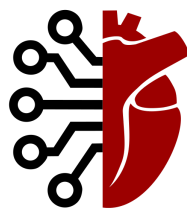
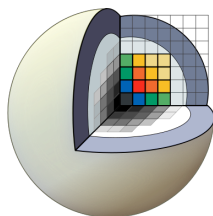


Manual de uso: CardIAc



Agustín Bernardo - Lucca Dellazoppa - Ariel H. Curiale - Germán Mato

Departamento de Física Médica - Centro Atómico Bariloche - CNEA

Descripción general

En este breve manual se muestra cómo instalar y utilizar la extensión del software *3DSlicer CardIAc* para cuantificación de la función cardíaca. Ésta es una herramienta compuesta por dos módulos: **AI Segmentation** (segmentación bi-ventricular automática) y **Strain and Motion** (estimación del esfuerzo miocárdico). Cualquier duda o sugerencia puede ser comunicada a los siguientes contactos:

Ariel Hernán Curiale

Email: acuriale@comahue-conicet.gob.ar

Lucca Dellazoppa

Email: lucca.dellazoppa.m@gmail.com

Agustín Bernarno

Email: bagustin.sfe@gmail.com

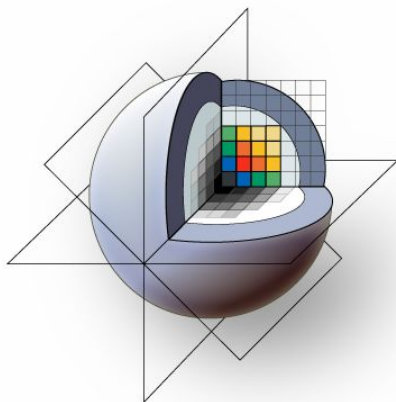
Índice

Descripción general	1
Índice	2
Descarga de 3DSlicer	4
Módulo Sequences: Recomendación	5
Descarga de CardIAc	6
Instalación de CardIAc	7
Uso del módulo AI Segmentation	10
Esquema general	10
Sección 1: Crear Secuencia	12
Detalles de funcionamiento	12
Sección 2: Segmentar	15
Opciones adicionales	17
Select Center:	17
Edit segmentation:	18
Import model options:	23
Detalles de funcionamiento	23
Sección 3: Cuantificación cardiaca	24
Detalles de funcionamiento	24
Uso del módulo Strain and Motion	26
Esquema general	26
Cargado de información mínima	27
Obtención del modelo AHA y coordenadas locales	30
Cálculo del campo de desplazamientos	31
Análisis del strain	31
Visualización y descarga de la información	32
Desinstalación de CardIAc	33
Apéndice	34
Módulo Segmentation	34
AI-Segmentation: restricciones para los modelos a importar	36
Consideraciones generales	36
Consideraciones específicas (custom objects)	36
AI-Segmentation: Nomenclatura y datos usados en CardIAc	39



Descarga de 3DSlicer

En caso de tener instalado el software 3DSlicer, saltar a la sección [Instalación de CardIAc](#). Para instalar 3DSlicer, descargarlo desde la [página oficial](#). Seleccionar la versión **“Preview Release”** correspondiente a su sistema operativo y ejecutar normalmente. En este [link](#) se encuentran tutoriales oficiales sobre el software 3DSlicer.



3DSlicer

Download 3D Slicer

the free cross-platform open-source medical image processing and visualization system

You are one click away from downloading 3D Slicer, a free and open-source platform for analyzing and understanding medical image data. Created through multiple grants from the US National Institutes of Health (NIH) over almost two decades, Slicer brings powerful medical image processing, visualization, and data analysis tools within reach of everyone.

Slicer is built and tested on many hardware and software platforms. 3D Slicer runs on modern Windows, macOS, and a variety of Linux distributions. Read about [system requirements](#).

Installers

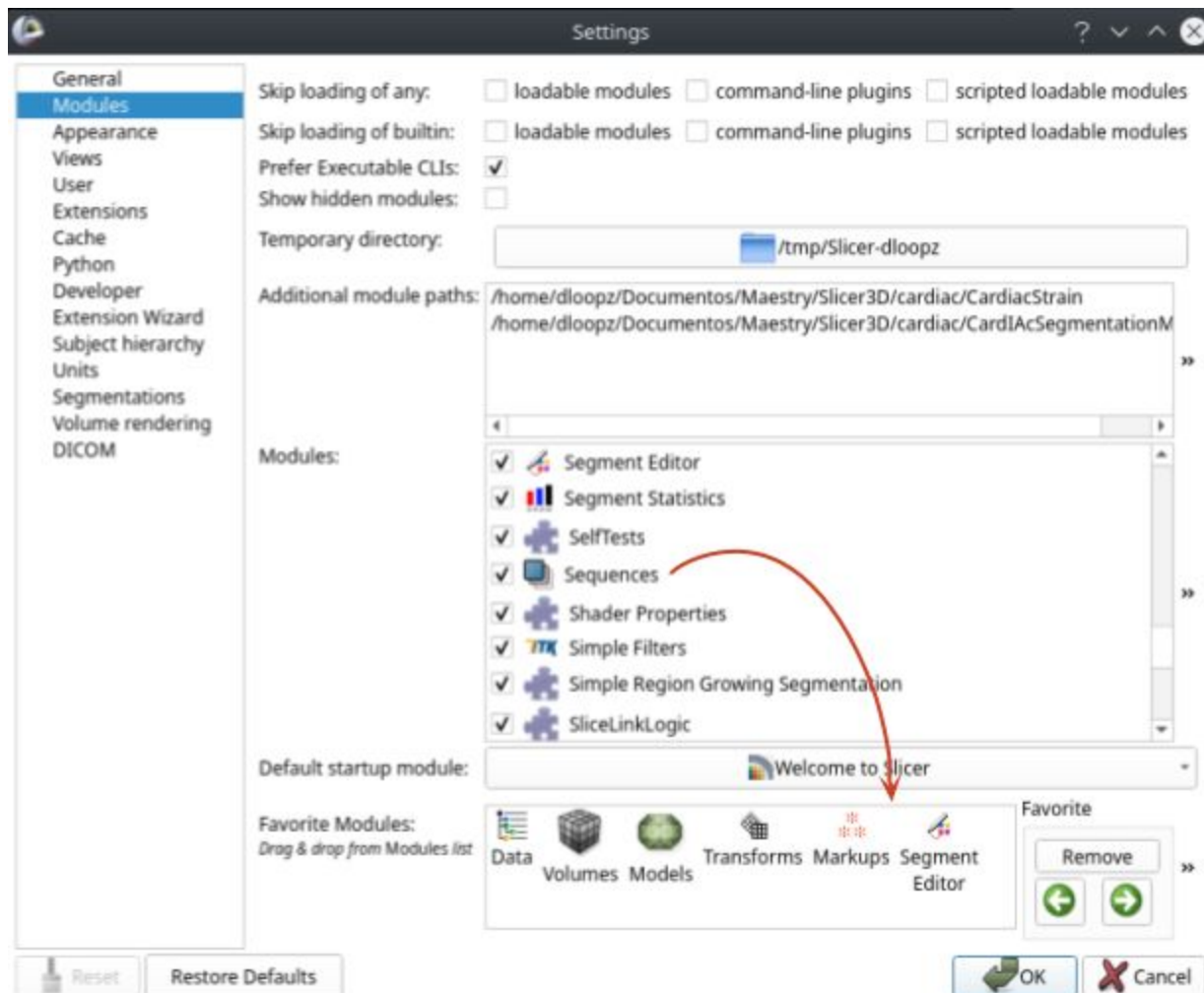
	Windows	macOS	Linux
Stable Release <i>access older releases</i>	version 4.10.2 revision 28257 built 2019-05-22	version 4.10.2 revision 28257 built 2019-05-30	version 4.10.2 revision 28257 built 2019-05-22
Preview Release	version 4.11.0 revision 29190 built 2020-06-30	version 4.11.0 revision 29190 built 2020-06-30	version 4.11.0 revision 29190 built 2020-06-29

Módulo *Sequences*: Recomendación

Puede ser recomendable agregar el controlador del módulo ***“Sequences”*** nativo de 3DSlicer a la barra de módulos favoritos para manipular de forma rápida y cómoda las secuencias creadas con una barra de herramientas como la siguiente:



En **Edit-->Application settings** buscar la pestaña **Modules** y arrastrar los módulos deseados de la sección **Modules** a la sección **Favorite Modules**:

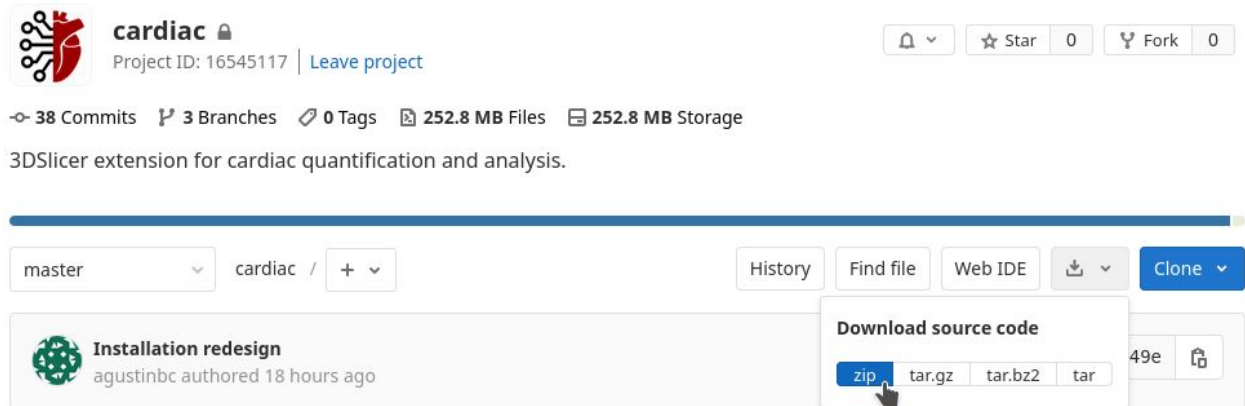


Descarga de CardIAc

Para descargar CardIAc, dirigirse al [repositorio oficial](#). Desde el símbolo de descarga



seleccionar una extensión (*zip*, *tar.gz*, *tar.bz2* o *tar*) y descargar.

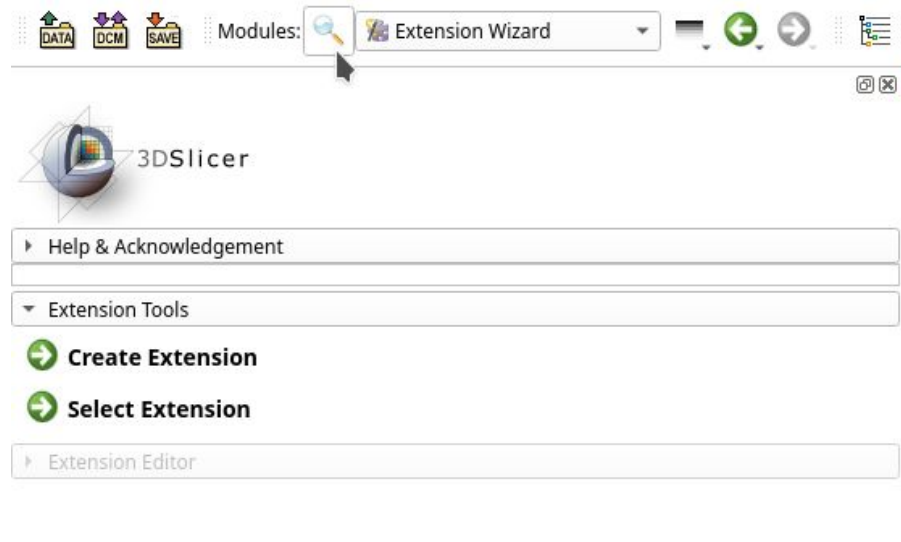
A screenshot of the GitHub repository page for 'cardiac'. The repository is owned by 'cardiac' (Project ID: 16545117) and has 38 commits, 3 branches, 0 tags, 252.8 MB of files, and 252.8 MB of storage. The description is '3DSlicer extension for cardiac quantification and analysis.' The page shows the 'master' branch selected, and a 'Download source code' dropdown menu is open, showing options for 'zip', 'tar.gz', 'tar.bz2', and 'tar'. The 'zip' option is selected. A commit titled 'Installation redesign' by 'agustinbc' is visible, authored 18 hours ago.

Si se seleccionó la extensión *zip*, deberá tener descargado un archivo con el nombre "cardiac-master.zip".

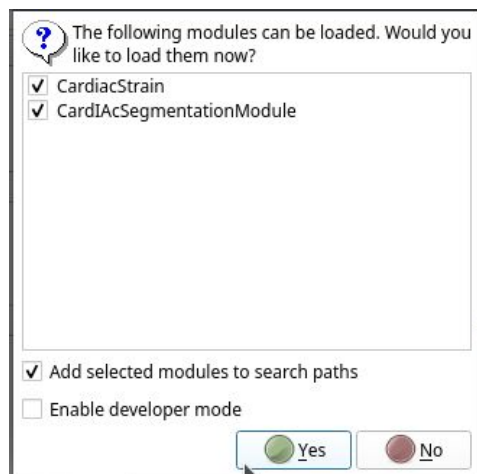
Instalación de CardIAc

La instalación de la extensión se realiza siguiendo los siguientes pasos:

1. Descomprimir el archivo “cardiac-master.zip” en una ubicación deseada.
2. Abrir Slicer y buscar el módulo “**Extension Wizard**” en el buscador de módulos:

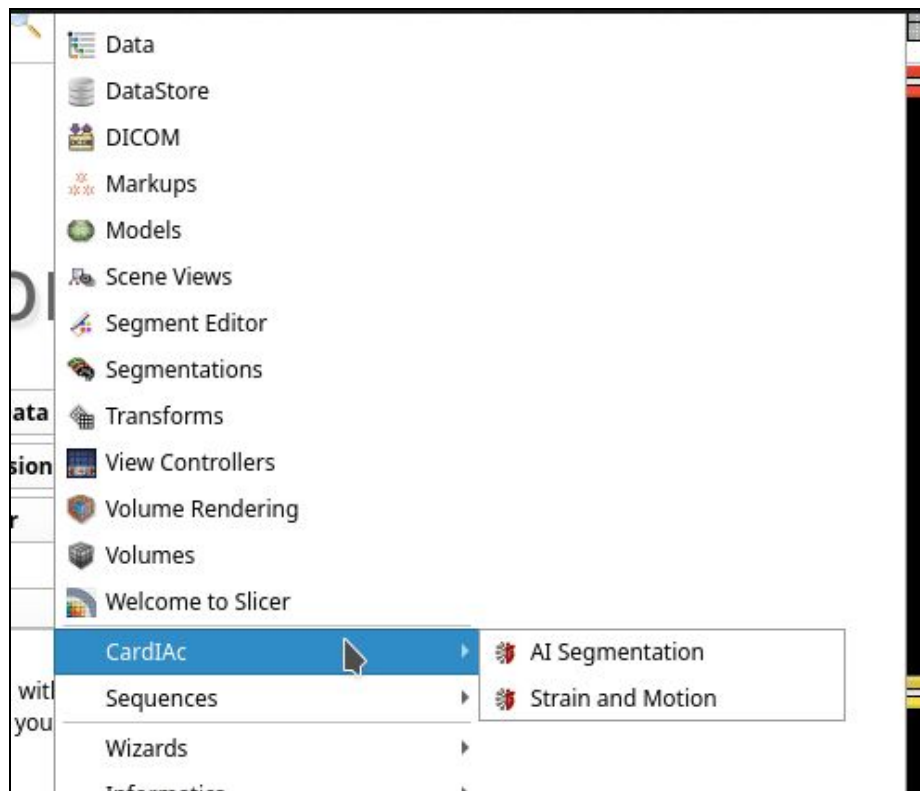


3. Clickear **Select Extension** y seleccionar la carpeta “cardiac-master” obtenida luego de descomprimir “cardiac-master.zip” en el paso 1. Un cartel preguntará si se desea agregar los dos módulos de CardIAc. Tildarlos y seleccionar que sí (en caso de observar la casilla “Enable developer mode”, ésta debe estar sin tildar):

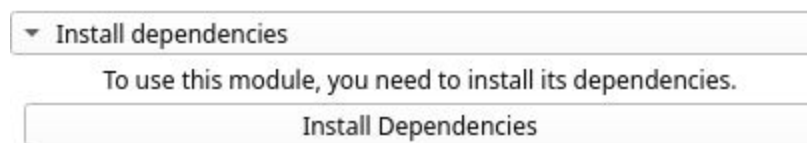


4. Si la instalación fue correcta, debería aparecer la extensión en la lista de módulos:

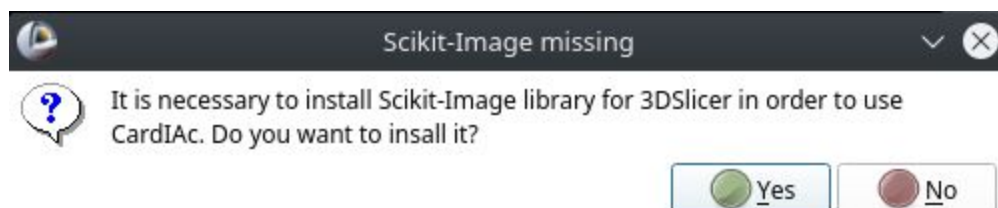




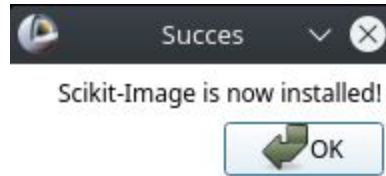
5. Si no se observa la extensión, cerrar y abrir nuevamente 3DSlicer. Repetir el paso 4.
6. Una vez cargados los módulos debemos instalar las dependencias necesarias. Para ello, ingresamos en el módulo que deseamos utilizar y cliqueamos en "Install Dependencies":



7. Luego, se abrirá un mensaje para confirmar la instalación. Seleccionamos "yes" y esperamos que la instalación finalice. **Nota:** La instalación de *Tensorflow* depende de la conexión a internet y pesa ~500 MB. Por ese motivo, el programa 3DSlicer puede tardar algunos minutos en responder.



8. Una vez que el proceso haya terminado, un cartel aparecerá informándonos que la dependencia fue instalada exitosamente.



9. **Solo en caso contrario:** Por problemas de inestabilidad en la conexión a internet, o algún otro problema podemos obtener un error que nos indicará que instalemos a través de la línea de comandos. En tal caso, basta con iniciar el intérprete de python

de 3DSlicer ubicado en la barra superior , copiar y pegar la siguiente línea **slicer.util.pip_install('tensorflow')** o **slicer.util.pip_install('skimage')** según el caso, y dar "Enter":

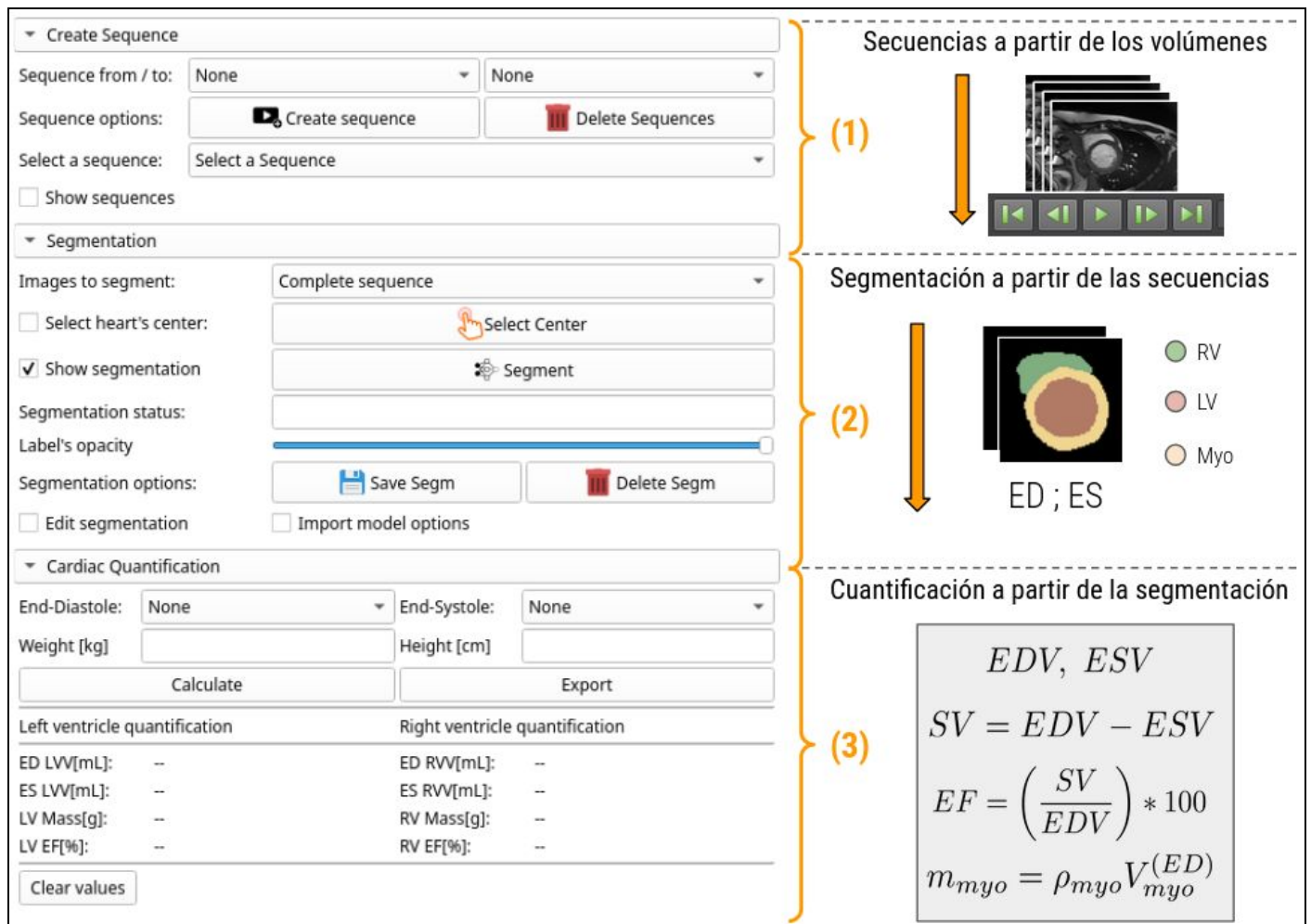
```
>>> slicer.util.pip_install('tensorflow')|
```

10. Una vez instaladas las dependencias necesarias (*Scikit-image* para *Strain & Motion* o *Scikit-image* y *Tensorflow* para *Segmentation*), se deberá reiniciar 3DSlicer y la extensión estará lista para usar.

Uso del módulo AI Segmentation

I. Esquema general

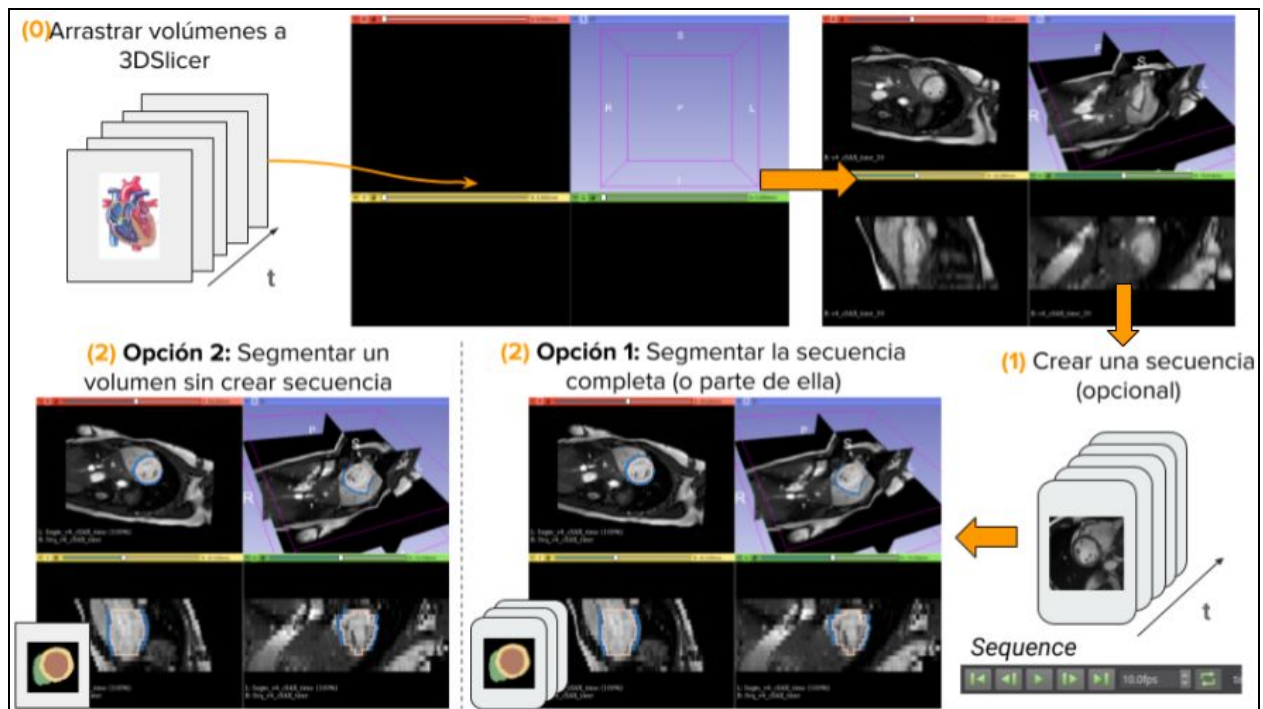
El módulo está dividido en tres partes principales: una de creación de secuencias **"Create Sequence"** (1), una de segmentación **"Segmentation"** (2) y otra de cuantificación, cuyos cálculos se realizan a partir de la segmentación, **"Cardiac Quantification"** (3):



El flujo normal de trabajo es el siguiente:

Estudio de imágenes CINE a 3DSlicer → Crear una secuencia (opcional) → Segmentar (a partir de la secuencia o los volúmenes) → Cuantificar

A continuación se muestra un esquema del flujo de trabajo:



(0) En primer lugar se ingresa el set de imágenes del estudio tipo CINE (eje corto). Es posible hacer un *drag&drop* o arrastre de los archivos desde la carpeta contenedora hacia 3DSlicer. **Importante:** los archivos ingresados deben estar en orden (desde el primer instante del ciclo al último instante en que se realizó el estudio). **Recomendación en Windows:** Al arrastrar el conjunto de volúmenes con el cursor posicionado sobre el primero de ellos, se asegura el orden correcto al importarlos.

(1) En este momento, se puede decidir si crear una secuencia con los volúmenes ingresados para luego segmentar dicha secuencia, dos volúmenes de ella (**2-Opción 1**), o segmentar un único volumen de los ingresados sin crear la secuencia (**2-Opción 2**).

(3) El siguiente paso (no mostrado en la figura) es obtener los indicadores de la función cardiaca, que se calculan automáticamente a partir de la segmentación obtenida en el paso (2), utilizando la tercera sección del módulo. Es necesario para la tercera sección que se indiquen manualmente los instantes de diástole y sístole para poder calcular los indicadores. Una vez calculados, se muestran en la parte inferior del módulo y pueden ser exportados.

II. Sección 1: Crear Secuencia

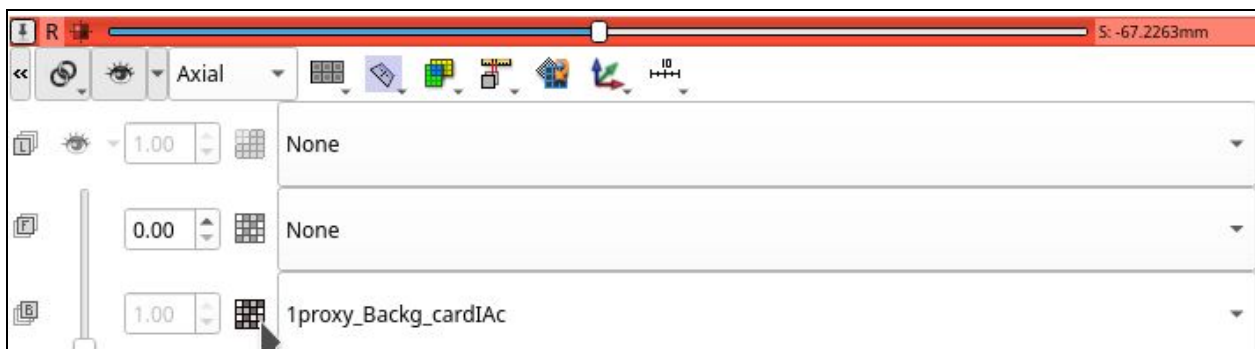


Esta sección permite **crear una secuencia con los volúmenes ingresados**, indicando el primer y último volumen que la conformará (*v4_cSAX_time_1* y *v4_cSAX_time_30* en este caso). Se recuerda que no es necesario crear la secuencia para poder segmentar. Sin embargo, crear la secuencia permite poder reproducir en tiempo el set de volúmenes correspondiente al estudio ingresado.

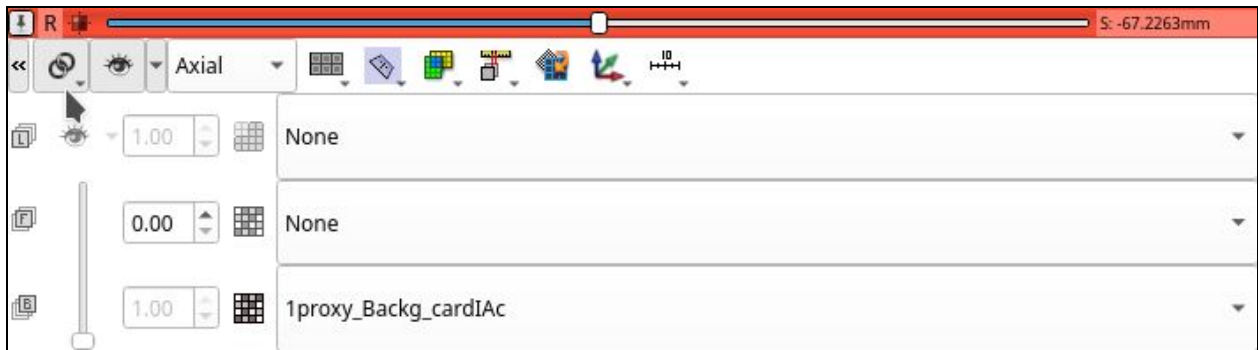
Si se desea realizar secuencias más complejas (por ejemplo, una que “saltea” volúmenes: 1,2,5,6,7,11,etc) o en el caso que se haya cargado los volúmenes a Slicer de forma desordenada, debe usarse el módulo *Sequences*, específico para la creación y manipulación de secuencias. CardIAc tiene como fin “ahorrar” el uso de dicho módulo y permitir la creación rápida de **secuencias simples y ordenadas**. **Importante:** el uso de secuencias fuera de CardIAc resulta inestable en la presente versión, con lo que se recomienda crear las secuencias dentro del módulo CardIAc.

Detalles de funcionamiento

- La secuencia creada queda **automáticamente colocada en las vistas** de *3DSlicer* lista para reproducirse.
- Si se crea una secuencia y consecutivamente se crea otra, **la primera quedará eliminada**.
- Al crearse una secuencia, automáticamente **se desactiva la interpolación**. Ésta puede reactivarse manualmente desde el controlador de vistas (ver el puntero):

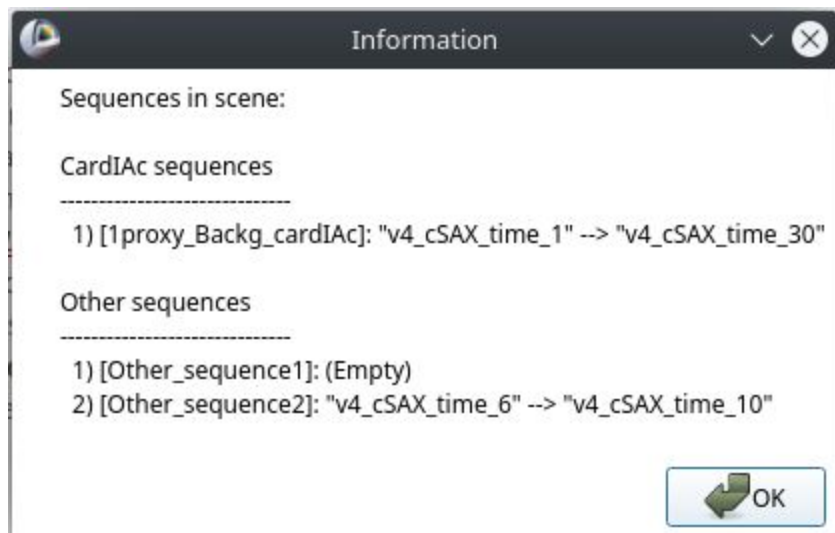


- Al crearse una secuencia, **automáticamente se enlazan las 3 vistas entre sí**, con lo cual los parámetros modificados en una vista se modifican en las demás. Ésto también puede anularse desde el controlador de vistas (ver el puntero):



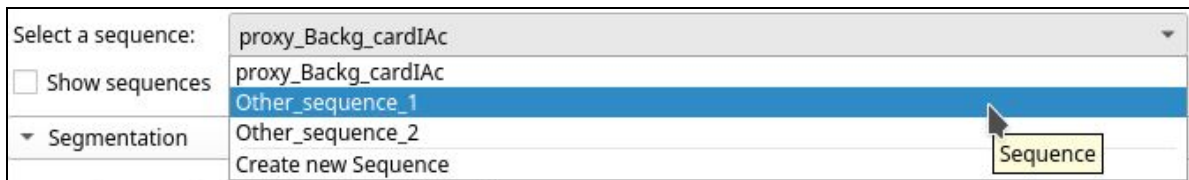
- Nombre automático de las secuencias:** La secuencia creada toma un nombre automático: **"proxy_Backg_cardIAC"** para su futura identificación. Este nombre se corresponde con un volumen creado por el módulo *Sequences* denominado **"proxy"**, necesario para el funcionamiento de las secuencias y creado automáticamente junto con las mismas. Siempre que se desee reproducir temporalmente una secuencia, el correspondiente "proxy" debe colocarse en las vistas. En este caso, se tiene un "proxy" con el nombre "Backg" (del inglés "background"), haciendo referencia a que la secuencia creada contiene volúmenes de tipo *ScalarVolumeNode* (ver [documentación oficial](#) para más información sobre los tipos de datos de Slicer) en lugar de volúmenes de tipo *LabelMapVolumeNode* (los correspondientes a las segmentaciones). En la sección de [nomenclatura y datos dentro de Slicer](#) en el apéndice se comenta esto con más detalle.
- Ver información de las secuencias dentro de Slicer:** Es posible obtener información acerca de todas las secuencias presentes en la escena principal de Slicer (el espacio de trabajo actual). Para esto, puede usarse el **checkbox "Show sequences"**:

☐ Show sequences



Esto mostrará una ventana con información de las secuencias creadas por el módulo *CardIAc* y otras secuencias creadas desde *Sequences*. Cada una de ellas muestra el nombre del **primer y último volumen** de la secuencia. Si la secuencia está vacía, mostrará “(Empty)”.

- **Seleccionar una secuencia:** El selector de secuencias se utiliza para identificar sobre qué secuencia se realizará la segmentación, en caso que así se desee:



Como se mencionó anteriormente, si se realizan dos secuencias consecutivas utilizando *CardIAc*, la primera quedará eliminada. Esto significa que siempre habrá una única secuencia de *CardIAc* a la vez, cuyo *proxy* asociado tiene siempre el nombre “*proxy_Backg_cardIAc*” o “*proxy_Backg_Interval_cardIAc*”. Cualquier otra secuencia que se desee realizar desde el módulo *Sequences* puede crearse vacía seleccionando “*Create new Sequence*” en el selector de secuencias de *CardIAc*, o dirigiéndose directamente al módulo *Sequences* y trabajando desde allí. En todo caso, cualquier otra secuencia creada fuera de *CardIAc* debe ser trabajada desde el módulo *Sequences* y una vez finalizada, debe seleccionarse desde el selector de secuencias de *CardIAc*. **Recomendación:** Se recomienda trabajar únicamente con secuencias de *cardIAc* para mayor orden y simplicidad.

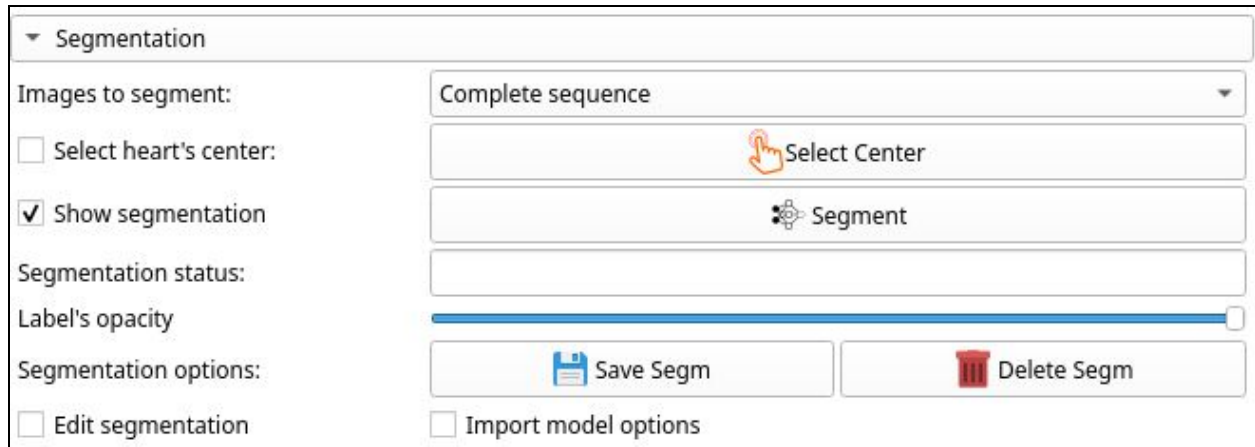
- **Eliminar secuencias:**



El botón “*Delete sequences*” eliminará todas las secuencias creadas por *CardIAc*. Esto incluye las de volúmenes *background* (secuencias creadas con los volúmenes del estudio) y las de volúmenes *label* (secuencias creadas luego de segmentar).

Este botón **no elimina los volúmenes *LabelMapVolumeNode* correspondientes a las segmentaciones obtenidas**. **Recomendación:** Se recomienda borrar las secuencias una vez finalizada la segmentación y cuantificación de un estudio, como limpieza del espacio de trabajo para comenzar uno nuevo.

III. Sección 2: Segmentar



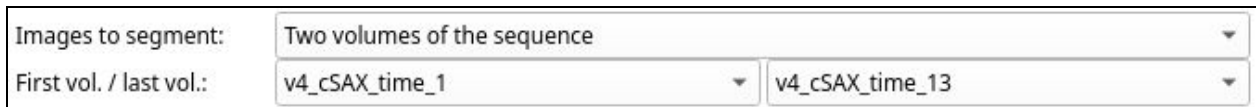
Esta sección permite segmentar a partir de una secuencia o de un volumen.

Existen tres opciones posibles que se desplegarán según lo elegido ***"Images to Segment"***:

I. Segmentar la secuencia completa:

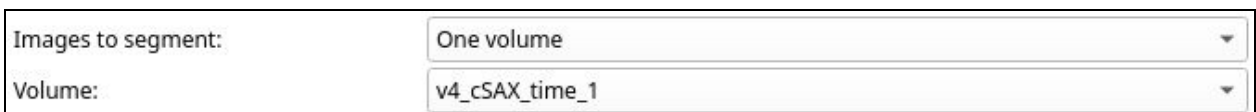


II. Segmentar dos volúmenes de la secuencia (ED y ES):



Se selecciona los volúmenes 1 y 2 que se desea segmentar (deben estar dentro del rango de la secuencia creada). Esto es útil si de toda la secuencia se desea segmentar únicamente los instantes correspondiente a diástole y sístole.


III. Segmentar un único volumen de la secuencia.



Se selecciona un único volumen a segmentar. No es necesario que este pertenezca a una secuencia. Para usar esta opción no es necesario que exista una secuencia previa.

Importante: Una vez terminada y guardada la segmentación de un paciente, luego de haber finalizado y guardado la cuantificación, deben eliminarse las segmentaciones antes de comenzar con un nuevo estudio. Esto habilita la creación de nuevas secuencias y permite mantener ordenado el espacio de trabajo.

- **Barra Segmentation Status:**



Segmentation status:

indica el momento en que la segmentación finalizó y el tiempo de ejecución. **Importante:** Una vez *clikeado* el botón *Segment*, el proceso puede demorar hasta algunos minutos, con lo cual debe esperarse hasta observarse la notificación de finalización en esta barra.

- **Barra de *Label's opacity*:**

Label's opacity

Barra deslizable que permite modificar la opacidad de las segmentaciones en las vistas (*labels* debido al tipo de dato *vtkMRMLLabelMapVolumeNode*).

- **Guardar segmentaciones:**



Save Segm

Es posible guardar la segmentación completa realizada en un directorio deseado. Esto guardará cada uno de los *labels* (*LabelMapVolumeNodes*) obtenidos, con un nombre automático creado a partir de los volúmenes del estudio ingresado (*ScalarVolumeNodes*).

Nota: El formato de salida de los *labels* es *".nrrd"*.

- **Eliminar segmentaciones:**



Delete Segm

Esta opción borra todos los volúmenes de tipo *LabelMapVolumeNode* y las secuencias correspondientes a éstos creadas por *CardIAc* al crearse una segmentación. Es decir, se borra cada uno de los *labels* obtenidos con *CardIAc* y su secuencia asociada, en caso de haberse segmentado a partir de una secuencia. No se eliminan las secuencias correspondientes a los volúmenes *background* (*ScalarVolumeNodes* del estudio ingresado) creadas en la [sección 1](#) ni otras secuencias.

Importante: Una vez realizada la segmentación, la sección 1 de secuencias quedará bloqueada hasta eliminar las segmentaciones con el botón *"Delete Segm"*.

- **Mostrar / ocultar segmentaciones en las vistas:**

Las segmentaciones pueden ocultarse o mostrarse en las vistas tildando o destildando, respectivamente, el casillero ***"Show Segmentation"***.

☒ Show segmentation

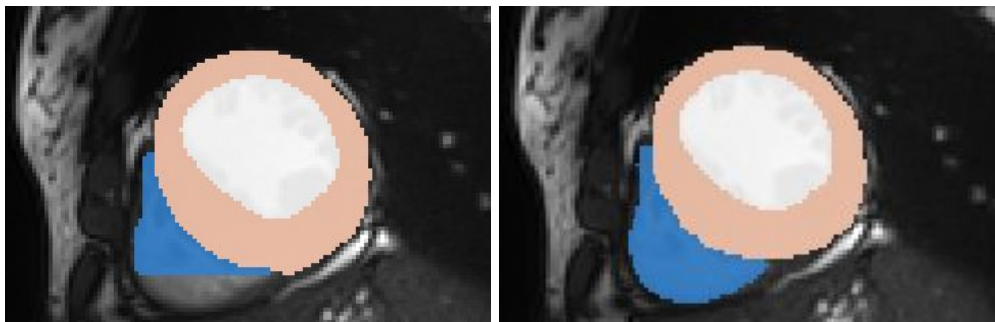
Opciones adicionales

Las opciones adicionales son: *Select Center* , *Edit segmentation* y *Import Model Options*.

1. *Select Center*:



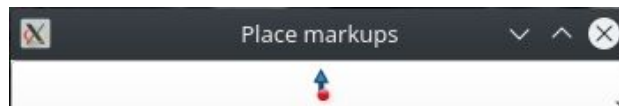
La segmentación automática de CardIAc requiere, en primer lugar, la detección automática del centro del corazón. Para ello, se utiliza una red neuronal artificial que detecta el centro del corazón (CM) con el que se construye una región de interés (ROI) alrededor del mismo. Sobre dicha ROI, se realiza la segmentación. Es posible que la detección del CM falle, con lo cual la segmentación puede no ser correcta o mostrar "bordes artificiales" debido a que la ROI no alcanza a cubrir la totalidad del corazón. Para ello, existe la posibilidad de seleccionar manualmente con un "click" el centro del corazón y luego volver a realizar la segmentación. Esto significa que el primer paso en la segmentación se realiza manualmente: la identificación del centro del corazón. Así, la ROI construida tendrá la ubicación correcta alrededor del corazón y el segundo paso automático de clasificación de cada tejido podrá realizarse correctamente. En la siguiente figura se muestra un caso en el que se observa que la detección del CM falló, y el resultado luego de seleccionar manualmente el centro.



Falla en la detección del CM



Selección manual del CM

Una vez presionado el botón *Select Center*, debe colocarse un *Markup* en el centro del corazón y luego segmentar con el botón "*Segment*".

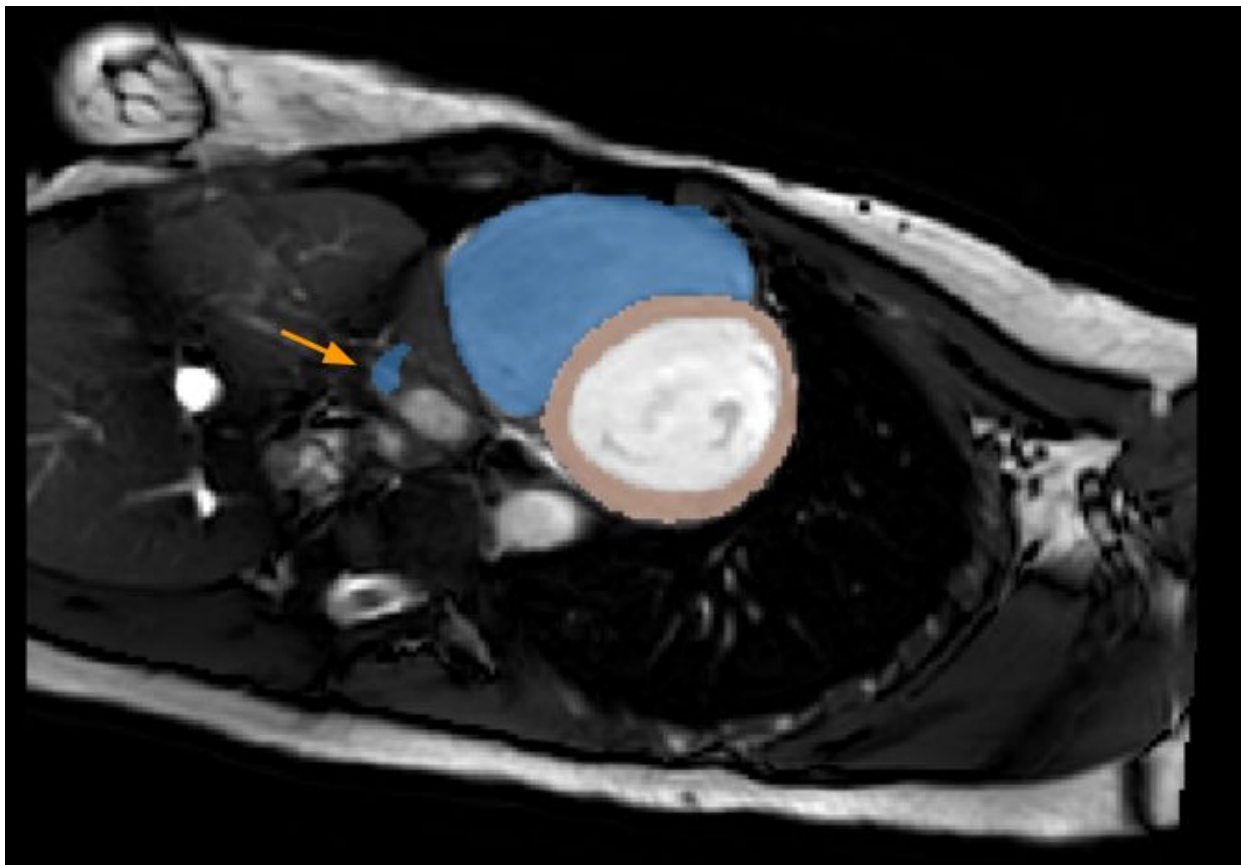


NOTA: Al seleccionarse la opción de *Select Center* se borrarán las segmentaciones y secuencias previas, y se comenzará nuevamente, todo de forma automática. Esto significa que debe dejarse la configuración deseada para la segmentación (secuencia seleccionada e imágenes a segmentar) antes de *clickear* este botón.

2. Edit segmentation:

<input checked="" type="checkbox"/> Edit segmentation	<input type="checkbox"/> Import model options
Select label to edit:	None
Edition options:	<div>  Edit </div> <div>  Save Edition </div>
<input type="checkbox"/> (?) Help	

Es posible que la segmentación automática genere algún resultado no plausible anatómicamente, con lo cual es necesario poder editar el *label* correspondiente de forma manual. En la siguiente figura se muestra un ejemplo en el que se clasificó en azul al tejido del ventrículo derecho en una zona incorrecta:



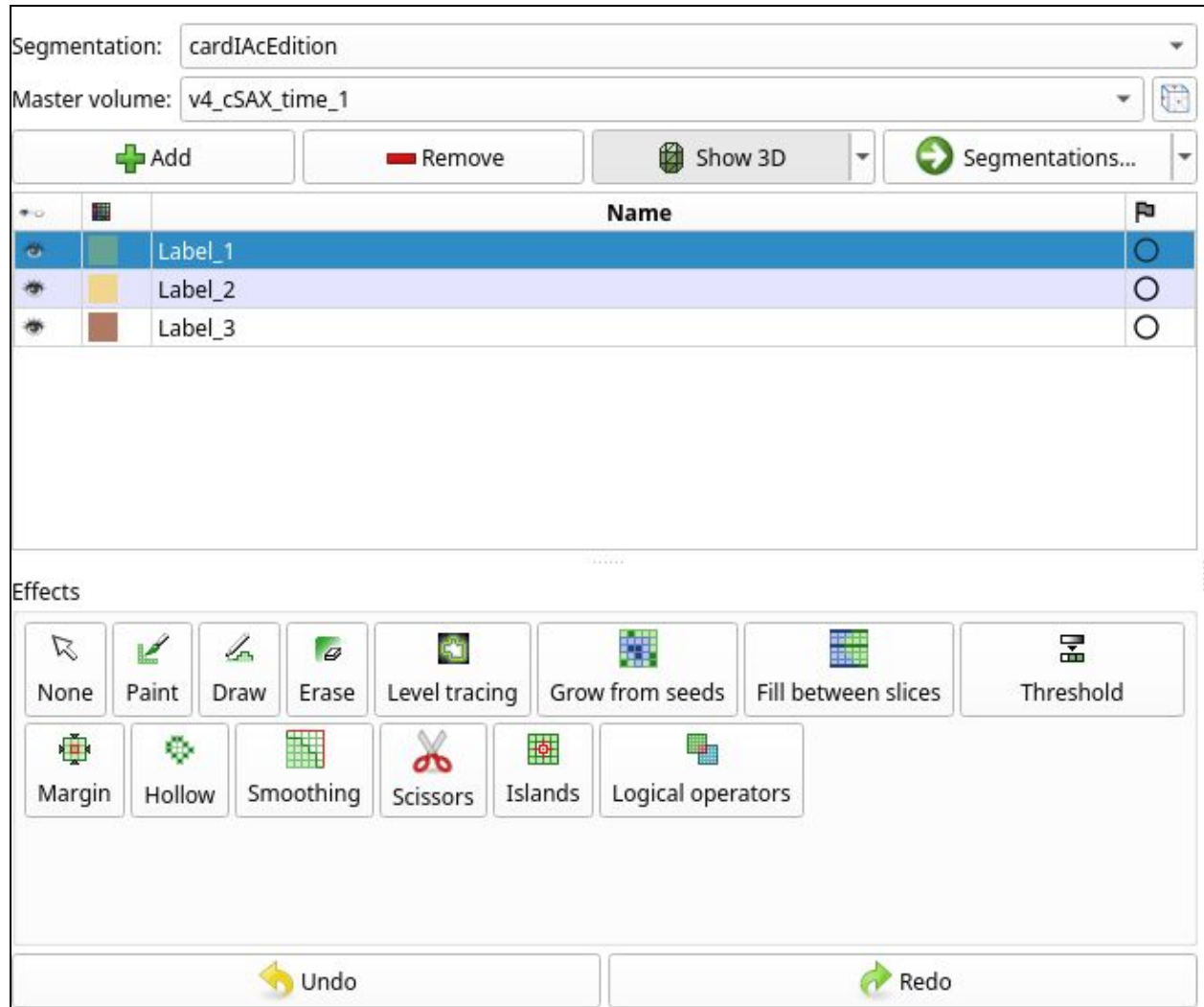
Para corregir este tipo de resultados no deseados, se procede de la siguiente manera:

- 1) Se selecciona el *label* cuya segmentación se desea editar
- 2) Se clickea el botón Edit → Esto abre el editor de Slicer: *Segment Editor*
- 3) Una vez finalizada la edición se selecciona *Save Edition* para guardar los cambios

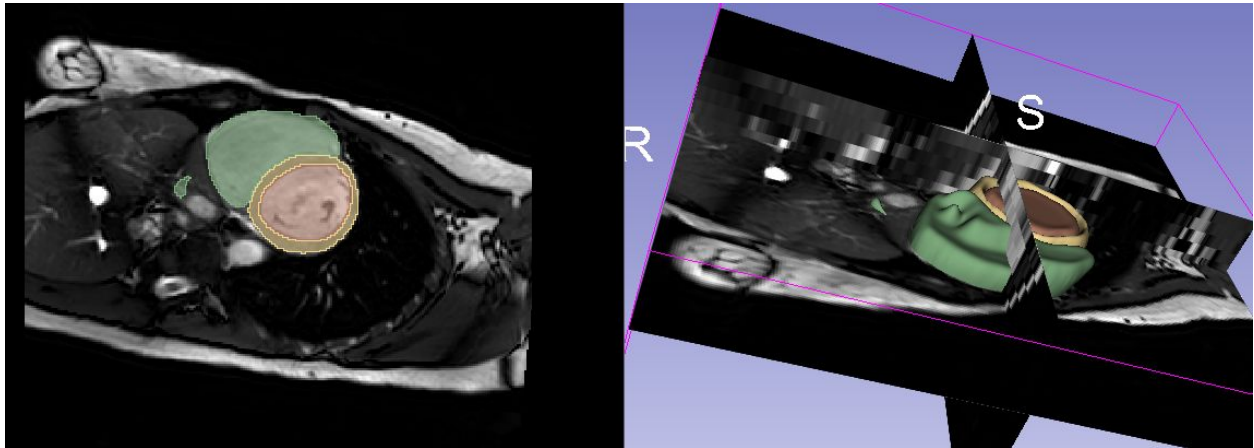
Importante: Una vez seleccionado el *label* a editar, automáticamente se coloca el volumen de *background* correspondiente en las vistas, listo para editar. No es necesario configurar los volúmenes en las vistas manualmente.

Segment Editor

Ejemplo: Se selecciona el label **"v4_cSAX_time1_label_1_cardiac"** en el selector. Al presionar el botón *Edit*, se abrirá el módulo *Segment Editor* de 3DSlicer:



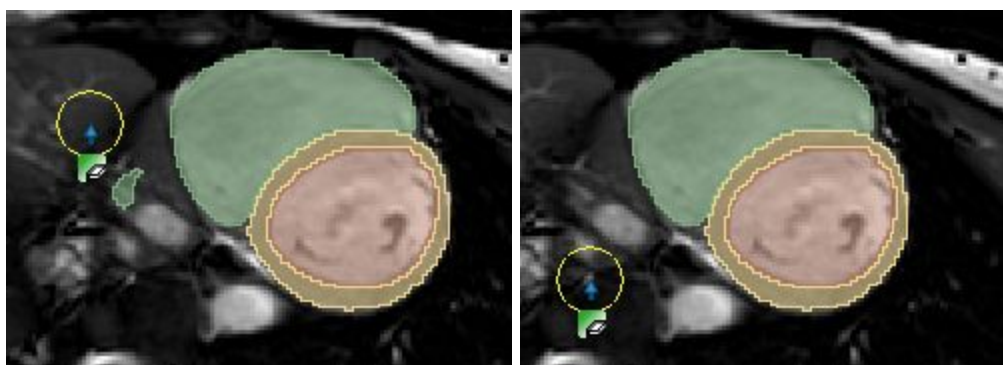
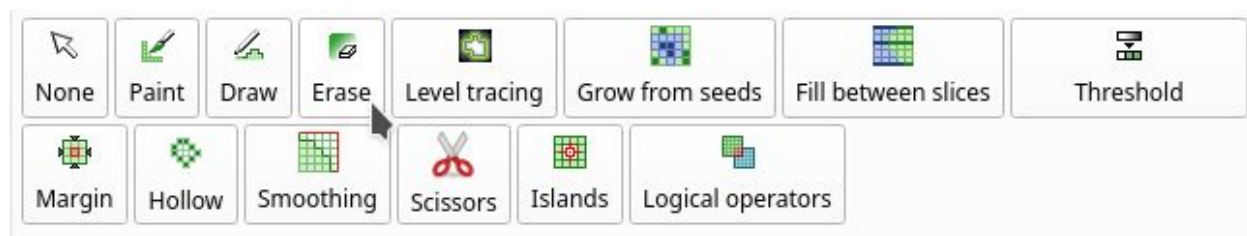
En las vistas se observa el *label* seleccionado para editar, junto con una construcción 3D de la segmentación obtenida (los colores de la segmentación durante la edición son diferentes ya que automáticamente se coloca en las vistas al volumen correspondiente al *label* en edición y no al *proxy* de la secuencia). En *Master volume* quedará seleccionado el volumen de *background* correspondiente al *label* en edición. El mismo se observa como *background* en las vistas.



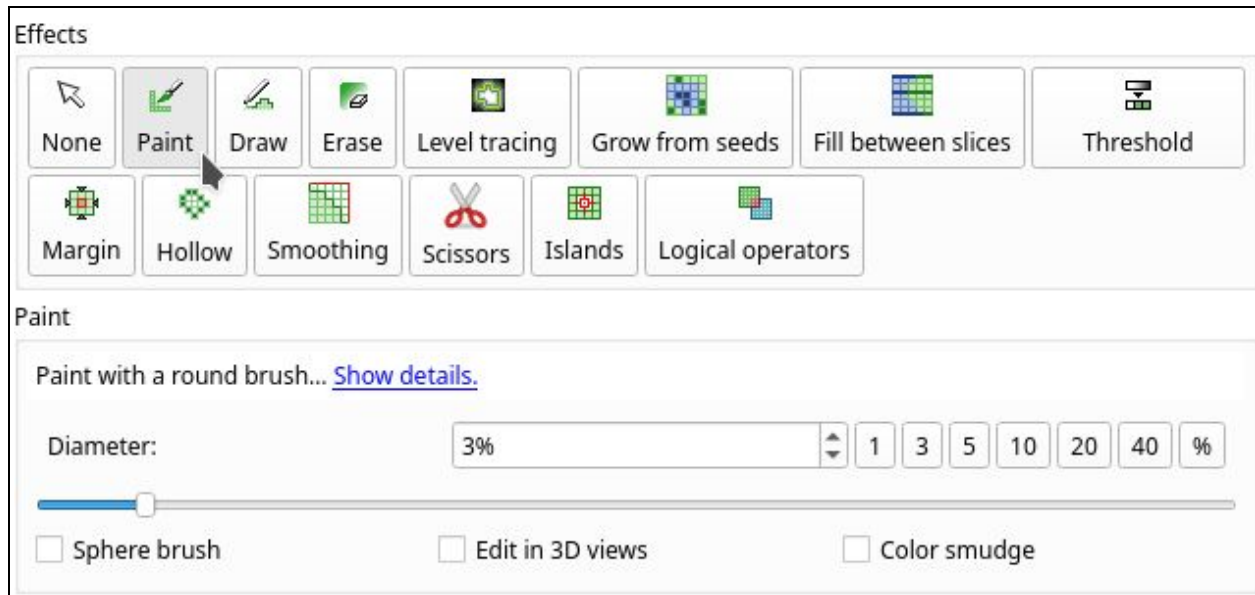
Es posible cambiar los nombres de cada segmento “Label_1”, “Label_2” y “Label_3” por los tejidos que representan haciendo doble *click* sobre cada uno de ellos:

Name		
		RV
		Myo
		LV

Para editar, se selecciona el tejido que se desea: RV en este caso, y se elige la herramienta de la paleta inferior del módulo. En este ejemplo, se borrará el resultado no deseado usando la herramienta *Erase*:



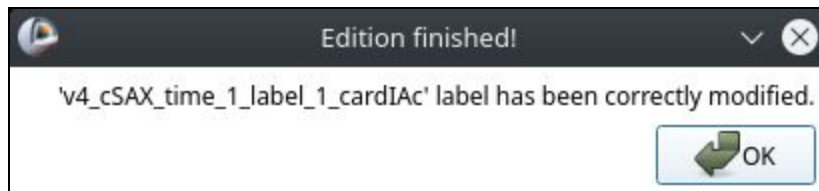
También puede ser necesario “rellenar” en otros casos, con lo cual puede usarse la herramienta *Paint*:



Como puede observarse, cada herramienta tiene opciones adicionales como el *diámetro* del pincel o la opción de edición en las vistas 3D, entre otras.

Guardar cambios

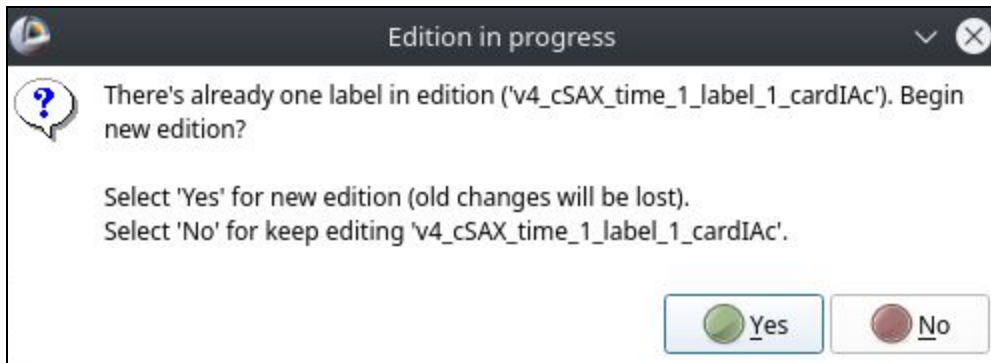
Una vez finalizada la edición manual, se debe volver al módulo *CardIAc AI Segmentation* y hacer *click* en el botón *Save Edition*. **Los cambios se sobrescribirán** sobre el *label* que se estaba editando. Un cartel como el siguiente notifica la finalización:



Seguir editando una vez comenzada una edición

Si se empieza a editar un *label* y se vuelve a *CardIAc*, pero luego se desea continuar la edición desde donde se la dejó, se debe clicar *Edit* nuevamente. Un mensaje de advertencia indicará que ya existe una edición en curso, y dará dos opciones:

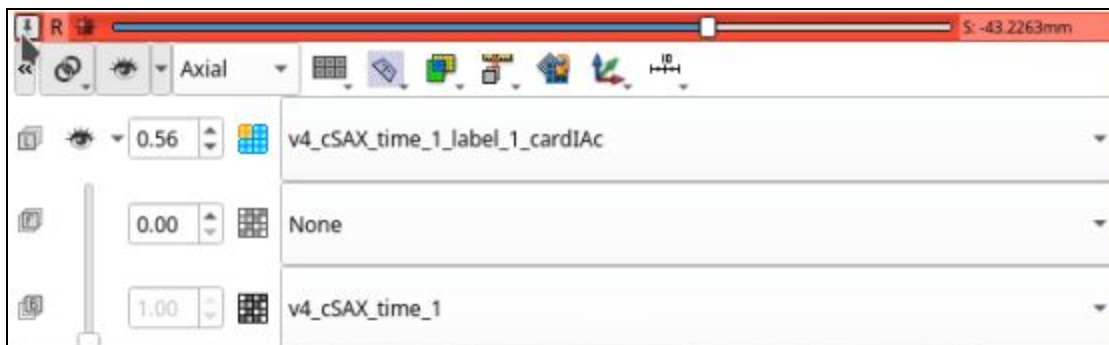
1. Comenzar una nueva edición, borrando la anterior (*Yes* para seleccionar esa opción)
2. Seguir editando el *label* anterior desde donde quedó (*No* para seleccionar esa opción). En este ejemplo, se debería seleccionar *No*.



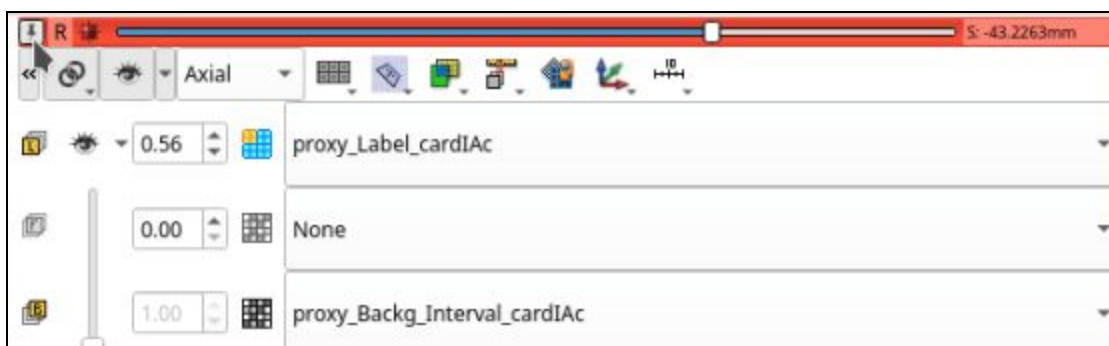
Actualizar las secuencias con la edición terminada

En caso de haber segmentado a partir de una secuencia, es deseable reproducirla para ver los cambios realizados en la edición manual. Para ello, se debe colocar en las vistas a los *proxys* asociados a las secuencias *background* y *label* para poder reproducirlas. Esto se hace desde las opciones de las vistas, eligiendo los proxys: “*proxy_Backg_cardIac*” y “*proxy_Label_cardIac*”.

Se reemplaza:




por:



Ahora puede reproducirse la secuencia actualizada. **Nota:** es posible que deba reproducirse una vez antes de que se actualice completamente con la edición manual.

3. Import model options:

<input type="checkbox"/> Edit segmentation	<input checked="" type="checkbox"/> Import model options
Current segm. model:	gvae_unet_00.h5
Import pre trained CNN:	 Import Model
<input type="checkbox"/> (?) Help	

El módulo permite importar un modelo local de segmentación basado en redes neuronales profundas mediante el botón **"Import Model"**. Es necesario que el mismo sea formato HDF (.h5). Al importar un nuevo modelo, se pide ingresar un único archivo. CardIAc se compone de dos modelos: el primero correspondiente a la detección del centro del corazón en las imágenes cardiacas y el segundo el correspondiente a la segmentación de los tejidos. Esta sección permite importar el segundo modelo. Por defecto, cardIAc contiene dos modelos basados en redes neuronales profundas para detección del centro del corazón y segmentación del ventrículo izquierdo (LV), ventrículo derecho (RV) y miocardio del LV (Myo). En el apéndice se presentan algunos [detalles a tener en cuenta](#) en caso de querer importar un modelo de segmentación diferente al que trae CardIAc por defecto.

Detalles de funcionamiento

- Si se segmenta y se vuelve a segmentar de forma consecutiva, **la primer segmentación quedará eliminada**. Recuerde guardar las segmentaciones útiles antes de volver a segmentar.
- **Los labels obtenidos de la segmentación se colocan automáticamente en las vistas** junto con los volúmenes originales. Si se segmenta a partir de una secuencia se crea de forma automática una secuencia emparejada para los *labels* y ambas pueden reproducirse conjuntamente. No es necesario acceder al módulo *Sequences* para ello. Recordar que para ello, los proxys correspondientes a cada secuencia se colocan en las vistas (ver [sección de nomenclatura](#) para más información sobre los proxys y las secuencias).
- Los *labels* obtenidos de la segmentación se guardan con un **nombre creado automáticamente** a partir del nombre de los volúmenes ingresados. Pueden cambiarse si se desea desde el módulo *Volumes*.

IV. Sección 3: Cuantificación cardiaca

Cardiac Quantification

End-Diastole: None

End-Systole: None

Weight [kg]

Height [cm]

Calculate

Export

Left ventricle quantification	Right ventricle quantification
ED LVV [mL]: --	ED RVV [mL]: --
ES LVV [mL]: --	ES RVV [mL]: --
LV Mass [g]: --	RV Mass [g]: --
LV EF [%]: --	RV EF [%]: --

Clear values

Esta sección permite estimar automáticamente los siguientes indicadores (para ventrículo izquierdo y ventrículo derecho):

- Volumen ventricular en diástole (ED LVV, ED RVV) y sístole (ES LVV, ES RVV)
- Masa ventricular (LV Mass, RV Mass) NOTA: Los modelos de segmentación provistos por CardIAc no segmentan *Myo* del RV, con lo que se cuantifica la masa ventricular correspondiente al ventrículo izquierdo únicamente.
- Fracción de eyección (LV EF, RV EF)

Si se ingresa la masa (W [Kg]) y la altura (H [cm]) del paciente, se calculan los indicadores afectados con el índice de Área de Superficie Corporal (BSA).

Una vez calculados los parámetros, es posible exportarlos en un archivo (.csv) en el directorio deseado mediante el botón **“Export”**:

Detalles de funcionamiento

- Si no se coloca la masa (W) ni la altura (H), solo se visualizan los parámetros sin tener en cuenta el índice BSA. Caso contrario, se muestran tanto los parámetros pesados y sin pesar con el índice BSA.



Uso del módulo Strain and Motion

I. Esquema general

El módulo Strain & Motion se compone una barra de estado (1), un selector de secuencias (2), además de 6 submódulos: Load and Save data (3), AHA Model (4), Feature Tracking (5), Strain Analysis (6), View Controllers (7) y Charts options (8).

The screenshot shows the Strain & Motion module interface in 3D Slicer. The interface is organized into several sections, each with a corresponding number and label on the right side:

- 1: Status bar.** Points to the top status bar displaying "Everything is ok!".
- 2: Sequence selector.** Points to the "Working on sequence: Select a Sequence" dropdown menu.
- 3: Load and Save data.** Points to the "Load and Save Data" section, which includes buttons for "Load volumes", "Load segmentation", "Load deformation", "Load strain", "Load AHA", "Save segmentation", "Save deformation", "Save strain", and "Save AHA".
- 4: AHA Model and Local Coords.** Points to the "AHA Model" section, which includes buttons for "Choose RV Position" and "Calculate AHA and Local coords".
- 5: Feature Tracking.** Points to the "Feature Tracking" section, which includes a "Calculate Displacement Field" button and an "Advanced" section with options like "Morph. int", "Feature tracking", "Number of iterations", "Smoothing of D. field", "Smoothing of update", and "3D Tracking".
- 6: Strain Analysis.** Points to the "Strain Analysis" section, which includes a "Calculate Strain" button.
- 7: View Controllers.** Points to the "View Controllers" section, which includes a "Layout: Three over Three" dropdown and an "LM Opacity" slider.
- 8: Chart Options.** Points to the "Charts options" section, which includes three chart configuration panels (Chart 1, Chart 2, Chart 3) with options for "Strain", "Strain rate", "Apical", "Middle", "Basal", "Radial", "Circumferential", and "Longitudinal".

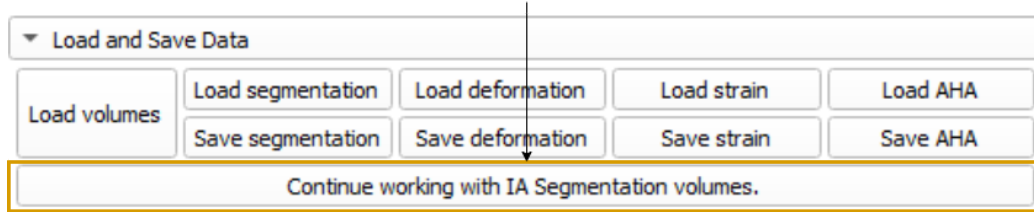
- La barra de estado brinda información de qué proceso se está llevando a cabo en el programa, a fin de comunicar el estado del mismo al usuario.
- El selector de secuencias permite decidir sobre qué secuencia del programa se está trabajando.
- Load and Save data nos permite introducir la mínima información para efectuar los cálculos del software, además de importar y exportar los resultados obtenidos - el campo de desplazamientos, el modelo AHA, las coordenadas locales, y el strain.
- AHA Model nos permite obtener el modelo AHA y las coordenadas locales a partir de seleccionar la posición del ventrículo derecho.
- Feature Tracking nos permite computar el campo de desplazamientos. Se pueden seleccionar, en el campo de opciones avanzadas, los parámetros del método de registrado. Estos dependen de la naturaleza de las imágenes utilizadas.
- Strain Analysis permite computar el esfuerzo a partir del campo de desplazamientos.
- View Controllers permite elegir el tipo de gráfico a visualizar (gráficos de strain vs tiempo o gráficos de Bullseye), además de la visibilidad de la segmentación.
- Charts options permite seleccionar la información a visualizar en cada una de las gráficas.

II. Cargado de información mínima

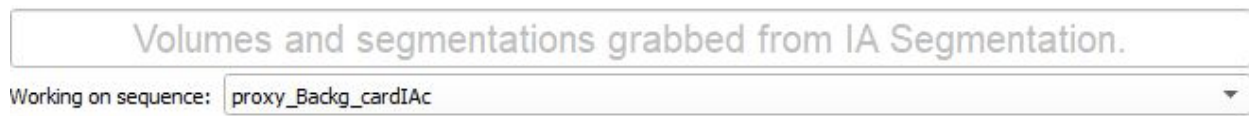
Para calcular el campo de desplazamientos y estimar el esfuerzo miocárdico es necesario contar con las imágenes de resonancia magnética (CMR), y las segmentaciones (previamente calculadas con AI Segmentation).

Continuando con los volúmenes y segmentaciones de IA Segmentation:

Si los volúmenes fueron cargados y las segmentaciones calculadas en el módulo de **AI Segmentation**, se puede continuar con el flujo normal de trabajo en **Strain & Motion** utilizando el botón *Continue working with IA Segmentation Volumes*.

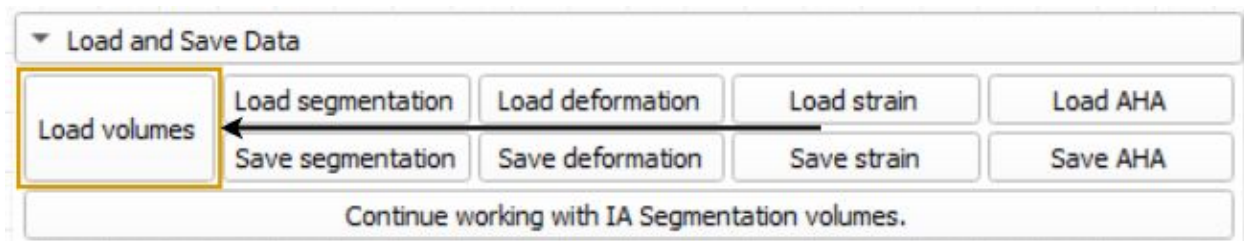


Esto provocará que la barra de estado se modifique a **Volumes and segmentations grabbed from IA Segmentation**, y que la secuencia se modifique al nombre de la secuencia utilizado en el módulo de segmentación.

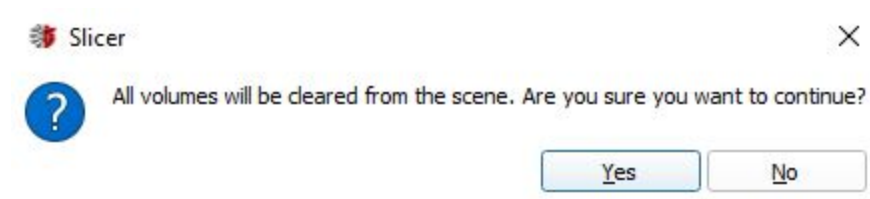


Utilizando volúmenes y segmentaciones desde el disco duro:

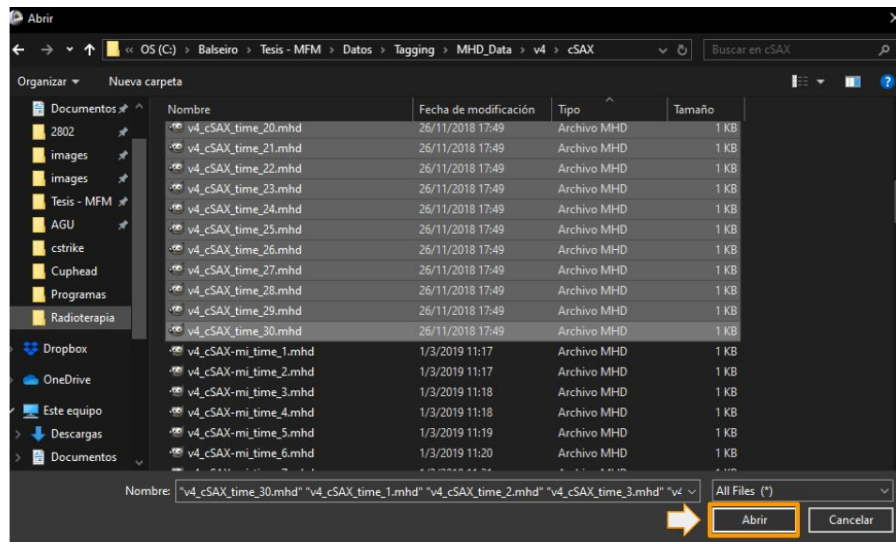
En el caso de que los volúmenes y segmentaciones se encuentren en el disco, se deben cargar los mismos a través de los botones *Load Volumes* y *Load Segmentations*. Comenzamos con el botón de cargar volúmenes:



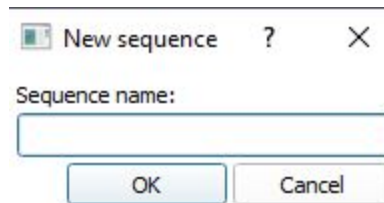
Importante: Al importar nuevos datos al programa, se quitarán todas las imágenes presentes en 3D Slicer, a fin de minimizar la memoria consumida.



Luego, una nueva ventana nos permitirá seleccionar los archivos asociados a los volúmenes del ciclo cardíaco;



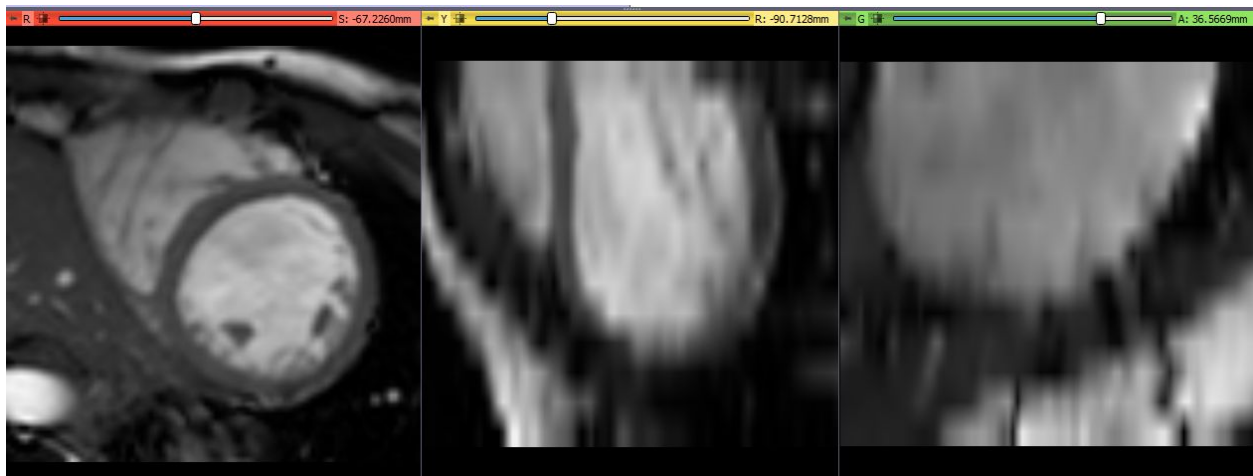
A continuación, una pequeña ventana nos pedirá ingresar un nombre para la secuencia:



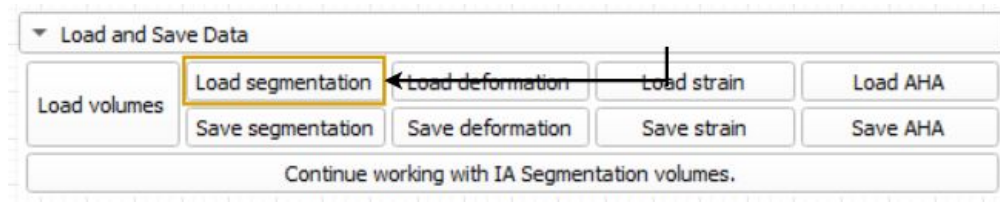
Luego, mientras dura el proceso de cargado, el indicador de estado imprime "Loading Volumes"



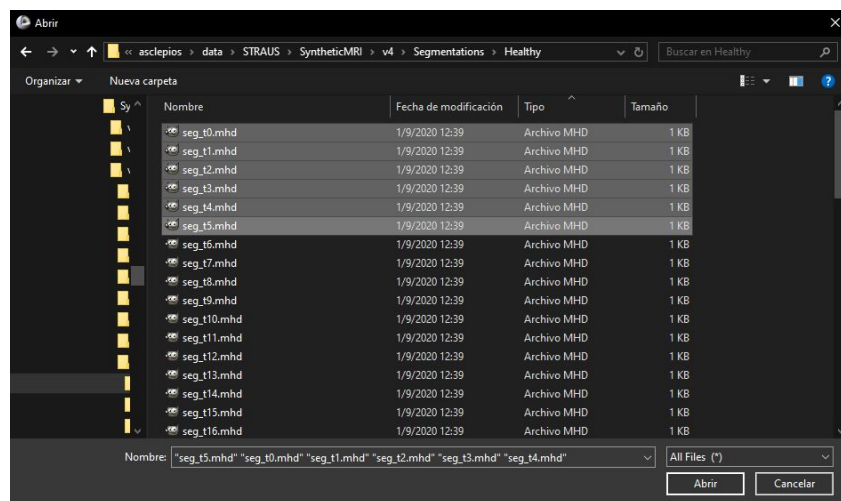
Una vez que este proceso finaliza, se pueden visualizar los volúmenes de CMR:



Una vez cargados los volúmenes, es necesario agregar las segmentaciones para computar el esfuerzo miocárdico. Para ello, clickeamos el botón **Load segmentation**:



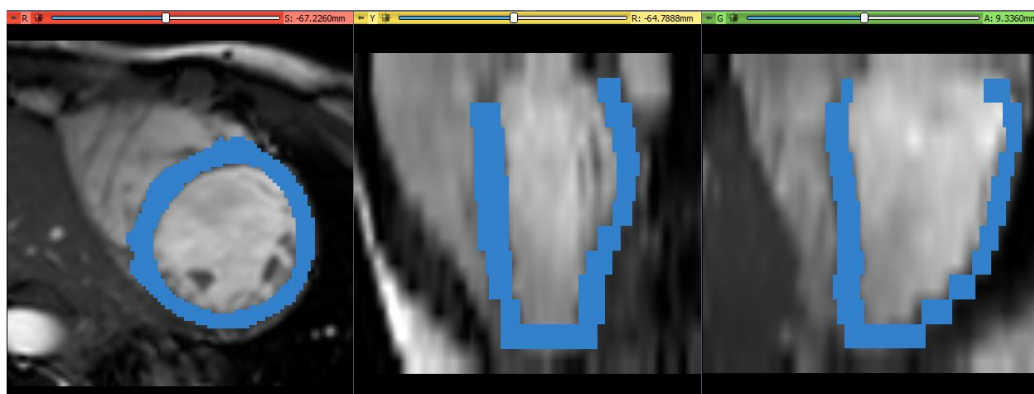
Donde una nueva ventana se abre y permite seleccionar la o las segmentaciones asociadas al paciente en estudio. Si se selecciona un único archivo, el programa está diseñado para utilizarla como segmentación en ED. Si se selecciona un número igual al número de imágenes de la secuencia, se supondrá que es una segmentación de tipo tracking. En caso de que se seleccione cualquier otro número de imágenes, el programa devolverá un error y se deberá repetir el cargado de las segmentaciones.



Una vez seleccionados los archivos, el indicador de estado mostrará que se están cargando las segmentaciones:



Una vez que este proceso termine, las mismas se mostrarán sobre el miocardio:



III. Obtención del modelo AHA y coordenadas locales

Una vez introducidos los volúmenes y las segmentaciones, se procede a calcular el sistema de coordenadas local en cada punto del miocardio, y las regiones del modelo AHA. Para ello, se debe hacer click en el botón **Choose RV position** de la subsección de **AHA Model**.



El indicador de estado nos dirá que estamos seleccionado el centro del ventrículo derecho:



Una pequeña ventana se abrirá - debemos hacer click en el botón que contiene y luego click dentro de la imagen, en el centro del ventrículo derecho.



Una vez realizados estos pasos, se procede a hacer click en el botón **Calculate AHA and Local Coords** de la misma subsección:



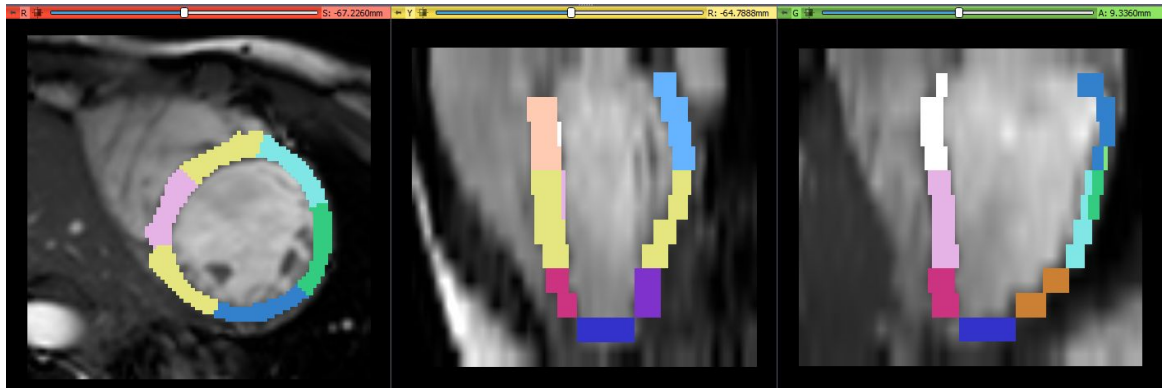
El indicador de estado muestra entonces en qué estado del cálculo del sistema de coordenadas locales y sistema AHA se encuentra:



Una vez terminado, el mismo se actualiza para indicar que se finalizó el análisis:

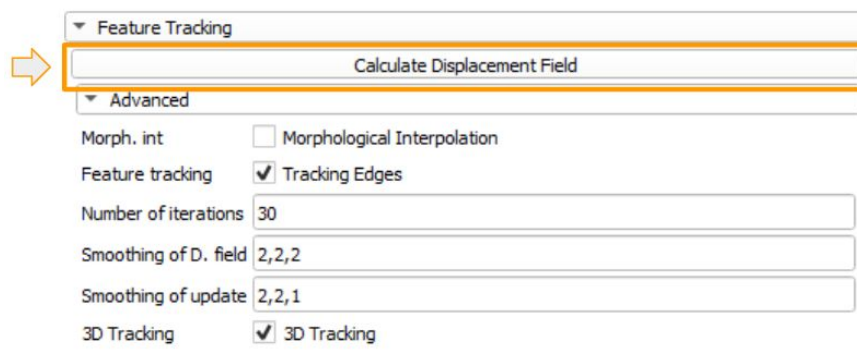


Así habremos computado el modelo AHA y el sistema de coordenadas local a cada punto del miocardio - y se puede visualizar el mismo sobre la segmentación en el miocardio:



IV. Cálculo del campo de desplazamientos

Una vez cargados los volúmenes y segmentación(es), se puede calcular el campo de desplazamientos. Para ello basta con presionar el botón **Calculate Displacement Field**, en la subsección **Feature Tracking**.



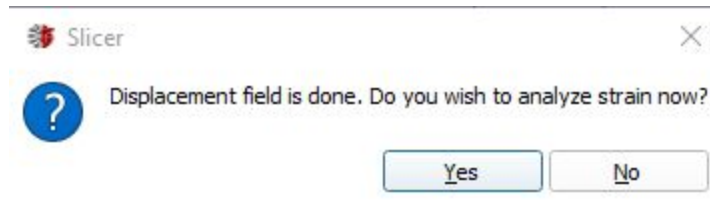
Nota: este proceso puede llevar muchos minutos, como se advierte en el cartel. Puede que la máquina no responda durante el proceso.

La barra de estado se actualizará para mostrar cuál imagen está procesando el software:

DField: Processing image number 1/16.

Una vez terminado, un cartel nos permite calcular directamente el esfuerzo miocárdico. Esto permite minimizar el tiempo de trabajo. Una vez terminado de calcularse el esfuerzo miocárdico, debido al gran tamaño de los datos del campo de desplazamientos, el mismo se elimina de la memoria temporal. Si por algún motivo

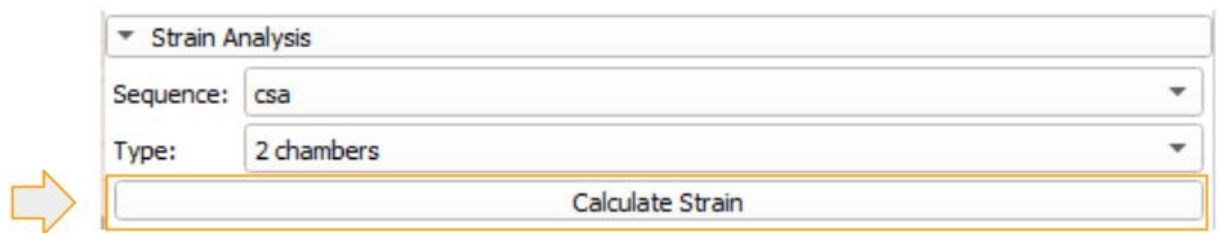
se desea guardar el campo de desplazamientos en el disco duro, se debe tocar **No**. Si se desea continuar con el cálculo de Strain inmediatamente, se debe elegir **Yes**.



Nota: Aunque no se recomienda modificar los valores en la pestaña **Advanced**, allí se puede elegir una estrategia bidimensional o tridimensional (**3D Tracking**), si se desea computar el campo de desplazamientos para las intensidades originales de la imagen o se desea efectuar un preprocesado de bordes (**Tracking edges**), si se efectuó un preprocesado de interpolación morfológica (**Morphological interpolation**), y parámetros del método (**Number of iterations** y **Smoothing**).

V. Análisis del strain

Una vez calculados el campo de desplazamientos, el modelo AHA y el sistema de coordenadas local a cada punto del miocardio, se puede aceptar en la ventana presentada en la sección anterior o se puede utilizar el botón **Calculate Strain** de la subsección **Strain Analysis** para computar el esfuerzo miocárdico. La secuencia seleccionada en **Sequence** es aquella sobre la cual se computará el mismo, que es la que por defecto se creó al introducir los datos. El selector **Type** permite seleccionar el tipo de imagen (dos cámaras o cuatro cámaras).



El indicador de estado permite visualizar el progreso del cálculo de Strain. Indicará, entre otras cosas, cuál es el proceso y el frame sobre el que se está trabajando.

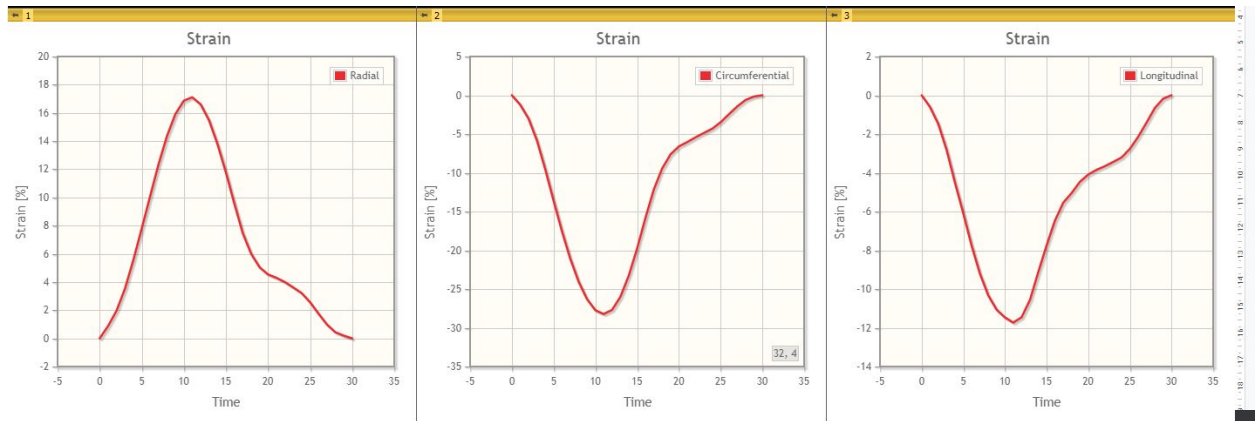


Cuando el Strain termine de computarse, la barra de estado nos lo indicará:



VI. Visualización y descarga de la información

Una vez analizado el Strain, automáticamente se inicializarán los gráficos de strain globales radial, circunferencial y longitudinal en las ventanas inferiores a los gráficos:



Se puede utilizar el selector **Layout** de la sección **View Controllers** para seleccionar qué clase de vista se desea utilizar para visualizar la información. Las opciones son *Four Up*, con tres vistas de la imagen original y un gráfico de esfuerzo en función del tiempo, *Three over three*, con tres gráficos de esfuerzo en función del tiempo, *AHA Layout*, con un gráfico Bullseye de esfuerzos, o *Triple AHA Layout*, con los tres gráficos de esfuerzo de AHA. Además, en todas las vistas se puede controlar la opacidad de la segmentación con el selector **LM Opacity**.



Una vez seleccionada el layout adecuado para visualizar la información, los gráficos generados pueden controlarse desde la sección **Chart Options**. Allí se puede elegir la información a visualizar, propiamente dicha. La forma de Chart Options depende

del layout elegido.

▼ Chart options

☒ Strain

☐ Strain Rate

☐ Apical

☐ Middle

☐ Basal

All ▼

☐ Radial

☒ Circumferential

☐ Longitudinal

Luego, para exportar o guardar la información, se puede usar el módulo **Load and Save data**, donde se puede exportar cada uno de los pasos detallados, e importarlos si ya fueron calculados.

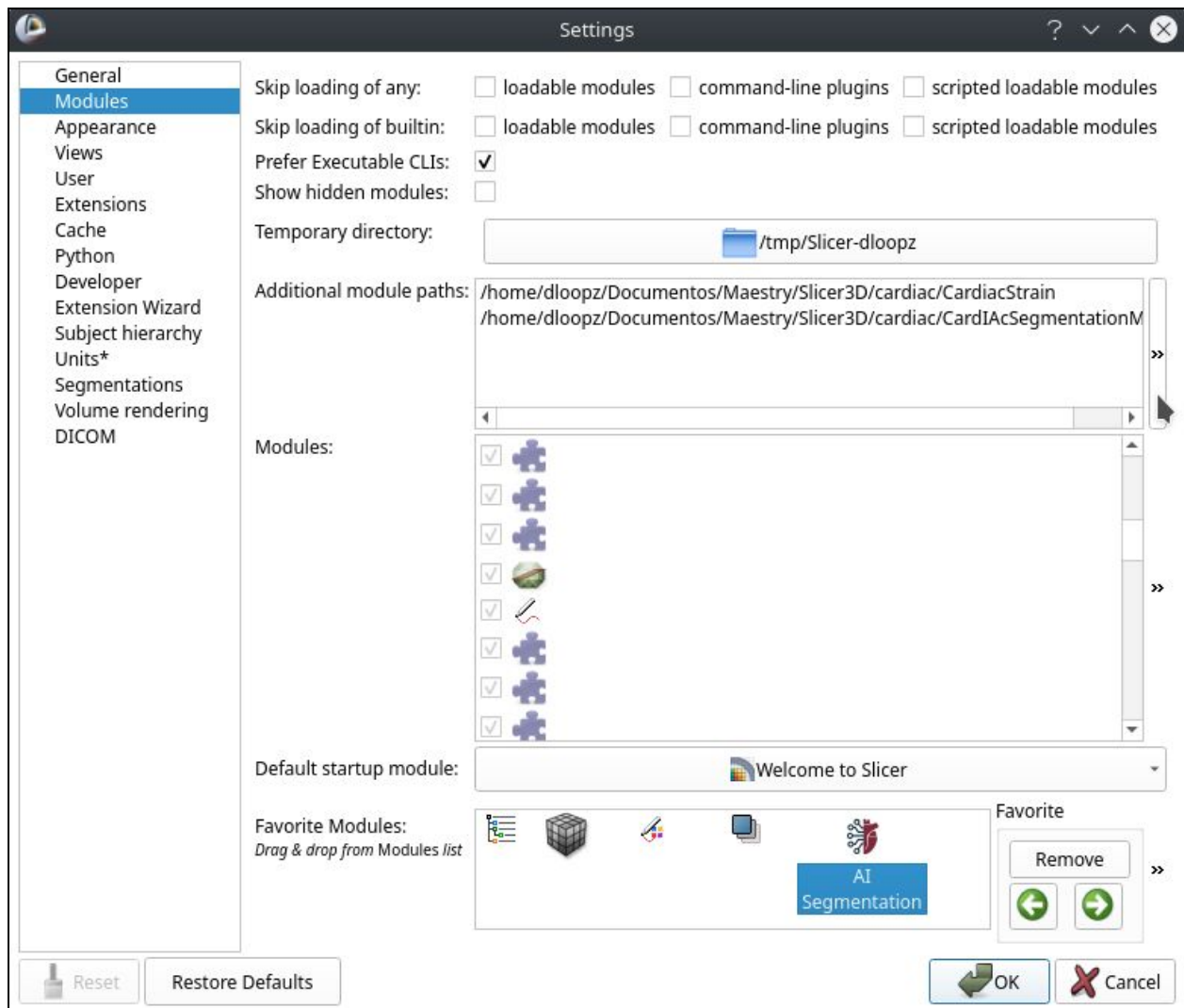
▼ Load and Save Data

Load volumes	Load segmentation	Load deformation	Load strain	Load AHA
	Save segmentation	Save deformation	Save strain	Save AHA

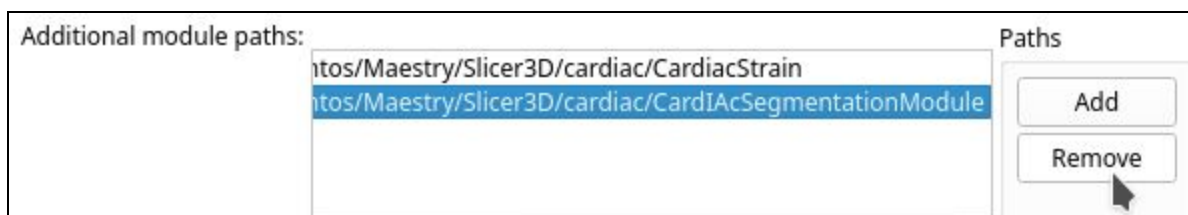
Desinstalación de CardIAC

Para desinstalar alguno de los dos módulos de CardIAC, solo es necesario quitar el *path* (ubicación) del módulo de los módulos adicionales de Slicer. Para ello:

1. Dirigirse a Edit → Application Settings → Modules
2. Hacer click las flechas ">>" a la derecha de la sección "Additional module paths"



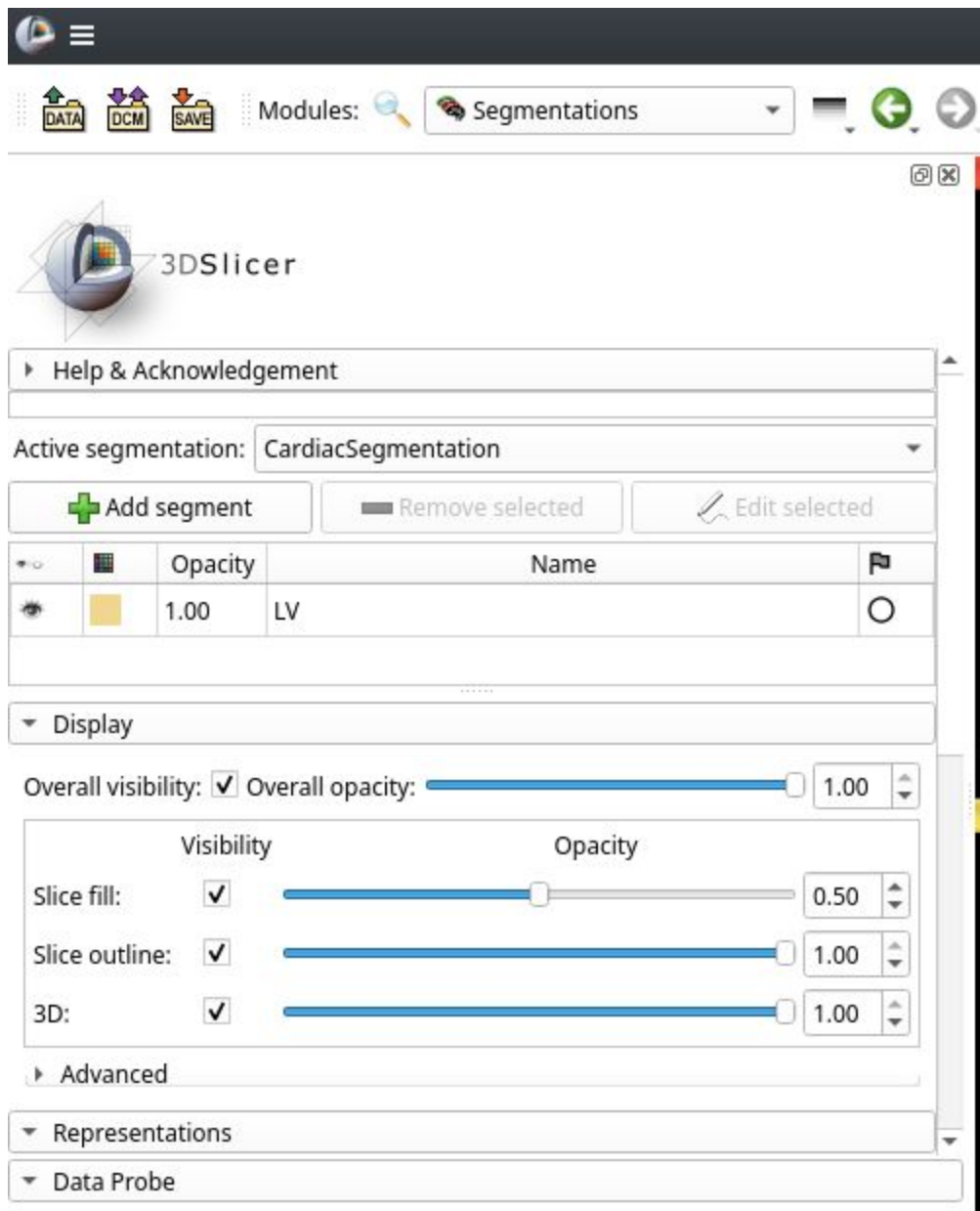
3. Hacer click sobre el módulo que se desea eliminar y seleccionar "Remove":



Apéndice

Módulo *Segmentation*

El módulo *Segment Editor* explicado en las [secciones anteriores](#) es parte del módulo nativo de 3DSlicer: *Segmentations*.



Éste módulo permite manejar distintas segmentaciones manuales en simultáneo, además de otras configuraciones generales. Dentro de CardIAC, se realizan de manera automática



algunas de las configuraciones generales de *Segmentations* para poder utilizar directamente el módulo *Segment Editor* y 'ahorrar el paso' por *Segmentations*.

Si se desea más información, el **tutorial oficial de uso** puede encontrarse en la sección 6 de la [página de Slicer](#). También existe un [video tutorial](#) oficial que explica cómo usar el módulo *Segmentation* mientras se realiza una segmentación completa del corazón en una imagen de CT.

AI-Segmentation: restricciones para los modelos a importar

Si se desea ingresar modelos de detección del centro del corazón (M1) y modelos de segmentación de los tejidos (M2), debe tenerse en cuenta lo siguiente:

Consideraciones generales

- Los archivos a importar, tanto para modelos M1 y M2 deben tener **extensión “.h5”**. Ésta es la extensión estándar de modelos que se obtienen al utilizar la librería *tensorflow* junto con la *API Keras*, al guardar un modelo entrenado de la forma “model.save()”. Para más información sobre cómo guardar y serializar modelos puede observarse la [documentación oficial](#).
- **Input shape de M1: (,64,64,).** La primera dimensión corresponde al número de imágenes 2D. En este caso, se ingresa con el *slice* central del volumen en diástole del estudio de imágenes en el eje corto. La segunda y tercera dimensión corresponden a la dimensionalidad espacial de las imágenes de entrada: 64x64. La última dimensión es el número de canales, 1 en este caso (escala de grises). Notar que no es necesario especificar la primera y última dimensión.
- **Input shape de M2: (Frames*Slices,128,128,).** La primera dimensión corresponde al número de instantes que contiene el estudio ingresado (*Frames*) multiplicada por el número de planos a lo largo del eje largo del estudio que contiene cada volumen (*slices*); éste es el *batch de entrenamiento* del modelo M2. La segunda y tercera dimensión corresponden a la dimensionalidad espacial de las imágenes de entrada: 128x128. La última dimensión es el número de canales: 1 en este caso (escala de grises). Notar que no es necesario especificar la última dimensión.
- Notar que los modelos M1 y M2 son 2D, segmentan cada *slice* de los volúmenes por separado.
- Se usa por defecto la siguiente convención para las **categorías de cada tejido**:
 - Ventrículo derecho: 0
 - Miocardio del ventrículo izquierdo: 1
 - Ventrículo izquierdo: 2
 - Miocardio del ventrículo derecho: 3

Debe respetarse esta convención en caso de importar un nuevo modelo. Se está trabajando en una nueva versión de cardIAc que permita indicar las categorías deseadas una vez importado un modelo.

Consideraciones específicas (*custom objects*)

Es posible que los modelos de redes neuronales profundas entrenados contengan capas personalizadas utilizando funciones tipo *Lambda* o clases personalizadas. Para asegurar la portabilidad de los modelos “.h5” con este tipo de personalizaciones en su arquitectura, es **necesario implementar el método `get_config()`** y, opcionalmente, `from_config()` según corresponda, como se especifica en la [documentación de tensorflow](#). Si el modelo “.h5” a

importar no fue implementado teniendo ésto en cuenta, es posible que no se pueda usar. Esta configuración es ajena a *cardIAc* y es una buena práctica para cualquier serialización de modelos usando *Tensorflow* y *Keras*.

A continuación se presenta un ejemplo de implementación. Cada vez que se desee usar un *custom_object* (métrica personalizada, función de costo personalizada, capa tipo *Lambda*, implementación de una capa personalizada con clases, etc) en la arquitectura, debe hacerse de la siguiente manera:

- Se tomará el ejemplo de una capa tipo *Lambda* que realiza la función personalizada “*z_mse*” y definida previamente sobre las capas de entrada “*z_x*” y “*z_y*” operación:

```
def z_mse(args):
    z_x, z_y = args
    return K.mean(K.square(z_x-z_y), axis=-1)
```

```
zxy_loss = Lambda(z_mse, name=name_bi+'zxy_mse')([z_x, z_y])
```

Para que el modelo se pueda guardar de forma portable como “.h5” entre diferentes versiones de python, esta implementación debe reemplazarse como sigue escribiendo el método *get_config()*, necesario para serializar el código de este objeto personalizado y luego guardar correctamente el modelo:

```
class Z_mse(Layer):
    def __init__(self, **kwargs):
        super(Z_mse, self).__init__(**kwargs)

    def call(self, args):
        z_x, z_y = args
        return K.mean(K.square(z_x-z_y), axis=-1)

    def get_config(self):
        config = super(Z_mse, self).get_config()
        return config
```

- Esto debe hacerse para cada objeto personalizado presente en el modelo.
- El código fuente de cada objeto personalizado presente en el modelo a importar debe agregarse al archivo de configuración “*custom_objects.py*” en el path: */cardiac-master/CardIAcSegmentationModule/CardIAc_modules*. Se debe colocar la función o clase correspondiente y luego agregarla al diccionario “*c_o*” como se muestra a continuación:

```

def jaccard_distance(y_true, y_pred):
    '''Calculates the Jaccard index
    between predicted and target values'''
    y_true_f = K.flatten(y_true)
    y_pred_f = K.flatten(y_pred)
    intersection = K.sum(y_true_f * y_pred_f)
    denom = K.sum(y_true_f) + K.sum(y_pred_f) - intersection
    j = intersection / (denom + K.epsilon())
    return 1 - j

# Custom objects dict
c_o = {
    'Z_mse':Z_mse,
    'Z_norm':Z_norm,
    'Z_loss':Z_loss,
    'Sampling_latent_space':Sampling_latent_space,
    'Sampling_latent_space2':Sampling_latent_space2,
    'Loss_latent_space':Loss_latent_space,
    'dice':Dice(label_tissues['vector']),
    'z_loss_mean':z_loss_mean,
    'tanimoto':tanimoto,
    'gjaccardd':gjaccardd,
    'jaccard_distance':jaccard_distance,
    'dice_coef':dice_coef
}

```

Debe respetarse el formato: {'NOMBRE_DEL_OBJETO': OBJETO, ...}, con el nombre de la clase y el nombre del objeto, y separados entre sí por *comas* (manteniendo el formato de diccionarios de python').

AI-Segmentation: Nomenclatura y datos usados en CardIAc

Dentro de 3DSlicer los datos se guardan usando el modelo de datos MRML para aplicaciones médicas. Puede verse información detallada y los diferentes tipos de datos en la [documentación oficial](#).

En esta sección se pretende mencionar los tipos de datos más utilizados en *CardIAc* y la nomenclatura adoptada.

Nodos

Se podrá observar en Slicer que todo archivo u objeto dentro del mismo es llamado *node* de algún tipo. Estos contienen información y propiedades que los vinculan con otros nodos para poder realizar las distintas funcionalidades de 3DSlicer. Los utilizados en *CardIAc*:

- ***vtkMRMLScalarVolumeNode***: nodos con la información sobre los volúmenes 3D del estudio ingresado a 3DSlicer, con valores continuos en escala de grises de intensidad. También llamados de **background** debido a que se colocan por debajo de los *labels* en las vistas.
- ***vtkMRMLLabelMapVolumeNode***: nodos con la información sobre la clasificación de los tejidos obtenida en la segmentación. A diferencia de los *vtkMRMLScalarVolumeNode*, tienen valores discretos correspondientes a la segmentación. También llamados **labels** dentro de *CardIAc*.
- ***vtkMRMLSequenceNode***: Contiene una lista de nodos de datos que representan una secuencia temporal u otro set de datos multidimensional. Cada nodo de secuencia tiene asociado una escena privada o interna, donde se almacenan los nodos de datos.
- ***vtkMRMLSequenceBrowserNode***: Especifica cuál de los nodos de datos internos de la secuencia debe ser copiado a la escena principal de Slicer para poder ser editada o reproducida. El nodo que representa nodos internos de una secuencia es llamado **proxy node**.

Secuencias

Las secuencias usadas en *CardIAc* tienen asociado un nodo ***vtkMRMLSequenceNode*** y uno o más nodos de datos ***vtkMRMLScalarVolumeNode*** (secuencias *background*) o ***vtkMRMLLabelMapVolumeNode*** (secuencias *label*). La nomenclatura adoptada es fija:

- ***proxy_Backg_cardIAc***: Nombre del nodo *vtkMRMLSequenceNode* y del *proxy* asociado de tipo *vtkMRMLScalarVolumeNode* para las secuencias de tipo *background*. También es el nombre del nodo *vtkMRMLSequenceBrowserNode*.
- ***proxy_Backg_Interval_cardIAc***: Caso particular de "***proxy_Backg_cardIAc***" en el que se segmentan dos volúmenes únicamente. Se crea una secuencia con esos dos volúmenes para *background* y para *label*.

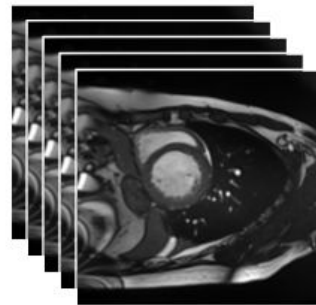
- **proxy_Label_cardIAC:** Nombre del nodo *vtkMRMLSequenceNode* y del *proxy* asociado de tipo *vtkMRMLLabelMapVolumeNode* para las secuencias del tipo *label* obtenidas al segmentar utilizando *CardIAC*.

En resumen, se utiliza un único nodo *SequenceBrowserNode* al que se vinculan dos nodos de secuencia de tipo *SequenceNode*: uno para la secuencia de *background* (llamado *proxy_Backg_cardIAC*) con su respectivo proxy de tipo *vtkMRMLScalarVolumeNode* (llamado *proxy_Backg_cardIAC*), y otro para la secuencia de *labels* (llamado *proxy_Label_cardIAC*) con su respectivo proxy de tipo *vtkMRMLLabelMapVolumeNode* (llamado *proxy_Label_cardIAC*).

Como puede notarse, los nodos de secuencia de *background* y el nodo *SequenceBrowser* llevan el mismo nombre, y los nodos de *labels* también llevan el mismo nombre entre sí.

Los **datos de nodos** de las secuencias *background* son los volúmenes 3D del estudio ingresado al software 3DSlicer y los datos de nodos de las secuencias *label* son los que contienen las segmentaciones realizadas de forma automática. Éstos últimos adquieren su nombre a partir del dato de nodo *background* correspondiente. Por ejemplo:

Secuencia con 5 volúmenes

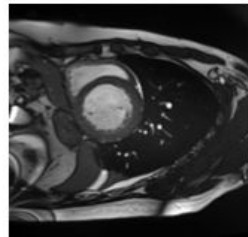


Nombre de c/u

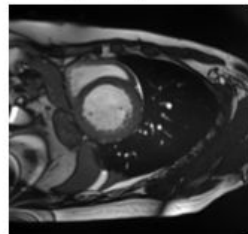
v4_cSAX_time5
v4_cSAX_time6
v4_cSAX_time7
v4_cSAX_time8
v4_cSAX_time9

Nombre background

v4_cSAX_time5



v4_cSAX_time6



Nombre label

v4_cSAX_time5_label_1_cardIAC



v4_cSAX_time6_label_2_cardIAC

