrucción por retroproyección es quizás el más simple de todos los métodos y el más ampliamente utilizado. Es una composición de todas las imágenes planares en cada parada alrededor del cuerpo del paciente. Existen dos tipos de retroproyección: simple y filtrada.

- **Retroproyección simple.** La retroproyección involucra la *traslación* de los *datos planares* adquiridos a una *matriz de reconstrucción*. Las matrices de reconstrucción son *perpendiculares* a las matrices de las imágenes planares en que se adquirieron los datos al girar el detector alrededor del paciente (normalmente, en número de 60-64 a 120-128). *Habrán tantas matrices de reconstrucción como líneas en las matrices de adquisición* (p. ej., si la adquisición se realizó en matriz de 64x64, existirán 64 matrices de reconstrucción). La *sumatoria o “apilamiento”* de las matrices de reconstrucción, darán lugar a un *volumen* (en este caso un cubo) conteniendo la información *tridimensional* del órgano en estudio. Cada unidad de esta *matriz cúbica* final se denomina *“voxel”*, el cual puede ser imaginado como un pequeño cubo de un píxel de lado.

En el caso de la retroproyección simple, la información de fotones recibida por un píxel es trasladada a todos los demás *píxeles perpendiculares al detector*, dando lugar a lo que se denomina *suma de rayos*. Si el objeto en estudio tiene *forma puntual*, la proyección del punto desde cada matriz de adquisición hacia la matriz de reconstrucción dará lugar a una serie de líneas o rayos cuyo *entrecruzamiento* dará lugar a una representación de ese punto. El resultado es una imagen reconstruida que brinda la *localización correcta* del punto pero a la vez contiene tantas líneas entrecruzadas que da a la imagen aspecto de *“estrella”*. En una imagen más compleja, este efecto es muy *distorsionante* y resta utilidad diagnóstica a menos que se utilicen otras técnicas para eliminarlo.

- **Retroproyección filtrada.** La técnica más comúnmente utilizada para compensar el efecto de la retroproyección simple es la que utiliza *filtros*, representando una forma fácil y efectiva para *remover el patrón en estrella* generado alrededor del objeto de interés. En vez de retroproyectar la imagen sin procesar, ésta es antes filtrada (en realidad, el filtrado se puede hacer *antes o después* de la retroproyección). Otro término usado para denominar el filtrado es *convolución*, por lo que la función de filtrado en general es llamada *kernel de convolución*.

Este kernel de convolución es diseñado viendo la fuente desde *cada ángulo* del detector (y desde *cada línea* de la matriz de adquisición) como un *perfil de cuentas*. A ese perfil de cuentas se le asignan *valores negativos a cada lado*. Los componentes negativos de cada proyección tienden a *cancelar parcialmente* los componentes positivos de otras proyecciones, con lo cual el patrón en estrella es reducido especialmente en las proximidades de la imagen reconstruida, la cual adquiere un aspecto más fiel a la imagen del objeto original.

El propósito del filtro es *preservar lo más posible la señal y reducir el ruido*. Los filtros determinan qué *frecuencias* de los datos de proyección se aceptan como válidas y son utilizadas en la reconstrucción de la imagen. Eliminan o disminuyen los *artefactos* de la imagen reconstruida y corrigen el borronado que resulta naturalmente de la suma de los datos de proyección. Los filtros pueden ser diseñados de forma que su comportamiento sea *predecible* o sea que se seleccione el filtro de acuerdo a la forma en la cual afectará la imagen final. En general, cuanto más *densidad de información* (cuentas) tenga un estudio, mayor será la relación señal/ruido lo cual resultará en una mejor imagen y menor será la necesidad de filtrar el ruido.

b) Técnicas de reconstrucción iterativa.

La técnica *iterativa*, también llamada *algebraica*, fue una de las primeras aplicadas en medicina nuclear para la reconstrucción de imágenes tomográficas. Fue casi totalmente reemplazada por las técnicas de retroproyección ya que requería demasiado tiempo computacional, pero actualmente con la disponibilidad de equipos potentes está regresando dado que brinda mejor calidad de imagen y la cuantificación es más exacta.

El método de retroproyección, basado en las frecuencias espaciales, brinda un método de reconstrucción muy eficiente pero asume que los datos son *proyecciones simples de suma de rayos*. Cuando están presentes otros efectos como la *atenuación, scatter y ruido estadístico*, estos métodos son susceptibles de crear *artefactos*.

El método de reconstrucción iterativa más general y toma en cuenta todas esas variables. La clave de la reconstrucción iterativa es una buena comprensión del proceso de *recolección de datos* de forma que pueda ser *modelado* en la computadora. El método iterativo está basado en una serie de *aproximaciones secuenciales*. Comienza con una *retroproyección simple* que genera una primera imagen reconstruida. Luego se *reproyectan* los datos de esa imagen, desde la matriz de reconstrucción hacia las matrices de adquisición (método *inverso* al de la retroproyección). Como los datos originales de las matrices de adquisición son conocidos, la *diferencia* entre los datos reproyectados y los originales representan el *error* producido en el proceso de reconstrucción. Este error es usado para *corregir* la imagen reconstruida, la cual es *reproyectada nuevamente* y comparada otra vez con los originales. Este proceso se repite varias veces, hasta llegar a un resultado casi perfecto. El método iterativo tiene la gran ventaja de permitir incluir muchas *variables* que afectan la imagen: atenuación, scatter, resolución del colimador, etc. y por tanto pueden incorporarse las *correcciones* respectivas.

5. FUSIÓN DE IMÁGENES.

a) Consideraciones generales.

Dada la importancia de contar a la vez con información *anatómica* y *fisiológica* así como la disponibilidad de métodos estructurales y funcionales, a veces ya incorporados en equipos híbridos tales como PET/CT y SPECT/CT, la *fusión de imágenes de diferentes modalidades* está cobrando gran interés para el diagnóstico médico no invasivo y para guiar la terapia.

Debe realizarse una distinción entre *fusión* y *registro* de imágenes. En términos generales, la fusión implica un *aprovechamiento sinérgico de imágenes relacionadas espacialmente*. Los ejemplos incluyen no solamente la presentación combinada de estudios *anátomo-funcionales* sino el uso de datos registrados para definición de **regiones de interés**, **corrección de atenuación** o del *efecto del volumen parcial*, etc. Sin embargo, todas las aplicaciones de la fusión dependen del desarrollo y empleo de algoritmos para el correcto *registro espacial* de las imágenes.

Existen numerosos *algoritmos* para el registro, todos los cuales incluyen la *optimización de la similitud* entre una imagen a la que se asignan parámetros móviles (*imagen flotante*) y una *imagen fija* de referencia. El algoritmo de registro debe necesariamente contar con una o más *medidas de similitud* entre las imágenes a registrar. Estas medidas determinan la robustez y flexibilidad del algoritmo utilizado. Se han sugerido varios tipos de medidas de similitud, que generalmente incluyen 3 categorías: basadas en *marcas externas*, basadas en *contornos o superficies*, y basadas en *intensidad de voxels*. La elección de la *medida de similitud* depende, de alguna manera, de su aplicación.

La mayoría de los problemas prácticos iniciales con respecto al registro de imágenes se han superado y existe actualmente amplia disponibilidad de software comercial. Diversos estudios han demostrado que puede lograrse una *exactitud* del orden de *medio píxel* para imágenes de diferentes modalidades y para todo registro en general. Aunque el registro *basado en el hardware* utilizando *instrumentos híbridos* es prácticamente automático y muy preciso, el uso de *herramientas de software* para manipular y fusionar imágenes procedentes de equipos remotos (o adquiridas en diferentes momentos) continuará jugando un importante papel en medicina nuclear.

b) Algoritmos generales para el registro de imágenes.

Dados dos juegos de imágenes (normalmente 3D), el registro requiere la *determinación de transformaciones* que deben ser aplicadas a una imagen (conocida como *imagen flotante*) para conseguir su alineación con la segunda imagen (conocida como *imagen de referencia*). Para determinar las transformaciones necesarias normalmente se requiere una *búsqueda iterativa* mediante la cual se intenta *optimizar* una medida de la similitud entre la imagen flotante transformada y la imagen de referencia. Esto generalmente se logra usando un *algoritmo de optimización automático*. Existen dos tipos básicos de transformaciones que pueden ser aplicadas para la alineación de imágenes:

- **Rígidas:** asume que sólo son necesarias la *traslación* y/o *rotación*.
- **No rígidas:** es aplicable cuando no se puede asumir la rigidez de las estructuras a registrar. Una transformación no-rígida permite *cambios de forma* globales o regionales a través de transformaciones más complejas.

Para el registro de imágenes de cráneo es usualmente adecuado el uso de transformaciones rígidas, mientras que las imágenes de otras regiones u órganos pueden requerir transformaciones no rígidas.

En cuanto a su aplicación práctica, se distinguen 3 clases de registro de imágenes:

- **Intra-modalidad, intra-sujeto:** es la comparación de *estudios seriados de la misma modalidad*, usando algoritmos relativamente simples que se adaptan bien para transformaciones rígidas. Un ejemplo de aplicación de este tipo de registro es para la comparación de estudios de SPECT cerebral ictal e interictal.

- **Intra-modalidad, inter-sujeto:** la alineación de estudios de múltiples pacientes es bastante común para el establecimiento de un *rango normal* o para la realización de *análisis poblacionales*. Sin embargo, la coincidencia de imágenes entre individuos no es trivial y requiere transformaciones no-rígidas. Un ejemplo es la evaluación de activación cerebral en grupos de pacientes usando el mapeo estadístico paramétrico (statistical parametric mapping o SPM).

- **Inter-modalidad, intra-sujeto:** es probablemente el área de *mayor interés* y consiste en el registro de imágenes de un mismo paciente provenientes de distintas modalidades, donde los parámetros a alinear pueden tener valores bien diferentes. Esto requiere de *algoritmos más sofisticados* que aquellos que manejan una comparación directa de valores. Debe asumirse un modelo rígido o no rígido, dependiendo de la aplicación. El registro de imágenes PET o SPECT con CT o MRI caen en esta categoría.

Procesamiento de Imágenes en Medicina Nuclear.

1. INTRODUCCIÓN.

2. PROCESAMIENTO CUALITATIVO DE LAS IMÁGENES.

a) Métodos convolutivos de procesamiento (*filtros de suavizado*).

- *Filtro de promedio no ponderado.*
- *Filtro de promediado ponderado.*
- *Suavizado mediano.*
- *Resalto de bordes.*

b) Métodos de Fourier para manipulación de imágenes.

- *Fundamentos del análisis de Fourier.*
- *Filtros de Fourier.*

3. ANÁLISIS CUANTITATIVO DE LOS ESTUDIOS.

a) Creación de ROIs.

b) Generación y procesamiento de curvas.

- *Método de promedios móviles.*
- *Método de promedios móviles ponderados.*
- *Suavizado de datos por medio de ajustes de la curva.*
- *Técnicas misceláneas de manipulación de curvas.*

c) Situación especial: procesamiento de imágenes de PCV multigatillado.

- *Análisis cualitativo de datos.*
 - *Suavizado espacial.*
 - *Suavizado temporal.*
 - *Normalización.*
- *Análisis cuantitativo de datos.*
 - *Región de interés sobre el VI.*
 - *Curva de volumen.*
- *Imágenes funcionales.*
 - *La imagen de FE.*
 - *La imagen de volumen de eyección.*
 - *La imagen paradójal.*
 - *Análisis de fase.*

4. RECONSTRUCCIÓN DE IMÁGENES TOMOGRÁFICAS.

a) Técnicas de reconstrucción por retroproyección.

- *Retroproyección simple.*
- *Retroproyección filtrada.*

b) Técnicas de reconstrucción iterativa.

5. FUSIÓN DE IMÁGENES.

a) Consideraciones generales.

b) Algoritmos generales para el registro de imágenes (rígidos y no rígidos).

- *Intra-modalidad, intra-sujeto.*
- *Intra-modalidad, inter-sujeto.*
- *Inter-modalidad, intra-sujeto.*