

Descripción de las tareas

En primer lugar, se realizó una búsqueda de información de diferentes trabajos, a fin de obtener ideas y herramientas que pudieran servir. Una vez realizada, se obtuvieron una serie de valores clave, llamadas unidades Hounsfield.

Las imágenes DICOM se reproducen en escala de grises, y además contienen las etiquetas RescaleSlope, siendo la razón de cambio de unidades Hounsfield para un determinado nivel de gris, y la etiqueta RescaleIntercept, que representa el mínimo valor Hounsfield presente en la imagen.

D1 cortical densa	> 1250 HU
D2: cortical porosa y trabéculas finas	850 a 1250 HU
D3: cortical porosa (delgada) y trabéculas finas	350 a 850 HU
D4: trabéculas finas	150 a HU
D5. trabecular	< 150 HU

Tabla 1 : Unidades Hounsfield

Se intentó buscar un dataset del fémur, hueso de estudio en un principio, pero no se obtuvo, por lo que se ha utilizado uno del húmero, concretamente de la diáfisis.

En cuanto al tipo de datos, se buscaban datos con el hueso ya segmentado del resto de tejidos, ya que sólo se requería la problemática del cortical y el trabecular.

Se utilizó el software Matlab para la realización de un programa y una interfaz para obtener los partes del hueso, dando como resultados lo que se muestra en la figura uno y dos.

Datasheet utilizado: <https://isbweb.org/data/vsi/>

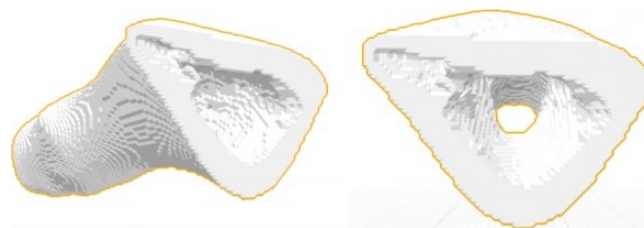


Figura 1: Hueso cortical de la diáfisis del humero

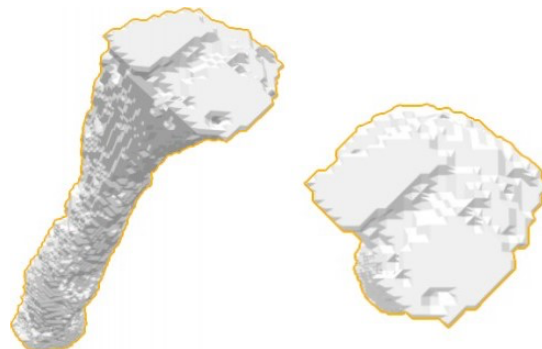


Figura 2: Hueso trabecular de la diáfisis del humero

Para ello se han utilizado conocimientos adquiridos en la asignatura de Imágenes Clínicas para poder realizar la segmentación. Además, se han utilizado las unidades Hounsfield que se pueden ver de la tabla uno variando los valores para lograr segmentar correctamente cada una de estas capas, consiguiendo unificarlas y crear un volumen 3D.

Este volumen 3D se exportó en formato .stl para ser utilizado en otros programas que el profesor colaborador requería.

Haciendo más hincapié en el software de Matlab se creó una interfaz:

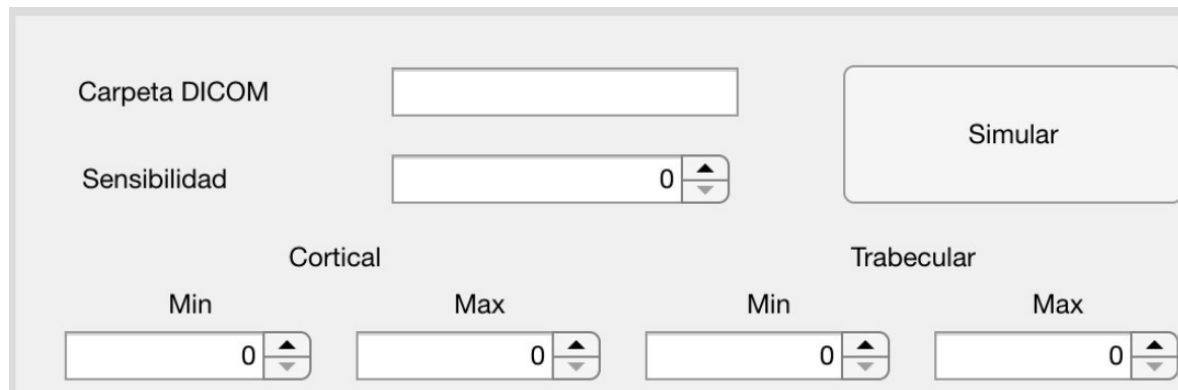


Figura3: Interfaz del programa

Es una interfaz bastante sencilla donde se introduce la carpeta del dataset que se quiere utilizar y los valores que se consideren. Es rápida ya que puedes ir modificando los valores y simula sin que se modifique el código.

Este, se estructura en dos partes:

- `funcion.m` : En este script se encuentra la función principal para segmentar el hueso.-
- `procesa_capa.m` : Donde se procesa una de las imágenes (capa) de la imagen DICOM.