

Treball final de grau

Estudi: Grau en Enginyeria Biomèdica

Títol: Segmentació de lesions cerebrals procedents d'imatges mèdiques, per la seva posterior digitalització i impressió 3D.

Document: Memòria

Alumne: Xavier Beltran Urbano

Tutor: Xavier Lladó / Robert Martí

Departament: Departament d'Arquitectura i Tecnologia de computadors (ATC)

Àrea: Visió per computadors

Convocatòria (mes/any): Juny/2022

PROJECTE FI DE GRAU

**SEGMENTACIÓ DE LESIONS CEREBRALS
PROCEDENTS D'IMATGES MÈDIQUES PER LA
SEVA POSTERIOR DIGITALITZACIÓ I IMPRESSIÓ
EN 3D**

Autor:

XAVIER BELTRAN URBANO

Juny 2022

Grau en Enginyeria Biomèdica

Tutors:

XAVIER LLADÓ BARDERA

ROBERT MARTÍ MARLY

Agraiments

Abans de començar amb la memòria d'aquest treball, m'agradaria agrair al Dr. Xavier Lladó i al Dr. Robert Martí (tutors del projecte), per tota l'ajuda i suport proporcionat al llarg del desenvolupament de tot el projecte. Donada la seva expertesa en el camp de treball, les seves pautes i consells han sigut de gran ajuda per tal realitzar un projecte amb uns resultats molt gratificants.

També m'agradaria agrair a n'Antoni Ignasi Cànaves, propietari de la impressora 3D que s'ha utilitzat en el present treball. Gràcies a la seva col·laboració, la part d'impressió 3D del projecte s'ha desenvolupat satisfactòriament.

Finalment, m'agradaria agrair també a tots els familiars i amics per haver donat suport en la realització del projecte.

Moltes gràcies a tots.

Acrònims

Tot i el nombre d'acrònims utilitzats en aquest projecte és breu, és de vital importància esmentar-los per tal que aquest sigui més entenedor. Per tant, els acrònims utilitzats en el present projecte són els següents:

- **GT**= Ground Truth
- **BraTS**= The Brain Tumor Segmentation
- **IA**= Intel·ligència artificial
- **DL**= Deep Learning
- **HGG**= High Grade Glioma
- **LGG**= Low Grade Glioma
- **RM**= Ressonància Magnètica
- **ML**= Machine Learning
- **BD**= Base de Dades
- **NT**= Nucli tumoral necròtic sense realçat
- **EP**= Edema Peritumoral
- **TR**= Tumor Realçat en GD
- **DSC**= Dice Coefficient
- **HD**= Distància de Hausdorff

Índex

CAPÍTOL 1	1
Introducció	1
1.1. Motivació	1
CAPÍTOL 2	2
Conceptes previs	2
2.1. Conceptes generals	2
2.1.1. Neurociència i neuroimatge	2
2.1.2. Ressonància magnètica	2
2.1.3. Tumors cerebrals	4
2.2. Intel·ligència artificial	5
2.2.1. Machine learning	5
2.2.2. Deep learning	5
2.2.3. U-NET	8
2.2.4. Cross-validation	9
2.3. Impressió 3D	9
CAPÍTOL 3	11
Estat de l'art	11
3.1. Segmentació de tumors cerebrals	11
3.2. Impressió 3D	13
CAPÍTOL 4	15
Hipòtesi i objectius	15
4.1. Pregunta de recerca	15
4.2. Hipòtesi	15
4.3. Propòsit i objectius del projecte	15
4.3.1. Propòsit	15
4.3.2. Objectius específics	16

CAPÍTOL 5	17
Materials i mètodes.....	17
5.1. Dades utilitzades	17
5.1.1. Normatives i aspectes legals de les dades utilitzades.....	18
5.2. Mètriques d'avaluació	19
5.2.1. Dice coefficient.....	19
5.2.2. Distància de Hausdorff.....	19
5.2.3. Matriu de confusió.....	19
5.2.4. Sensibilitat	20
5.2.5. Especificitat	20
5.3. Desenvolupament del projecte.....	20
5.3.1. Preparació prèvia	20
5.3.2. Segmentació mitjançant algoritmes no supervisats	20
5.3.3. Segmentació mitjançant deep learning.....	22
5.3.4. Segmentació del crani.....	26
5.3.5. Reconstrucció 3D.....	27
5.3.6. Impressió en 3D	29
CAPÍTOL 6	31
Resultats	31
6.1. Avaluació de la segmentació.....	31
6.1.1. Avaluació de la segmentació del tumor sencer	31
K-means.....	31
Deep learning	32
6.1.2. Avaluació de la segmentació del tumor en subregions.....	34
6.2. Impressió en 3D.....	37
CAPÍTOL 7	38
Discussió.....	38
7.1. Limitacions	38

7.2. Contribucions als objectius de desenvolupament sostenible (ODS) de les Nacions Unides:.....	38
CAPÍTOL 8	39
Conclusions	39
8.1. Treball futur	40
CAPÍTOL 9	41
Referències	41
ANNEX A	44
Planificació	44
A.1. Temporalització de cada etapa	45
A.2. Diagrama de Gantt	46
ANNEX B	47
Codi	47
ANNEX C	48
Pressupost	48
C.1. Mà d'obra.....	48
C.1.1 Total Mà d'obra.....	48
C.2. Recursos	49
C.3. Pressupost Total.....	49
ANNEX D	51
Comitè d'ètica	51
ANNEX E	52
Programari i Llenguatge	52
Python:	52
• TensorFlow:	52
• NumPy:.....	52
• Matplotlib:	53
• NiBabel:.....	53

• tqdm:	53
• OpenCV:	53
• scikit-image:	53
• pandas:	53
• SciPy:	54
Jupyter Notebook:	54
MATLAB:	54
UTLIMAKER CURA:	54
SPM12:	54
3D Builder:	55
Pycharm:	55

ANNEX F56

Guia per l'usuari56

• PAS 1: Emmagatzematge de la imatge del pacient	56
• PAS 2: Obrim PYCHARM	56
• PAS 3: Executem el programa encarregat de la segmentació	57
• PAS 4: Creem les màscares de la imatge del pacient.....	58
• PAS 5: Reconstrucció 3D	63
• PAS 6: 3D Builder	65
• PAS 7: CURA.....	68
• PAS 8: Impressió 3D.....	70

Introducció

Les malalties neurològiques afecten a més de 7 milions de persones en el nostre país. A més a més, són les causants d'un 19% de les morts que es produeixen cada any a Espanya (1).

Malauradament, donada la gravetat de la majoria d'aquestes malalties, moltes d'elles s'han de sotmetre a intervencions quirúrgiques (2). Per tant, és de vital importància realitzar un bon estudi personalitzat de cada pacient per tal d'executar la intervenció de la manera més exitosa i eficaç possible.

Per preparar la intervenció, normalment es realitzen imatges de ressonància magnètica (RM), mitjançant les quals, els experts elaboren la seva diagnosi i planifiquen la intervenció. El principal inconvenient d'aquest procés és el temps, ja que una imatge de RM normalment consta d'una gran quantitat de llesques (imatges 2D), les quals l'expert ha de revisar manualment una per una, per tal de realitzar la seva diagnosi.

Per combatre aquest inconvenient, es van començar a desenvolupar mètodes d'intel·ligència artificial (IA), els quals en qüestió de pocs segons, ajudaven als experts a realitzar aquesta tasca. El problema era que, tot i ser algoritmes que ens proporcionaven resultats de manera ràpida, aquests no eren prou precisos per a poder desenvolupar diagnosis a través d'ells. Avui en dia, tot i encara està present aquest problema, s'ha avançat molt, ja que gràcies al DL, som capaços d'obtenir resultats de tasques com aquestes, en qüestió de pocs segons i, amb una precisió molt elevada.

En el present treball ens centrarem a desenvolupar mètodes d'ajuda per realitzar un preoperatori d'una manera més personalitzada i completa. Concretament, els mètodes que desenvoluparem consistiran en mètodes de segmentació del tumor utilitzant IA. Un cop segmentat el tumor, aquest es digitalitzarà i s'imprimirà en 3D juntament amb el crani del pacient en qüestió.

Gràcies al model imprès, el qual tindrà una mida real, aconseguirem una millora en la preparació del preoperatori, ja que aquest proporcionarà al personal sanitari una molt bona visió espacial del tumor dintre del crani del pacient. Per tant, gràcies a aquesta informació millorada, els metges i cirurgians seran capaços de planificar millor la intervenció, donat que per exemple, podran comprovar diverses rutes d'extracció del tumor i, escollir la que millor s'adapta per la cirurgia que posteriorment realitzaran.

I.1. Motivació

Els motius principals que m'ha portat a escollir aquest projecte són el fet de poder posar en pràctica els conceptes adquirits durant la carrera i, poder aprofundir més en els coneixements relacionats amb la IA aplicada a la segmentació d'imatges mèdiques.

Un altre aspecte molt important és el fet que, desenvolupant eines d'aquesta tipologia, ajudo de manera directa a augmentar l'esperança de vida de les persones. Aquest fet és el que em va fer escollir aquesta carrera i no una altra, per mitjançant la tecnologia, ajudar al personal sanitari a desenvolupar el seu treball d'una manera més exitosa i eficient.

A més a més, el fet de realitzar aquest projecte en col·laboració del grup VICOROB (grup de recerca en el qual estan vinculats els meus dos tutors), fa que aquest projecte sigui encara més interessant, ja que comptaré amb l'experiència i expertesa d'un grup d'investigació punter en el domini de l'anàlisi d'imatges mèdiques.

Conceptes previs

En el següent apartat s'introduiran tots els conceptes necessaris per a una millor comprensió i, un bon seguiment, d'aquest projecte.

Donat que la temàtica d'aquest està clarament diferenciada en dos grans blocs (Segmentació de tumor i Impressió 3D), s'han dividit els conceptes previs en 3 apartats: conceptes generals, intel·ligència artificial i impressió 3D.

2.1. Conceptes generals

En aquest apartat ens basarem en conceptes generals del projecte, els quals explicarem detalladament.

2.1.1. Neurociència i neuroimatge

Per una banda, la **neurociència** és una ciència multidisciplinària enfocada en l'estudi del sistema nerviós, el qual està format pel sistema nerviós central (compost pel cervell i la medul·la espinal) i pel sistema nerviós perifèric (compost per les prolongacions nervioses que es ramifiquen des de la medul·la espinal i s'estenen als diferents teixits del cos). L'objectiu principal d'aquesta ciència és la comprensió del funcionament del sistema nerviós a l'hora de produir i regular emocions, pensaments o conductes i, a l'hora de realitzar funcions corporals bàsiques, com la respiració o el batec del cor. (3).

Per altra banda, la **neuroimatge** és l'ús de diverses tècniques per generar imatges directes o indirectes de l'estructura, la funció o la farmacologia del sistema nerviós (4).

Aquesta tipologia d'imatge, es divideix en dues grans categories:

-Imatge estructural: les imatges estructurals ens proporcionen una imatge estàtica del cervell, per la qual cosa és de gran utilitat a l'hora de diagnosticar malalties intracranials grosses (com per exemple tumors).

-Imatge funcional: aquesta tipologia d'imatge ens proporciona una visió dinàmica del funcionament del cervell, per la qual cosa és de gran utilitat a l'hora de diagnosticar malalties metabòliques, per a la investigació en neuropsicologia i psicologia cognitiva i, per a la creació d'interfícies cervell-ordinador.

Per realitzar qualsevol de les dues grans categories que acabem d'esmentar, la neuroimatge utilitza diferents tipologies d'imatges cerebrals. Una de les més utilitzades i, en la qual ens centrarem en aquest projecte, és la **imatge de RM**.

2.1.2. Ressonància magnètica

Quan i com es va inventar?

El 1971, el metge nord-americà Raymond Damadian, va demostrar que la RM es podia fer servir per detectar malalties, ja que observant la resposta dels diferents teixits amb el camp magnètic, era capaç de

distingir entre cèl·lules tumorals i cèl·lules sanes (5). Un any després, Damadian va crear el primer equip de RM i, pocs mesos més tard, el metge nord-americà va patentar aquest invent amb el títol: "Aparell i mètode per detectar teixits cancerígens" (6).

En què s'utilitza?

Donada la seva bona resolució a l'hora d'observar els teixits, és la prova més utilitzada per observar el cervell i la medul·la espinal. Generalment, s'utilitza per diagnosticar aneurismes cerebrals, esclerosi múltiple, trastorns de la medul·la espinal, accidents cerebrovasculars, tumors, entre d'altres.

A més a més, també existeix una tipologia especial de RM anomenada RM funcional de cervell, a través de la qual podem observar el flux sanguini en certes zones del cervell.

Com funciona?

La RM utilitza imants poderosos que produeixen un potent camp magnètic que obliga els protons del cos a alinear-se amb aquest. Quan s'introdueix un corrent de radiofreqüència a través d'un pacient, els protons són estimulats i giren fora de l'equilibri normal, lluitant contra la força del camp magnètic. Quan el corrent de radiofreqüència s'atura, les antenes de la RM són capaces de detectar l'energia alliberada mentre els protons es realineen amb el camp magnètic. El temps que triguen els protons en realinear-se amb el camp magnètic, així com la quantitat d'energia alliberada, canvien depenent de l'entorn i la naturalesa química de les molècules, per tant, observant aquests processos, som capaços de crear una imatge tridimensional detallada dels diferents teixits que estem observant.

Al realitzar aquesta imatge, donat que s'observen diferents temporalitzacions en tot el procés, es creen imatges de diferents modalitats. Les quatre modalitats més comunes són:

-Imatge T1: aquesta imatge es crea utilitzant principalment les dades provinents del temps de relaxació de la magnetització longitudinal en la direcció del camp magnètic (7).

-Imatge T2: aquesta imatge, utilitza el mateix principi que la imatge potenciada en T1, però en comptes d'observar les dades provinents de la magnetització en l'eix longitudinal, les observa en l'eix transversal (7).

-Imatge potenciada en la densitat protònica: aquesta imatge, la qual també es denomina com primer eco de T2, ens mostra una relació amb la quantitat de protons presents a cada estructura (8).

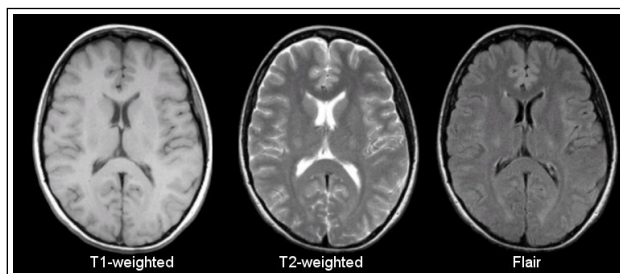
-Imatge FLAIR: La recuperació d'inversió atenuada per fluids (FLAIR) és una seqüència de RM que revela la prolongació T2 de teixit amb supressió de fluid cerebroespinal, permetent d'aquesta manera la detecció de lesions superficials (9).

A causa de les diferents temporalitzacions d'adquisició de les modalitats esmentades, podem observar els teixits del cos humà amb tonalitats de grisos diferents (veure Taula 1). Aquest fet fa que cada modalitat sigui òptima per observar un conjunt de patologies concretes (10).

Teixit	T1	T2	FLAIR
Líquid cefalorraquidi (CSF)	Fosc	Brillant	Fosc
Substància Blanca	Clar	Gris Fosc	Gris Fosc
Còrtex	Gris	Gris Clar	Gris Clar
Greix (amb medul·la òssia)	Brillant	Clar	Clar
Inflamació	Fosc	Brillant	Brillant

Taula 1. Exemple de les tonalitats de grisos dels diferents teixits, en les modalitats T1, T2 i FLAIR.

En la *il·lustració 1*, podem observar les diferències en les tonalitats de grisos, mitjançant les tipologies *T1*, *T2* i *FLAIR*.



Il·lustració 1. Exemple de les modalitats T1, T2 i FLAIR (10).

2.1.3. Tumors cerebrals

Un tumor cerebral és un creixement de cèl·lules anormal en el teixit del cervell. Els tumors poden ser benignes (no cancerosos) o malignes (amb cèl·lules canceroses que creixen molt ràpidament). Alguns són primaris, és a dir, que comencen en el cervell. Altres són metastàtics, és a dir, comencen en alguna altra part del cos i al final acaben emigrant al cervell (11).

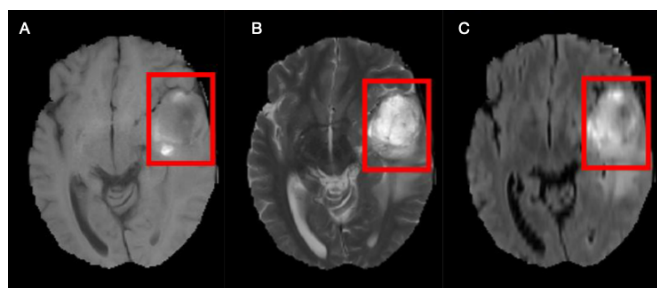
Donat que en aquest projecte, la base de dades (BD) que hem utilitzat compta amb imatges de RM de pacients amb gliomes d'alt grau (HGG) i gliomes de baix grau (LGG), a continuació s'explicarà de manera detallada, les tipologies de tumor que acabem d'esmentar.

Glioma d'alt grau (HGG)

El glioma d'alt grau és un tipus de càncer agressiu que es genera al cervell o la medulla espinal. Aquests es formen a partir de cèl·lules anomenades astròcits que proporcionen suport a les neurones.

Aquesta tipologia de tumor (*veure il·lustració 2*) es pot desenvolupar a qualsevol edat, però és més freqüent en adults d'edat avançada. Pot provocar forts mals de cap, nàusees, vòmits i convulsions (12).

Per culpa de la seva alta velocitat de creixement i destrucció del teixit sa, els HGG tenen un pronòstic poc favorable, amb una esperança de vida d'aproximadament 2 anys. Per tant, és imprescindible localitzar-lo i actuar ràpidament, per tal de combatre aquests tumors.

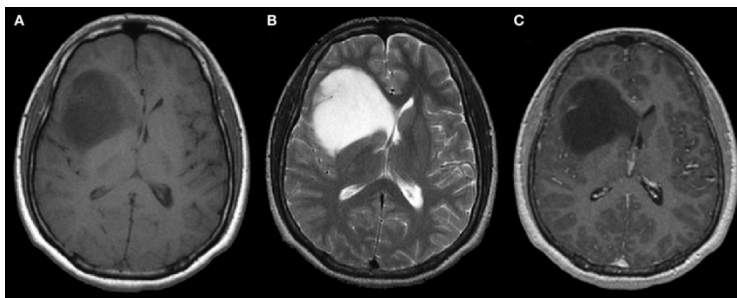


Il·lustració 2. Imatge T1, T2 i FLAIR d'un HGG (13).

Glioma de baix grau (LGG)

El glioma de baix grau és un tumor cerebral que afecta predominantment a adults joves. Aquests tumors tenen taxes més lentes de creixement que les que tenen els HGG i, s'associen habitualment amb un pronòstic favorable (14).

El tractament d'aquests tumors és una mica controvertit, ja que la majoria dels pacients són asimptomàtics en el moment en el qual se'ls hi diagnostica la patologia. En aquests casos, el tractament que es planteja per aquests pacients és fer un seguiment clínic i radiològic, i esperar per realitzar la intervenció quirúrgica fins al moment en què aquest desenvolupi algun símptoma o, fins que es demostrï un creixement tumoral (15). El que està clar és que, tot i plantejar un tractament inicial diferent d'una intervenció quirúrgica, tard o d'hora el pacient haurà de passar per quiròfan per tal d'extreure el tumor, ja que el grau de resecció tumoral és l'únic factor que ha demostrat millorar el pronòstic d'aquesta malaltia. Un exemple d'un LGG seria el mostrat en la *il·lustració 3*.



Il·lustració 3. Imatge T1, T2 i FLAIR d'un LGG (14).

2.2. Intel·ligència artificial

A continuació, explicarem els conceptes previs relacionats amb un dels grans blocs del projecte, la intel·ligència artificial. La IA és la combinació d'algorismes plantejats amb el propòsit de crear màquines que presentin les mateixes capacitats que l'ésser humà (16). Les dues tipologies més conegudes i utilitzades actualment són el Machine Learning (ML) i el Deep Learning (DL), les quals a continuació comentarem.

2.2.1. Machine learning

El *Machine Learning* o també conegut com a aprenentatge automàtic, és una disciplina de la IA, la qual permet als ordinadors aprendre per si mateixos i executar tasques de forma autònoma sense la necessitat de ser programats. Això és possible, ja que mitjançant algorismes, el ML permet identificar patrons en grans quantitats de dades i elaborar prediccions (17).

Dintre d'una infinitat d'opcions, podem distingir entre 3 categories:

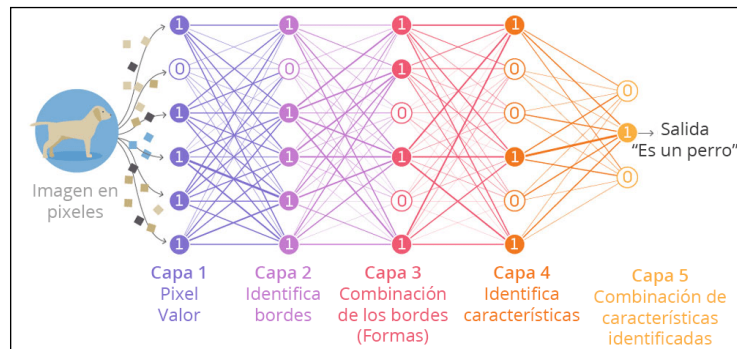
- **Aprenentatge supervisat:** aquests algorismes requereixen d'un aprenentatge previ basat en un sistema d'etiquetes associades a unes dades que els permeten prendre decisions o fer prediccions.
- **Aprenentatge no supervisat:** aquests algorismes no requereixen d'un coneixement previ. S'enfronten al caos de dades amb l'objectiu de trobar patrons per prendre decisions o fer prediccions.
- **Aprenentatge per reforç:** el seu propòsit és que un algorisme aprengui a partir de la pròpia experiència. És a dir, que sigui capaç de prendre la millor decisió davant de diferents situacions d'acord amb un procés de prova i error en què es recompensen les decisions correctes.

2.2.2. Deep learning

QUÈ ÉS EL DEEP LEARNING?

El *Deep Learning* és un subconjunt de l'aprenentatge automàtic. Es diu així, ja que la finalitat d'aquests algorismes és que la informació rebuda per l'exterior, passi a través d'un nombre gran de capes abans de convertir-se en una possible resposta (*veure il·lustració 4*).

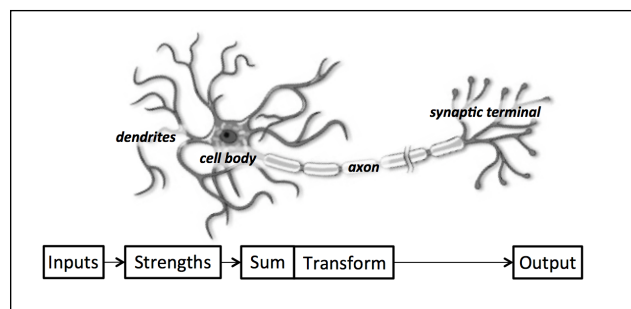
Aquests algoritmes són coneguts per utilitzar la mateixa estructura d'aprenentatge que utilitzem els humans, les xarxes neuronals. Gràcies a aquesta estructura, mitjançant les connexions entre les neurones artificials, aquests algoritmes són capaços d'aprendre i fer prediccions mitjançant grans quantitats de dades.



Il·lustració 4. Exemple del funcionament de l'algorisme de DL (18).

QUÈ SÓN LES NEURONES ARTIFICIALS?

Les neurones artificials o també popularment conegudes com a **perceptrons** (veure il·lustració 5), són la unitat bàsica dels algoritmes de DL. La funció principal d'aquestes és intentar imitar el comportament d'una neurona real. Mitjançant la connexió entre neurones, es construeix el que s'anomena com a xarxa neuronal artificial, estructura amb la qual creem models capaços de prendre decisions per si mateixos i fer prediccions (19).

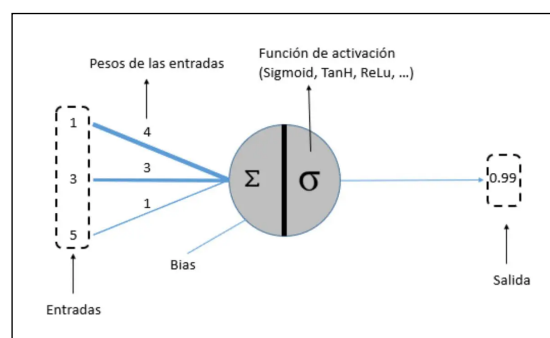


Il·lustració 5. Relació neurones del DL amb les neurones del cervell (20).

COM FUNCIONEN LES NEURONES ARTIFICIALS?

Les neurones artificials funcionen de la següent manera:

Inicialment, les neurones reben diferents entrades. Un cop s'han rebut totes les entrades corresponents, es multiplica el valor de cada entrada pel pes corresponent a aquesta. Seguidament, es fa un sumatori de totes les multiplicacions anteriors i, el resultat, el passem per una funció d'activació (21). Aquesta funció finalment ens retornarà un valor el qual serà la sortida de la neurona (veure il·lustració 6).



Il·lustració 6. Exemple del funcionament de les neurones artificials (21).

QUÈ ÉS UNA FUNCIÓ D'ACTIVACIÓ?

Una funció d'activació és una funció que, mitjançant una entrada i una funció matemàtica, ens retorna un valor de sortida. Aquests valors solen estar en un rang de valors determinat, normalment de 0 a 1 o de -1 a 1.

Generalment, es busquen funcions d'activació on el temps computacional sigui baix per tal de reduir el temps de l'entrenament dels algoritmes que les utilitzen (22). A la *Taula 2* podem observar diferents exemples d'algunes de les funcions d'activació més usades avui en dia.

FUNCIÓ D'ACTIVACIÓ	FÓRMULA MATEMÀTICA
Sigmoide	$f(x) = \frac{1}{1 + e^{-x}} \quad (\text{Eq.1})$
ReLU	$f(x) = \max(0, x) = \begin{cases} 0 & \text{for } x < 0 \\ x & \text{for } x \geq 0 \end{cases} \quad (\text{Eq.2})$
Leaky ReLU	$f(x) = \begin{cases} 0 & \text{for } x < 0 \\ a * x & \text{for } x \geq 0 \end{cases} \quad (\text{Eq.3})$
Softmax	$f(x) = \frac{e^{z_j}}{\sum_{k=1}^K e^{z_k}} \quad (\text{Eq.4})$

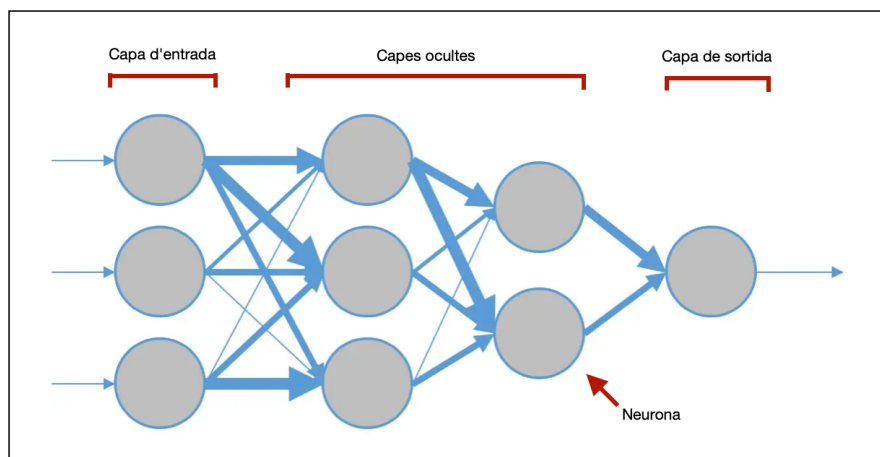
Taula 2. Exemples de funcions d'activació utilitzades avui en dia.

QUÈ ÉS UNA CAPA?

Una capa és un conjunt de neurones que prenen informació de les capes anteriors i, un cop analitzada aquesta informació, envien el resultat a les següents capes.

Les neurones de les primeres capes reben la seva entrada de les dades amb les quals entrenem la xarxa neuronal. És per això que la primera capa també és coneguda com a **capa d'entrada**. De la mateixa manera, donat que l'última capa és la que mostra el resultat de l'entrenament de la xarxa, aquesta capa és coneguda com a **capa de sortida**. Totes les capes que es situen entre la capa d'entrada i la capa de sortida, es coneixen com a **capes ocultes** (21). A la *il·lustració 7* podem veure un exemple visual de les diferents capes.

Depenent de les capes que utilitzem i, de com aquestes estan connectades entre elles, obtindrem una arquitectura de xarxa neuronal o una altra. És molt important escollir una arquitectura adequada a la tasca que volem realitzar, ja que això influirà en el resultat que obtindrem.



Il·lustració 7. Exemple de les diferents capes d'una xarxa neuronal (21).

COM S'ENTRENA UNA XARXA NEURONAL?

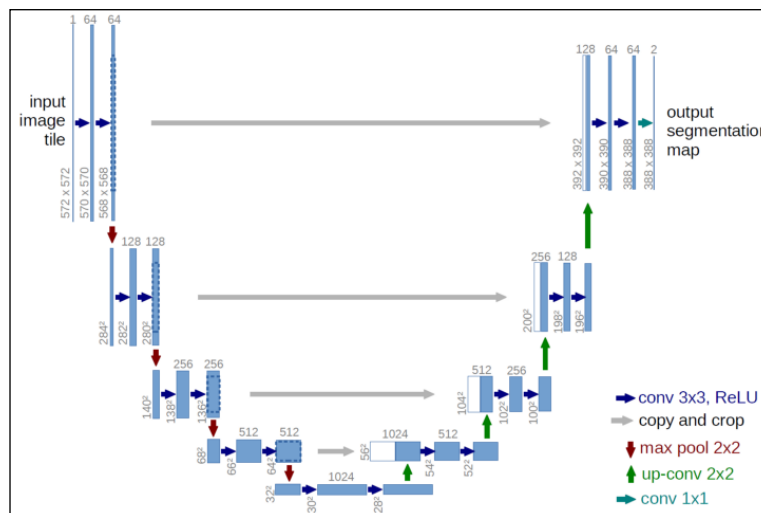
Internament, l'entrenament d'una xarxa neuronal consisteix a ajustar cada un dels pesos de les entrades de totes les neurones, per tal que les respostes de les capes de sortida, s'ajustin el més possible al Ground Truth (GT) que tenim. Com a usuaris, quan entrenem una xarxa neuronal, hem d'especificar a aquesta quines són les dades d'entrenament i, quin és el seu GT. A més a més, hi ha diferents paràmetres (hiperparàmetres) que podem modificar per tal de crear diferents configuracions de la xarxa neuronal. Modificant aquests paràmetres aconseguim ajustar el model a la configuració que més s'adapta al problema que volem resoldre (23). Els paràmetres més utilitzats són els següents:

- **Epochs:** aquest paràmetre és el que especifica les vegades que la xarxa neuronal aprendrà mitjançant les dades d'entrenament.
- **Batch Size:** aquest paràmetre especifica el nombre de dades que té cada iteració de l'epoch.
- **Loss Function:** la funció de pèrdua o *Loss Function*, ens permet avaluar durant l'entrenament, la desviació entre les prediccions realitzades per la xarxa neuronal i el GT (24).
- **Learning Rate:** aquest paràmetre ens determina els percentatges de canvi amb el qual es van actualitzant els pesos a cada iteració (25).
- **Optimizer:** l'optimitzador o *Optimizer*, són algorismes o mètodes utilitzats per minimitzar la funció de pèrdua. Aquests algorismes són funcions matemàtiques que es basen en trobar els millors paràmetres del model, és a dir, aquells amb els quals obtenim la 'loss' més baixa (26).

2.2.3. U-NET

Tal com s'ha comentat anteriorment, en funció de les capes i de com aquestes estan connectades entre elles, ens trobem davant d'una arquitectura de xarxa neuronal o una altra. Una de les arquitectures més utilitzades avui en dia, en l'àmbit de la segmentació d'imatges, és l'anomenada U-NET.

Aquesta arquitectura, la qual va ser un dels primers algorismes de segmentació semàntica en utilitzar xarxes convolucionals completes, té aquest nom, ja que té una estructura simètrica en forma de U (veure il·lustració 8).



Il·lustració 8. Arquitectura en forma d'U d'una U-NET (27).

Les U-NET van ser dissenyades, en primer lloc, per segmentar imatges mèdiques. Donats els bons resultats que es van obtenir en aquest sector, es van començar a utilitzar en molts altres camps.

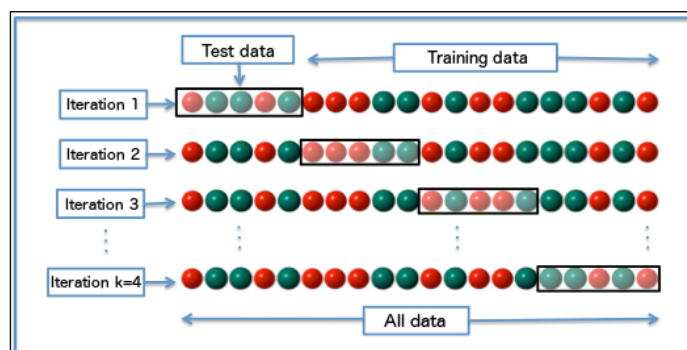
En aquest projecte utilitzarem aquesta arquitectura per construir la nostra xarxa neuronal.

2.2.4. Cross-validation

Un cop construïda la nostra xarxa neuronal, és l'hora de realitzar l'entrenament i avaluar els resultats. Per realitzar aquesta avaluació, un dels mètodes més utilitzats actualment és l'anomenat *cross-validation* (CV).

La validació creuada o *cross-validation* és una tècnica molt utilitzada per avaluar els resultats d'un anàlisi estadístic i garantir que aquests, siguin independents de la partició entre dades d'entrenament i testeig. Consisteix en dividir aleatòriament les dades d'entrenament en 2 grups: un grup amb les dades per entrenar el model, i un altre per avaluar el model obtingut. Aquest procés es repetirà N vegades. Un cop finalitzat l'entrenament, obtindrem N models, els quals hauran estat entrenats amb grups de dades diferents. (veure il·lustració 9).

Donat que el CV és una tècnica molt utilitzada en programes d'IA, en el present projecte s'ha utilitzat per validar els models obtinguts.



Il·lustració 9. Exemple del funcionament del cross-validation (28).

2.3. Impressió 3D

QUÈ ÉS?

La impressió en 3D és una tecnologia de fabricació per addició on un objecte tridimensional és creat mitjançant la superposició de capes successives de material.

Aquesta tecnologia, avui en dia, és utilitzada en un gran ventall de camps (joieria, disseny industrial, enginyeria i construcció, automoció) pel fet de proporcionar productes personalitzats els quals s'ajusten a les necessitats de cada usuari. Aquests productes finals poden tenir diferents propietats mecàniques depenent de la tècnica utilitzada i, del material utilitzat en la impressió.

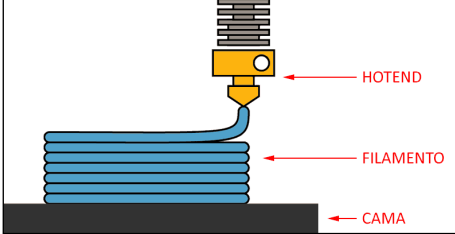
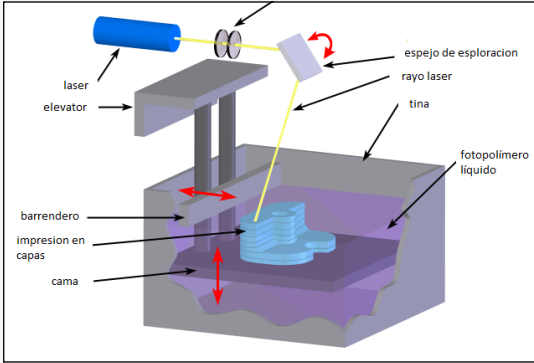
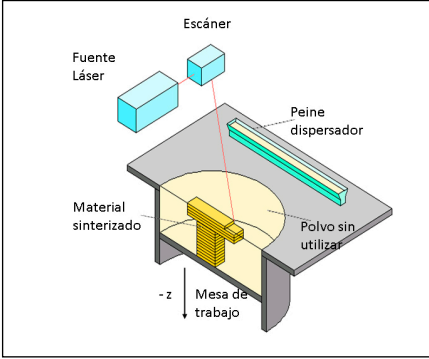
COM ES REALITZA UNA IMPRESSIÓ 3D?

Com a norma general, una impressió 3D està dividida en dues parts:

- La primera part és l'encarregada de configurar els paràmetres predeterminats de la impressora, per tal de realitzar la impressió de la manera més acurada possible, al model que volem obtenir. Un cop hem configurat els paràmetres, depenent de la forma de l'objecte que volem imprimir, haurem de col·locar suports. La funció d'aquests suports és reforçar l'estructura del model.
- Un cop realitzats els passos anteriors, haurem de guardar el model en format 'gcode'. Aquest llenguatge de programació s'utilitza molt en l'àmbit d'impressió 3D, ja que especifica totes les instruccions necessàries perquè la impressora realitzi la impressió amb èxit. Finalment, guardarem aquest fitxer una memòria USB, i el col·locarem a la impressora per tal de començar la impressió del model.

QUINES TIPOLOGIES EXISTEIXEN?

Dintre d'una gran varietat de tipologies d'impressió 3D, les més utilitzades en l'actualitat són (veure *taula 3*): FFF (Fused Filament Fabrication), SLA (Estereolitografia) i SLS (Selective Laser Sintering).

MÈTODE	EXEMPLE DEL FUNCIONAMENT
<p>FFF (Fused Filament Fabrication): Aquest mètode, el qual és el mètode d'impressió 3D més conegut, utilitza materials com l'ABS o el PLA per tal d'aconseguir objectes tridimensionals de molt bona qualitat. La metodologia d'aquesta tecnologia consisteix en la deposició de material de manera successiva (veure <i>il·lustració 10</i>)</p>	 <p><i>Il·lustració 10. Exemple d'impressió utilitzant el mètode FFF (29).</i></p>
<p>SLA (Estereolitografia): Aquest mètode, de la mateixa manera que el mètode FFF, té un funcionament capa per capa. Es diferencia dels altres, ja que té una base que es va movent cada capa, en un bany de resina fotocurable. Aleshores mitjançant un làser de llum ultraviolada s'aconsegueix activar la curació de la resina líquida, fent d'aquesta manera que el material se solidifiqui (veure <i>il·lustració 11</i>).</p>	 <p><i>Il·lustració 11. Exemple d'impressió utilitzant el mètode SLA (30).</i></p>
<p>SLS (Selective Laser Sintering): Aquest mètode és molt similar al SLA, però en comptes d'utilitzar una resina foto-curable líquida, utilitza material en pols. Quan el làser impacta en el pols, el fon i el solidifica (veure <i>il·lustració 12</i>).</p>	 <p><i>Il·lustració 12. Exemple d'impressió utilitzant el mètode SLS (31).</i></p>

Taula 3. Exemple de les tipologies d'impressió 3D més utilitzades en l'actualitat.

Estat de l'art

A continuació, en aquest apartat explicarem l'estat de l'art del nostre projecte. De la mateixa manera que en l'apartat anterior, donat que aquest està clarament diferenciat en dos grans grups, explicarem l'estat de l'art de cada un per separat.

3.1. Segmentació de tumors cerebrals

Avui en dia l'estat de l'art en l'àmbit de la segmentació de tumors cerebrals està molt condicionat pels projectes que es desenvolupen en reptes com el '*The Brain Tumor Segmentation Challenge (BraTS)*'.

Abans que tots aquests reptes apareguessin, hi predominava la implementació d'algoritmes de ML tradicional. De seguida que es van desenvolupar els primers reptes, es va observar que, mitjançant algoritmes basats en DL, obteníem uns resultats molt més bons que no pas mitjançant algoritmes basats en ML tradicional.

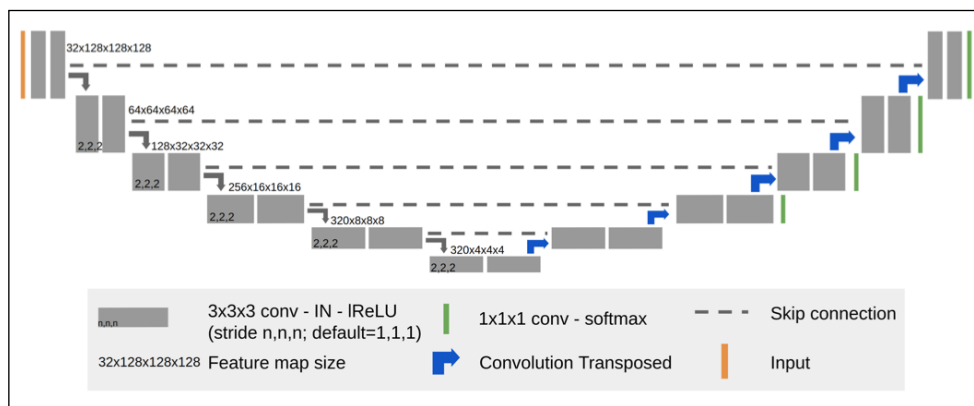
El principal inconvenient dels algoritmes de DL era la manca de dades anotades que existia en aquell moment, ja que una de les principals característiques d'aquests algoritmes és que aprenen a extreure característiques de manera automàtica, però per fer-ho, necessiten grans quantitats de dades prèviament anotades. El primer any del repte BraTS, el qual va ser l'any 2012, la BD proporcionada constava de només 95 imatges en total, on aquestes estaven dividides en 80 imatges per l'entrenament (30 imatges de RM i 50 imatges simulades) i 15 imatges pel testeig (totes les imatges utilitzades en el testeig eren imatges simulades) (32). Aleshores, donada la creixent repercussió dels algoritmes de DL en reptes d'aquesta tipologia, l'organització va anar augmentant significativament la quantitat de la BD que proporcionaven any rere any. L'any 2021 la BD proporcionada constava de més 2000 imatges de RM (33), per tant, en comparació amb el primer any del repte, es va augmentar en més d'un 2000%, les mostres proporcionades per l'organització (veure Taula 4). Gràcies a aquest augment de mostres, avui en dia és possible realitzar entrenaments més exhaustius, aconseguint d'aquesta manera, resultats amb una precisió molt elevada.

Any	Dades totals	Dades d'entrenament	Dades de Validació	Dades de Testeig
2012	95	80	NA	15
2013	60	35	NA	25
2014	238	200	NA	38
2015	253	200	NA	53
2016	391	200	NA	191
2017	477	285	46	146
2018	542	285	66	191
2019	626	335	125	166
2020	660	369	125	166
2021	2040	1251	219	570

Taula 4. Evolució de la BD proporcionada per l'organització del repte BraTS.

L'any 2015, en el repte BraTS, es va proposar una nova arquitectura de xarxa neuronal, la qual es va anomenar U-NET, per tal de realitzar la tasca de segmentació tumoral. Aquesta arquitectura, degut al bon rendiment que va demostrar, va rebre més de 4000 referències i, avui en dia, és de les més utilitzades en reptes relacionats amb la segmentació d'imatges mèdiques (34).

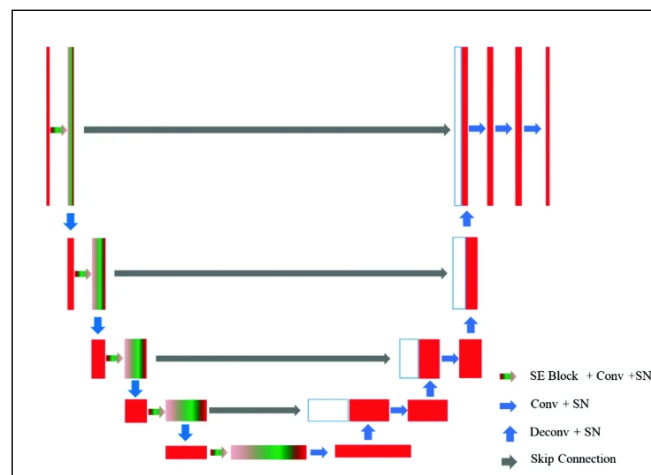
Tal com acabem de comentar, l'arquitectura U-NET és de les estructures més utilitzades en l'actualitat degut al bon rendiment que demostren. Això es pot veure reflectit en els guanyadors del repte BraTS dels darrers anys, ja que per exemple, l'any 2019 el guanyador del repte BraTS va ser Zeyu Jiang (35), el qual mitjançant una estructura U-NET de dues etapes en sèrie, va aconseguir resultats de *dice coefficient* (DSC) del 0.8879, 0.8369 i 0.8326 del tumor sencer, el nucli del tumor i el tumor realçat respectivament. A més a més, sense anar molt més lluny, l'any següent, l'arquitectura U-NET es va fer notar de nou, ja que en Fabian Isensee (36), mitjançant una arquitectura basada en una U-NET (veure il·lustració 13), va guanyar el repte aconseguint valors de DSC del 0.8895, 0.8506 i 0.8203 del tumor sencer, el nucli del tumor i el tumor realçat respectivament.



Il·lustració 13. Estructura de la U-NET proposada per Fabian Isensee (36).

A part del repte BraTS, existeixen altres reptes relacionats amb la segmentació de tumors cerebrals. Un dels més coneguts és el que s'anomena '*Ischemic Stroke Lesion Segmentation*' (ISLES). Aquest repte es basa en la segmentació de lesions d'ictus mitjançant imatges de tomografia computeritzada de perfusió.

De la mateixa manera que en el repte BraTS, en el repte ISLES hi predomina la influència de l'arquitectura U-NET. Això es pot veure clarament reflectit en els guanyadors dels darrers anys, ja que l'any 2017, en Yongchan Kwon Choi (37), va guanyar el repte mitjançant la combinació de dues tipologies de CNN's, on una d'aquestes era la U-NET. De la mateixa manera, l'any següent, el guanyador del repte va ser en Tao Song (38), el qual mitjançant una arquitectura basada en les U-NET (veure il·lustració 14), va aconseguir valors de DSC del 0.62.

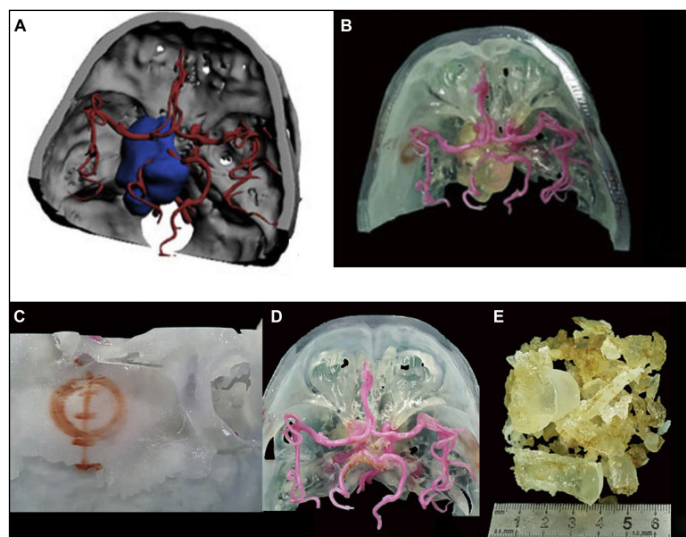


Il·lustració 14. Estructura de la U-NET proposada per Tao Song (38).

3.2. Impressió 3D

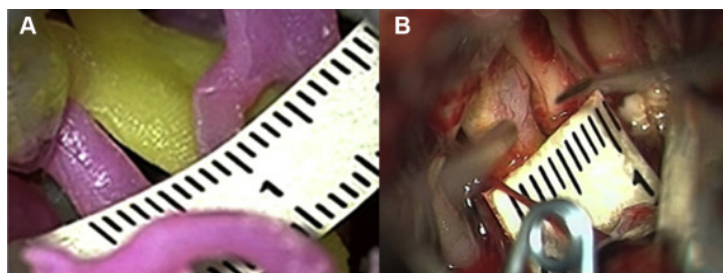
La impressió 3D és una tecnologia de fabricació additiva molt utilitzada en diversos sectors, ja que ens permet crear un producte únic i personalitzat. Avui en dia podem observar un gran ventall de variacions d'aquesta tecnologia, com per exemple la bioimpressió en 3D, on en comptes d'imprimir amb materials plàstics, s'imprimeix mitjançant la injecció de material biològic.

L'estat de l'art de la impressió 3D en general, està molt condicionat pels diferents materials que es van desenvolupant cada any, ja que actualment podem imprimir amb materials orgànics, ceres, cèl·lules, materials metàl·lics, materials ceràmics i fins i tot, amb algunes màquines, podem realitzar impressions utilitzant la combinació de diferents materials, imprimint d'aquesta manera un objecte amb diferents propietats mecàniques. Si ens centrem en l'àmbit d'aquest projecte, el qual és la impressió 3D de tumors mitjançant materials plàstics, un clar exemple del que seria el 'Gold Standard' del que volem realitzar, seria el desenvolupat per en Quin Lan (39), el qual va desenvolupar, en col·laboració amb el seu equip, un model craniocerebral imprès en 3D per simular cirurgies de lesions intracranials complexes (veure il·lustració 15). Aquest grup d'investigadors, mitjançant imatges de tomografia computada i RM de pacients amb lesions intracranials, van realitzar una reconstrucció per tal de construir un model del crani, de les artèries cerebrals i de la lesió en qüestió. Finalment, un cop construït el model, el van imprimir en 3D.



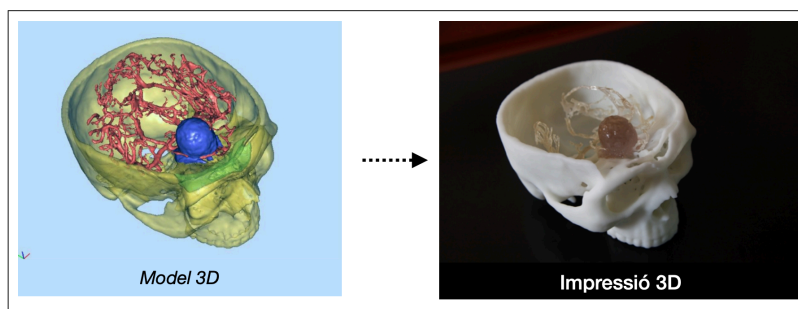
Il·lustració 15. Model imprès per practicar cirurgies de lesions intracranials complexes (39).

Mitjançant el model imprès (veure il·lustració 16), es van realitzar 49 simulacions de cirurgies i, la cirurgia real, es va desenvolupar un cop portada a terme la validació i l'acumulació d'experiència del cirurgià en qüestió. Finalment, els resultats del projecte de Quin Lan van reflectir que els models impresos en 3D ajudaven considerablement en el disseny preoperatori de la intervenció quirúrgica, en l'acumulació d'experiència quirúrgica i a la validació dels resultats de la intervenció.



Il·lustració 16. Comparació del model imprès en 3D i les estructures reals durant la cirurgia (39).

Un altre exemple relacionat amb la impressió de tumors cerebrals és el que van realitzar uns cirurgians xinesos l'any 2014 (40). Aquests cirurgians, mitjançant tomografies computeritzades del pacient, van crear un model acurat del crani, del tumor, dels nervis i dels vasos sanguinis d'aquest. Finalment, el van imprimir en 3D de tal manera que, van ajustar les configuracions de la impressora, per tal d'aconseguir imitar la consistència del tumor, dels nervis i dels vasos sanguinis, amb diferents textures i densitats. A la il·lustració 17 podem veure un exemple de la impressió que van realitzar.

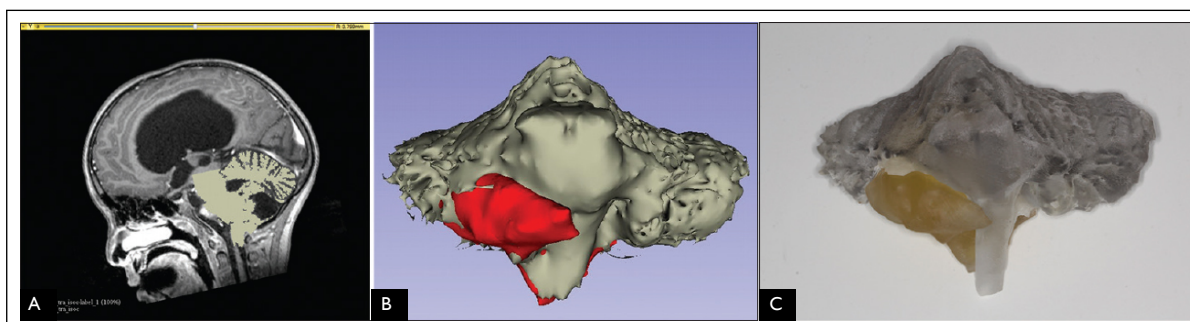


Il·lustració 17. Exemple de la impressió que van realitzar els cirurgians xinesos l'any 2014 (40).

Abans de realitzar aquest projecte, aquests cirurgians es basaven principalment en la informació procedent de les tomografies del pacient, per tal de visualitzar el tumor i planificar la intervenció que anaven a dur a terme. Donat que en les tomografies del pacient existeixen punts cecs (punts els quals no veiem en les imatges), aquesta manera de visualització del tumor i, planificació de la intervenció, no era una manera del tot segura, ja que aquests punts cecs podrien comportar que no s'extragués la totalitat del tumor, fet que podria desencadenar que aquest es torni a desenvolupar.

Amb el model 3D, reduïm dràsticament els punts cecs que acabem de comentar, ja que amb aquest obtenim una visió espacial de la lesió del pacient millorada. A més a més, gràcies a aquest model, els metges ja no han d'imaginar aquest tipus de cirurgia, sinó que ara poden practicar-la amb antelació i preparar-se per realitzar-la. Així mateix, aquesta impressió els proporciona informació addicional molt útil, com podria ser la forma i la mida del tumor, o el teixit que l'envolta. Gràcies a aquesta informació, els metges poden determinar quina és la millor ruta d'accés a aquest, reduint d'aquesta manera el risc de complicacions durant l'operació i, per tant, les seqüeles postoperatòries en el pacient.

Finalment, un altre exemple semblant al projecte que volem realitzar seria el desenvolupat per Ivan Lau (41), el qual va imprimir un model 3D del tumor (veure il·lustració 18) d'una nena de 6 anys, la qual havia sigut diagnosticada amb un glioma. La segmentació de les diferents regions es van fer manualment mitjançant el programa 3D Slicer. Un cop realitzada la intervenció d'extracció del tumor, es va comparar el tumor real amb el tumor imprès, i es va observar que, el model imprès no reproduïa completament el tumor real, la qual cosa podia ser la conseqüència de diversos factors, com podrien ser la qualitat del conjunt de dades utilitzat, els mètodes de segmentació utilitzats o, la resolució de la impressora utilitzada.



Il·lustració 18. Exemple del procés d'impressió del model 3D. A la imatge A podem observar el resultat de la segmentació del cervell i el tronc cerebral, utilitzant el 3D Slicer. A la imatge B podem observar el tumor (marcat en vermell) i el cervell (marcat amb gris). Finalment, a la imatge C podem veure el resultat de la impressió del model mostrat a la imatge B. (41).

Hipòtesi i objectius

4.1. Pregunta de recerca

És possible combinar l'enginyeria informàtica i l'enginyeria industrial, per tal de desenvolupar mètodes per realitzar una medicina més completa i personalitzada?

4.2. Hipòtesi

Mitjançant la combinació d'algoritmes d'intel·ligència artificial i, impressions 3D, és possible desenvolupar nous mètodes, específics per intervencions quirúrgiques d'extracció de tumors cerebrals, amb els quals obtenir una informació preoperatoria més personalitzada i específica per cada pacient

4.3. Propòsit i objectius del projecte

4.3.1. Propòsit

El propòsit principal d'aquest projecte, tal com s'ha comentat anteriorment, és desenvolupar mètodes per ajudar al personal sanitari a realitzar un preoperatori més complet i personalitzat.

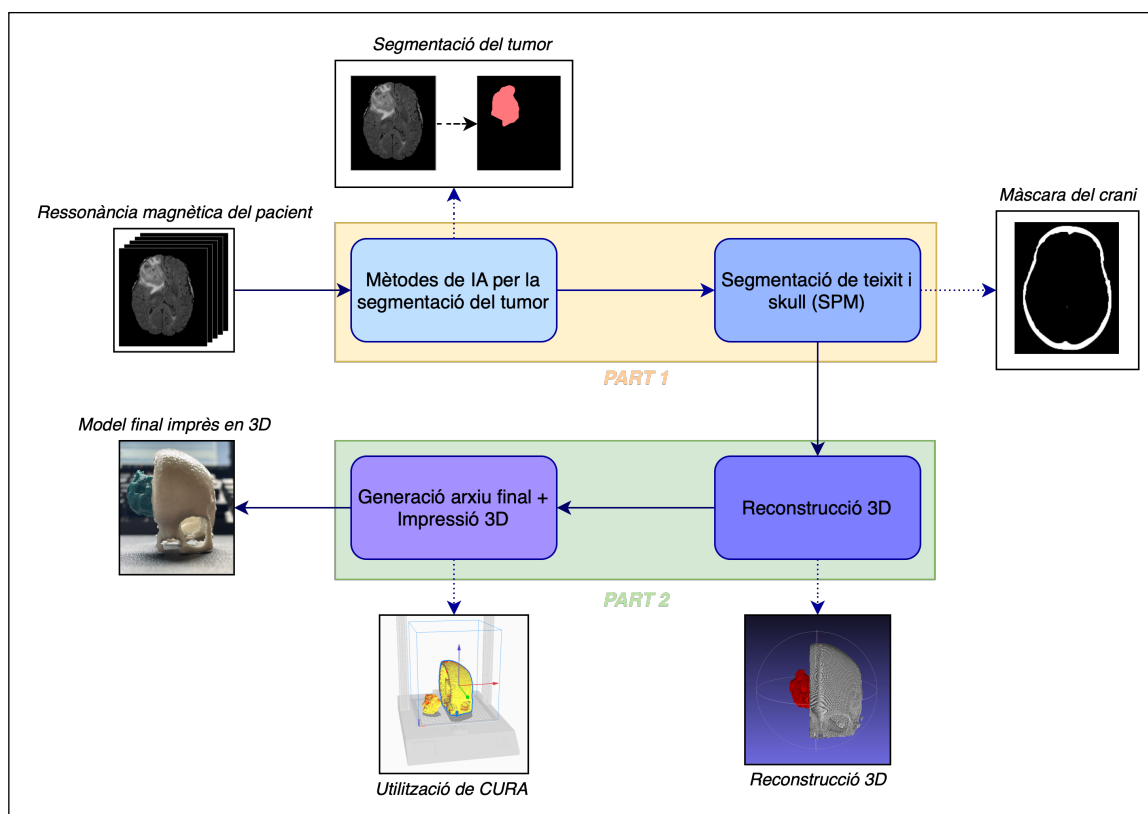
L'objectiu principal constarà de dues parts:

- **La primera part és la relacionada amb la creació del model del pacient.** Aquesta primera part consistirà en el desenvolupament de diferents mètodes d'IA per realitzar la segmentació del tumor dels pacients. Per tal d'obtenir els millors resultats possibles, un cop obtinguts els models prèviament entrenats, estudiarem diferents metodologies per tal de combinar i quantificar aquests i, d'aquesta manera, escollirem el model amb el qual hem obtingut els millors resultats.

Finalment, un cop segmentat el tumor, obtindrem diferents segmentacions (crani, substància grisa, substància blanca, etc.) de la imatge del pacient, per tal de crear el model final.

- **La segona part és la relacionada amb la impressió 3D.** En aquesta segona part, primerament realitzarem la reconstrucció 3D de les segmentacions obtingudes anteriorment. Aleshores, mitjançant el programari 'Ultimaker Cura', generarem l'arxiu final i el guardarem en una memòria USB. Per acabar, posarem aquesta memòria USB a la impressora 3D i, començarem la impressió.

A la *il·lustració 19* podem observar un exemple de l'esquema de l'objectiu principal del projecte.



Il·lustració 19. Esquema de l'objectiu principal del projecte.

Cal destacar que, donat que es pretén que aquest projecte sigui utilitzat pel personal mèdic, personal el qual generalment té poca familiarització amb entorns de programació, tots els passos realitzats en aquest treball estaran pautats detalladament en una 'Guia per l'usuari' que se'ls hi proporcionarà. Aquesta 'Guia per l'usuari' (veure Annex F) contindrà tots els passos necessaris per executar tant la part de software com la part d'impressió 3D, d'aquesta manera, qualsevol persona sense coneixements previs podrà executar el projecte sense cap mena de problema.

4.3.2. Objectius específics

Per tal d'aconseguir el propòsit del projecte amb èxit, s'han definit una sèrie d'objectius específics els quals s'han de complir durant el procés de desenvolupament del projecte. Aquests objectius són els següents:

1. Realitzar una recerca dels projectes més recents proposats en el repte BraTS (42).
2. Realitzar les segmentacions del tumor utilitzant mètodes no supervisats així com tècniques supervisades basades en xarxes neuronals convolucionals (**CNNs**).
3. Crear dos models: un de segmentació del tumor sencer i un altre de les subregions del tumor.
4. Evaluació quantitativa mitjançant el GT proporcionat dins del repte BraTS .
5. Reconstrucció 3D, validació i impressió dels models 3D.
6. Elaboració d'aquesta memòria.

Finalment, per tal de posar el projecte i els resultats obtinguts a disposició de la comunitat científica, es penjarà a la plataforma pública coneguda com a **GitHub**, tant tot el programari desenvolupat, com tots els models creats al llarg del projecte.

Materials i mètodes

A continuació, es descriuran de manera detallada, els materials i els mètodes utilitzats en aquest projecte. Primerament, descriurem les dades i les mètriques d'avaluació utilitzades:

5.1. Dades utilitzades

En aquest projecte, s'ha utilitzat la BD provinent del repte internacional 'The **Brain Tumor Image Segmentation Challenge 2018**', també conegut com a '**BraTS 2018**' (43). Aquest repte va ser creat el 2012, juntament amb la conferència internacional sobre Computació d'Imatges Mèdiques i Intervencions Assistides per Ordinador (MICCAI) (44), amb el propòsit d'avaluar l'estat actual de la tècnica en la segmentació automàtica de tumors cerebrals i, comparar els diferents mètodes existents. .

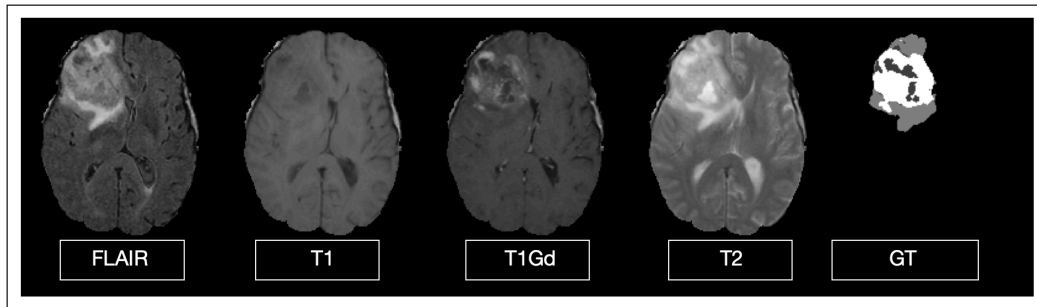
El BraTS 2018 utilitza escanejos de RM preoperatòries multiinstitucionals i, es centra en la segmentació de tumors cerebrals intrínsecament heterogenis (en aparença, forma i histologia), concretament en gliomes. A més a més, per precisar la rellevància clínica d'aquesta tasca de segmentació, **BraTS'18** també es centra en la predicció de la supervivència global dels pacients, a través d'anàlisis integradors de característiques radiòmiques i algorismes d'aprenentatge automàtic (45). Cal destacar que en el present projecte només ens hem centrat en la part de segmentació del tumor utilitzant algorismes d'aprenentatge automàtic.

La BD proporcionada pel repte consta de 285 casos en format NIfTI (.nii.gz), on per cada cas, donat que aquests són multimodals, podem trobar les següents modalitats: T1, T2, T1 amb contrast i FLAIR. A més a més, també hi ha una cinquena imatge la qual conté el Ground Truth (GT), el qual ha sigut revisat manualment per neuroradiòlegs experts. Tant les diferents modalitats com el GT, es componen per 155 llesques (veure *taula 5*).

Acrònim	Seqüència RM	Propietat	Adquisició	Gruix de cada llesca
T1	Ponderat en T1	Imatge nativa	Sagital o Axial	Variable (1-5mm)
T1Gd	Ponderat en T1	Post contrast realçat (Gadolini)	Adquisició axial 3D	Variable
T2	Ponderat en T2	Imatge nativa	Axial 2D	Variable (2-4mm)
T2-FLAIR	Ponderat en T2	Imatge nativa	Axial o Coronal o Sagital 2D	Variable

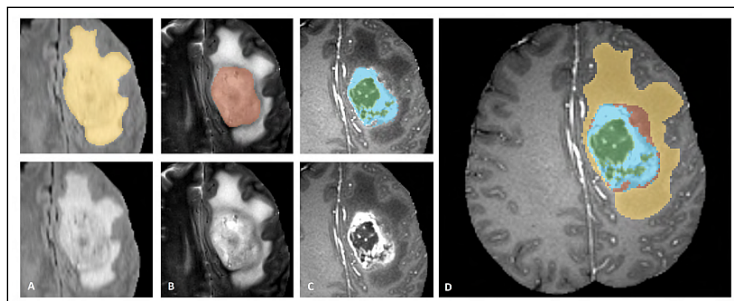
Taula 5. Resum de les característiques de les diferents modalitats de la BD.

Tal com s'ha comentat anteriorment, aquestes imatges són multiinstitucionals, la qual cosa significa que han estat adquirides en diferents institucions. Concretament, aquestes s'han adquirit mitjançant ressonàncies magnètiques de 3T en 19 institucions diferents. A la *il·lustració 20* podem veure un exemple de les diferents imatges d'un pacient de la BD del **BraTS'18**.



Il·lustració 20. Exemple de les imatges de la BD.

Tal com es pot veure en la imatge del GT de la *il·lustració 20*, els neuroradiòlegs han dividit el tumor en 3 classes diferents: el tumor realçat (TR) en GD (etiqueta 4), l'edema peritumoral (EP) (etiqueta 2), i el nucli tumoral (NT) necròtic sense realçat (etiqueta 1) (45). A la *il·lustració 21* podem observar un exemple de les diferents subregions dels tumors.



Il·lustració 21. Subregions dels tumors. Aquestes subregions es mostren en imatges de diferents modalitats. El tumor groc representa el tumor sencer, el qual és visible en la imatge FLAIR. El tumor vermell representa el nucli del tumor, el qual és visible en la imatge T2. Finalment, el tumor de color verd representa els components quístics/necròtics que envolten el nucli i, el tumor blau, representa les estructures tumorals realçades. Aquestes dues últimes subregions són visibles a la modalitat T1Gd (45).

5.1.1. Normatives i aspectes legals de les dades utilitzades

Donat que en aquest projecte s'han utilitzat dades relacionades amb la salut, hi ha diversos aspectes que s'han de tenir en compte:

- **Comitè d'ètica:** Com a norma general, qualsevol treball de final de grau que impliqui l'experimentació amb persones o dades personals relacionades amb la salut, han de ser aprovats per un comitè d'ètica per tal de garantir els drets, la seguretat i el benestar dels participants. En aquest projecte, s'han utilitzat imatges de RM procedents del repte BraTS'18. Deguda a la seva procedència, les dades utilitzades estan completament anonimitzades, de tal manera, que no ha sigut necessari que cap comitè d'ètica aprovi el present treball, ja que en tot moment es preserven els drets, la seguretat i el benestar dels participants en qüestió.
- **Qualitat de les dades:** Tal com s'ha comentat anteriorment, les dades que s'han utilitzat en el present projecte provenen del repte BraTS'18. Aquestes han estat recopilades en 19 institucions diferents i, han estat anotades per diversos neuroradiòlegs. Tot i això, aquestes són dades completes i coherents amb la tasca que volem realitzar. Per tant, podem afirmar que la qualitat d'aquestes és adequada per la tasca desenvolupada en el projecte.
- **Privacitat i protecció de dades:** Donada la procedència de les dades utilitzades per desenvolupar el projecte, aquestes estan completament anonimitzades i, per tant, garanteixen en tot moment la privacitat i la protecció de dades, dels participants en qüestió.

5.2. Mètriques d'avaluació

Existeixen diverses mètriques per avaluar i quantificar els resultats dels models d'IA. En el present projecte s'han utilitzat les mètriques més emprades en el repte *BraTS*, les quals són les següents:

5.2.1. Dice coefficient

El dice coefficient (DSC) és una eina estadística que mesura la similitud entre dos conjunts de dades. Aquest índex s'ha convertit en una de les mètriques més utilitzades en la validació d'algoritmes de segmentació d'imatges. El rang de valors d'aquest coeficient es troba entre 0 i 1, on 0 significa que no hi ha superposició (una segmentació totalment errònia) i 1, una superposició perfecta (segmentació perfecta) (47). Per calcular el DSC hem utilitzat la següent fórmula:

$$DSC = \frac{2|X \cap Y|}{|X| + |Y|} \quad (\text{Eq. 5})$$

- X i Y són dos conjunts de dades diferents.
- |X| i |Y| significa la cardinalitat dels diferents conjunts de dades, és a dir, el nombre d'elements de cada conjunt.
- El signe \cap significa la intersecció dels dos conjunts de dades i, el signe +, significa la unió d'aquests dos.

5.2.2. Distància de Hausdorff

La distància de Hausdorff (HD) o distància de Pompeiu-Hausdorff, és una mètrica que mesura com de lluny estan dos conjunts de dades. Com més diferència hi hagi entre aquests, major serà la HD. De la mateixa manera, quan aquesta sigui 0, significarà que els dos conjunts són iguals (48). La fórmula que hem utilitzat per calcular la HD és la següent:

$$HD(P, T) = \max \left\{ \sup_{p \in \partial P_1} \inf_{t \in \partial T_1} d(p, t), \sup_{t \in \partial T_1} \inf_{p \in \partial P_1} d(p, t) \right\} \quad (\text{Eq. 6})$$

Aquesta fórmula ens retornarà el valor màxim de la distància (p,t) entre els punts p (els quals pertanyen a la superfície ∂P_1) i els punts t (els quals pertanyen a la superfície ∂T_1).

5.2.3. Matriu de confusió

La matriu de confusió és una mètrica molt utilitzada en l'aprenentatge automàtic, ja que ens permet observar els encerts i els errors reals del nostre model (49). Aquesta matriu ens dona informació de 4 tipus de resposta (veure il·lustració 22), les quals són les següents:

- **TP:** True Positive (TP) són els positius que el model els prediu com a positius.
- **TN:** True Negative (TN) són els negatius que el model els prediu com a negatius.
- **FP:** False Positive (FP) són els negatius que el model els prediu com positius.
- **FN:** False Negative (FN) són els positius que el model els prediu com negatius.

VALORES PREDICIÓN	Verdaderos positivos	Falsos Positivos
	Falsos Negativos	Verdaderos Negativos
		VALORES REALES

Il·lustració 22. Matriu de confusió (49).

Mitjançant aquesta matriu, es poden obtenir diverses mètriques. En aquest projecte s'han utilitzat les següents:

5.2.4. Sensibilitat

La sensibilitat d'un model o també coneguda com a taxa de verdaers positius (TPR), és la proporció de mostres positives, les quals s'han predit com a positives. Un model que prediu correctament totes les mostres positives és un model molt sensible (50). La fórmula utilitzada per calcular la sensibilitat és la següent:

$$TPR = \frac{TP}{TP + FN} \quad (\text{Eq. 7})$$

5.2.5. Especificitat

L'especificitat d'un model o també coneguda com a taxa negativa verdadera (TNR), és la proporció de mostres negatives, les quals s'han predit com a negatives. Un model que prediu correctament totes les mostres negatives és un model molt específic (50). La fórmula utilitzada per calcular l'especificitat és la següent:

$$TNR = \frac{TN}{TN + FP} \quad (\text{Eq. 8})$$

5.3. Desenvolupament del projecte

5.3.1. Preparació prèvia

Un cop explicat de manera detallada tota la informació prèvia al procediment del projecte, és hora de començar a explicar els diferents passos que hem anat realitzant, per tal de desenvolupar aquest treball. Tal com s'ha comentat anteriorment, el primer procediment va ser el de preparació prèvia. Donada la poca experiència en el camp de la segmentació de teixits utilitzant *DL*, vam creure convenient que, abans de començar el projecte, era necessària una recerca prèvia del que s'estava desenvolupant en el repte BraTS els darrers anys. Per tant, aquest primer pas que va consistir en això, en realitzar una recerca exhaustiva dels mètodes utilitzats actualment en el repte BraTS.

5.3.2. Segmentació mitjançant algorismes no supervisats

Un cop ens vam veure amb els coneixements necessaris per començar el projecte, vam començar amb la part de desenvolupament de programari encarregat de la segmentació. La primera part d'aquest desenvolupament va consistir a implementar un programa de segmentació de tumors cerebrals mitjançant algorismes no supervisats. De seguida ens va sorgir la següent pregunta:

Quin entorn de programació utilitzem?

Després de diversos dies pensant quin llenguatge utilitzar, vam arribar a la conclusió que l'entorn de programació idoni per acomplir aquesta tasca era MATLAB. El motiu principal d'aquesta elecció va ser que, prèviament al projecte, ja havia utilitzat en nombroses ocasions aquest entorn de programació, per tant, la familiarització que ja tenia facilitaria molt el desenvolupament del programa. Un cop escollit l'entorn de programació, ens va sorgir el següent dubte:

Quin algoritme d'aprenentatge no supervisat escollim?

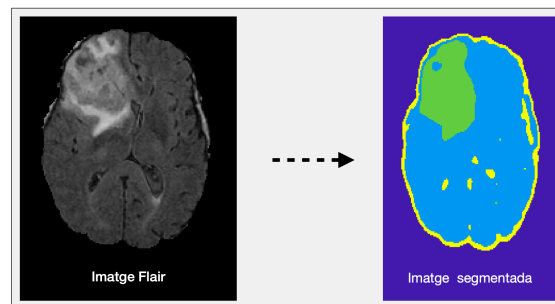
Un cop escollit l'entorn de programació, vam haver d'escollir quin algoritme d'aprenentatge no supervisat anàvem a utilitzar. D'entre totes les opcions, vam escollir **K-means** per dues raons principals:

- *K-means* és un algoritme amb el qual ja estava familiaritzat, és a dir, l'havia utilitzat anteriorment, per tant, vam creure que això facilitaria molt el desenvolupament del programa.
- Donat que l'entorn de programació MATLAB conté una funció anomenada *'imsegkmeans3()'* (51), la tasca de la qual és segmentar imatges tridimensionals utilitzant l'algoritme *K-means*, vaig creure que aquesta funció ajudaria molt al desenvolupament del programa.

K-means

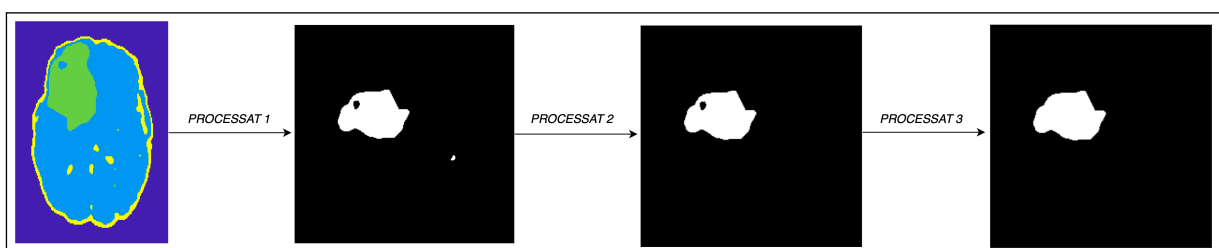
Un cop resoltes aquestes preguntes, vam començar amb la implementació del nostre programa. Els passos realitzats van ser els següents:

- 1. Preparació, divisió i lectura de la BD:** La tasca en aquest primer pas va consistir a posar en una mateixa carpeta, els casos HGG i els casos LGG. Un cop fet això, vam dividir la BD en 80% per l'entrenament i la validació dels models i, 20% pel testeig dels models obtinguts. Finalment, un cop dividida la BD, vam llegir les imatges que pertanyien al conjunt de test, ja que l'algoritme *K-means* no requereix d'un entrenament previ.
- 2. Segmentació de teixits:** Seguidament, un cop vam realitzar la lectura de les imatges, vam començar amb la part més important del programa, la segmentació de teixits. Tal com s'ha comentat anteriorment, per realitzar aquesta tasca es va utilitzar la funció *'imsegkmeans3()'*. Aquesta funció, donat que utilitza l'algoritme *K-means*, agruparà les dades de les imatges en *k* grups, que en el nostre cas, són 4 (substància grisa, substància blanca, líquid cefalorraquidi i tumor). A la il·lustració 23 podem observar un exemple de la segmentació realitzada mitjançant aquesta funció.



Il·lustració 23. Segmentació després d'utilitzar la funció *imsegkmeans3()*.

- 3. Postprocessat de les segmentacions:** Un cop vam obtenir la imatge segmentada, vam aplicar una sèrie de processats per tal d'eliminar resultats que no ens interessaven. Aquests processats van consistir en primerament, quedar-nos només amb la classe que engloba el tumor, les altres classes les vam igualar a 0 (Processat 1). Un cop fet això, vam calcular el volum de tots els objectes volumètrics de la imatge, per tal de posteriorment, eliminar tots aquells que tenen una mida més petita que el 20% de la mida de l'objecte volumètric més gran (Processat 2). Finalment, mitjançant la funció *'imfill()'* vam tancar els forats de les imatges volumètriques (Processat 3). A la il·lustració 24 podem observar un exemple dels diferents postprocessats realitzats.



Il·lustració 24. Exemple dels diferents processats realitzats.

5. Quantifiquem els resultats: Un cop vam aplicar els anteriors postprocessats, ja vam ser capaços d'obtenir la imatge final, la qual contenia la segmentació del tumor. Aleshores, donat que teníem el GT corresponent del tumor segmentat, vam calcular la precisió de l'algoritme mitjançant les mètriques del DSC, la HD i la *matriu de confusió*. Cal destacar que la HD l'hem calculat mitjançant el codi obert d'en Joakim Lindblad (52), el qual va desenvolupar la funció anomenada *imhausdorff()*. Gràcies a aquesta funció hem pogut calcular la HD de les nostres prediccions.

5.3.3. Segmentació mitjançant deep learning

A continuació, vam deixar de banda els algorismes no supervisats i ens vam endinsar en el món del DL. Tan bon punt vam començar amb aquest apartat, ens va sorgir la següent pregunta:

Quin llenguatge de programació utilitzem?

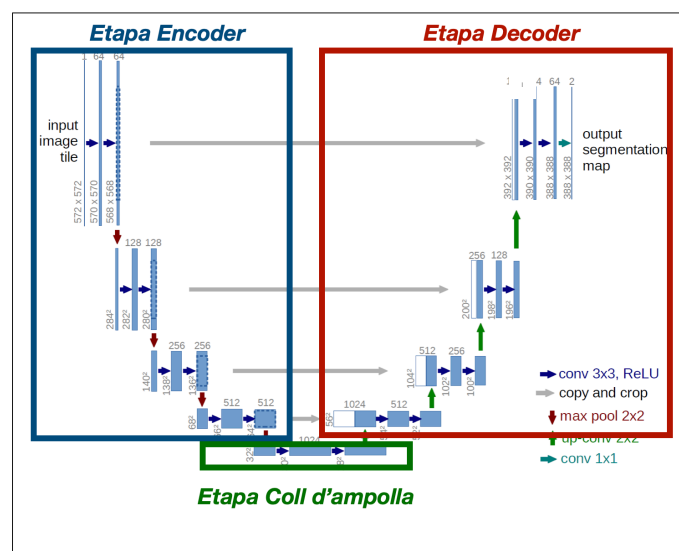
Després d'una llarga cerca de quin era el millor llenguatge que podíem utilitzar, vam decidir utilitzar el llenguatge de programació anomenat *Python*. Ens vam decantar a utilitzar aquest llenguatge, ja que és dels més utilitzats en l'àmbit del DL. A més a més, gràcies a la gran varietat de llibreries relacionades amb la IA que existeixen, vam creure que el desenvolupament del programa seria més senzill. Aleshores, tal com acabem de comentar, donada la gran varietat de llibreries que *Python* ens proporcionava, ens va sorgir la següent pregunta:

Quina llibreria utilitzem?

Un cop escollit el llenguatge de programació, vam haver d'escollir quina llibreria d'IA anàvem a utilitzar per al desenvolupament del nostre programa. Existien diverses opcions que podíem escollir, però finalment vam escollir la llibreria anomenada *TensorFlow*. Aquesta llibreria porta integrades nombroses funcions que faciliten molt la implementació i entrenament del nostre programa. A més a més, juntament amb l'anomenada *PyTorch*, són de les més utilitzades en el repte BraTS. Per tant, és per això que, donades aquestes dues raons principals, vam escollir utilitzar aquesta llibreria. Finalment, un cop resoltes les preguntes anteriors, ens va sorgir l'última pregunta abans de començar amb la implementació del nostre programa:

Quina arquitectura utilitzem per la nostra xarxa neuronal?

Dintre d'una infinitat d'opcions, vam escollir utilitzar l'arquitectura d'una U-NET, ja que aquesta és de les més utilitzades en l'àmbit de la segmentació d'imatges mèdiques. Concretament, l'arquitectura de la nostra xarxa és la mostrada a la il·lustració 25.



Il·lustració 25. Exemple de les diferents etapes de la nostra U-NET (28).

Les imatges d'entrada d'aquesta U-NET són imatges 2D, on per cada imatge, trobem diverses modalitats (*T2* i *FLAIR* quan segmentem el tumor sencer i totes les modalitats, és a dir, *T1*, *T2*, *T1Gd* i *FLAIR*, quan segmentem el tumor en subregions). De la mateixa manera que l'entrada, la sortida d'aquesta xarxa neuronal és una imatge 2D. En el cas de la segmentació en subregions, la sortida té tantes imatges 2D com subregions volem obtenir, per tant, donat que tenim 3 subregions + el fons, obtindrem un vector amb 4 imatges 2D.

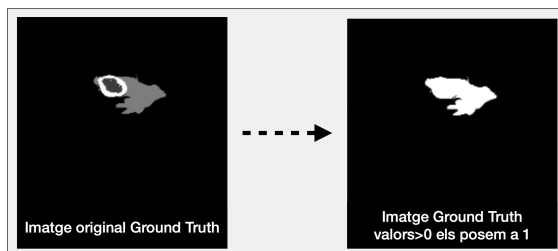
Pel que fa als components de l'estructura de la U-NET, podem observar 3 etapes diferents (veure il·lustració 37):

- **Etapa Encoder:** Aquesta etapa és l'encarregada d'aplicar operacions de convolució seguides d'operacions de disminució de les dades. Mitjançant aquestes operacions s'aconsegueix construir un mapa de característiques el qual s'utilitza en l'etapa del decoder.
- **Etapa Coll d'ampolla:** L'etapa Coll d'ampolla és la representació comprimida de l'entrada. Normalment, correspon a la capa intermèdia que divideix l'encoder i el decoder.
- **Etapa Decoder:** En aquesta etapa el que es fa és, restaurar el mapa de característiques a la resolució original, mitjançant la representació comprimida resultant de l'etapa coll d'ampolla. Els passos claus en aquest procés són la convolució, el mostreig ascendent i la connexió per omissió.

Un cop resoltes aquestes preguntes, vam començar amb la implementació dels nostres programes. Primerament, vam implementar el programa de la segmentació del tumor sencer, on els passos realitzats van ser els següents:

1. **Pas previ:** donat que en aquest projecte es van utilitzar les GPU's proporcionades pel grup VICOROB, per executar el programa ens vam haver de connectar al seu servidor. Per fer això vam utilitzar el programa anomenat PuTTY. Aleshores, un cop connectats en el servidor, vam crear un arxiu a la plataforma Jupyter Notebook, en el qual vam desenvolupar el nostre codi.
2. **Inici del programa:** un cop creat l'arxiu a la plataforma Jupyter Notebook, vam poder començar amb la implementació del programa. Primerament, les tasques es van basar en importar les llibreries que s'anaven a utilitzar i, en connectar-nos a la GPU del servidor de VICOROB.
3. **Lectura de les imatges:** seguidament, vam crear una funció anomenada '**load_data()**', la qual mitjançant un directori i una quantitat d'imatges, ens creava un vector amb totes les imatges concatenades. En aquest cas, hem concatenat en un vector anomenat '*data*', les imatges de les modalitats *FLAIR* i *T2*. També hem creat un vector anomenat '*seg*' amb les imatges de *GT* concatenades. Cal destacar que ambdós vectors, '*data*' i '*seg*', són vectors els quals tenen emmagatzemades les imatges del pacient com un conjunt d'imatges 2D.
4. **Modifiquem els vectors:** A continuació, vam modificar la mida i l'orde dels eixos del vector '*data*', perquè aquest tingués la següent forma: $(x, 240, 240, 2)$ on x són les diferents llesques, $(240, 240)$ la mida de les llesques (imatges 2D) i, finalment, el número 2, el qual representa les diferents modalitats utilitzades, és a dir, les modalitats *FLAIR* i *T2*. També vam modificar la mida i l'orde dels eixos del vector '*seg*', per tal que aquest tingués la mateixa forma que el vector '*data*'. Finalment, la forma del vector '*seg*' va ser la següent: $(x, 240, 240, 1)$. En aquest cas, en l'últim eix tenim un 1, ja que tenim un sol *GT* amb totes les diferents etiquetes anotades en ell.
5. **Canviem valors del vector '*seg*':** Seguidament, donat que no volíem segmentar en subregions, sinó que el que volíem era segmentar el tumor sencer, vam canviar els valors del vector '*seg*'. El que vam fer va ser canviar el valor de tots els píxels amb valor més gran que 0 i, els vam posar el valor d'1. D'aquesta manera, el vector '*seg*', es va convertir en un vector binari el qual contenia el valor 1, per

referir-se al tumor i, el valor 0, per referir-se a tota la resta. A la *il·lustració 26* podem observar un exemple d'aquest pas.



Il·lustració 26. Exemple de la binarització del vector 'seg'.

- 6. Construïm l'estructura de la U-NET:** Seguidament, vam implementar l'arquitectura de la U-NET, mitjançant funcions específiques de la llibreria *Tensorflow*.
- 7. Dividim les dades:** Aleshores, el que vam fer va ser dividir la BD en, 80% per l'entrenament i la validació dels models i, 20% pel testeig dels models obtinguts.
- 8. Entrenament de les dades:** Finalment, vam realitzar l'entrenament dels models. Per tal d'anar avaluant els models durant l'entrenament, es va utilitzar la loss anomenada 'Binary_Crossentropy'. A més a més, també es va utilitzar un cross-validation de 5 folds, la qual cosa significa que vam dividir aleatòriament les dades utilitzades per l'entrenament i la validació, en 2 grups. Aquest procés el vam repetir 5 cops (tantes vegades com folds), per tant, en acabar l'entrenament, vam obtenir 5 models, els quals havien estat entrenats amb grups de dades diferents.
- 9. Resultats:** Un cop realitzat l'entrenament, va ser hora d'avaluar els nostres models. Per fer-ho vam utilitzar 57 imatges (el 20% de la BD original) i, per cada una d'elles, vam calcular de manera independent (vam calcular-ho per cada llesca i després vam fer la mitjana), el DSC, la HD i, la matriu de confusió, mitjançant cada un dels 5 models obtinguts durant l'entrenament. A més a més, donat que la predicció que obtenim de cada model representa la probabilitat de cada píxel de pertànyer a la classe del tumor sencer, vam implementar diferents mètodes (mètodes d'ensemble) per tal de combinar les prediccions dels 5 models obtinguts durant l'entrenament, en una única predicció. Aquests mètodes són els següents:

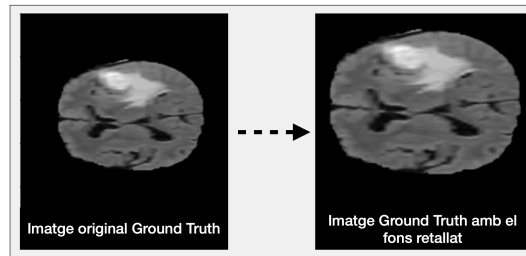
-Ensemble 1: Aquest mètode consisteix en comparar els valors de probabilitat dels píxels de cada una de les 5 prediccions obtingudes, per tal de quedar-nos amb el valor amb la probabilitat més alta. Per exemple, si en un píxel en concret la probabilitat dels 5 models són: 0.7, 0.4, 0.8, 0.9, 0.6 el valor que posarem al model resultant serà 0.9 (el màxim de tots ells). Un cop creat aquest model, el vam avaluar mitjançant el DSC, la HD i la matriu de confusió.

-Ensemble 2: Aquest mètode consisteix en calcular la mitjana dels diferents valors de probabilitat dels píxels de cada una de les 5 prediccions obtingudes. Per exemple, si en un píxel en concret la probabilitat dels 5 models són: 0.7, 0.4, 0.8, 0.9, 0.6 el valor que posarem al model resultant serà 0.68 (la mitjana de tots ells). Un cop creat aquest model, el vam avaluar mitjançant el DSC, la HD i la matriu de confusió.

-Voting: Abans d'utilitzar aquest mètode vam haver d'aplicar un threshold a la predicció de cada model (amb valor de 0.5) per tal de binaritzar-les. Un cop aplicat el threshold, vam desenvolupar aquest mètode, el qual consisteix en observar els valors de probabilitat dels píxels de cada una de les 5 prediccions obtingudes i, sumar quants valors d'1 i quants valors de 0 hi ha. Un cop sumats, en la predicció final, posarem el valor (0 o 1) el qual té la suma més gran. Per exemple, si en un píxel en concret la probabilitat dels 5 models són: 1, 1, 0, 0, 1 el valor que posarem al model resultant serà 1 (ja que hi ha tres 1 i dos 0). Un cop creat aquest model, el vam avaluar mitjançant el DSC, la HD i la matriu de confusió.

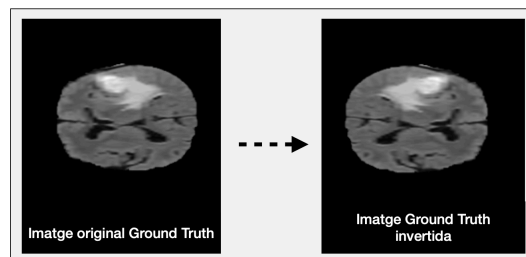
Un cop finalitzat el programa de la segmentació del tumor sencer, vam implementar una sèrie de possibles millores de la versió inicial d'aquest. Aquestes millores van consistir a modificar les imatges originals de la següent manera:

- **Background Crop:** Per tal de reduir la informació que no ens interessa de la imatge, es va reduir el fons d'aquesta. A la il·lustració 27 podem observar un exemple d'aquest procés.



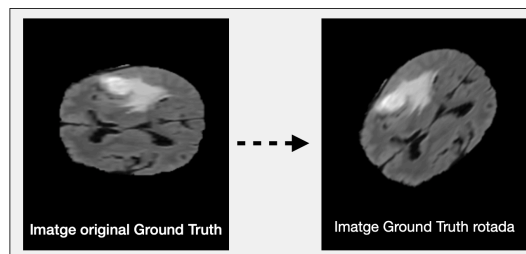
Il·lustració 27. Exemple del Background Crop.

- **Data Augmentation:** Tal com s'ha comentat anteriorment, un dels principals inconvenients del DL és que, per utilitzar-lo, es necessiten grans quantitats de dades. Per tal d'ampliar la nostra BD (concretament la vam triplicar), vam realitzar els següents processats:
 - **Invertir la imatge:** Per invertir la imatge vam utilitzar la funció “flip” de la llibreria “Numpy”. Aquesta funció inverteix tots els valors de la matriu corresponent. A la il·lustració 28 podem observar un exemple d'aquest procés.



Il·lustració 28. Exemple del processat d'invertir la imatge.

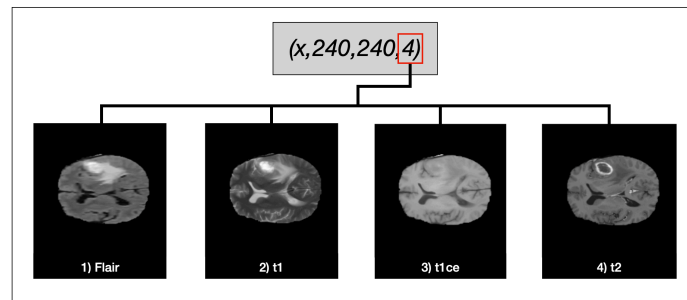
- **Rotar la imatge 45 graus:** Per realitzar la rotació de la imatge es va utilitzar la funció “rotate” de la llibreria “scikit-image”. A la il·lustració 29 podem observar un exemple d'aquest procés.



Il·lustració 29. Exemple del processat de rotar la imatge.

Un cop aplicats els processats que acabem d'esmentar, vam quantificar els resultats mitjançant el DSC, la HD i la matriu de confusió. Aleshores vam seguir avançant amb el projecte, endinsant-nos d'aquesta manera, en la implementació del programa encarregat de la segmentació del tumor en subregions. Pel desenvolupament d'aquesta part, el que es va fer va ser modificar el codi de la segmentació del tumor sencer. Els canvis realitzats van ser els següents:

1. En la lectura de dades, en comptes de només llegir les imatges *FLAIR* i *T2*, vam llegir totes les modalitats (*FLAIR*, *T1*, *T2*, *T1ce*), ja que en cada una es pot veure una subregió del tumor diferent. Per tant, ara el vector '*data*' tindrà la següent forma: $(x, 240, 240, 4)$, on de la mateixa manera que anteriorment, *x* són les diferents llesques (veure il·lustració 30) i el 4, representarà a les 4 modalitats que conté el vector.



Il·lustració 30. Exemple de l'emmagatzematge de les imatges en el vector '*data*'.

2. Donat que en aquest programa volem segmentar les diferents subregions del tumor, necessitàvem que el GT tingués etiquetades tantes classes com subregions volem segmentar. Per tant, a diferència que en el cas de la segmentació del tumor sencer, no vam binaritzar el vector '*seg*'. El que si que vam fer va ser canviar el valor de les etiquetes amb valor 4, per un valor de 3. Per tant, finalment els valors del vector '*seg*' van ser: 0, 1, 2 i 3.
3. Per tal d'entrenar el model, necessitàvem un GT amb tantes imatges binàries com classes volem segmentar. Per tant, vam haver de modificar el vector de GT per passar d'un vector d'una sola imatge (amb diferents valors per cada classe), a un vector amb 4 imatges binàries concatenades. Aquesta tasca la vam realitzar mitjançant la funció *to_categorical()* de la llibreria '*TensorFlow*'.
4. Seguidament, vam modificar la capa d'entrada i la capa de sortida de la nostra U-NET. Per una banda, a la capa d'entrada vam canviar el format de la imatge, ja que ara, donat que tenim un vector amb les 4 modalitats, el format d'entrada serà $(240, 240, 4)$. Per altra banda, a la capa de sortida vam especificar que volíem obtenir 4 classes diferents. Per tant, de la mateixa manera que el GT, la U-NET ens proporcionarà una imatge binària per cada classe que vam segmentar.
5. Donat que el que volíem era segmentar en 4 subregions, vam haver de canviar la *loss* que estàvem utilitzant (*'Binary_Crossentropy'*), per la *loss* anomenada '*Categorical_Crossentropy*'. Aquesta *loss* és de les més utilitzades a l'hora d'entrenar models amb més d'una classe.

Un cop realitzats aquests canvis, ja vam ser capaços de realitzar entrenaments per tal d'obtenir models que segmentin les diferents subregions del tumor.

5.3.4. Segmentació del crani

Un cop realitzades les segmentacions anteriors, va arribar l'hora de començar les reconstruccions 3D, però abans d'això, vam haver de crear les màscares (segmentació del crani, substància grisa, etc.) de les imatges corresponents. Aleshores, la pregunta que va sorgir va ser la següent:

De quina manera obtenim les màscares?

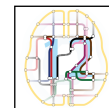
Per realitzar aquesta tasca, teníem diverses opcions:

- **Utilitzar el programari FMRIB Software Library (FSL):** FSL (veure il·lustració 31) és una biblioteca d'eines d'anàlisi d'imatges cerebrals procedents de RM funcional, estructural i, de difusió.



Il·lustració 31. Logo del programa FSL (53).

- **Utilitzar el programari SPM12:** SPM12 (veure il·lustració 32) és un software de codi obert utilitzat per l'anàlisi de seqüències de dades d'imatges cerebrals.



Il·lustració 32. Logo del programa SPM12 (54).

- **Entrenar una xarxa neuronal que ens proporcionï aquestes màscares.**

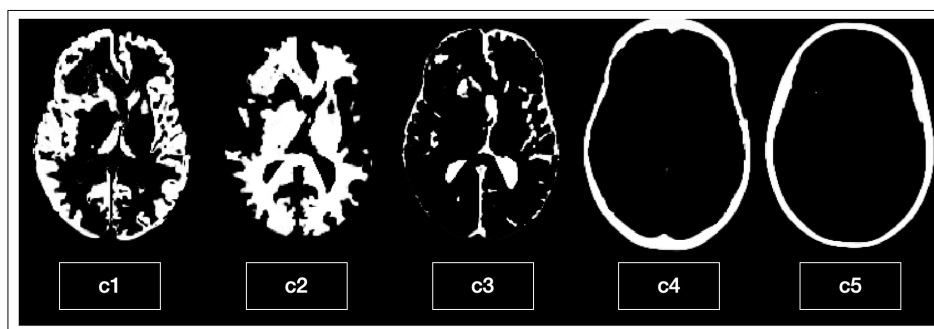
La tercera opció va ser la primera a ser descartada, ja que comportava molt de temps realitzar-la de manera correcta. Aleshores, tot i estar familiaritzat amb ambdós softwares, vam acabar escollint el programari anomenat SPM pels següents motius: L'eina que estem desenvolupant està pensada per ser utilitzada pel personal sanitari. El programari FSL és un programari que només funciona en el sistema operatiu Linux, per tant, per utilitzar-lo, són necessaris uns coneixements bàsics de l'entorn. A més a més, el programari SPM s'utilitza a través de MATLAB, un entorn de programació compatible amb tots els sistemes operatius, el qual funciona com si fos una app. Com a resultat d'això, el programari SPM és prou intuïtiu perquè el personal sanitari el pugui fer servir sense cap problema.

Un cop vam decidir de quina manera obtindríem les màscares, vam començar amb la seva implementació.

Donada la senzillesa del programari SPM12, els passos que vam realitzar per obtenir les màscares, de la imatge corresponent, van ser molt senzills. Simplement, vam haver d'escollir la imatge, a partir de la qual, volíem extreure les màscares i, un cop escollida, vam clicar a executar. Com a resultat de l'execució el programa ens va crear les següents màscares:

- c1: Màscara que engloba el teixit de substància grisa
- c2: Màscara que engloba el teixit de substància blanca
- c3: Màscara que engloba el fluid cerebroespinal
- c4: Màscara del crani
- c5: Màscara del teixit tou i aire/background

A la il·lustració 33 podem veure un exemple de les màscares generades pel programa SPM12.



Il·lustració 33. Exemple de les màscares obtingudes amb SPM12.

5.3.5. Reconstrucció 3D

Un cop creades les màscares, ja vam ser capaços de realitzar la reconstrucció 3D del model que posteriorment, vam imprimir.

Al començar amb aquest pas, una de les principals preguntes que ens van sorgir va ser:

Com realitzem la reconstrucció 3D?

Per realitzar la reconstrucció 3D, principalment el que havíem de fer era passar d'una imatge amb format 'nifti' a una imatge amb format 'stl', format el qual s'utilitza per impressions 3D. Per fer aquesta conversió, el

millor mètode que vam trobar després de fer una recerca exhaustiva, va ser el d'utilitzar un codi obert que hi havia a **MATLAB**.

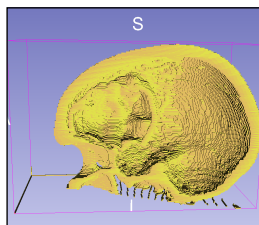
Aquest codi obert, l'autor del qual és l'**Amir Safari**, s'anomena 'Make STL of 3D array (Optimal for 3D printing)' (55). Conté 3 funcions les quals, mitjançant un vector i, la mida dels vòxels de la imatge corresponent, et crea un fitxer en format 'stl' de la reconstrucció 3D.

Un cop vam saber com anàvem a fer la reconstrucció, vam començar a implementar el programa corresponent. Els passos que vam seguir van ser els següents:

1. **Lectura de les imatges:** Concretament, en aquest apartat el que vam fer va ser la lectura de les imatges corresponents a la segmentació del tumor i, la imatge corresponent a la màscara del crani.
2. **Preparem el model:** En aquest pas el que vam fer va ser, donat que el que volem obtenir és un model on es vegi clarament diferenciat el tumor del crani i, aquests s'hauran d'imprimir per separat (ja que la impressora amb la qual comptem només imprimeix amb un sol material), vam haver de realitzar una sèrie d'operacions morfològiques per tal de crear el que seria la base del tumor dintre del crani. Simplement, el que vam fer va ser el següent:

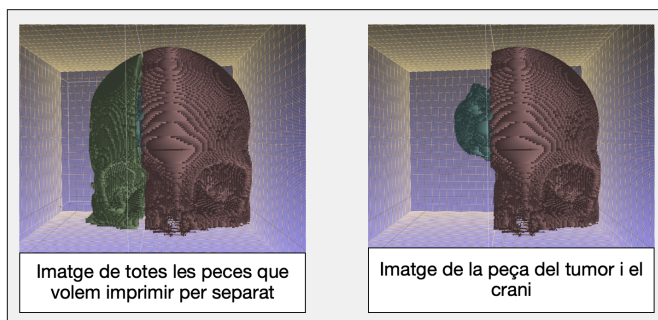
- 1- Ajustar el model del crani i del tumor.
- 2- Fer un model amb el tumor més petit.
- 3- Invertir els valors del model amb tumor el tumor més petit.
- 4- Multiplicar el model del tumor més petit amb el model on tenim el crani i el tumor junts.
- 5- Separar el model final en diferents models, mitjançant un tall sagital d'aquest.

Gràcies a aplicar aquestes operacions, vam aconseguir crear una base on col·locar el tumor un cop aquest estigués imprès. A la il·lustració 34 podem observar un exemple del model resultant.



Il·lustració 34. Exemple del model final del crani + la base del tumor (tall sagital).

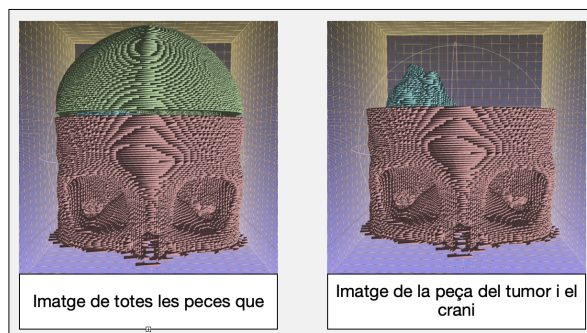
3. **Convertim a format 'stl':** Finalment, un cop modificats els models anteriors, mitjançant el codi obert de l'autor **Amir Safari**, vam convertir els vectors corresponents dels models finals, en fitxers 'stl'. A la il·lustració 35 podem observar un exemple dels models finals en format 'stl'.



Il·lustració 35. Exemple del model final (tall sagital)

Tal com es pot observar en les imatges anteriors, el model final que vam obtenir va ser el resultat de realitzar un tall sagital al model del crani + la base del tumor. Gràcies a aquest model proporcionarem una

informació espacial molt valuosa de la ubicació del tumor. Tot i això, en les cirurgies cerebrals, la visió que tenen els cirurgians no és una visió sagital del cervell, sinó que tenen una visió transversal d'aquest. És per això que, per tal de desenvolupar un model més real, en el qual poder practicar la intervenció quirúrgica, vam repetir tots els passos anteriors per tal d'obtenir un model amb un tall transversal. A la il·lustració 36 podem observar un exemple del model final obtingut mitjançant un tall transversal d'aquest.



Il·lustració 36. Exemple del model final del crani (tall transversal).

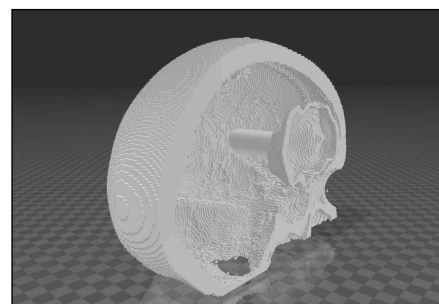
5.3.6. Impressió en 3D

Bé, un cop realitzada la reconstrucció 3D, ja vam poder començar amb l'últim apartat del projecte, el d'impressió 3D.

Les tasques que vam realitzar en aquest darrer apartat van ser les següents:

- 1. Creem un suport pel tumor:** Donat que era possible que la base del tumor estigués flotant dintre del crani, vam crear de forma manual un suport per aquest. Per dur a terme aquesta acció vam utilitzar el software anomenat *3D Builder*. Mitjançant aquest software simplement el que vam fer va ser crear una figura en forma de cilindre, la qual vam col·locar de manera que aquesta estigués en contacte amb el tumor i amb el crani (veure il·lustració 37). Finalment, gràcies a aquest suport, el tumor va quedar subjectat correctament.

En el cas del model creat mitjançant un tall transversal, no va ser necessària la creació de cap suport, ja que el tumor estava en contacte amb el crani.



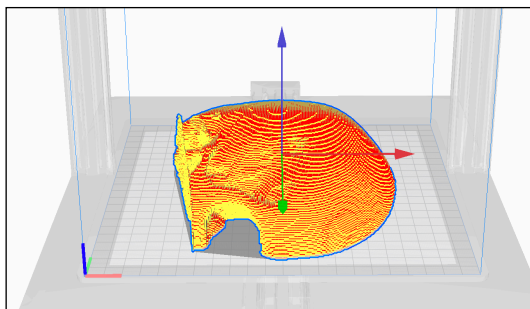
Il·lustració 37. Exemple del model amb el suport (tall sagital)

- 2. Preparem la impressió:** A continuació el que vam fer va ser obrir els fitxers dels models corresponents, en el programa *Ultimaker Cura*. Aleshores vam especificar tots els paràmetres corresponents per tal de realitzar la impressió amb la millor qualitat possible. Concretament, els paràmetres que vam modificar van els mostrats en la taula 6.

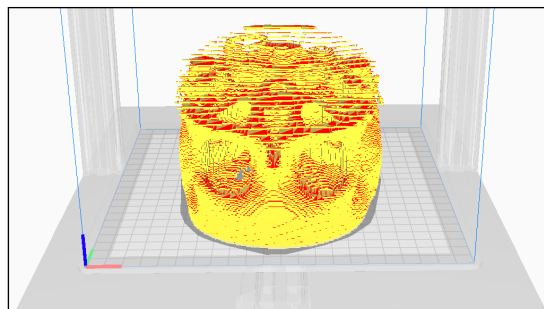
Nom del paràmetre	Valor predeterminat	Valor que hem escollit
Amplada de les parets	2 mm	3 mm
Temperatura d'impressió	200°C	205°C
Velocitat d'impressió de la primera i última capa	45 (mm/s)	60 (mm/s)
Nozzle Size	0.4 mm	0.6 mm

Taula 6. Canvis realitzats en les variables del programa *Ultimaker Cura*.

- 2. Col·loquem el model:** Seguidament, el que vam fer va ser col·locar el model amb l'orientació que més facilités la impressió. Finalment, l'orientació escollida va ser col·locar els models amb orientació cap avall (veure il·lustració 38 i 39), per tant, deguda la mida d'aquests, tal com s'ha comentat anteriorment, vam haver d'imprimir els models per separat.

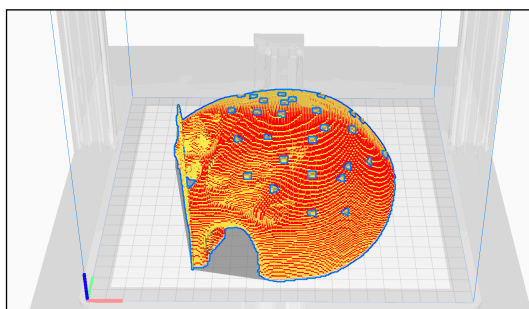


Il·lustració 38. Exemple de l'orientació final del model (tall sagital).

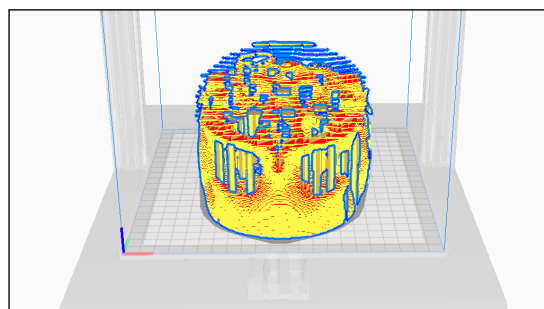


Il·lustració 39. Exemple de l'orientació final del model (tall transversal).

- 4. Col·loquem els suports:** Donat que la forma del crani era una forma irregular, si volíem realitzar la impressió amb èxit, era necessari la utilització de suports. A l'utilitzar els suports predeterminats pel programa, de seguida vam veure que el que estava realitzant el programa, no era correcte per la impressió que volíem realitzar, ja que aquest ens posava suports a tot el model, la qual cosa feia que augmentés el temps d'impressió i el material necessari. Per tal de resoldre aquest problema, vam utilitzar un plugin de suports personalitzats anomenat *Custom Supports*. Mitjançant aquest plugin, vam col·locar els suports de forma manual en aquells punts que creiem que era necessari (veure il·lustració 40 i 41).

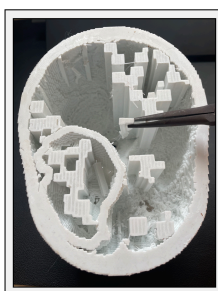


Il·lustració 40. Exemple dels suports del model (tall sagital).



Il·lustració 41. Exemple dels suports del model (tall transversal).

- 3. Imprimim els models:** Seguidament, vam exportar el model amb format 'gcode' i el vam guardar en una memòria USB. Aleshores vam introduir aquesta memòria USB a la impressora i vam començar amb la impressió. Cal destacar que a l'hora d'imprimir el model del tumor per separat, vam escalar aquest a una escala del 92%. El motiu pel qual vam fer això va ser perquè el model del tumor encaixés millor a l'ajuntar els 3 models (dos models procedents d'un model final + el model del tumor).
- 4. Retirem els suports:** Finalment, un cop vam tenir el model imprès, vam retirar de manera manual els suports d'aquest (veure il·lustració 42).



Il·lustració 42. Exemple de l'extracció dels suports del model.

Resultats

A continuació, en aquest apartat es mostraran tots els resultats dels procediments realitzats en el projecte. Cal destacar que, de la mateixa manera que en apartats anteriors, s'han dividit els resultats en dos grans blocs: 1) avaluació de la segmentació i 2) impressió 3D.

6.1. Avaluació de la segmentació

Aquest apartat l'hem dividit en dues seccions: avaluació de la segmentació del tumor sencer i avaluació de la segmentació en subregions. Abans de començar a mostrar els resultats obtinguts, cal destacar que en el present capítol, només es mostraran els resultats del testeig dels models. Un cop dit això, primerament, mostrarem els resultats obtinguts amb la segmentació del tumor sencer:

6.1.1. Avaluació de la segmentació del tumor sencer

A continuació, es mostraran els resultats obtinguts en la segmentació del tumor sencer, els quals provenen de quantificar les prediccions de les imatges de test, les quals componen el 20% de la BD (hem dividit la BD en 80% train + validation i 20% test). Mantinguen l'ordre de l'apartat anterior, el primer algoritme que mostrarem serà l'algoritme K-means.

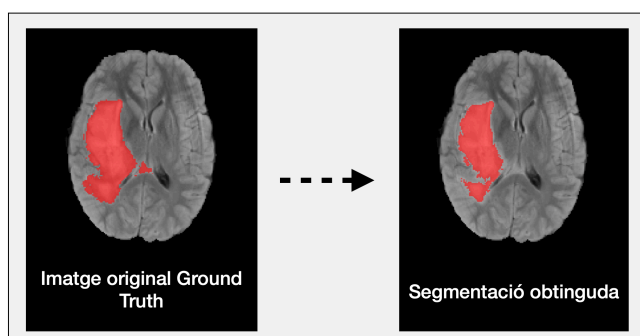
K-means

Donat que aquest algoritme no requereix entrenament previ, directament es va aplicar aquest model a les imatges del conjunt de test, les quals corresponen a les últimes 57 imatges de la BD. Per tal de quantificar les prediccions, tal com s'ha comentat anteriorment, es va calcular el DSC, la HD, l'especificitat i la sensibilitat, per cada una de les llesques de les imatges. Un cop calculat els resultats de cada llesca, es va fer la mitjana de tots aquests per tal d'obtenir un resultat per cada imatge. A la taula 5 podem observar la mitjana dels resultats obtinguts, en cada una de les 57 imatges utilitzades en el testeig del model.

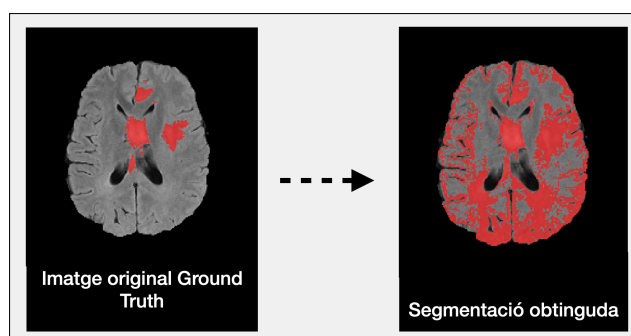
DSC		HD		Especificitat	Sensibilitat
Mean	Std	Mean	Std		
0.4963	0.3017	63.9150	39.8492	0.9762	0.8015

Taula 7. Resultats de l'algoritme K-means.

A les il·lustracions 43 i 44 podem observar alguns exemples visuals (tant de resultats amb un DSC molt alt, com de resultats amb un DSC més baix) de la segmentació realitzada mitjançant l'algoritme K-means.



Il·lustració 43. Exemple dels resultats obtinguts, mitjançant K-means, de la llesca 80 de la imatge 1 del conjunt de testeig. El DSC obtingut en la segmentació d'aquesta llesca és de 0.8466.



Il·lustració 44. Exemple dels resultats obtinguts, mitjançant K-means, de la llesca 80 de la imatge 21 del conjunt de testeig. El DSC obtingut en la segmentació d'aquesta llesca és de 0.2391.

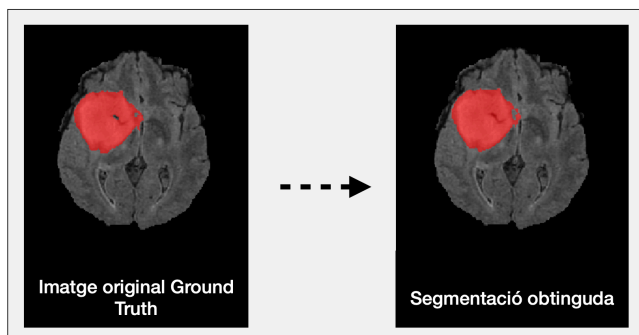
Deep learning

A continuació, es mostraran els resultats obtinguts de la segmentació del tumor sencer mitjançant algoritmes de DL. De la mateixa manera que amb l'algoritme K-means, la BD s'ha dividit en 80% de les dades per l'entrenament i la validació i, 20% pel testeig dels models obtinguts. Cal destacar que, durant l'entrenament dels models, el cross-validation utilitzat (de 5 folds) ha sigut el mateix en cada una de les diferents versions desenvolupades, amb la finalitat de posteriorment, poder comparar els resultats obtinguts. Els resultats del testeig són els següents:

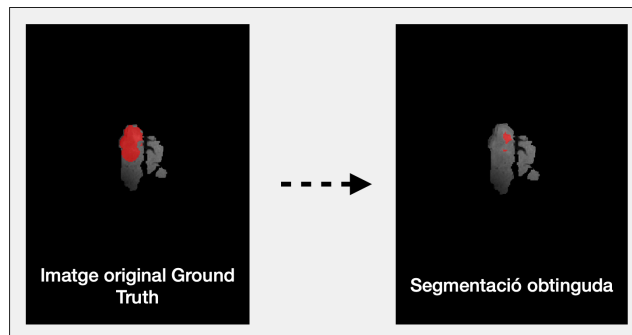
	DSC		HD		Especificitat	Sensibilitat
	Mean	Std	Mean	Std		
Ensemble 1	0.7602	0.1540	1.4678	0.5179	0.9970	0.8819
Ensemble 2	0.8346	0.1319	1.5223	0.5525	0.9992	0.8091
Voting	0.8323	0.1318	1.5234	0.5510	0.9992	0.8085
Resultat de tots els models	Model 1: 0.8013 Model 2: 0.8068 Model 3: 0.8073 Model 4: 0.7960 Model 5: 0.8135	Model 1: 0.1362 Model 2: 0.1462 Model 3: 0.1543 Model 4: 0.1448 Model 5: 0.1489	Model 1: 1.5072 Model 2: 1.5581 Model 3: 1.5529 Model 4: 1.5432 Model 5: 1.5468	Model 1: 0.5434 Model 2: 0.5532 Model 3: 0.5477 Model 4: 0.5608 Model 5: 0.5467	Model 1: 0.9987 Model 2: 0.9990 Model 3: 0.9982 Model 4: 0.9990 Model 5: 0.9989	Model 1: 0.8294 Model 2: 0.7829 Model 3: 0.7982 Model 4: 0.7969 Model 5: 0.8023

Taula 8. Resultats del testatge del mètode ensemble 1 (agafem el màxim de les probabilitats de cada píxel dels 5 models), del mètode ensemble 2 (agafem la mitjana de les probabilitats de cada píxel dels 5 models), del mètode voting (agafem la majoria de les probabilitats de cada píxel dels 5 models) i, dels 5 models obtinguts durant l'entrenament, mitjançant el DSC, la HD, l'especificitat i la sensibilitat.

A les il·lustracions 45 i 46 podem observar alguns exemples visuals (tant de resultats amb un DSC molt alt, com de resultats amb un DSC més baix) de la segmentació realitzada mitjançant el model amb el qual vam obtenir els millors resultats, és a dir, amb el model creat mitjançant la mitjana de probabilitats dels 5 models (ensemble 2).



Il·lustració 45. Exemple dels resultats obtinguts, mitjançant el mètode ensemble 2, de la llesca 68 de la imatge 6 del conjunt de testeig. El DSC obtingut en la segmentació d'aquesta llesca és de 0.9780.



Il·lustració 46. Exemple dels resultats obtinguts, mitjançant el mètode ensemble 2, de la llesca 130 de la imatge 10 del conjunt de testeig. El DSC obtingut en la segmentació d'aquesta llesca és de 0.1873.

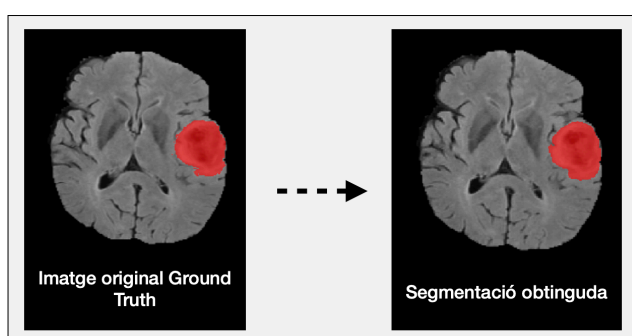
A continuació, vam aplicar la primera millora del programa, la qual va ser l'anomenada *Background Crop*. Els resultats aconseguits en aplicar els models obtinguts a les dades de testeig, van ser els següents:

	DSC		HD		Especificitat	Sensibilitat
	Mean	Std	Mean	Std		
Ensemble 1	0.7774	0.1754	1.6898	0.6030	0.9867	0.8922
Ensemble 2	0.8231	0.1546	1.7194	0.6272	0.9955	0.8267
Voting	0.8204	0.1550	1.7206	0.6264	0.9955	0.8266

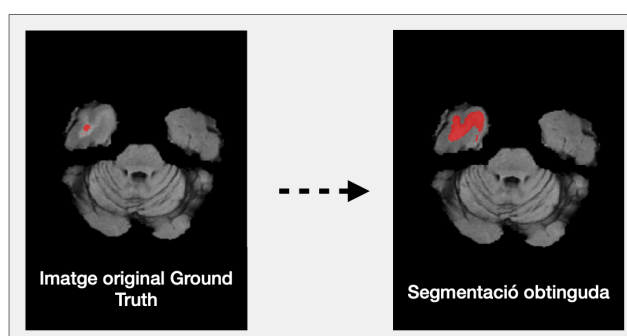
	DSC		HD		Especificitat	Sensibilitat
	Model 1	Model 2	Model 3	Model 4		
Resultat de tots els models	Model 1: 0.7959	Model 1: 1.1732	Model 1: 1.7675	Model 1: 0.6377	Model 1: 0.9895	Model 1: 0.8217
	Model 2: 0.8014	Model 2: 0.1623	Model 2: 1.7640	Model 2: 0.6479	Model 2: 0.9905	Model 2: 0.8056
	Model 3: 0.8035	Model 3: 0.1632	Model 3: 1.7521	Model 3: 0.6241	Model 3: 0.9932	Model 3: 0.8252
	Model 4: 0.7999	Model 4: 0.1543	Model 4: 1.7245	Model 4: 0.6076	Model 4: 0.9961	Model 4: 0.8298
	Model 5: 0.8069	Model 5: 0.1477	Model 5: 1.7326	Model 5: 0.6128	Model 5: 0.9970	Model 5: 0.8175

Taula 9. Resultats del testatge del mètode ensemble 1 (agafem el màxim de les probabilitats de cada píxel dels 5 models), del mètode ensemble 2 (agafem la mitjana de les probabilitats de cada píxel dels 5 models), del mètode voting (agafem la majoria de les probabilitats de cada píxel dels 5 models) i, dels 5 models obtinguts durant l'entrenament, mitjançant el DSC, la HD, l'especificitat i la sensibilitat.

A les il·lustracions 47 i 48 podem observar alguns exemples visuals (tant de resultats amb un DSC molt alt, com de resultats amb un DSC més baix) de la segmentació realitzada mitjançant el model amb el qual vam obtenir els millors resultats, és a dir, amb el model creat mitjançant la mitjana de probabilitats dels 5 models. (ensemble 2).



Il·lustració 47. Exemple dels resultats obtinguts, mitjançant el mètode ensemble 2, de la llesca 69 de la imatge 19 del conjunt de testeig. El DSC obtingut en la segmentació d'aquesta llesca és de 0.9625.



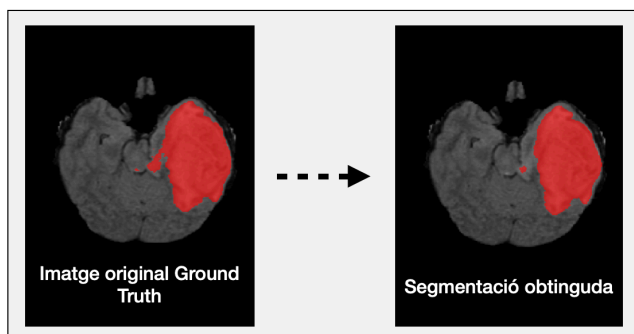
Il·lustració 48. Exemple dels resultats obtinguts, mitjançant el mètode ensemble 2, de la llesca 40 de la imatge 24 del conjunt de testeig. El DSC obtingut en la segmentació d'aquesta llesca és de 0.1524.

Seguidament, vam aplicar la segona i última millora del programa, la qual va ser l'anomenada *Data Augmentation*. Els resultats aconseguits en aplicar els models obtinguts a les dades de testeig, van ser els següents:

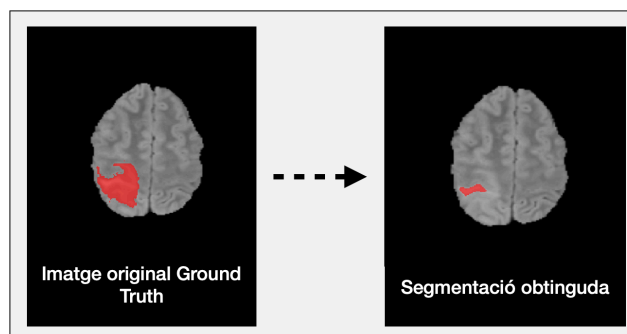
	DSC		HD		Especificitat	Sensibilitat
	Mean	Std	Mean	Std		
Ensemble 1	0.7856	0.1866	1.6553	0.6155	0.9787	0.9060
Ensemble 2	0.8249	0.1711	1.6741	0.6000	0.9892	0.8505
Voting	0.8234	0.1715	1.6753	0.5994	0.9891	0.8506
Resultat de tots els models	Model 1: 0.8107	Model 1: 0.1751	Model 1: 1.6943	Model 1: 0.6003	Model 1: 0.8489	Model 1: 0.9887
	Model 2: 0.8043	Model 2: 0.1811	Model 2: 1.7033	Model 2: 0.6230	Model 2: 0.8513	Model 2: 0.9826
	Model 3: 0.8016	Model 3: 0.1824	Model 3: 1.7158	Model 3: 0.6307	Model 3: 0.8376	Model 3: 0.9822
	Model 4: 0.8144	Model 4: 0.1664	Model 4: 1.6974	Model 4: 0.5918	Model 4: 0.8363	Model 4: 0.9927
	Model 5: 0.8254	Model 5: 0.1282	Model 5: 1.6603	Model 5: 0.5846	Model 5: 0.8330	Model 5: 0.9980

Taula 10. Resultats del testatge del mètode ensemble 1 (agafem el màxim de les probabilitats de cada píxel dels 5 models), del mètode ensemble 2 (agafem la mitjana de les probabilitats de cada píxel dels 5 models), del mètode voting (agafem la majoria de les probabilitats de cada píxel dels 5 models) i, dels 5 models obtinguts durant l'entrenament, mitjançant el DSC, la HD, l'especificitat i la sensibilitat.

A les il·lustracions 49 i 50 podem observar alguns exemples visuals (tant de resultats amb un DSC molt alt, com de resultats amb un DSC més baix) de la segmentació realitzada mitjançant el model amb el qual vam obtenir els millors resultats, és a dir, amb el model número 5.



Il·lustració 49. Exemple dels resultats obtinguts, mitjançant el model 5, de la llesca 48 de la imatge 9 del conjunt de testeig. El DSC obtingut en la segmentació d'aquesta llesca és de 0.9595.



Il·lustració 50. Exemple dels resultats obtinguts, mitjançant el model 5, de la llesca 122 de la imatge 1 del conjunt de testeig. El DSC obtingut en la segmentació d'aquesta llesca és de 0.2361.

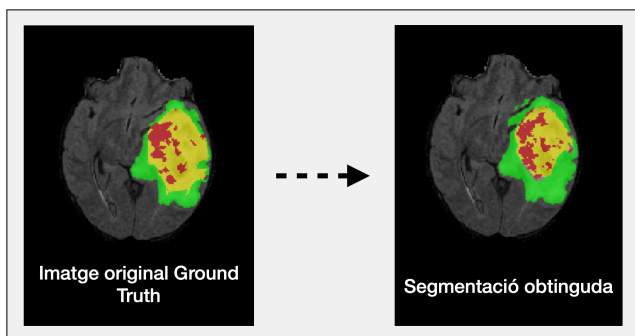
6.1.2. Avaluació de la segmentació del tumor en subregions

A continuació, un cop vam acabar amb la part de la segmentació del tumor sencer, vam començar amb la segmentació d'aquest en subregions. En aquest cas, els resultats obtinguts provenen de calcular el DSC, la HD, l'especificitat i la sensibilitat, de forma individual per cada subregió. Un cop dit això, els resultats obtinguts, en aplicar els diferents models a les dades de testeig, van ser els següents:

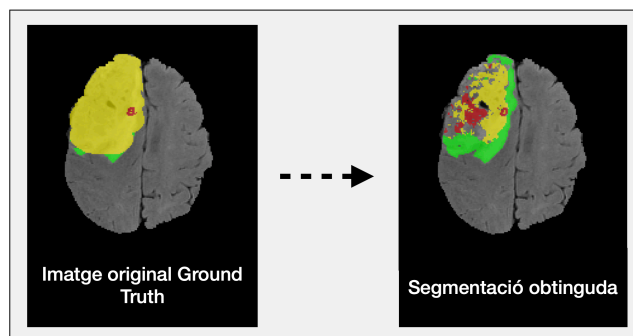
		DSC		HD		Especificitat	Sensibilitat
		Mean	Std	Mean	Std		
Ensemble 1	NT	0.2210	0.0763	1.3545	0.6680	0.9778	0.6615
	EP	0.2749	0.1027	1.7059	0.6433	0.9801	0.8496
	TR	0.1348	0.0380	0.3616	0.3562	0.9784	0.8815
Ensemble 2	NT	0.7429	0.1132	1.5207	0.7833	0.9998	0.3233
	EP	0.7019	0.1712	1.6736	0.6276	0.9935	0.6760
	TR	0.7798	0.1778	0.3059	0.3031	0.9997	0.7112
Voting	NT	0.7402	0.1173	1.5134	0.7795	0.9997	0.3276
	EP	0.6902	0.1711	1.6716	0.6272	0.9935	0.6787
	TR	0.7705	0.1782	0.3059	0.3041	0.9997	0.7160
Resultat de tots els models	NT	Model 1: 0.4398	Model 1: 0.1182	Model 1: 1.5684	Model 1: 0.8134	Model 1: 0.9924	Model 1: 0.2873
		Model 2: 0.1886	Model 2: 0.0532	Model 2: 1.5144	Model 2: 0.7363	Model 2: 0.9790	Model 2: 0.3672
		Model 3: 0.5882	Model 3: 0.1717	Model 3: 1.3863	Model 3: 0.6128	Model 3: 0.9990	Model 3: 0.4447
	EP	Model 4: 0.7290	Model 4: 0.1494	Model 4: 1.4839	Model 4: 0.7810	Model 4: 0.9994	Model 4: 0.3753
		Model 5: 0.7211	Model 5: 0.1635	Model 5: 1.5229	Model 5: 0.7812	Model 5: 0.9996	Model 5: 0.3149
		Model 1: 0.4034	Model 1: 0.1287	Model 1: 1.6935	Model 1: 1.6935	Model 1: 0.9924	Model 1: 0.6830
	TR	Model 2: 0.2250	Model 2: 0.0762	Model 2: 1.8349	Model 2: 0.7363	Model 2: 0.9864	Model 2: 0.4396
		Model 3: 0.4858	Model 3: 0.1728	Model 3: 1.6563	Model 3: 0.6128	Model 3: 0.9913	Model 3: 0.7067
		Model 4: 0.7034	Model 4: 0.1745	Model 4: 1.6811	Model 4: 0.6293	Model 4: 0.9942	Model 4: 0.6453
TR	Model 5: 0.7009	Model 5: 0.1694	Model 5: 1.6777	Model 5: 0.6268	Model 5: 0.9933	Model 5: 0.7023	
	Model 1: 0.5027	Model 1: 0.1308	Model 1: 0.3179	Model 1: 0.3153	Model 1: 0.9996	Model 1: 0.6776	
	Model 2: 0.1303	Model 2: 0.0323	Model 2: 0.3844	Model 2: 0.3957	Model 2: 0.9805	Model 2: 0.4303	
TR	Model 3: 0.4952	Model 3: 0.1879	Model 3: 0.3160	Model 3: 0.3059	Model 3: 0.9979	Model 3: 0.7882	
	Model 4: 0.7804	Model 4: 0.1950	Model 4: 0.3140	Model 4: 0.3110	Model 4: 0.9997	Model 4: 0.6904	
	Model 5: 0.7616	Model 5: 0.1950	Model 5: 0.3157	Model 5: 0.3080	Model 5: 0.9992	Model 5: 0.7313	

Taula 11. Resultats del testatge del mètode ensemble 1 (agafem el màxim de les probabilitats de cada píxel dels 5 models), del mètode ensemble 2 (agafem la mitjana de les probabilitats de cada píxel dels 5 models), del mètode voting (agafem la majoria de les probabilitats de cada píxel dels 5 models) i, dels 5 models obtinguts durant l'entrenament, mitjançant el càlcul del DSC, la HD, l'especificitat i la sensibilitat per cada subregió (NT= nucli tumoral, EP= edema peritumoral i, TR= tumor realçat amb GD).

A les il·lustracions 51 i 52 podem observar alguns exemples visuals (tant de resultats amb un DSC molt alt, com de resultats amb un DSC més baix) de la segmentació realitzada mitjançant el model amb el qual vam obtenir els millors resultats, és a dir, amb el model creat mitjançant la mitjana de probabilitats dels 5 models (ensamble 2).



Il·lustració 51. Exemple dels resultats obtinguts, mitjançant el mètode ensembre 2, de la llesca 62 de la imatge 9 del conjunt de testeig. El DSC obtinguts en la segmentació d'aquesta llesca són 0.7021, 0.7623, 0.6713 del NT (groc), EP (verd) i TR (vermell) respectivament.



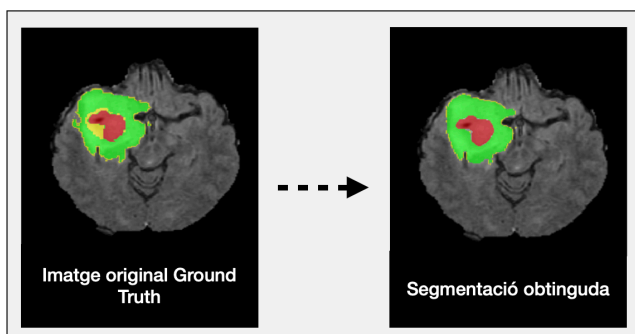
Il·lustració 52. Exemple dels resultats obtinguts, mitjançant el mètode ensembre 2, de la llesca 104 de la imatge 10 del conjunt de testeig. El DSC obtinguts en la segmentació d'aquesta llesca és de 0.4981, 0.1640, 0.1483 del NT (groc), EP (verd) i TR (vermell) respectivament.

A continuació, es va aplicar la primera millora del programa, la qual va ser l'anomenada *Background Crop*. Els resultats aconseguits en aplicar els models obtinguts a les dades de testeig, van ser els següents:

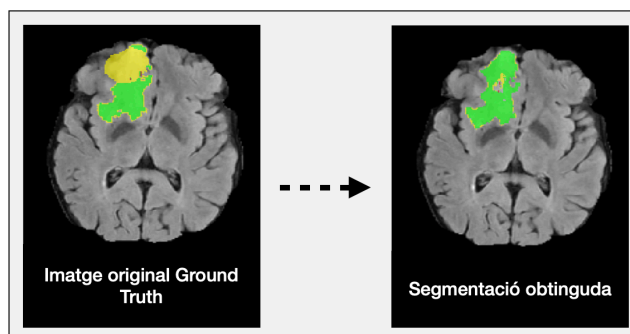
		DSC		HD		Especificitat	Sensibilitat
		Mean	Std	Mean	Std		
Ensemble 1	NT	0.5328	0.1534	1.8603	0.6121	0.9904	0.6163
	EP	0.5568	0.1761	1.7827	0.6905	0.9823	0.7783
	TR	0.5962	0.1974	0.3376	0.3362	0.9972	0.8065
Ensemble 2	NT	0.6467	0.1493	2.1254	0.7508	0.9989	0.3378
	EP	0.7145	0.1607	1.7919	0.6906	0.9915	0.6266
	TR	0.8133	0.1774	0.3426	0.3508	0.9996	0.6408
Voting	NT	0.6450	0.1484	2.1143	0.7457	0.9987	0.3409
	EP	0.7126	0.1616	1.7896	0.6897	0.9914	0.6252
	TR	0.8075	0.1807	0.3421	0.3495	0.9996	0.6425
Resultat de tots els models	NT	Model 1: 0.6282 Model 2: 0.6429 Model 3: 0.6451 Model 4: 0.6371 Model 5: 0.4964	Model 1: 0.1553 Model 2: 0.1451 Model 3: 0.1544 Model 4: 0.1551 Model 5: 0.1502	Model 1: 2.0879 Model 2: 2.0694 Model 3: 2.0889 Model 4: 2.0868 Model 5: 2.0529	Model 1: 0.7330 Model 2: 0.7157 Model 3: 0.7541 Model 4: 0.7342 Model 5: 0.7038	Model 1: 0.9961 Model 2: 0.9984 Model 3: 0.9960 Model 4: 0.9976 Model 5: 0.9970	Model 1: 0.3525 Model 2: 0.3636 Model 3: 0.3711 Model 4: 0.3521 Model 5: 0.3783
	EP	Model 1: 0.6922 Model 2: 0.7057 Model 3: 0.6990 Model 4: 0.6946 Model 5: 0.557	Model 1: 0.1694 Model 2: 0.1619 Model 3: 0.1669 Model 4: 0.1703 Model 5: 0.1688	Model 1: 1.7977 Model 2: 1.7886 Model 3: 1.8105 Model 4: 1.8103 Model 5: 1.7787	Model 1: 0.6919 Model 2: 0.6898 Model 3: 0.7003 Model 4: 0.6953 Model 5: 0.6904	Model 1: 0.9890 Model 2: 0.9927 Model 3: 0.9918 Model 4: 0.9886 Model 5: 0.9909	Model 1: 0.6253 Model 2: 0.6216 Model 3: 0.5658 Model 4: 0.6134 Model 5: 0.6420
	TR	Model 1: 0.7697 Model 2: 0.7891 Model 3: 0.7887 Model 4: 0.7931 Model 5: 0.6310	Model 1: 0.1917 Model 2: 0.1931 Model 3: 0.1965 Model 4: 0.1991 Model 5: 0.1857	Model 1: 0.3474 Model 2: 0.3517 Model 3: 0.3548 Model 4: 0.3496 Model 5: 0.3401	Model 1: 0.3538 Model 2: 0.3554 Model 3: 0.3596 Model 4: 0.3541 Model 5: 0.3433	Model 1: 0.9992 Model 2: 0.9994 Model 3: 0.9993 Model 4: 0.9995 Model 5: 0.9982	Model 1: 0.6293 Model 2: 0.6235 Model 3: 0.6242 Model 4: 0.6056 Model 5: 0.7130

Taula 12. Resultats del testatge del mètode ensembre 1 (agafem el màxim de les probabilitats de cada píxel dels 5 models), del mètode ensembre 2 (agafem la mitjana de les probabilitats de cada píxel dels 5 models), del mètode voting (agafem la majoria de les probabilitats de cada píxel dels 5 models) i, dels 5 models obtinguts durant l'entrenament, mitjançant el càlcul del DSC, la HD, l'especificitat i la sensibilitat per cada subregió (NT= nucli tumoral, EP= edema peritumoral i, TR= tumor realçat amb GD).

A les il·lustracions 53 i 54 podem observar alguns exemples visuals (tant de resultats amb un DSC molt alt, com de resultats amb un DSC més baix) de la segmentació realitzada mitjançant el model amb el qual vam obtenir els millors resultats, és a dir, amb el model creat mitjançant la mitjana de probabilitats dels 5 models (ensamble 2).



Il·lustració 53. Exemple dels resultats obtinguts, mitjançant el mètode ensamble 2, de la llesca 58 de la imatge 6 del conjunt de testeig. El DSC obtinguts en la segmentació d'aquesta llesca són 0.3327, 0.8939, 0.9510 del NT (groc), EP (verd) i TR (vermell) respectivament.



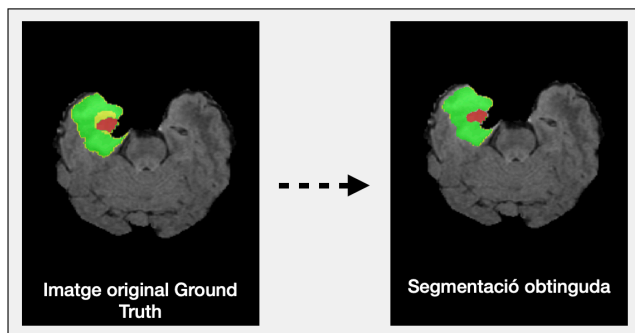
Il·lustració 54. Exemple dels resultats obtinguts, mitjançant el mètode ensamble 2, de la llesca 68 de la imatge 12 del conjunt de testeig. El DSC obtinguts en la segmentació d'aquesta llesca és de 0.2610, 0.7346, 0.1818 del NT (groc), EP (verd) i TR (vermell) respectivament.

Seguidament, vam aplicar la segona i última millora del programa, la qual va ser l'anomenada *Data Augmentation*. Els resultats aconseguits en aplicar els models obtinguts a les dades de testeig, van ser els següents:

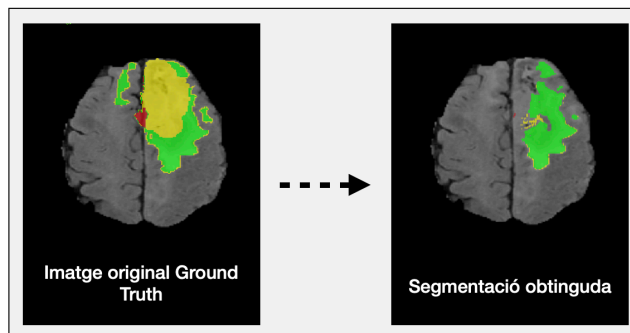
		DSC		HD		Especificitat	Sensibilitat
		Mean	Std	Mean	Std		
Ensemble 1	NT	0.5959	0.1761	1.8754	0.6366	0.9863	0.6193
	EP	0.5954	0.1959	1.6718	0.6391	0.9847	0.7938
	TR	0.6252	0.2206	0.3375	0.3326	0.9897	0.7911
Ensemble 2	NT	0.6557	0.1475	2.0893	0.7341	0.9973	0.3951
	EP	0.7196	0.1596	1.6987	0.7341	0.9949	0.5977
	TR	0.8212	0.1955	0.3418	0.3497	0.9995	0.6554
Voting	NT	0.6535	0.1487	2.0807	0.7331	0.9970	0.3949
	EP	0.7139	0.1666	1.6948	0.6548	0.9948	0.5993
	TR	0.8132	0.1960	0.3418	0.3492	0.9994	0.6581
Resultat de tots els models	NT	Model 1: 0.6377 Model 2: 0.6442 Model 3: 0.6413 Model 4: 0.6079 Model 5: 0.5863	Model 1: 0.1614 Model 2: 0.1660 Model 3: 0.1534 Model 4: 0.1740 Model 5: 0.1450	Model 1: 2.0648 Model 2: 2.0092 Model 3: 2.1009 Model 4: 2.0499 Model 5: 2.0634	Model 1: 0.7348 Model 2: 0.6902 Model 3: 0.7366 Model 4: 0.6488 Model 5: 0.7261	Model 1: 0.9938 Model 2: 0.9971 Model 3: 0.9927 Model 4: 0.9932 Model 5: 0.9983	Model 1: 0.4186 Model 2: 0.4404 Model 3: 0.3856 Model 4: 0.3988 Model 5: 0.3771
	EP	Model 1: 0.6882 Model 2: 0.6783 Model 3: 0.7038 Model 4: 0.6571 Model 5: 0.6244	Model 1: 0.1823 Model 2: 0.1932 Model 3: 0.1769 Model 4: 0.1833 Model 5: 0.1812	Model 1: 2.0648 Model 2: 2.0092 Model 3: 2.1009 Model 4: 2.0499 Model 5: 2.0634	Model 1: 0.6747 Model 2: 0.6684 Model 3: 0.6508 Model 4: 0.6488 Model 5: 0.6675	Model 1: 0.9926 Model 2: 0.9954 Model 3: 0.9997 Model 4: 0.9991 Model 5: 0.9939	Model 1: 0.5817 Model 2: 0.5890 Model 3: 0.5869 Model 4: 0.6685 Model 5: 0.6002
	TR	Model 1: 0.8095 Model 2: 0.7516 Model 3: 0.8322 Model 4: 0.7457 Model 5: 0.7070	Model 1: 0.2275 Model 2: 0.2248 Model 3: 0.1949 Model 4: 0.1713 Model 5: 0.1949	Model 1: 0.3561 Model 2: 0.3409 Model 3: 0.3580 Model 4: 0.3410 Model 5: 0.3548	Model 1: 0.3617 Model 2: 0.3394 Model 3: 0.3658 Model 4: 0.3451 Model 5: 0.3551	Model 1: 0.9984 Model 2: 0.9968 Model 3: 0.9997 Model 4: 0.9991 Model 5: 0.9922	Model 1: 0.6113 Model 2: 0.7049 Model 3: 0.5824 Model 4: 0.7031 Model 5: 0.6360

Taula 13. Resultats del testatge del mètode ensamble 1 (agafem el màxim de les probabilitats de cada píxel dels 5 models), del mètode ensamble 2 (agafem la mitjana de les probabilitats de cada píxel dels 5 models), del mètode voting (agafem la majoria de les probabilitats de cada píxel dels 5 models) i, dels 5 models obtinguts durant l'entrenament, mitjançant el càlcul del DSC, la HD, l'especificitat i la sensibilitat per cada subregió (NT= nucli tumoral, EP= edema peritumoral i, TR= tumor realçat amb GD).

A les il·lustracions 55 i 56 podem observar alguns exemples visuals (tant de resultats amb un DSC molt alt, com de resultats amb un DSC més baix) de la segmentació realitzada mitjançant el model amb el qual vam obtenir els millors resultats, és a dir, amb el model creat mitjançant la mitjana de probabilitats dels 5 models (ensamble 2).



Il·lustració 55. Exemple dels resultats obtinguts, mitjançant el mètode ensamble 2, de la llesca 46 de la imatge 6 del conjunt de testeig. El DSC obtinguts en la segmentació d'aquesta llesca són 0.2584, 0.8829, 0.9166 del NT (groc), EP (verd) i TR (vermell) respectivament.



Il·lustració 56. Exemple dels resultats obtinguts, mitjançant el mètode ensamble 2, de la llesca 108 de la imatge 13 del conjunt de testeig. El DSC obtinguts en la segmentació d'aquesta llesca és de 0.0785, 0.6540, 0.0710 del NT (groc), EP (verd) i TR (vermell) respectivament.

6.2. Impressió en 3D

Per acabar, vam executar les impressions dels models finals. Primerament, vam realitzar la impressió del model mitjançant el tall sagital. Els resultats obtinguts es poden observar en les il·lustracions 57, 58 i 59.



Il·lustració 57. Visió lateral del model del tumor + el model del crani (tall sagital).

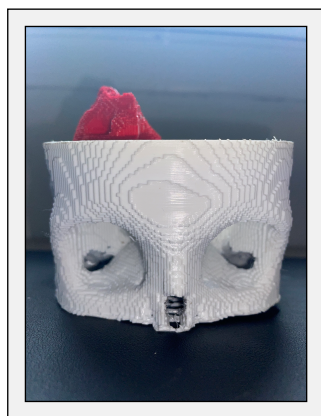


Il·lustració 58. Visió frontal del model final (tall sagital).



Il·lustració 59. Visió frontal del model del tumor + el model del crani (tall sagital).

Finalment, un cop imprès el model anterior, vam imprimir el model mitjançant el tall transversal. Els resultats obtinguts es poden observar en les il·lustracions 60, 61, 62 i 63.



Il·lustració 60. Visió frontal del model del tumor + el model del crani (tall transversal).



Il·lustració 61. Visió superior del model del tumor + el model del crani (tall transversal).



Il·lustració 62. Visió frontal del model final (tall transversal).



Il·lustració 63. Visió inferior del model del tumor + el model del crani (tall transversal).

Discussió

7.1. Limitacions

La realització del projecte ha estat molt satisfactòria i exitosa, no obstant això, ens hem trobat amb algunes limitacions i problemes al llarg de l'execució d'aquest. Aquestes limitacions són les següents:

- La primera limitació que vam tenir va ser a l'hora de fer els entrenaments de DL, ja que el cost computacional dels entrenaments era molt alt. Per la qual cosa, vam haver d'establir uns hiperparàmetres estàndards i realitzar tots els entrenaments amb aquests, amb excepció dels casos on realitzàvem 'Data Augmentation', ja que en aquests casos el temps computacional era molt més gran, per la qual cosa vam haver de baixar el nombre d'èpoques utilitzades per l'entrenament d'aquests models. A més a més, donat que en el present projecte s'han utilitzat 285 casos, on per cada cas tenim 4 modalitats (amb 155 llesques cada una), vam haver d'adaptar els models que realitzaven 'Data Augmentation' per tal de poder realitzar l'entrenament, ja que degut a l'augment de dades (triplicàvem la BD original), saturàvem els recursos disponibles de GPU i de memòria del servidor de VICOROB.
- La segona limitació està relacionada amb la manca de mètodes existents per passar d'una imatge 'nifti' a una imatge amb format 'stl'. Tal com s'ha comentat anteriorment, gràcies al codi de l'Amir Safari, vam aconseguir passar d'un format a un altre. Tot i això, en realitzar la impressió 3D vam observar que no era una reconstrucció perfecta.
- Finalment, la tercera i última limitació que ens vam trobar, va ser a l'hora de realitzar les impressions 3D. Deguda la mida dels models que s'han imprès en el projecte, només hem pogut realitzar una impressió a tamany real de cada un d'ells, ja que el temps d'impressió i la quantitat de material necessari per dur a terme la impressió d'aquests, era molt gran. Com a conseqüència, tot i haver fet diverses proves d'impressions dels models a una escala més petita, en imprimir aquests a escala real, vam haver de fer modificacions manuals, per tal de poder ajuntar-los.

Tot i les limitacions que acabem d'esmentar, els resultats obtinguts en el projecte han sigut exitosos i molt gratificants.

7.2. Contribucions als objectius de desenvolupament sostenible (ODS) de les Nacions Unides:

La finalitat d'aquest projecte és desenvolupar mètodes per realitzar un preoperatori més complet i personalitzat. Donada la informació espacial i la utilitat que ens aporten els mètodes que s'han desenvolupat en aquest treball, es preveu reduir la mortalitat de malalties neurològiques. Per tant, de la mateixa manera que l'objectiu 3 (58) dels objectius de desenvolupament sostenible (ODS) de les Nacions Unides (il·lustració 64), estem contribuint a garantir una vida sana i, a promoure el benestar per tothom en totes les edats. A més a més, donat que en aquest projecte s'ha vetllat per utilitzar només els recursos necessaris, tant en termes de materials com en termes de recursos computacionals, estem contribuint en l'objectiu 12 (59) dels ODS (veure il·lustració 65), el qual consisteix en una producció i un consum responsable.



Il·lustració 64. Objectiu 3 dels ODS (53).



Il·lustració 65. Objectiu 12 dels ODS [49].

Conclusions

Com a resultat del present treball, s'han desenvolupat mètodes de segmentació de tumors cerebrals mitjançant algoritmes no supervisats, com el K-means, i algoritmes supervisats basats en DL. Pel desenvolupament dels diferents mètodes de segmentació tumoral que acabem d'esmentar, s'ha utilitzat la BD procedent del repte internacional BraTS'18, la qual conté 285 casos d'imatges multimodals (T1, T2, T1 amb contrast i FLAIR) amb 155 llesques cada una. Finalment, un cop segmentat el tumor, s'ha realitzat la impressió de dos models 3D (a mida real) del crani i del tumor del pacient. Tal com s'ha comentat al llarg de tot el projecte, la finalitat d'aquest és proporcionar nous mètodes per realitzar un preoperatori més complet i personalitzat.

Inicialment, el primer model que es va desenvolupar va ser el model en el qual vam utilitzar l'algoritme K-means. Tal com era d'esperar, donada la naturalesa d'aquest algoritme, els valors no van ser força bons, ja que en aplicar l'algoritme en qüestió a les imatges del testeig, vam obtenir una mitjana de valors de DSC del 0.49. Seguidament, els 3 següents models que es van desenvolupar (un model normal i les seves dues variacions: Background Crop i Data Augmentation) es van basar en la utilització del DL per tal de realitzar la mateixa tasca que l'algoritme K-means. A diferència del que s'esperava, en aplicar les diferents variacions del programa, els resultats no van millorar respecte als obtinguts en la versió inicial. Tot i això, mitjançant els models desenvolupats, s'han obtingut valors de DSC de gairebé 0.84, per tant, podem afirmar que els resultats obtinguts de la segmentació del tumor sencer, són molt bons. Cal destacar que, tot i que la idea inicial del projecte era realitzar l'entrenament dels models de les diferents variacions del programa inicial, utilitzant els mateixos hiperparàmetres (Batch_Size=8 i epochs=50), degut al cost computacional que comportava aplicar la versió 'Data Augmentation', per tal de poder realitzar l'entrenament d'aquesta variació, es va haver de reduir les èpoques de l'entrenament fins a un valor de 20.

A continuació, es van desenvolupar els darrers 3 models (un model normal i les seves dues variacions: Background Crop i Data Augmentation), els quals es van basar en la utilització de DL per tal de realitzar la segmentació del tumor en subregions. En aquest cas, a diferència que en el cas de la segmentació del tumor sencer, tal com s'esperava, els resultats van anar augmentant lleugerament en aplicar les diferents variacions del programa, aconseguint valors de DSC del 0.6557, 0.7196 i 0.8212 de NT, ED i TR respectivament. Per tant, degut als resultats que acabem d'esmentar, també podem afirmar que els resultats obtinguts en la segmentació del tumor en subregions, són molt bons. Cal destacar que, de la mateixa manera que en el cas de la segmentació del tumor sencer, degut al cost computacional que comportava aplicar la versió 'Data Augmentation', per tal de poder realitzar l'entrenament d'aquesta variació, es va haver de reduir les èpoques de l'entrenament fins a un valor de 20.

Finalment, un cop vam obtenir les segmentacions del tumor, vam imprimir dos models en 3D (un amb un tall sagital i un altre amb un tall transversal), amb els quals vam aconseguir una precisió molt acurada del crani i del tumor del pacient en qüestió.

A més a més, a part dels resultats obtinguts, s'han complert amb tots els objectius definits a l'inici del projecte:

1. S'ha realitzat una recerca dels projectes més recents proposats en el repte anomenat 'The Brain Tumor Segmentation (BraTS).
2. S'han realitzat models utilitzant mètodes no supervisats així com tècniques supervisades basades en xarxes neuronals convolucionals (CNNs).
3. S'han creat dos models: un de segmentació del tumor sencer i un altre de les subregions del tumor.
4. S'han avaluat quantitativament els resultats mitjançant el GT proporcionat pel repte BraTS.

5. S'ha realitzat una reconstrucció i una impressió 3D dels models.
6. I finalment, s'ha elaborat aquesta memòria.

Per tant, donat que s'han obtingut molt bons resultats tant amb la part de segmentació del tumor, com amb la part d'impressió 3D, i, a més a més, s'ha complert amb tots els objectius definits a l'inici del projecte, podem concloure que el present treball ha sigut exitós i molt satisfactori.

8.1. Treball futur

Tot i estar molt satisfet amb els resultats obtinguts, es podrien aplicar una sèrie de millores per tal d'incrementar el valor d'aquests. Per una banda, les millores a curt termini que es podrien realitzar, són les següents:

- La primera millora a curt termini està relacionada amb els hiperparàmetres utilitzats en el projecte. Tal com s'ha comentat anteriorment, donat el cost computacional dels entrenaments realitzats, no s'ha pogut realitzar un anàlisi exhaustiu de quins són els hiperparàmetres que millor s'ajusten a la tasca que volem realitzar. Per tant, la primera millora consistiria exactament en això, en realitzar un anàlisi exhaustiu per tal de trobar els hiperparàmetres que millors resultats ens proporcionen.
- La segona millora a curt termini consistiria a provar diferents arquitectures d'algoritmes de DL. En el present projecte només s'ha utilitzat l'estructura de les U-NET, ja que en la literatura científica els millors resultats s'aconsegueixen amb aquesta tipologia d'arquitectura. No obstant això, es podria donar el cas que utilitzant alguna altra arquitectura, o la combinació de diverses, obtinguéssim resultats més bons que no pas amb les U-NET.
- La tercera millora a curt termini està relacionada amb el darrer apartat del projecte, el d'impressió 3D. En el present treball, per imprimir el model final s'han hagut de realitzar 3 impressions diferents, ja que la impressora que s'ha utilitzat era una impressora d'un sol extrusor. Aquesta tercera millora consistiria a imprimir el model final mitjançant una impressora de doble extrusor, ja que mitjançant aquesta doble extrusió que ens proporcionaria la impressora, seríem capaços d'imprimir el model en una sola impressió, evitant d'aquesta manera haver de fer modificacions manuals als models finals, per tal que aquests encaixin.

Per altra banda, les millores a llarg termini, són les següents:

- La primera millora a llarg termini està relacionada amb la part de reconstrucció 3D del projecte. Tal com s'ha comentat anteriorment, els mètodes existents per convertir una imatge 'nifti' a una imatge 'stl' són molt escassos i, els que existeixen, els resultats no són perfectes. Per tant, una possible millora seria la d'implementar un programa per fer aquesta conversió de format entre imatge 'nifti' i imatge 'stl', per tal d'obtenir una reconstrucció 3D molt més precisa i acurada del model final.
- Seguidament, la segona millora a llarg termini està relacionada amb la impressora utilitzada per realitzar el projecte. Per tal d'aconseguir models finals més realistes, una possible millora seria la d'implementar nous mètodes i/o utilitzar impressores 3D diferents, per tal d'aconseguir realitzar impressions 3D on els diferents teixits impresos tinguin textures i densitats diferents.
- Finalment, l'última millora a llarg termini, seria la de fer un pas endavant i passar de la impressió 3D, a la bioimpressió 3D. Aleshores, en comptes d'imprimir el model final mitjançant materials plàstics, fariem servir material biològic, la qual cosa proporcionaria una visió molt realista del que el cirurgià es trobarà en realitzar la intervenció. Cal tenir en compte que, tot i que deguda la complexitat d'aquesta millora, aquesta està pensada a molt llarg termini, els beneficis que podríem obtenir d'imprimir models com aquests, amb els quals poder practicar les cirurgies abans de realitzar-les, serien incalculables.

Referències

1. Menéndez APr. Las enfermedades neurológicas son las causantes del 19% de las muertes que se producen cada año en España.
2. Cirugía de los tumores cerebrales.Tratamiento. Clínica Universidad de Navarra.
3. Sobre de la neurociencia | NICHD Español.
4. Neuroimatge - Viquipèdia, l'enciclopèdia lliure.
5. Raymond Damadian - Wikipedia, la enciclopedia libre.
6. Historia de la Resonancia Magnética.
7. Resonancia magnética T1 y T2, imágenes potenciadas | Eva.
8. Secuencia de densidad protónica. Diccionario médico. Clínica Universidad de Navarra.
9. Recuperación de la inversión atenuada de fluido - Wikipedia, la enciclopedia libre.
10. MRI Basics.
11. Tumores cerebrales: MedlinePlus en español.
12. Glioblastoma - Descripción general - Mayo Clinic.
13. (PDF) Phase congruency map driven brain tumour segmentation.
14. Gliomas de bajo grado.Tratamiento y sus controversias - Unidad de Neurocirugía RGS.
15. Glioma de bajo grado o Astrocitoma de bajo grado - Unidad de Neurocirugía Bilbao.
16. ¿Qué es la Inteligencia Artificial? - Iberdrola.
17. 'Machine Learning': definición, tipos y aplicaciones prácticas - Iberdrola.
18. Qué es el Deep Learning y sus aplicaciones en la actualidad - ID Bootcamps.
19. Neurona artificial | IDIS.
20. Machine Learning y Deep Learning: cómo entender las claves del presente y futuro de la inteligencia artificial.
21. Redes Neuronales artificiales: Qué son y cómo se entrenan | [site:name].
22. Función de activación - Redes neuronales - Diego Calvo.
23. Conceptos básicos sobre redes neuronales.
24. Inteligencia artificial fácil - Machine Learning y Deep Learning prácticos - Funciones de pérdida (Loss function) | Ediciones ENI.
25. ¿Qué es el learning rate?
26. Optimizers in Deep Learning.What is an optimizer? | by Musstafa | MLearning.ai | Medium.
27. UNet(pytorch) - programador clic.
28. Cross-validation (statistics) - Wikipedia.
29. Innovaciones de la impresión 3D en la industria aeroespacial - TRESDE.
30. Impresoras 3D de Estereolitografía (SLA) - ComprarImpresoras-3D.com!
31. Tipos principales de impresoras 3D – Frax3D.
32. MICCAI BRATS 2012.
33. Baid U, Ghodasara S, Mohan S, Bilello M, Calabrese E, Colak E, et al.The RSNA-ASNR-MICCAI BraTS 2021 Benchmark on Brain Tumor Segmentation and Radiogenomic Classification. 2021.
34. Segmentación de imágenes médicas | Red de U-NET y sus variantes - programador clic.
35. Jiang Z, Ding C, Liu M, Tao D.Two-stage cascaded u-net: 1st place solution to brats challenge 2019 segmentation task. Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics). 2020;11992 LNCS:231-41.

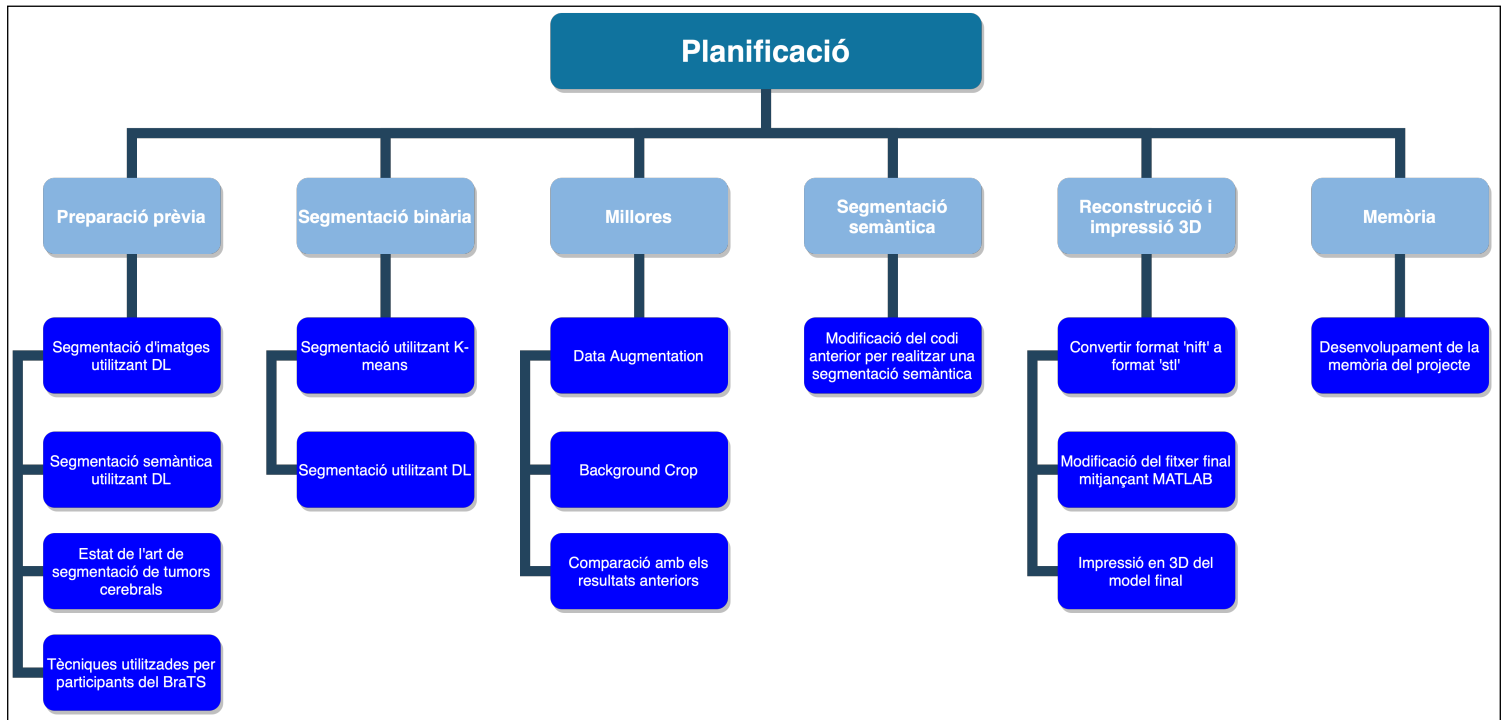
36. Isensee F, Jäger PF, Full PM, Vollmuth P, Maier-Hein KH. nnU-Net for Brain Tumor Segmentation. Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics). 2020;12659 LNCS:118-32.
37. Choi Y, Kwon Y, Cho Paik M, Kim BJ, Won J-H. Ischemic Stroke Lesion Segmentation with Convolutional Neural Networks for Small Data.
38. Song T, Huang N. Integrated extractor, generator and segmentor for ischemic stroke lesion segmentation. Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics). 2019;11383 LNCS:310-8.
39. Lan Q, Zhu Q, Xu L, Xu T. Application of 3D-Printed Craniocerebral Model in Simulated Surgery for Complex Intracranial Lesions. World Neurosurgery. 2020;134:e761-e70.
40. Print3d World: Cirujanos chinos operan con éxito un tumor cerebral con la ayuda de la impresión 3D.
41. Lau I, Squelch A, Wan YL, Wong AM-C, Ducke W, Sun Z. Patient-specific 3D printed model in delineating brain glioma and surrounding structures in a pediatric patient. Digital Medicine. 2017;3(2):86-.
42. Menze BH, Jakab A, Bauer S, Kalpathy-Cramer J, Farahani K, Kirby J, et al. The Multimodal Brain Tumor Image Segmentation Benchmark (BRATS). IEEE Transactions on Medical Imaging. 2015;34(10):1993-2024.
43. MICCAI BraTS 2018: Data | Section for Biomedical Image Analysis (SBIA) | Perelman School of Medicine at the University of Pennsylvania.
44. The Multimodal Brain Tumor Image Segmentation Benchmark (BRATS) | IEEE Journals & Magazine | IEEE Xplore.
45. MICCAI BraTS 2018: Scope | Section for Biomedical Image Analysis (SBIA) | Perelman School of Medicine at the University of Pennsylvania.
46. Bakas S, Reyes M, Jakab A, Bauer S, Rempfler M, Crimi A, et al. Identifying the Best Machine Learning Algorithms for Brain Tumor Segmentation, Progression Assessment, and Overall Survival Prediction in the BRATS Challenge. Sandra Gonzalez-Vill. 2019;124.
47. Sørensen–Dice coefficient - Wikipedia.
48. Distancia de Hausdorff - Wikipedia, la enciclopedia libre.
49. La matriz de confusión y sus métricas – Inteligencia Artificial –.
50. Sensibilidad frente a especificidad | Redes de tecnología.
51. K-means clustering based volume segmentation - MATLAB imsegkmeans3.
52. ImHausdorff - File Exchange - MATLAB Central.
53. FSL - FslWiki.
54. SPM12 Software - Statistical Parametric Mapping.
55. Make STL of 3D array (Optimal for 3d printing) - File Exchange - MATLAB Central.
56. Salud - Desarrollo Sostenible.
57. Consumo y producción sostenibles - Desarrollo Sostenible.
58. Logo de Python: la historia y el significado del logotipo, la marca y el símbolo. | png, vector.
59. TensorFlow.
60. NumPy Python: I introducción - HETPRO/TUTORIALES.
61. Visualización de Datos con Python y Matplotlib - Mi Diario Python.
62. SfN 2015: Cipollini & Cottrell.
63. (1617) A Demo of tqdm - YouTube.
64. Icono Opencv, logo en Vector Logo.
65. scikit-image Reviews 2022: Details, Pricing, & Features | G2.
66. Primeros pasos con Pandas - Adictos al trabajo Tutoriales.
67. Tutorial de SciPy | Interactive Chaos.
68. Proyecto Jupyter - Wikipedia, la enciclopedia libre.
69. Logo MATLAB: la historia y el significado del logotipo, la marca y el símbolo. | png, vector.

70. Ultimaker Cura – Instalación – Electro Tutoriales.
71. 3D Builder - Descargar.
72. PyCharm: el IDE de Python para desarrolladores profesionales, por JetBrains.
73. Bakas S, Akbari H, Sotiras A, Bilello M, Rozycki M, Kirby JS, et al. Advancing The Cancer Genome Atlas glioma MRI collections with expert segmentation labels and radiomic features. *Scientific Data*. 2017;4.
74. Bakas S, Reyes M, Jakab A, Bauer S, Rempfler M, Crimi A, et al. Identifying the Best Machine Learning Algorithms for Brain Tumor Segmentation, Progression Assessment, and Overall Survival Prediction in the BRATS Challenge. *Sandra Gonzalez-Vill*. 2018;124.
75. Brain-Tumor-Progression - The Cancer Imaging Archive (TCIA) Public Access - Cancer Imaging Archive Wiki.
76. Impresoras 3d Como Funcionan - 3D Market.
77. Tumor cerebral - Síntomas y causas - Mayo Clinic.
78. Ghaffari M, Sowmya A, Oliver R. Automated Brain Tumor Segmentation Using Multimodal Brain Scans: A Survey Based on Models Submitted to the BraTS 2012-2018 Challenges. *IEEE Reviews in Biomedical Engineering*. 2020;13:156-68.
79. Isensee F, Kickingereder P, Wick W, Bendszus M, Maier-Hein KH. No new-net. *Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics)*. 2019;11384 LNCS:234-44.
80. Kamnitsas K, Bai W, Ferrante E, McDonagh S, Sinclair M, Pawlowski N, et al. Ensembles of multiple models and architectures for robust brain tumour segmentation. *Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics)*. 2018;10670 LNCS:450-62.
81. Weng W, Zhu X. U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation. *IEEE Access*. 2015;9:16591-603.

Planificació

A continuació es descriuran de manera exhaustiva tots els detalls de la planificació del projecte, la qual està dividida en 6 etapes (veure il·lustració 66):

- **La primera etapa és aquella que engloba tot el procés de preparació:** La feina realitzada en aquesta etapa consistirà en l'obtenció del dataset, ja que haurem de contactar amb l'entitat responsable del repte per tal que ens donin accés a aquest, i en buscar informació a internet de conceptes claus del projecte. Concretament, buscarem informació del següent:
 - Estat de l'art de la segmentació de tumors cerebrals.
 - Tècniques utilitzades per diferents grups en el repte *BraTS*.
 - Informació sobre segmentació d'imatges utilitzant *DL*.
 - Informació sobre segmentacions semàntiques utilitzant *DL*.
- **La segona etapa és on es desenvolupa tota la part del programari del projecte referent a la segmentació del tumor sencer.** Primerament, desenvoluparem un programa per la segmentació del tumor sencer, mitjançant l'entorn de programació de *MATLAB*. En aquest primer pas utilitzarem algorismes d'aprenentatge no supervisat, on la tipologia que utilitzarem és el *K-means*. Un cop fet això, començarem a implementar una xarxa neuronal per tal que executi la mateixa tasca que l'algoritme anterior, amb la finalitat de, posteriorment, comparar els resultats d'ambdós mètodes.
- **La tercera etapa consisteix en el tractament de les dades.** Un cop obtingut els primers resultats de la segmentació del tumor sencer mitjançant *DL*, per tal de millorar aquests, el que farem serà augmentar el nombre d'imatges mitjançant la rotació i la inversió d'aquestes (*Data Augmentation*). A més a més, per tal d'eliminar informació que ens pot comportar problemes, retallarem gran quantitat del fons de les imatges (*Background Crop*).
- **La quarta etapa és on es desenvolupa tota la part del software del projecte referent a la segmentació del tumor en subregions.** En aquesta etapa la feina consistirà a adaptar el codi anterior per realitzar una segmentació de totes les subregions del tumor.
- **La cinquena etapa consisteix en la reconstrucció i impressió 3D.** Un cop tenim el tumor segmentat, el que farem serà una reconstrucció en 3D, la qual consistirà en passar d'un arxiu '*nifti*' a un arxiu '*stl*'. Finalment, un cop tinguem el model en el format corresponent, el posarem a la impressora 3D i el començarem a imprimir.
- **La sisena etapa consisteix en el desenvolupament de la memòria.** Per acabar, un cop realitzada tota la part experimental del projecte, redactarem detalladament tot el procés des de l'inici fins al final del projecte, en aquesta memòria.



Il·lustració 66. Esquema de la planificació del projecte.

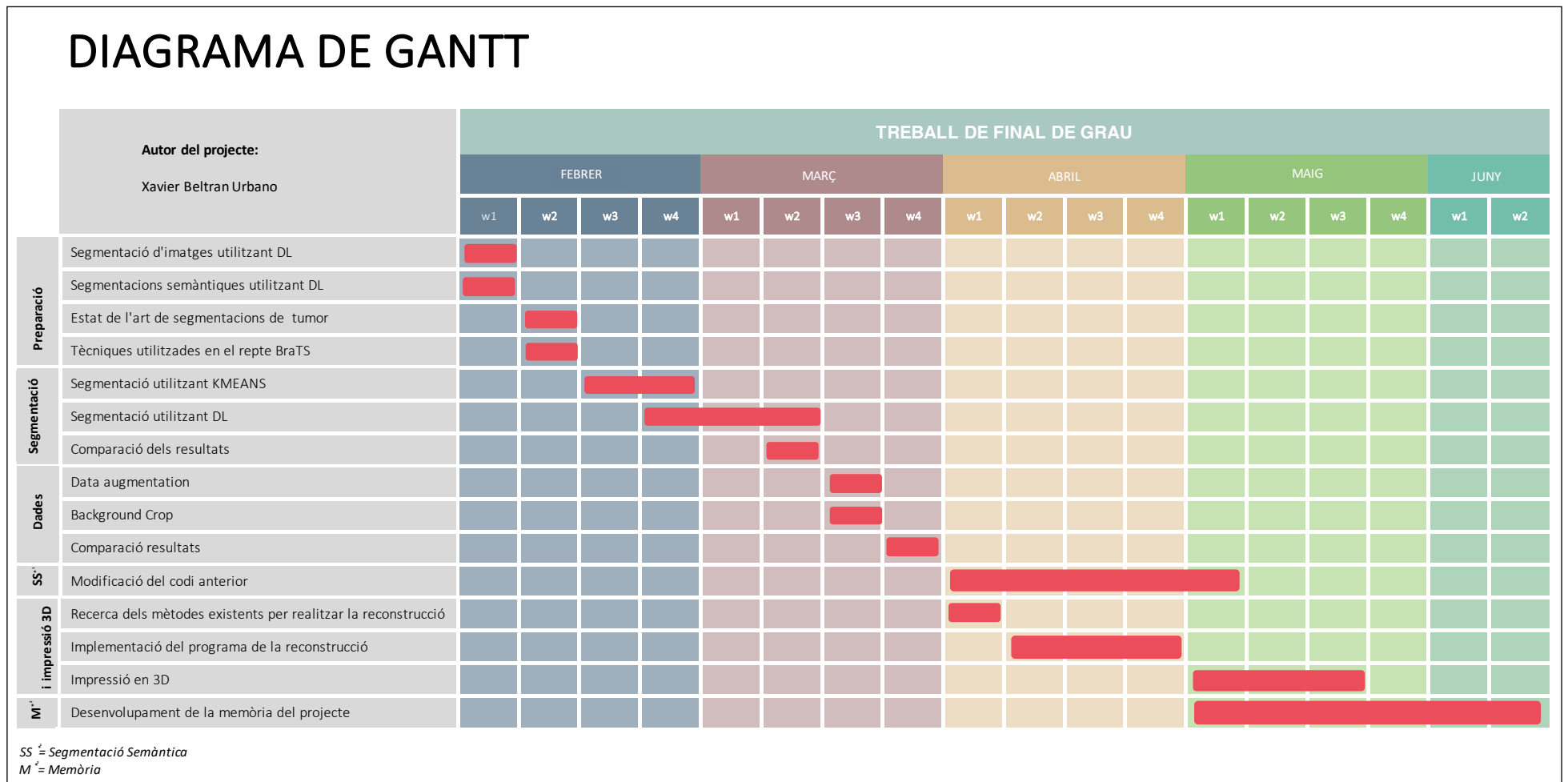
A.1. Temporalització de cada etapa

ETAPA	HORES DEDICADES
ETAPA 1	20h
ETAPA 2	85h
ETAPA 3	50h
ETAPA 4	80h
ETAPA 5	50h
ETAPA 6	125h
TOTAL	410h

Taula 14. Temporalització de cada etapa.

A.2. Diagrama de Gantt:

El diagrama de Gantt és un mètode que ens permet fraccionar les tasques d'un projecte en tasques més petites i gestionables. En aquest projecte hem utilitzat aquest diagrama per mostrar de manera setmanal, la feina realitzada:



Il·lustració 67. Diagrama de Gantt del projecte.

ANNEX B

Codi

Seguint amb les especificacions requerides, donat que en aquest projecte es realitza desenvolupament de programari, hem creat un repositori a *GitHub* per tal de posar-ho a disposició de la comunitat científica.

El repositori conté tot el necessari perquè aquest projecte sigui reproducible.

L'enllaç per accedir al repositori, és el següent: <https://github.com/xavibeltranurbano/Treball-Final-de-Grau>

ANNEX C

Pressupost

A continuació es realitzarà una explicació detallada dels costos d'aquest projecte. Cal tenir en compte que, donat que el projecte s'ha realitzat amb la col·laboració del grup d'investigació VICOROB, el pressupost de la realització d'aquest projecte és menor del que realment hauria de ser, ja que el mateix grup d'investigació ha proporcionat diferents recursos per la realització d'aquest.

C.1. Mà d'obra

Per realitzar el càlcul del pressupost de la mà d'obra, s'han tingut en compte dos perfils diferents d'enginyers: un programador de ML i un enginyer industrial. Cal destacar que, dintre del sou d'ambdós perfils, s'inclouen les despeses dels recursos energètics del projecte.

- **Programador de Machine Learning:**

Tenint en compte que la part de desenvolupament de programari s'ha desenvolupat al llarg de 11 setmanes i, que s'ha treballat aproximadament 8 hores diàries (40 hores setmanals), estimem a un total de 440 hores, les hores invertides d'aquest perfil d'enginyer.

A un sou mitjà de 40€/h, el total de la mà d'obra del nostre programador de ML és de **17600€**.

- **Enginyer industrial:**

Tenint en compte que la part d'impressió 3D s'ha desenvolupat al llarg de 7 setmanes i, que s'ha treballat aproximadament 8 hores diàries (40 hores setmanals), estimem a un total de 280 hores, les hores invertides d'aquest perfil d'enginyer.

A un sou mitjà de 45€/h, el total de la mà d'obra del nostre enginyer industrial és de **12600€**.

C.1.1 Total Mà d'obra

Descripció	Hores	Preu Hora	Cost
Mà d'obra programador	440	40 €	17600 €
Mà d'obra enginyer	280	45 €	12600 €
Total			30200 €

Taula 15. Total mà d'obra.

C.2. Recursos

A continuació mostrarem de manera detallada, el pressupost dels diferents recursos utilitzats en el projecte. Cal tenir en compte que, tal com s'ha comentat anteriorment, donat que el projecte s'ha realitzat amb la col·laboració del grup VICOROB, hi han recursos que no s'han hagut de comprar, ja que el mateix grup d'investigació els ha proporcionat. Aquests elements estan marcats a la següent taula amb el següent símbol: (*).

Descripció	Quantitat	Cost
NVIDIA GeForce 1080 Ti 11.2GB (*)	1	250 €
Llicència MATLAB Estàndard (*)	1	2000 €
MacBook Pro 2018	1	1800 €
Ordinador Windows TerraQue	1	700 €
Impressora 3D Artillery Genius	1	300 €
Material PLA	3	25 €
Total		5125 €

Taula 16. Pressupost dels recursos.

C.3. Pressupost Total

A continuació es mostrarà el pressupost total del projecte.

Descripció	Quantitat	Hores	Preu Hora	Cost
NVIDIA GeForce 1080 Ti 11.2GB (*)	1	-	-	250 €
Llicència MATLAB Estàndard (*)	1	-	-	2000 €
Macbook Pro 2018	1	-	-	1800 €
Ordinador Windows TerraQue	1	-	-	700 €
Impressora 3D Artillery Genius	1	-	-	300 €
Material PLA	3	-	-	25 €

Descripció	Quantitat	Hores	Preu Hora	Cost
Mà d'obra programador	1	440	40 €	17600 €
Mà d'obra enginyer	1	280	45 €	12600 €
			Subtotal	35325 €
			Subtotal Real	33075 €
			Impostos	21,00%
			Total	42743,25 €
			Total Real	40020,75 €

Taula 17. Pressupost total.

El subtotal real i el total real, corresponent al pressupost sense contar els recursos proporcionats pel grup d'investigació VICOROB.

ANNEX D

Comitè d'ètica

Tal com s'ha comentat anteriorment, en el present projecte s'han utilitzat dades procedents del repte anomenat BraTS'18. Aleshores, deguda la seva procedència, les dades utilitzades estan completament anonimitzades, de tal manera, que no ha sigut necessari que cap comitè d'ètica aprovi el present treball, ja que en tot el desenvolupament d'aquest es preserven els drets, la seguretat i el benestar de tots els participants.

Programari i Llenguatge

A continuació, es descriuran els diferents programaris utilitzats en el present projecte. Aquests, són els següents:

Python:

Per desenvolupar el programari relacionat amb la segmentació de tumors mitjançant DL, el llenguatge utilitzat que s'ha fet servir és Python (veure il·lustració 68), concretament la versió 3.6.9.

Python és un llenguatge de programació d'alt nivell, el qual s'utilitza per al desenvolupament d'una gran varietat d'aplicacions. És un dels llenguatges més utilitzats a l'hora de treballar amb IA, Big Data, ML i Data Science.

A més a més, gràcies a la seva similitud amb el llenguatge humà, fa que sigui un llenguatge altament comprensible per qualsevol persona amb uns coneixements bàsics de programació.

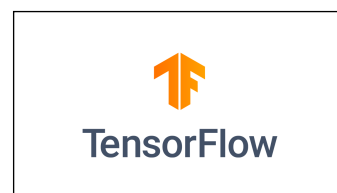


Il·lustració 68. Icona del llenguatge Python (58).

Python és un llenguatge molt atractiu per molts programadors a causa de la gran varietat de llibreries que engloba, ja que aquestes en moltes ocasions faciliten molt el desenvolupament de programari. Concretament, en aquest projecte s'han utilitzat les següents:

- **TensorFlow:**

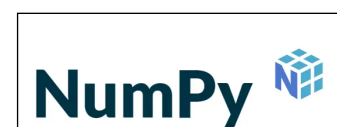
TensorFlow (veure il·lustració 69) és una llibreria de codi obert la qual s'utilitza per a l'aprenentatge profund i automàtic. Aquesta llibreria ens permet detectar i desxifrar patrons de la mateixa forma que ho fan els humans. Concretament, en aquest projecte s'ha utilitzat la versió 1.12.0.



Il·lustració 69. Icona de la llibreria TensorFlow (59).

- **NumPy:**

NumPy (veure il·lustració 70) és una llibreria d'alt nivell, la qual ens proporciona funcions matemàtiques per operar vectors i matrius. Aquesta llibreria és de les més utilitzades en el llenguatge de programació Python. Concretament, en aquest projecte la versió utilitzada és la 1.19.5.



Il·lustració 70. Icona de la llibreria NumPy (60).

- **Matplotlib:**

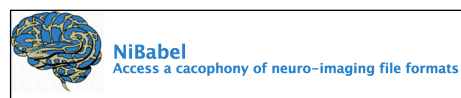
Matplotlib (veure il·lustració 71) és una llibreria utilitzada per la generació de gràfics en 2D mitjançant dades emmagatzemades en llistes o vectors. La versió utilitzada en aquest projecte és la 3.3.4.



Il·lustració 71. Icona de la llibreria Matplotlib (61).

- **NiBabel:**

NiBabel (veure il·lustració 72) és una llibreria de Python de baix nivell la qual dona accés a una gran varietat de formats d'imatges mèdiques. En aquest projecte l'hem utilitzat per la lectura i escriptura d'imatges amb format 'nifti'. La versió utilitzada en aquest projecte és la 3.2.2.



Il·lustració 72. Icona de la llibreria NiBabel (62).

- **tqdm:**

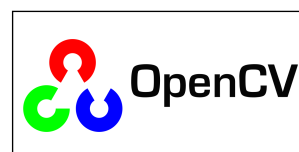
tqdm (veure il·lustració 73) és una llibreria utilitzada per crear barres de progrés basades en text, la qual es desplega per pantalla mitjançant un bucle. En aquest projecte, l'hem utilitzat per mostrar l'evolució de la lectura de la BD. La versió que hem utilitzat és la 4.63.0.



Il·lustració 73. Icona de la llibreria tqdm (63).

- **OpenCV:**

OpenCV (veure il·lustració 74) és una llibreria que proporciona un marc de treball d'alt nivell pel desenvolupament d'aplicacions de visió per computador. La versió utilitzada en aquest projecte és la 4.5.5.64.



Il·lustració 74. Icona de la llibreria OpenCV (64).

- **scikit-image:**

scikit-image (veure il·lustració 75) és una llibreria de codi obert, la qual està enfocada en el processament d'imatges. Inclou algoritmes de segmentació, transformacions geomètriques, filtratge, entre d'altres. La versió utilitzada en aquest projecte és la 0.17.2.



Il·lustració 75. Icona de la llibreria scikit-image (65).

- **pandas:**

pandas (veure il·lustració 76) és una llibreria de codi obert, la qual està enfocada en proporcionar eines d'anàlisi i manipulació de dades d'alt rendiment. La versió utilitzada és la 1.1.5.



Il·lustració 76. Icona de la llibreria pandas (66).

- **SciPy:**

SciPy (veure il·lustració 77) és una biblioteca de codi obert especialitzada en eines i algorismes d'optimització, àlgebra lineal, integració, interpolació, funcions especials, entre d'altres. En aquest projecte s'ha utilitzat aquesta llibreria per calcular la distància de *Hausdorff*. La versió que s'ha utilitzat és la següent: 1.4.0.



Il·lustració 77. Icona de la llibreria SciPy (67).

Jupyter Notebook:

Jupyter Notebook (veure il·lustració 78) és l'entorn de programació escollit per realitzar tot el desenvolupament de programari relacionat amb Python. Aquesta aplicació, la qual té una interfície web de codi obert, ens permet connectar-nos al servidor del grup d'investigació VICOROB, per tal d'utilitzar les GPU's proporcionades per la seva part.



Il·lustració 78. Icona de l'entorn de programació Jupyter Notebook (68).

MATLAB:

MATLAB (veure il·lustració 79) és un entorn de computació numèrica i un llenguatge de programació. Creat per la companyia MathWorks, MATLAB permet manipular fàcilment matrius, dibuixar funcions i dades, implementar algorismes, crear interfícies d'usuari, i comunicar-se amb altres programes en altres llenguatges.

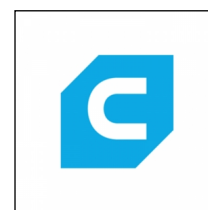


Il·lustració 79. Icona de l'entorn de programació MATLAB (69).

Aquest programa s'ha utilitzat tant per implementar segmentacions mitjançant algorismes no supervisats, com per realitzar la reconstrucció 3D de les segmentacions realitzades.

UTLIMAKER CURA:

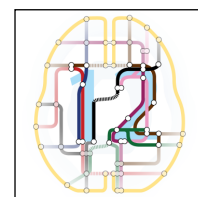
Ultimaker Cura (veure il·lustració 80) és un dels softwares de codi obert més utilitzats en l'àmbit de la fabricació additiva. Aquest programari el que fa és transformar el model 3D en un arxiu amb format 'gcode', el qual proporciona a la impressora totes les instruccions necessàries per realitzar la impressió.



Il·lustració 80. Icona del programa Ultimaker Cura (70).

SPM12:

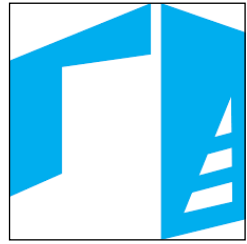
SPM12 (veure il·lustració 81) és un software gratuït i de codi obert, el qual s'utilitza per a l'anàlisi de seqüències de dades d'imatges cerebrals. Aquesta versió està dissenyada per l'anàlisi de fMRI, PET, SPECT, EEG, MEG.



Il·lustració 81. Icona del programa SPM12 (54).

3D Builder:

3D Builder (veure il·lustració 82) és el programari de modelatge 3D de Microsoft que facilita el disseny, modificació o visualització d'un model 3D. És una solució gratuïta, instal·lada per defecte a tots els equips que tenen Windows 10.



Il·lustració 82. Icona del programa 3D Builder (71).

Pycharm:

Pycharm (veure il·lustració 83) és un entorn de desenvolupament integrat (IDE) orientat al desenvolupament d'aplicacions amb el llenguatge de programació Python. Aquest entorn està desenvolupat per l'empresa coneguda com a JetBrains.



Il·lustració 83. Icona del programa Pycharm (72).

Guia per l'usuari

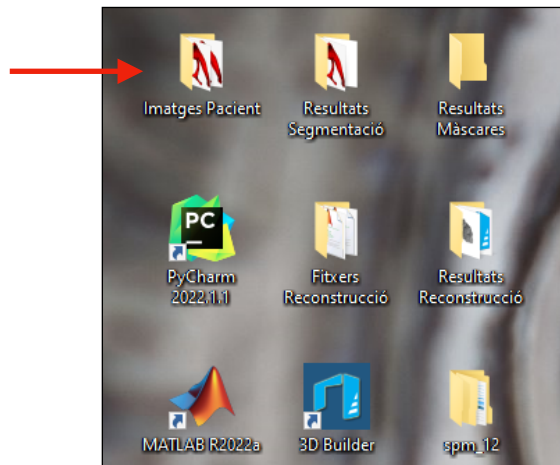
Tal com s'ha comentat en la memòria del projecte, donat que aquest està pensat per ser utilitzat pel personal sanitari, hem realitzat, de manera detallada, un 'manual d'usuari' on el personal encarregat de reproduir el projecte, podrà seguir pas per pas tot el procés des de l'inici (segmentació del tumor) fins al final (impressió 3D).

La finalitat d'aquest manual és que qualsevol persona sense coneixements previs de programació ni d'impressió en 3D, pugui reproduir el projecte sense cap mena de problema.

Un cop dit això, els passos necessaris per reproduir el projecte, són els següents:

• PAS 1: Emmagatzematge de la imatge del pacient

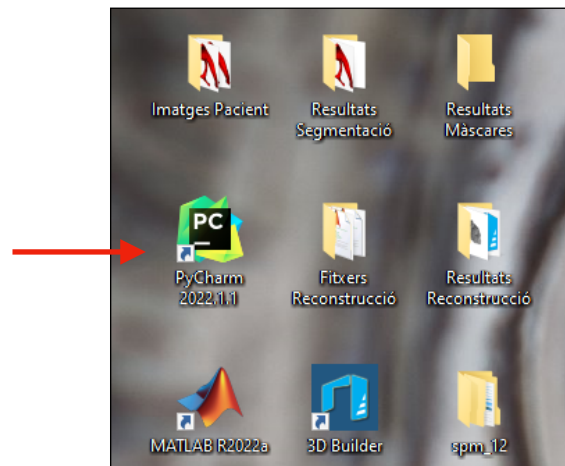
Primerament, un cop realitzada la RM al pacient en qüestió, hem d'emmagatzemar les imatges obtingudes en la carpeta anomenada 'Imatges Pacient'. Aquesta carpeta està ubicada a l'escriptori de l'ordinador (veure il·lustració 84).



Il·lustració 84. Localització de la carpeta 'Imatges Pacient'.

• PAS 2: Obrim PYCHARM

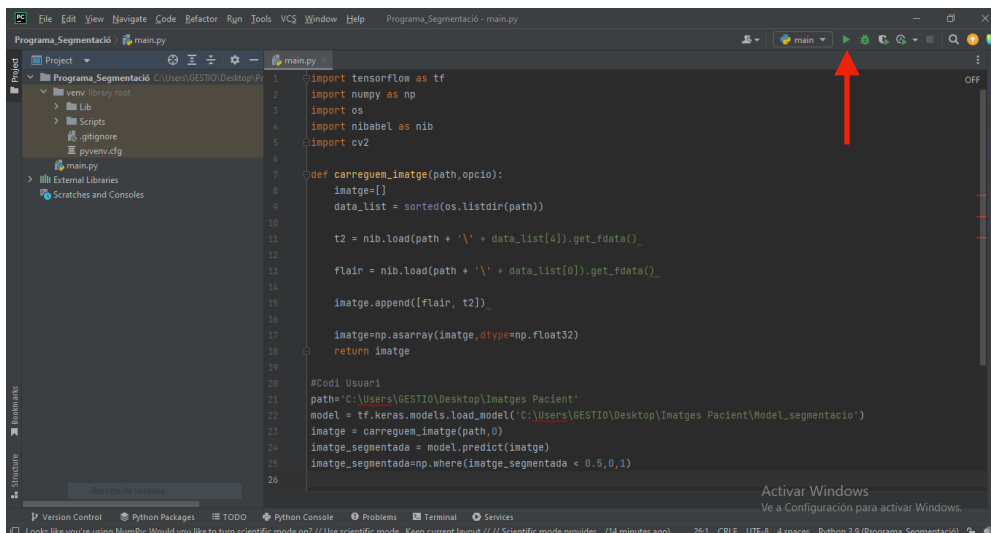
A continuació, hem d'obrir el programa encarregat de segmentar el tumor. Aquest programa, el qual s'anomena 'PYCHARM CE', també està ubicat a l'escriptori (veure il·lustració 85).



Il·lustració 85. Localització del programa PYCHARM.

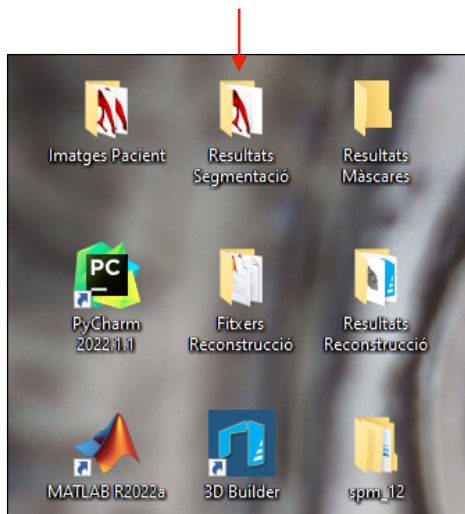
• PAS 3: Executem el programa encarregat de la segmentació

Un cop obert el programa, és hora d'executar l'arxiu encarregat de la segmentació. Aquest arxiu, a l'obrir l'aplicació PYCHARM, s'obrirà de manera predeterminada. Per executar-lo, simplement hem de clicar a la icona que trobem senyalitzada a la il·lustració 86.

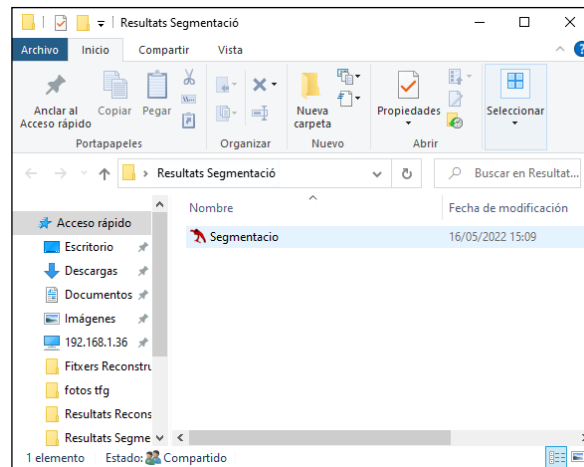


Il·lustració 86. Exemple de l'entorn de PYCHARM.

Si hem realitzat tots els passos correctament, el programa ens hauria d'haver guardat una imatge anomenada 'Segmentacio.nii' a la carpeta 'Resultats Segmentació' (veure il·lustració 87). Aquesta carpeta també està ubicada a l'escriptori (veure il·lustració 88).



Il·lustració 87. Localització de la carpeta Resultats Segmentació.

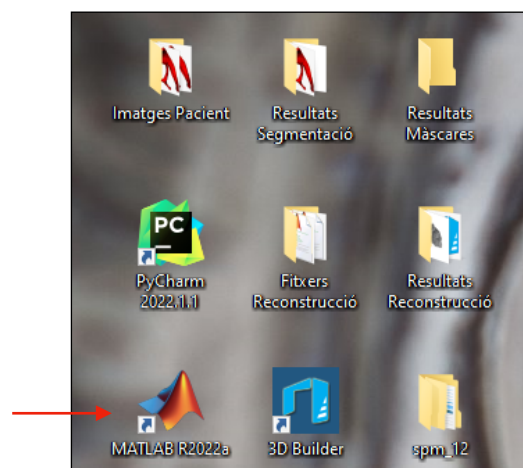


Il·lustració 88. Exemple dels fitxers de la carpeta 'Resultats Segmentació'.

• PAS 4: Creem les màscares de la imatge del pacient

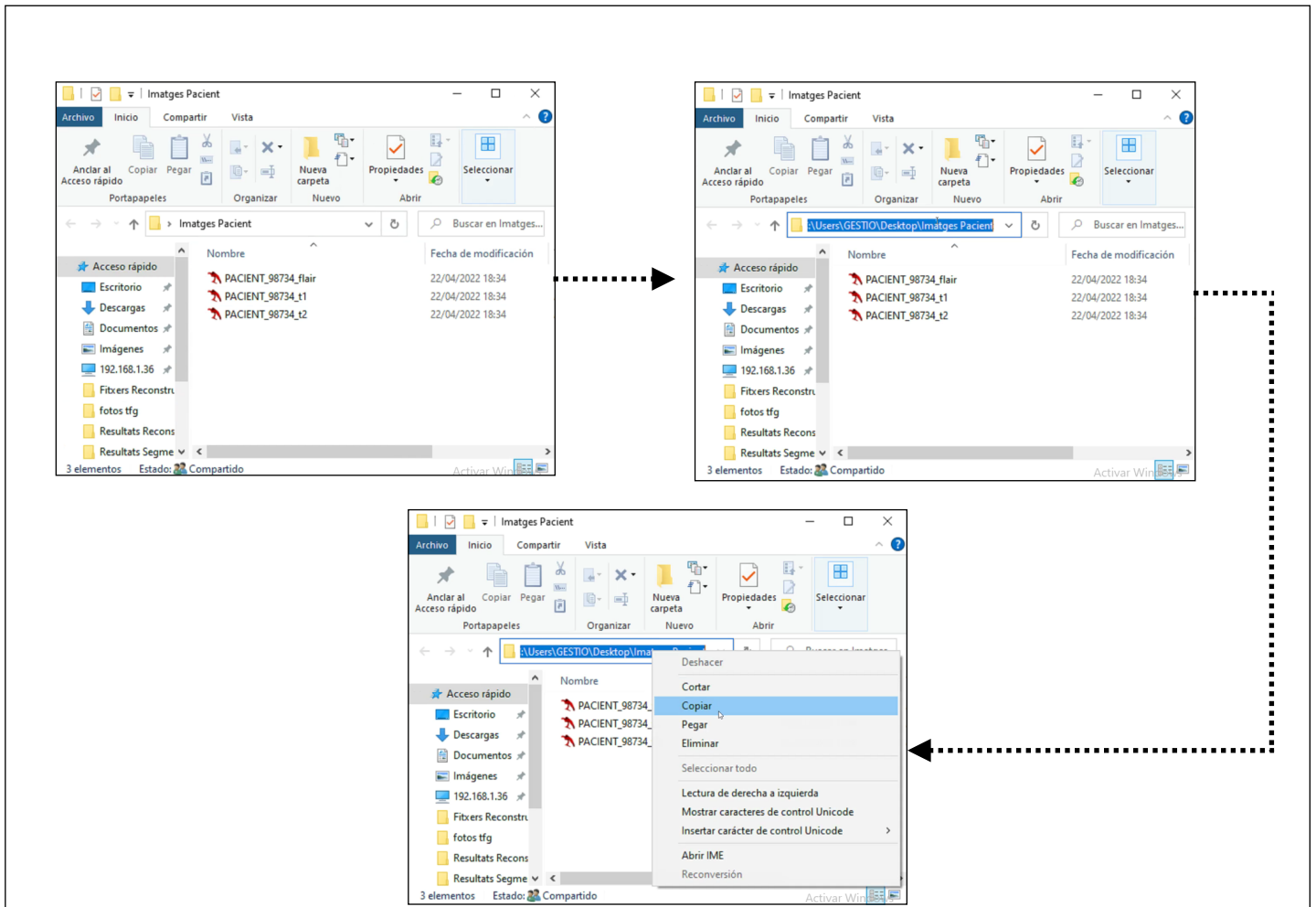
Un cop segmentat el tumor de la imatge del pacient, la següent tasca que hem de realitzar és la de crear les màscares corresponents a la imatge del pacient. Per portar a terme aquesta tasca, utilitzarem el programari anomenat *SPM12*, el qual executarem mitjançant l'aplicació *MATLAB*. Els passos per realitzar aquesta tasca són els següents:

1. Primerament, hem d'obrir l'aplicació *MATLAB*, la qual es troba ubicada a l'escriptori (veure il·lustració 89).



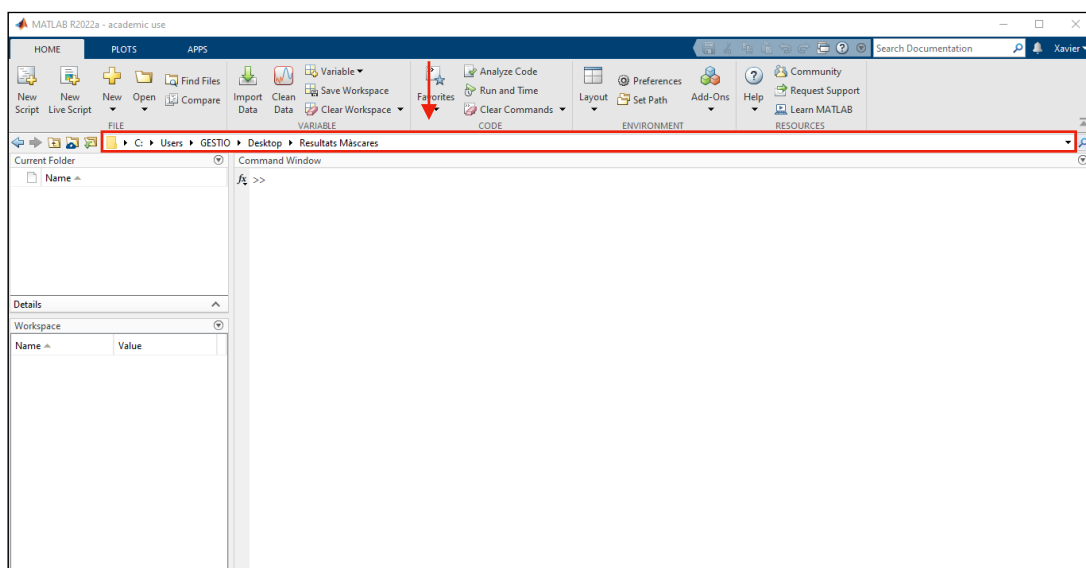
Il·lustració 89. Localització del programa MATLAB.

2. Un cop el programa s'ha obert correctament, abans d'utilitzar *SPM*, anem a la carpeta anomenada 'Imatges Pacient' i copiem el directori (veure il·lustració 90).



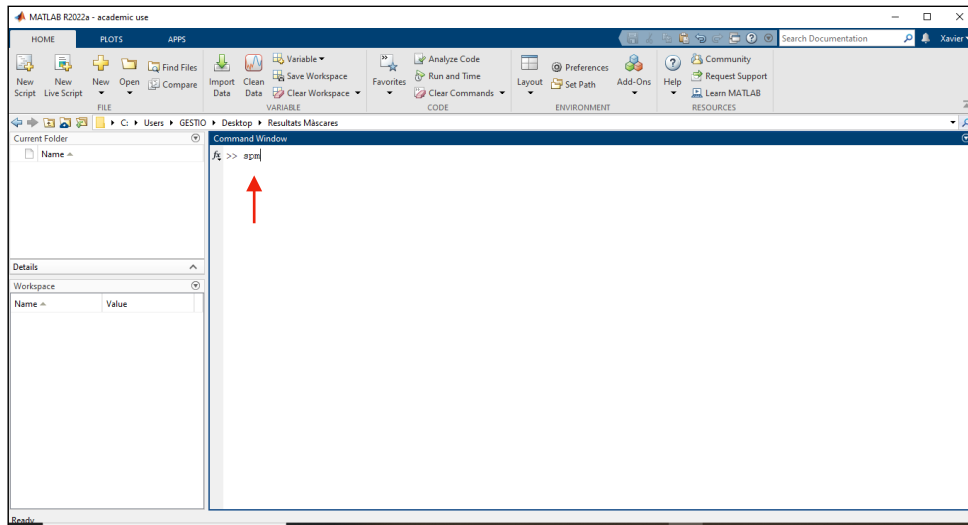
Il·lustració 90. Exemple de com copiar el directori de la carpeta 'Imatges Pacient'.

3. Un cop copiat, l'enganxem on està senyalitzat a la il·lustració 91.



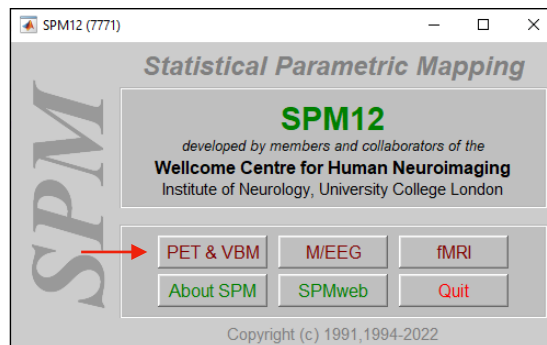
Il·lustració 91. Exemple d'on s'ha d'enganxar el directori.

5. Un cop fet això, sota de 'Command Window' escrivim 'spm' (veure il·lustració 92) i cliquem el botó 'Enter'.



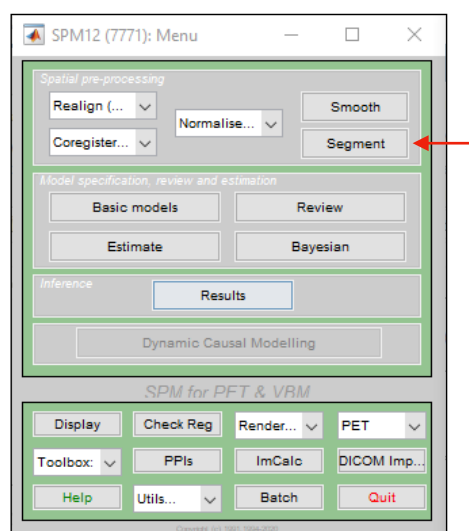
Il·lustració 92. Exemple d'on hem d'escriure 'spm'.

6. Seguidament, esperem fins que s'obri la finestra inicial del programa (veure il·lustració 93). Un cop aquesta s'hagi obert, cliquem a l'opció 'PET & VBM':



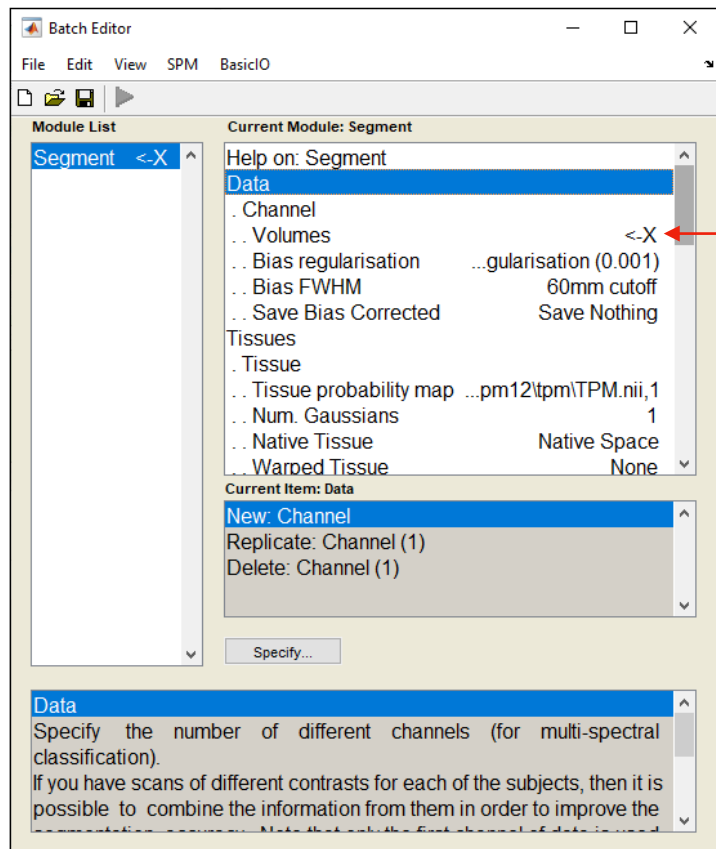
Il·lustració 93. Exemple finestra d'inici del programa SPM.

8. A continuació, esperem fins que se'ns obri la finestra mostrada a la il·lustració 94. Un cop la finestra aparegui, cliquem a l'opció 'Segment':



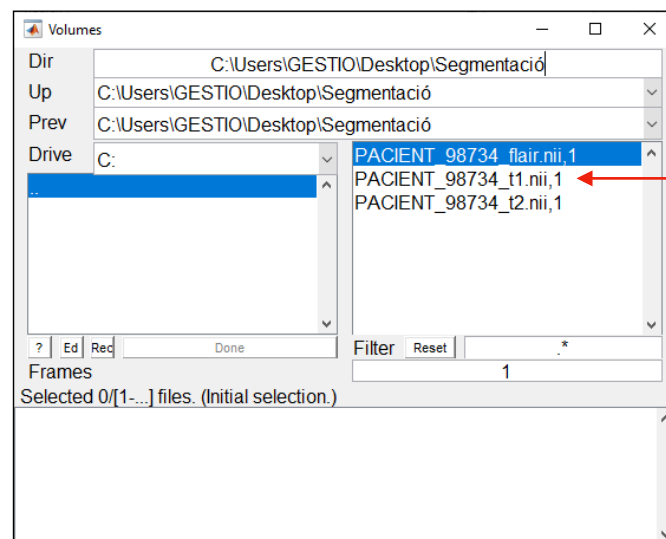
Il·lustració 94. Exemple del menu d'SPM.

10. Tot seguit ens apareixerà la finestra mostrada a la *il·lustració 95*. Un cop aquesta aparegui, cliquem a l'opció 'Volumes'.



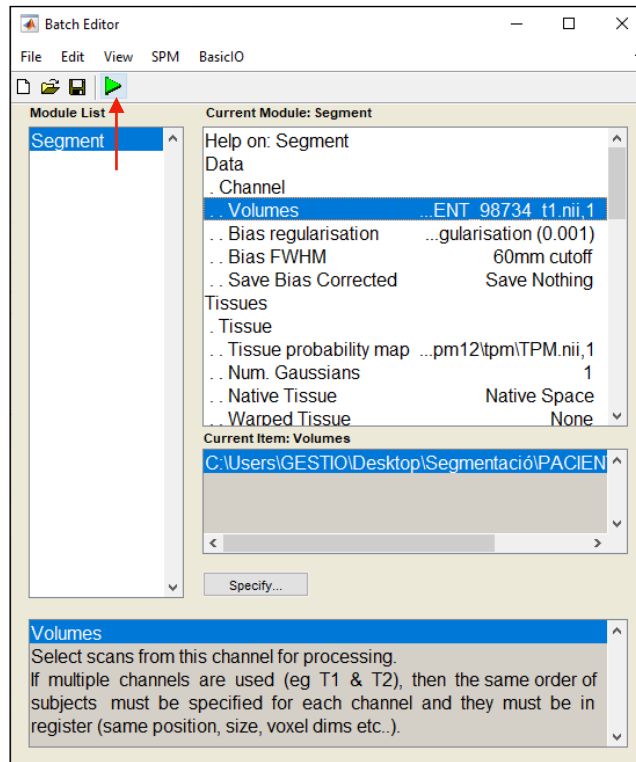
Il·lustració 95. Finestra que ens apareix en clicar a l'opció 'Segment'.

12. Aleshores se'ns obrirà una nova finestra (veure *il·lustració 96*), en la qual haurem de clicar en l'opció de la imatge acabada amb '_t1'.



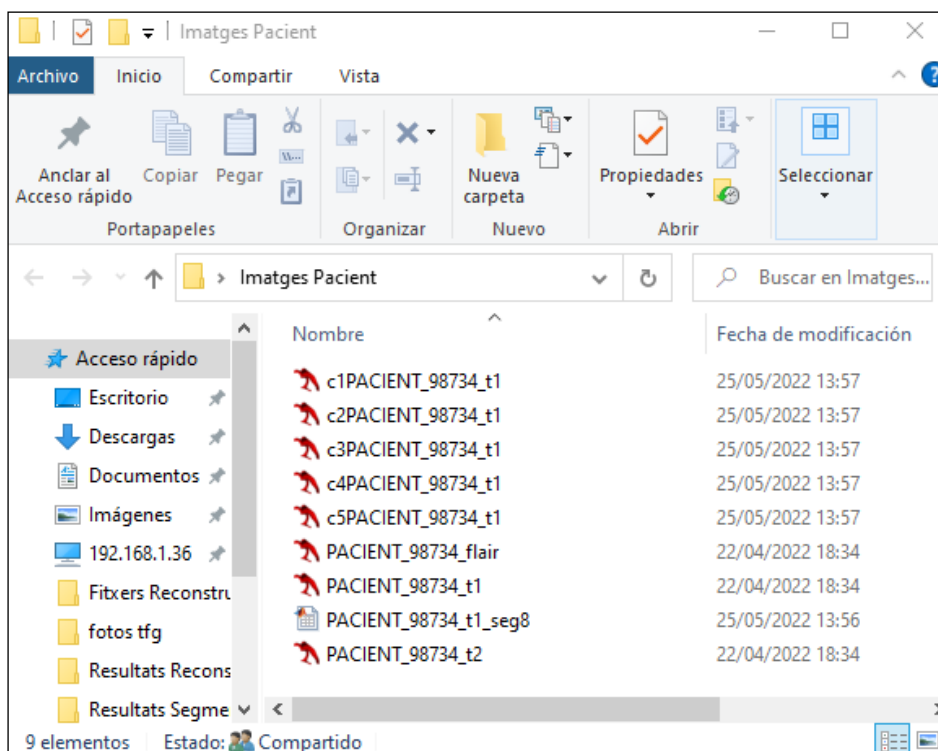
Il·lustració 96. Finestra que ens apareix en clicar a l'opció 'Volumes'.

16. Finalment, executarem el programa mitjançant el botó en forma de triangle verd, el qual podem trobar sota l'opció 'View' (veure il·lustració 97).



Il·lustració 97. Finestra final abans d'executar el programa, amb símbol RUN assenyalat.

17. Si hem realitzat els passos correctament (si no repetir tots els passos de nou), a la carpeta 'Imatges Pacient', hauríem d'observar els mateixos fitxers que la il·lustració 98.



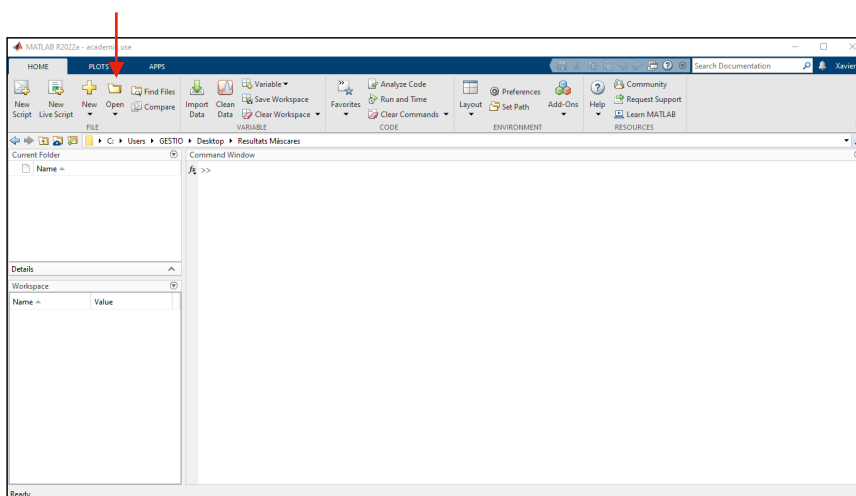
Il·lustració 98. Exemple dels fitxers de la carpeta 'Imatges Pacient'

• PAS 5: Reconstrucció 3D

Un cop creades les màscares, és l'hora de realitzar la reconstrucció 3D del tumor i del crani del nostre pacient.

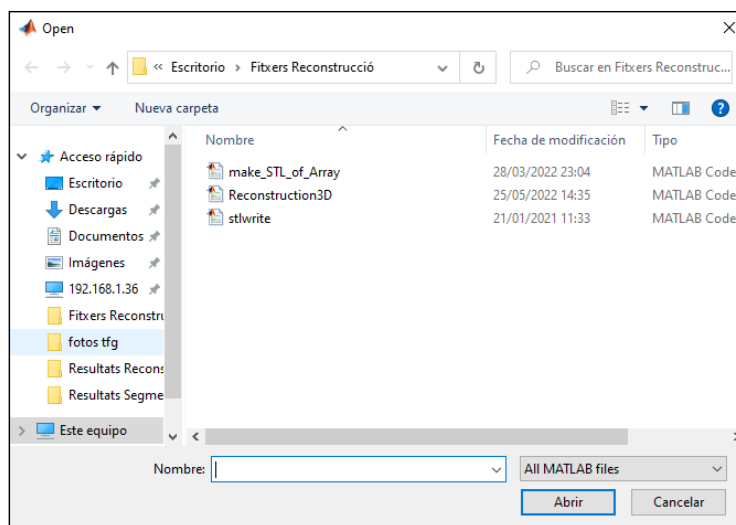
Per realitzar aquesta reconstrucció, de la mateixa manera que anteriorment, utilitzarem el programa *MATLAB*. Els passos que realitzarem són els següents:

1. Donat que ja tenim obert el programa *MATLAB*, ja que en l'anterior pas l'hem utilitzat, la primera tasca consisteix a obrir l'arxiu responsable de realitzar la reconstrucció. Per tant, cliquem al botó anomenat 'Open', el qual podem trobar a dalt a l'esquerra de la finestra del programa (veure il·lustració 99).



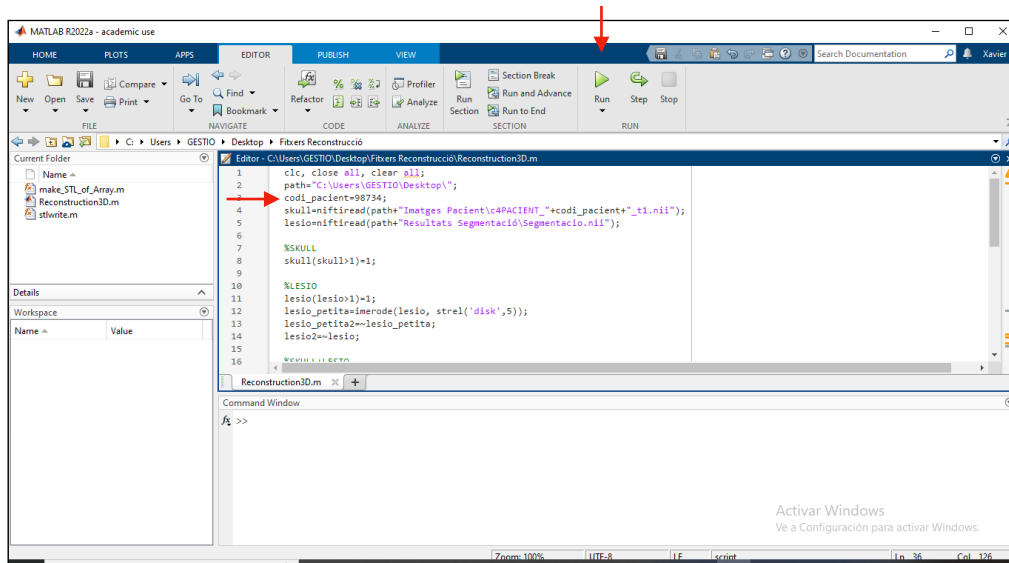
Il·lustració 99. Finestra de *MATLAB* amb el botó 'Open' assenyalat.

2. Un cop hem clicat a l'anterior botó, hem de buscar l'arxiu anomenat 'Reconstrucció3D'. Aquest fitxer es troba a l'interior d'una carpeta anomenada 'Fitxers Reconstrucció' (veure il·lustració 100), la qual es troba ubicada a l'escriptori. Un cop l'hem trobat, cliquem al botó 'Abrir'.



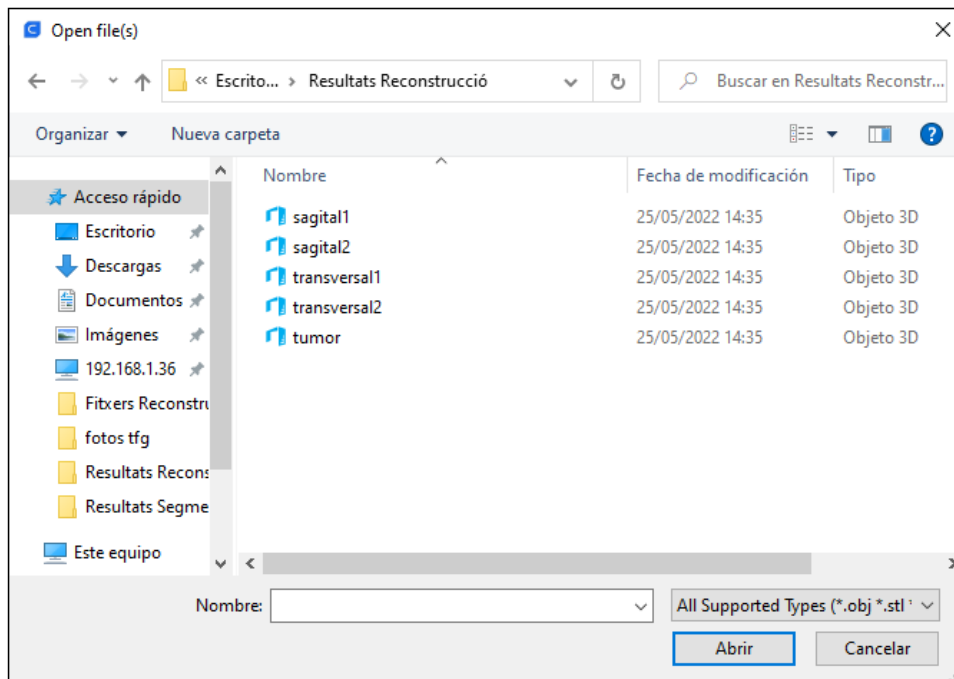
Il·lustració 100. Localització de l'arxiu 'ReconstructionD'.

3. Un cop l'hem obert, haurem d'escriure el codi del pacient (el qual podem trobar en el nom de les imatges) en la variable 'codi_pacient'. Finalment, per executar el programa simplement haurem de clicar al botó anomenat 'Run' (veure il·lustració 101).



Il·lustració 101. Finestra de MATLAB amb la variable 'codi_pacient' i el botó 'Run' assenyalat.

4. Un cop s'ha acabat d'executar el programa, si tot s'ha realitzat correctament (en cas contrari, repetir pas 1, 2 i 3), hauríem d'observar a la carpeta anomenada 'Resultats Reconstrucció', els mateixos fitxers que els que es mostren a la il·lustració 102.

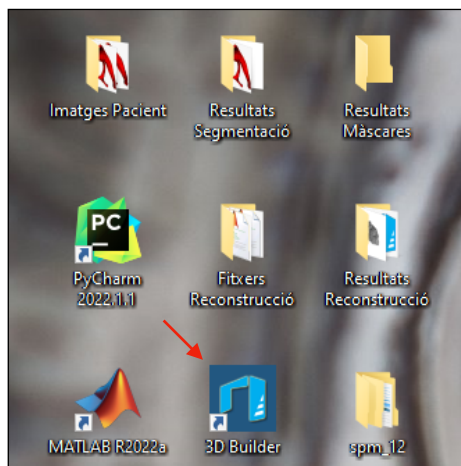


Il·lustració 102. Contingut de la carpeta 'Resultats Reconstrucció'.

• PAS 6: 3D Builder

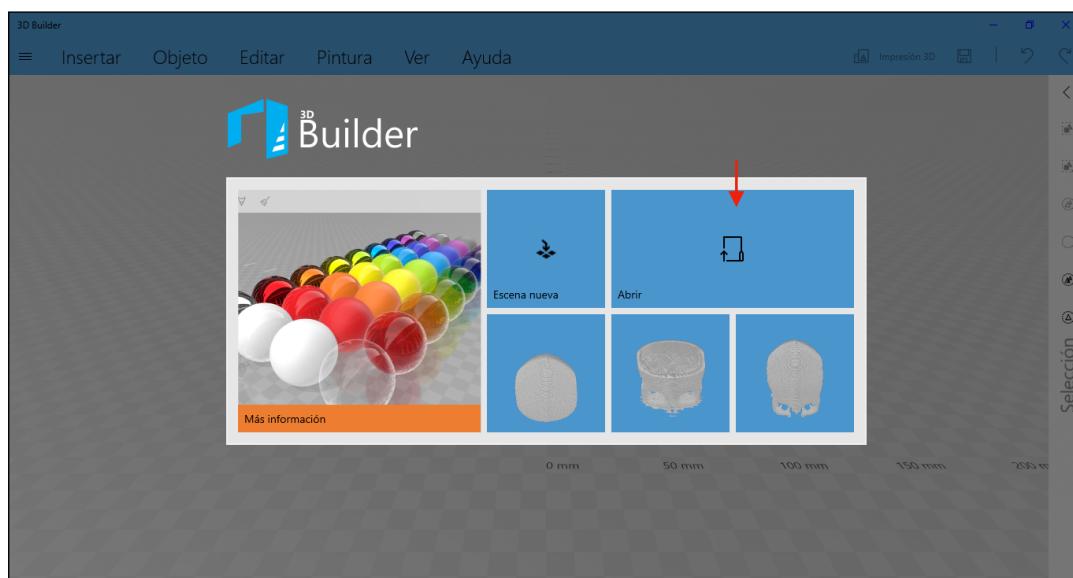
A continuació, el que farem serà observar la reconstrucció 3D que acabem de crear, mitjançant l'aplicació 3D Builder i, si és necessari, col·locarem alguns suports de forma manual. Els passos que realitzarem són els següents:

1. Primerament, hem d'obrir l'aplicació 3D Builder, la qual està ubicada a l'escriptori (veure il·lustració 103).



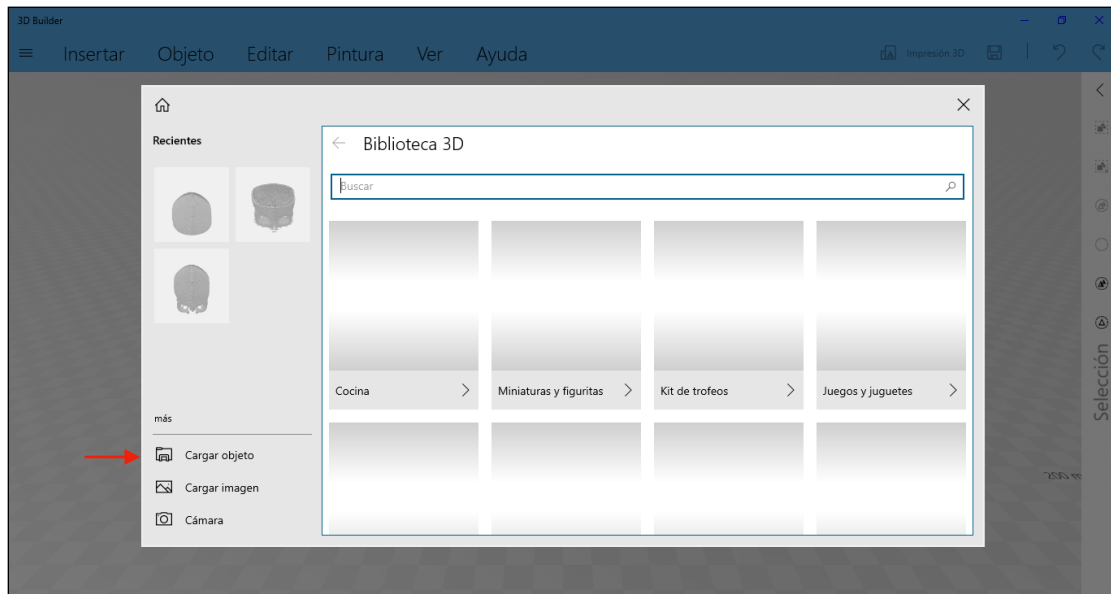
Il·lustració 103. Localització del programa 3D Builder.

2. Un cop oberta l'aplicació, cliquem al botó 'Abrir' (veure il·lustració 104).



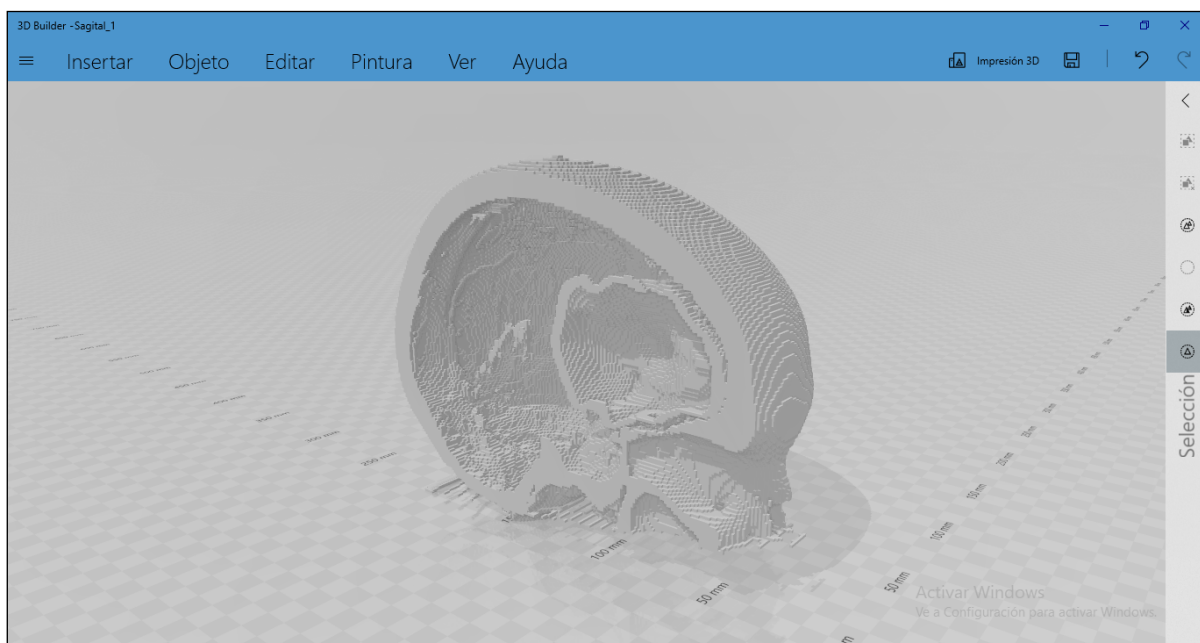
Il·lustració 104. Finestra d'inici del programa 3D Builder amb opció 'Abrir' assenyalada.

3. Aleshores hem de clicar on posa 'Cargar Objeto' (veure il·lustració 105).



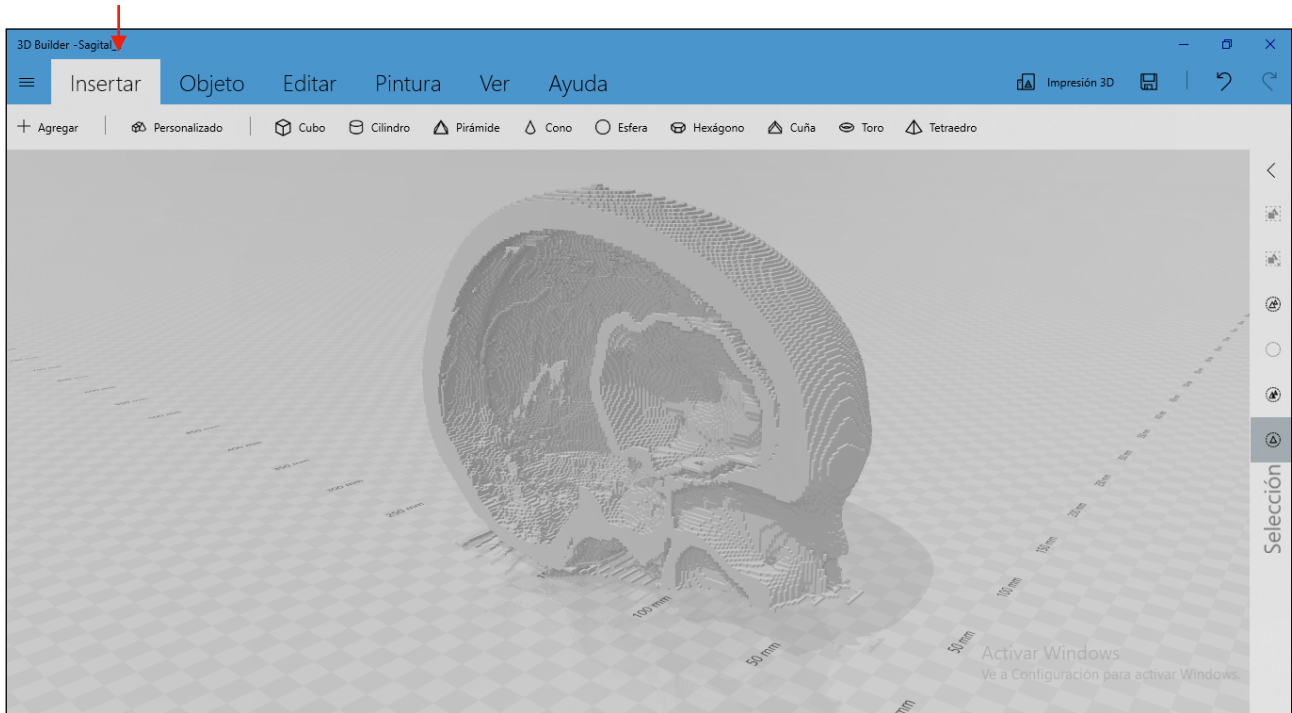
Il·lustració 105. Finestra del programa 3D Builder, amb l'opció 'Cargar objeto' assenyalada.

4. Seguidament, hem de seleccionar el model que volem observar. Un cop seleccionat el model, cliquem a 'Importar'. Si hem realitzat aquests passos correctament ens hauria de sortir el mateix que el que s'observa a la il·lustració 106.



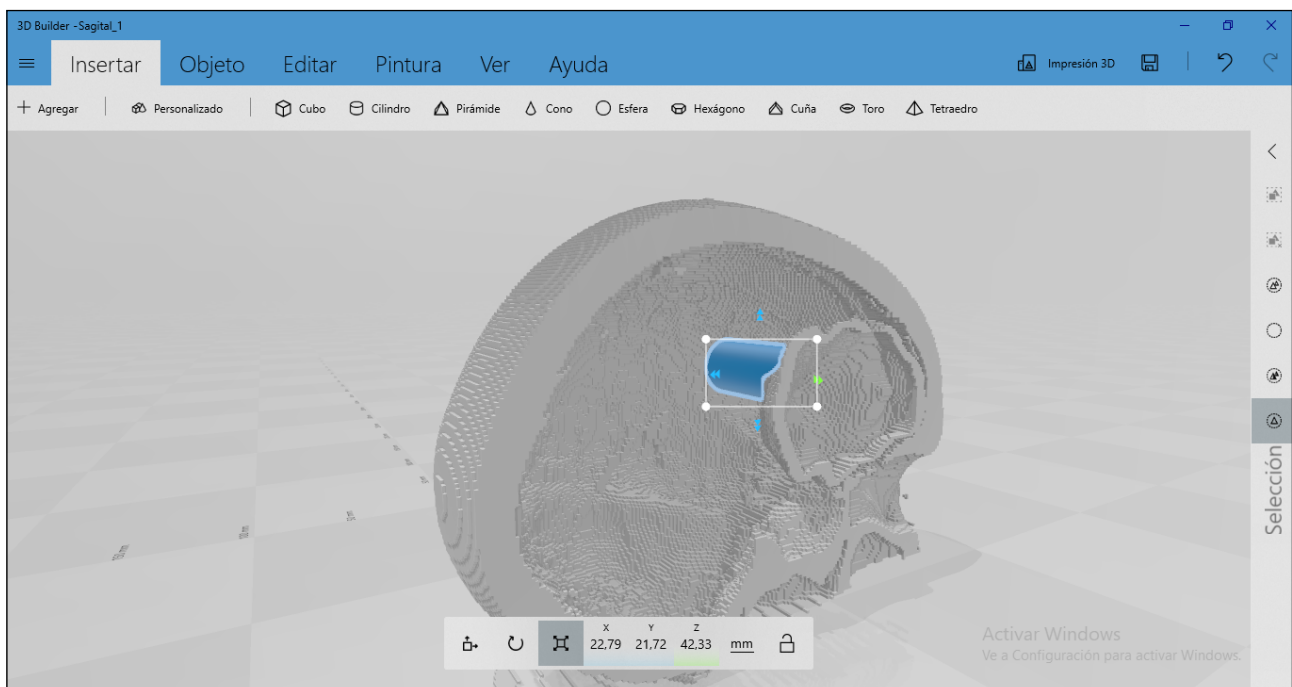
Il·lustració 106. Exemple del model del crani + la base del tumor en el programa 3D Builder.

5. Aleshores hem d'observar l'objecte. Si veiem que el tumor està flotant, és a dir, no està en contacte amb les parets del crani, haurem de col·locar un suport de forma manual (en cas contrari, avançar fins a la part de CURA). Per realitzar la col·locació manual del suport haurem de clicar a l'opció anomenada 'Insertar' (veure il·lustració 107).



Il·lustració 107. Finestra del programa 3D Builder, amb l'opció 'Insertar' assenyalada.

6. Seguidament, clicarem al botó 'Cilindro'. Un cop ens aparegui el cilindre, haurem d'ajustar la mida d'aquest mitjançant les diferents opcions que el programa ens proporciona. Un cop ajustada la mida del cilindre, l'hem de col·locar de manera que aquest estigui en contacte amb el crani i amb la base del tumor. (veure il·lustració 108).

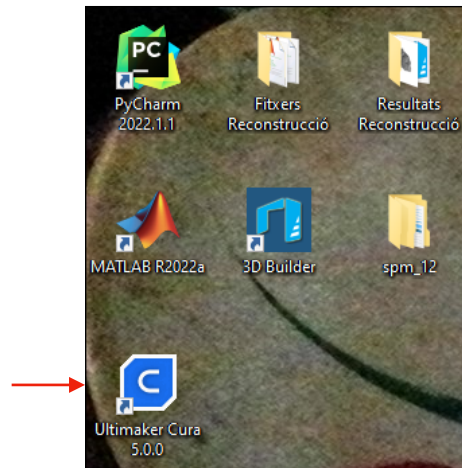


Il·lustració 108. Exemple de la col·locació del cilindre en el model del crani + base del tumor.

• PAS 7: CURA

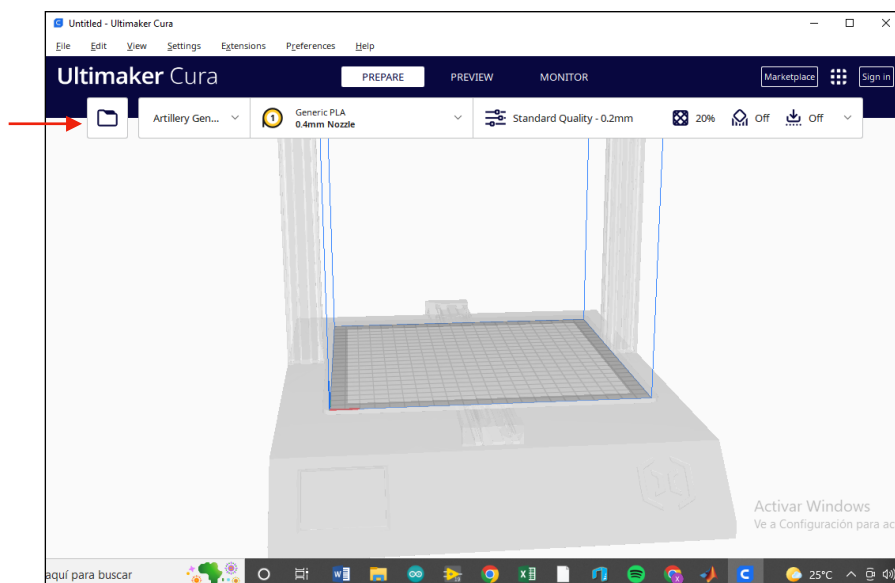
Seguidament, un cop col·locats els suports correctament, haurem d'obrir l'objecte que volem imprimir a l'aplicació CURA, i exportar el model en format 'gcode'. Els passos que realitzarem són els següents:

1. Primerament, hem d'obrir l'aplicació Ultimaker Cura, la qual està ubicada a l'escriptori (veure il·lustració 109).



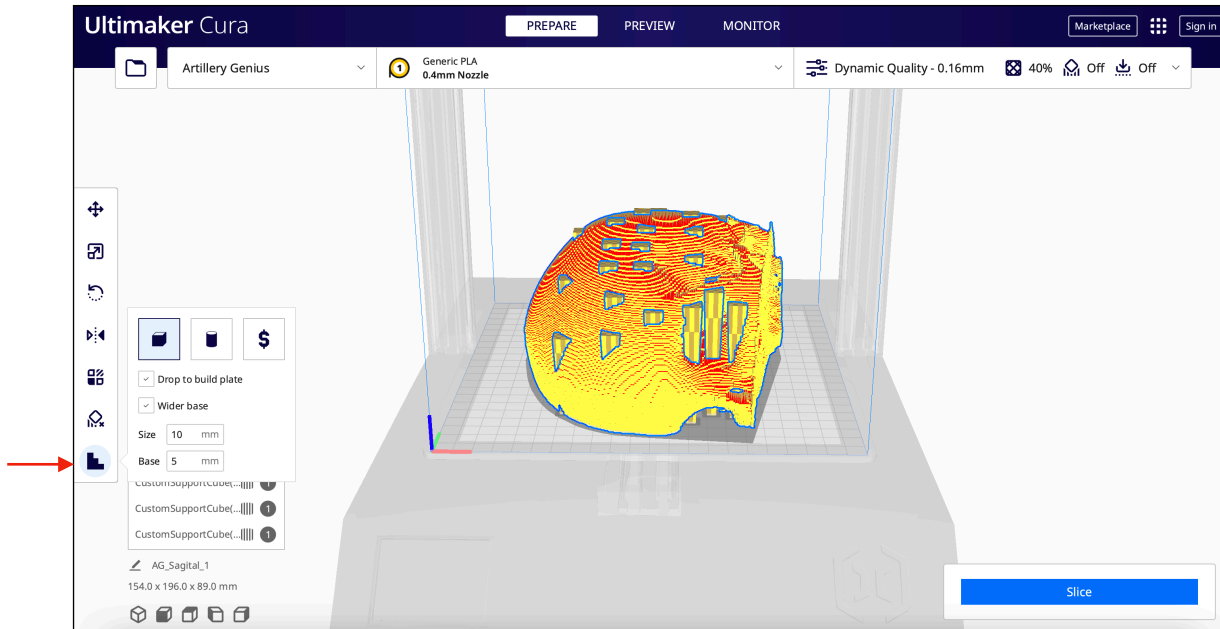
Il·lustració 109. Localització del programa Ultimaker Cura.

2. Un cop hem obert l'aplicació, per obrir el fitxer del model que volem imprimir, hem de clicar al botó que està ubicat a dalt a l'esquerra de la finestra del programa (veure il·lustració 110) i, seleccionar el model corresponent. Un cop seleccionat, cliquem a 'Abrir'.



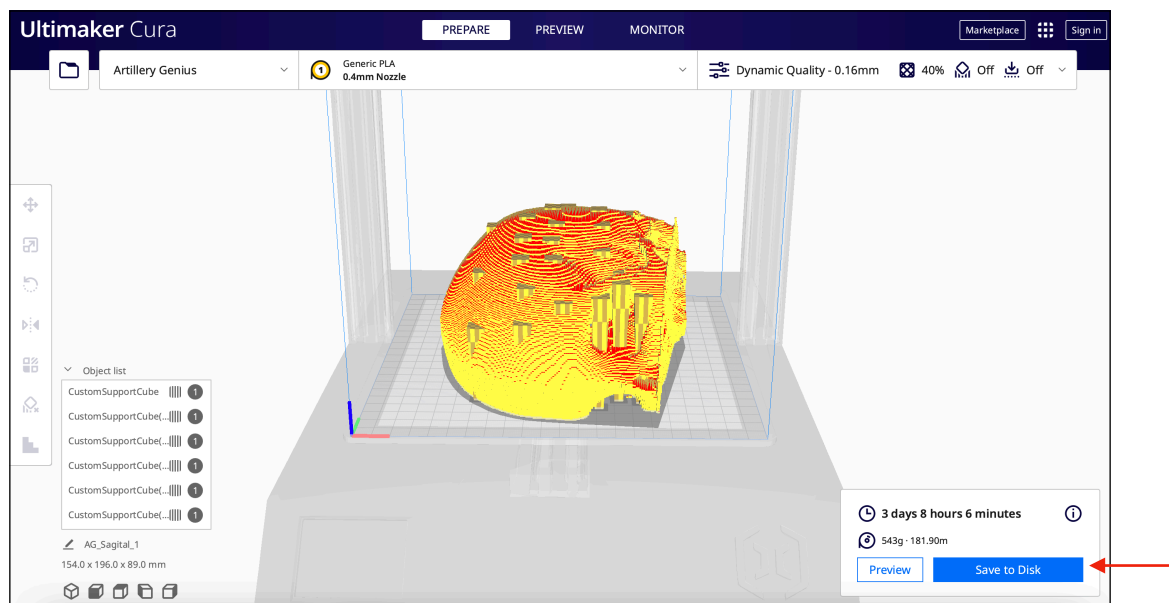
Il·lustració 110. Finestra del programa CURA amb l'opció 'Abrir' assenyalada.

3. Aleshores, abans d'exportar el model en format 'gcode', col·loquem de forma manual alguns suports per tal de reforçar l'estructura d'aquest. Per aconseguir aquesta tasca, clicarem a la icona senyalitzada a la il·lustració 104. Un cop clicada la icona anterior, clicarem a sobre del model, per tal de col·locar-hi els suports corresponents (veure il·lustració 111).



Il·lustració 111. Exemple del model al programa CURA, amb l'opció de col·locar suports assenyalada.

4. Finalment, cliquem a l'opció 'Save to Disk' i guardem en una memòria USB, el fitxer corresponent en format 'gcode' (veure il·lustració 112).



Il·lustració 112. Exemple del model al programa CURA, amb l'opció de 'Save to Disk' assenyalada.

• PAS 8: Impressió 3D

Aquest pas dependrà de la impressora que estiguem utilitzant, com a norma general bàsicament es basarà en:

1. Introduir la memòria USB a la impressora (veure il·lustració 113) i clicar a l'opció 'Print'.



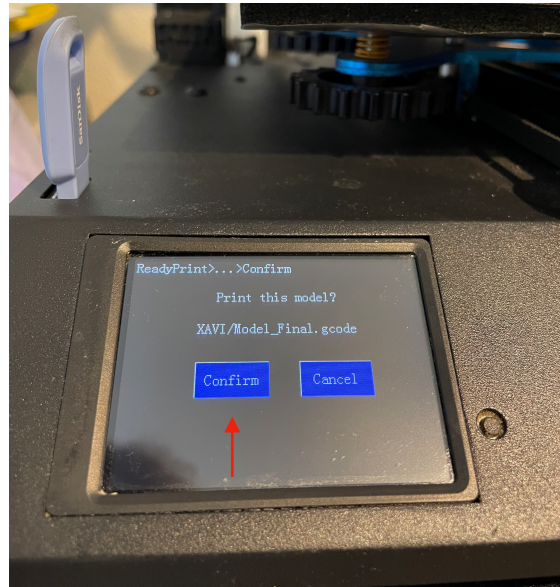
Il·lustració 113. Exemple de les diferents opcions del panell principal de la impressora.

2. Aleshores haurem de seleccionar el fitxer que volem imprimir (veure il·lustració 114).



Il·lustració 114. Exemple del fitxer que volem imprimir al panell de la impressora.

3. Seguidament, clicarem a l'opció 'Imprimir' i, tot seguit, a l'opció 'Confirm'. (veure il·lustració 115).



Il·lustració 115. Exemple de l'opció 'Confirm'.

4. Finalment, un cop clicada l'opció 'Confirm', començarà la impressió del model corresponent. (veure il·lustració 116).



Il·lustració 116. Exemple del panell de la impressora en començar amb la impressió del model seleccionat.