

Mejora de la segmentación hepática gracias al uso de modalidad cruzada guiada por imágenes de TC y RM

Cross-modality-guided contrast enhancement on liver segmentation

Joaquín Olivares
Instituto Maimónides de Investigación
Biomédica de Córdoba (IMIBIC)
Universidad de Córdoba
Córdoba, Spain
olivares@uco.es

Nitin Satpute
Technology Innovation Institute
Abu Dhabi, United Arab
Emirates
nitin.satpute@tii.ae

Juan Gómez-Luna
ETH Zürich
Zurich, Switzerland
juang@ethz.ch

Resumen — Los algoritmos de segmentación en imágenes de hígado son lentos e imprecisos debido al ruido y a la baja calidad de las imágenes procedentes de Tomografía Computarizada (TC) abdominal. Chan-Vese es un método de segmentación de imágenes con gran robustez frente al ruido, sin embargo es bastante lento debido al cálculo de complejas ecuaciones diferenciales parciales, especialmente para grandes conjuntos de datos médicos. Otro aspecto importante es el contraste de las imágenes de TC de hígado, pues se suele obtener un contraste muy bajo, lo que reduce la calidad general de la segmentación del hígado.

En este trabajo proponemos tres mejoras en el procesamiento de imagen hepática: la mejora del contraste de imágenes de TC de baja calidad gracias a una técnica guiada de modalidad cruzada basada en ecualización y coincidencia de histogramas 2D entre imágenes de TC y Resonancia Magnética (RM); la mejora de la segmentación hepática automática; así como una paralización en GPU del método Chan-Vese.

Los resultados presentan una notable mejora en la sensibilidad y precisión de la segmentación de hígado, así como un cálculo mucho más rápido, deseable para obtener durante una operación quirúrgica la segmentación del hígado en tiempo real.

Palabras Clave – segmentación; imagen médica; computación de altas prestaciones, GPU.

Abstract — Obtaining rapid and accurate segmentation of organs remains an important and challenging task. Liver segmentation algorithms are slow and inaccurate due to noise and low-quality images from abdominal computed tomography (CT) scans. Chan-Vese is an image segmentation method with great robustness against noise, however it is quite slow due to the computation of complex partial differential equations, especially for large medical data sets. The very low contrast of the liver obtained by CT images reduces the overall quality of liver segmentation.

In this work we propose two improvements to obtain optimal liver segmentation: contrast enhancement using a guided cross-modality technique as a preprocessing prior to liver segmentation; as well as the GPU paralyis of the Chan-Vese method.

The results present a notable improvement in the sensitivity and precision of liver segmentation, as well as a much faster calculation, desirable to obtain liver segmentation in real-time during the surgery.

Keywords – segmentation, medical imaging, high performance computing, GPU.

I. INTRODUCCIÓN

La segmentación de imágenes es un tema de investigación popular en imágenes médicas, teniendo múltiples aplicaciones, la segmentación de regiones, la reconstrucción, el registro, etc. [1–7]. Hay muchos métodos propuestos para la segmentación de imágenes, como el crecimiento de regiones [8], umbralización [9], invarianza a la iluminación [5], enfoque de gradiente [3], métodos de contorno [10,11], etc. Se pueden clasificar en métodos de segmentación de imágenes basados en bordes o regiones. Estos métodos se pueden categorizar aún más según el histograma, la información espacial de la imagen, la convergencia de los contornos activos, etc. [4,12]. Los modelos de contorno activos son esenciales cuando el borde de la región de interés en la imagen es borroso y difuso [4,13]. Las imágenes de tomografía computarizada a veces presentan mala calidad, con límites hepáticos indistinguibles que complican la tarea de segmentación del órgano. El alcance de una automatización suficientemente precisa es clave como paso previo a la robotización [15].

El algoritmo de Chan-Vese [9,16] se basa en modelos de contorno activos utilizando un enfoque de conjunto de niveles [4,14]. Utiliza los contornos iniciales y los valores de intensidad promedio dentro y fuera de la curva, y se basa en el principio de minimización de energía gracias al cálculo de ecuaciones diferenciales parciales. Es uno de los métodos más influyentes y efectivos para optimizar la función Mumford-Shah que incluye términos de energía definidos en la imagen y el espacio de contorno [12,19,20].

Las imágenes hepáticas de TC son difícil de segmentar mediante técnicas clásicas [10,21]. En este trabajo proponemos una implementación Chan-Vese aplicada a la segmentación de hígado de alto rendimiento de cómputo. Para ello evitamos transferencias de memoria intermedias entre CPU y GPU. Sin embargo, el enfoque de Chan-Vese por sí solo no es suficiente para una segmentación precisa del hígado, ya que puede generar muchos falsos positivos, lo que reduce la sensibilidad y la precisión [22,23] y degrada la calidad de la segmentación del hígado. Por lo tanto, empleamos un módulo de mejora antes del enfoque de Chan-Vese para la segmentación. Este módulo proporciona la mejora de contraste hepático mediante una modalidad cruzada. Consideramos la imagen del hígado por TC como la imagen objetivo y la imagen de la resonancia magnética (RM) como la imagen guía. Obtenemos así un histograma de la TC objetivo similar al de la imagen de resonancia magnética [24,

25]. Gracias a la programación paralela se obtiene una segmentación rápida y precisa del hígado.

El resto del documento está estructurado de la siguiente manera. La Sección 2 explica el flujo del enfoque de Chan-Vese y su implementación paralela en la GPU con y sin realce de contraste hepático. La evaluación del rendimiento basada en la calidad de la segmentación del hígado y la aceleración se analiza en la Sección 3. La Sección 4 resume los resultados y las principales conclusiones del artículo.

II. METODOLOGÍA

En esta sección, discutimos la metodología propuesta basada en el enfoque de Chan-Vese [9] y el impacto de la mejora de contraste guiada mediante modalidad cruzada para la segmentación de hígado. Se exponen implementaciones secuenciales y paralelas del método de Chan-Vese, tanto aplicando la técnica de realce como sin ella.

A. Implementación en CPU de Chan-Vese

El diagrama de flujo de la Fig. 1 representa el enfoque de Chan-Vese implementado en CPU. Donde:

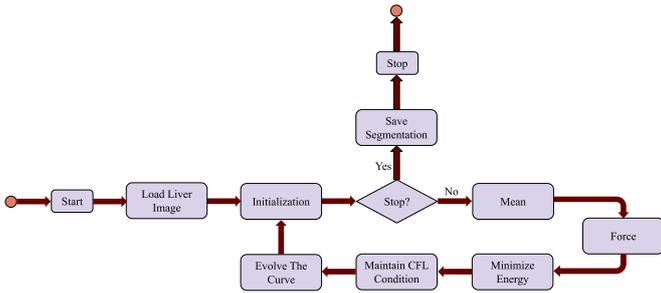


Figura 1. Implementación en CPU del método Chan-Vese

- **Inicialización:** El objetivo de este paso es crear un contorno o máscara inicial para generar una función de distancia con signo (SDF) [14, 20]. Esto consta de dos regiones, es decir, el hígado como primer plano y la región no hepática como fondo. La máscara debe ser similar al área del hígado para aumentar la sensibilidad de la segmentación y reducir el tiempo de cálculo.

- **Criterios de Detención:** Este paso detecta si el proceso de segmentación del hígado está completo o no. Si el proceso se completa, la imagen segmentada se almacena y el proceso de segmentación del hígado se detiene; de lo contrario, el modelo calcula la media de las regiones interior y exterior con respecto a la máscara inicial.

- **Media:** Este paso incluye el cálculo de la SDF a partir de la máscara inicial en el hígado utilizando la distancia euclidiana. La función de distancia SDF será positiva dentro de la curva y negativa fuera. Sin embargo, el cálculo de la SDF requiere mucho tiempo. Por lo tanto, aplicamos un enfoque de banda estrecha para reducir el tiempo de cálculo restringiendo el cálculo a una banda de puntos de cuadrícula cerca del conjunto de niveles (o máscara). El SDF ayuda a encontrar el valor promedio de los píxeles dentro y fuera de la curva [14,19].

- **Fuerza:** El cálculo del valor medio de los píxeles dentro y fuera de la curva es fundamental para calcular la fuerza a partir de la ecuación de energía de Chan-Vese. (11). La Energía se

calcula con la ec. (11) utilizando el valor medio de los píxeles dentro y fuera de la curva:

$$E = SD_{in} + SD_{out} = \int_{in} (I(x, y) - \mu_{in})^2 dx dy + \int_{out} (I(x, y) - \mu_{out})^2 dx dy \quad (11)$$

La fuerza se calcula a partir de la imagen utilizando el valor promedio de los píxeles dentro y fuera de la curva, ec. (12):

$$F = \nabla E = (I(x, y) - \mu_{in})^2 + (I(x, y) - \mu_{out})^2 \quad (12)$$

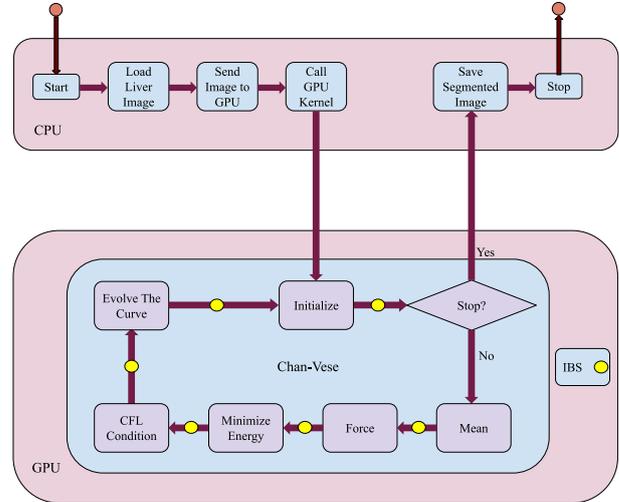


Figura 2. Implementación en GPU del método Chan-Vese

Se calcula la curvatura usando la ecuación Kappa [12,16], y se aplica el esquema de aproximación de diferencia central para aproximar las derivadas de SDF con respecto a x y y .

- **Minimizar la energía:** el algoritmo de descenso de gradiente ayuda a minimizar la energía dada por la ecuación (11). La curva se actualiza mediante el cálculo de la SDF y se aproxima mediante la expansión de Taylor de primer orden.

- **Mantener la condición CFL:** La condición de *Courant, Friedrichs, Lewy* (CFL) [14,16,19] es necesaria para la convergencia mientras se resuelven las ecuaciones diferenciales parciales para mantener la precisión de la curva (C):

$$C = u \Delta t / \Delta x \leq C_{max} \quad (13)$$

Donde C es el número de corriente, u es la variable dependiente que es una magnitud de la velocidad, Δt es el intervalo de tiempo y Δx es el intervalo de espacio. El valor de C_{max} suele ser 1 para los métodos explícitos. El número de corriente controla la estabilidad y es necesario elegir los intervalos de espacio y tiempo con precisión.

- **Evolve The Curve:** Calculamos la función de Sussman [16] para mantener la suavidad de la curva. La reinicialización de la curva tiene lugar y el proceso de segmentación basado en Chan-Vese continúa hasta que el hígado se segmenta por completo y la curva no puede evolucionar más.

B. Implementación en GPU de Chan-Vese

Nuestro objetivo es una implementación paralela rápida del enfoque de Chan-Vese para la segmentación del hígado. Chan-Vese es un algoritmo iterativo. El flujo de implementación de GPU del enfoque de Chan-Vese para la segmentación del hígado se muestra en la Fig. 2.

La CPU envía la imagen del hígado a la memoria de la GPU. La CPU llama al kernel Chan-Vese en la GPU. Cada subproceso en la GPU en paralelo realiza la inicialización de la curva. Los criterios de detención se verifican para determinar que el proceso finalice o no. Si el proceso finaliza, el control vuelve a la CPU almacenando la imagen segmentada y el proceso se detiene.

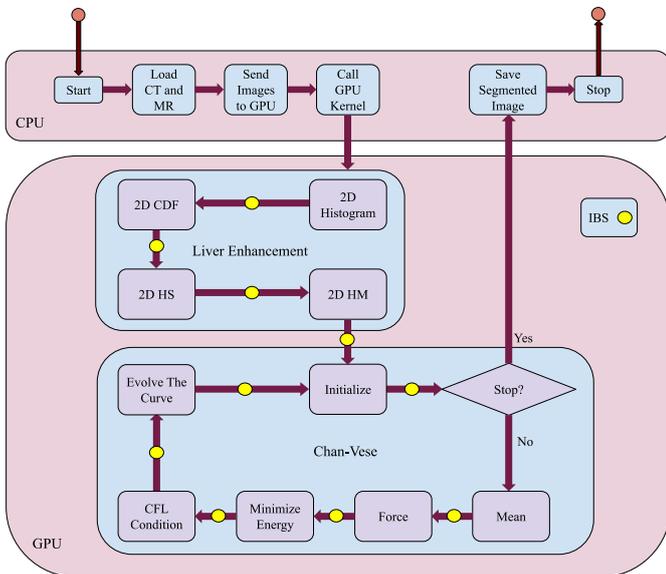


Figura 3. Implementación en GPU del método Chan-Vese con realce

Cada hilo en paralelo es responsable del cálculo del valor promedio de los píxeles dentro y fuera de la curva. La sincronización de GPU (IBS) [26,27] entre etapas es esencial y garantiza que se comuniquen datos válidos entre los bloques. El kernel de Chan-Vese en la GPU calcula la fuerza en función de los píxeles de la imagen y la curvatura y el algoritmo de descenso de gradiente para minimizar la energía proporcionada por la ecuación. (11). Todos los hilos mantienen la condición CFL para la convergencia y calculan la función de Sussman para mantener la suavidad de la curva. Los hilos paralelos reinician la curva y el proceso de segmentación del hígado usando Chan-Vese continúa hasta que la curva no puede evolucionar más. El proceso de segmentación se detiene y el control vuelve a la CPU si se cumplen los criterios de detención.

C. Implementación en GPU de Chan-Vese incluyendo realce

El enfoque de Chan-Vese para la segmentación del hígado da como resultado falsos positivos. Con el fin de reducir el número de falsos positivos y aumentar la sensibilidad de la segmentación del hígado, mejoramos la imagen del hígado por TC mediante el realce de contraste guiado mediante modalidad cruzada. En la figura 3 se muestra el flujo de realce de contraste hepático y segmentación mediante Chan-Vese.

La CPU envía las imágenes de TC y RM a la GPU. La CPU invoca un solo núcleo en la GPU para la segmentación y la

mejora del hígado. El realce hepático mejora el contraste de la imagen de TC del hígado considerando la imagen de RM como imagen guía. Las unidades de computación paralelas en la GPU hacen coincidir el histograma de la imagen TC con la imagen guía de MR antes de realizar la segmentación. El realce de contraste hepático consta de los siguientes módulos:

- Histograma 2D de las imágenes de TC y RM: Un histograma 2D es un gráfico de píxeles y píxeles vecinos para descubrir la distribución de frecuencia 2D subyacente de la imagen. Esto implica calcular la frecuencia con la que ocurre el par de valores vecinos en una imagen en lugar de solo considerar los valores de píxeles individuales [25,29,30].

- Función distributiva acumulativa (CDF) 2D: Calcula la probabilidad de encontrar un posible par de píxeles en las imágenes de TC y RM [24,30].

- Especificación de histograma 2D (HS): También denominado como ecuación de histograma. HS amplía los valores de intensidad más frecuentes mejorando el contraste global de la imagen [25,30].

- Coincidencia de histogramas 2D (HM): El proceso de ecuación de histogramas sobre la imagen TC proporciona una imagen mejorada al mapear los valores de intensidad modificados obtenidos de la ecuación de histogramas 2D a los píxeles correspondientes [24,25,29].

La imagen de TC mejorada obtenida de la modalidad cruzada 2D se envía al enfoque de Chan-Vese para su segmentación. La GPU realiza la segmentación y el control vuelve a la CPU guardando la imagen del hígado segmentado.

III. EVALUACIÓN DE RESULTADOS.

En esta sección, analizamos y comparamos el rendimiento del enfoque de Chan-Vese en CPU y GPU, el impacto en la mejora del realce en la segmentación del hígado, así como la calidad de la segmentación del hígado mediante Dice-Score, sensibilidad y precisión. Usamos para las pruebas: CPU Intel Core i7-7700HQ @ 2.80 GHz RAM 24 GB, NVIDIA GPU GeForce GTX 1050 (RAM 4 GB) y CUDA Toolkit 10.1.

A. Dataset

Los datos hepáticos se obtuvieron de The Intervention Centre, University of Oslo, [3]. Sus clínicos proporcionaron verdades fundamentales para la segmentación del hígado (*Ground truth*). Se debe considerar que pueden aparecer errores subjetivos inter e intra-observador al crear los *Ground truth* para las imágenes TC de entrada. El error intra-observador es cuando el mismo médico crea el *Ground truth* para la imagen CT de entrada en diferentes momentos de tiempo. El error inter-observador se crea cuando diferentes médicos crean diferentes *Ground truth* para la misma imagen de TC de entrada. También pueden aparecer errores dependientes de las fases de registro de las imágenes de RM y TC de entrada que se utilizan para la mejora de contraste en guiado sobre modalidades cruzadas. Otra fuente de posibles errores pueden aparecer cuando los médicos utilizan diferentes técnicas de registro para los cortes de TC y RM. En este trabajo se utiliza 3D Slicer para el registro.

Los volúmenes de TC y RM se cargan en 3D Slicer, para extraer de ambos volúmenes la región de interés (RoI) utilizando

'Corte de superficie' y 'Máscara de volumen' disponibles en el 'Editor de segmentos', o a través del 'Editor de segmentos'. Los RoI se pueden registrar utilizando el 'Registro general' seleccionando el Grado de libertad apropiado) y el 'Modo de transformación de inicialización'. Tenga en cuenta que los resultados del registro dependen de los órganos cuyos volúmenes de TC y RM se registren.

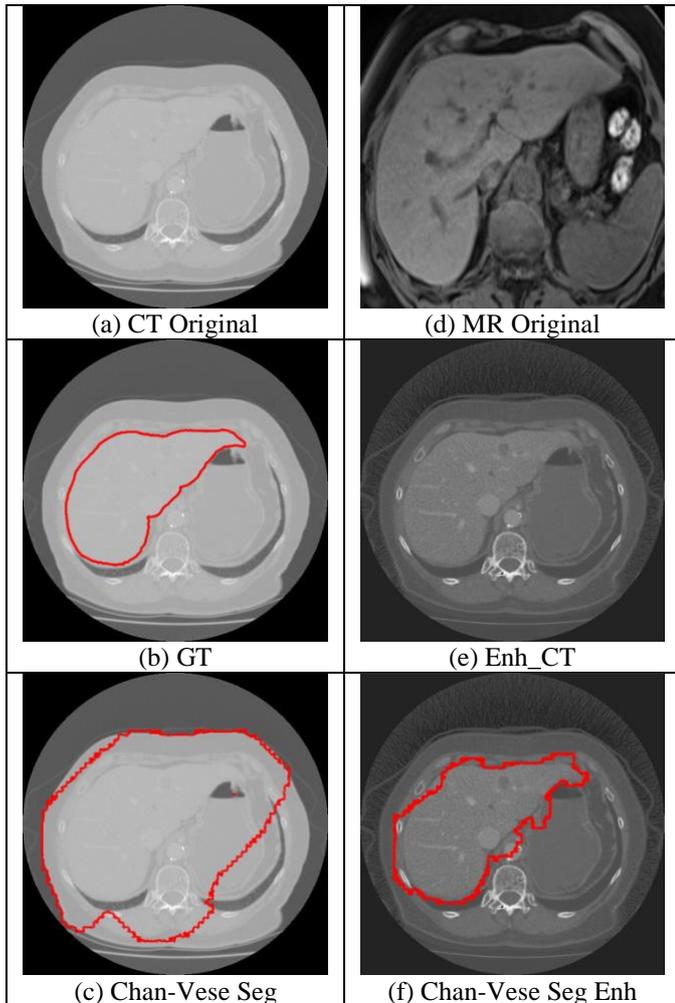


Figura 4. Imagen hepática 1

La Tabla 1 muestra información sobre imágenes de diferentes tamaños, incluida la cantidad total de cortes de hígado utilizados para el análisis de rendimiento de un volumen en particular. Validamos el rendimiento en 24 cortes de hígado obtenidos de 4 volúmenes registrados diferentes. Para obtener el *Ground truth* se procesan las imágenes previamente a través de aplicaciones desarrolladas localmente. En algunos casos se utiliza la misma aplicación para la segmentación del hígado y la separación de los vasos hepáticos de la vena Portal, otra forma de obtenerlos sería emplear la herramienta de contorno activo mediante ITK-SNAP y aplicar una corrección manual [31].

TABLA I. DATASET DE IMÁGENES HEPÁTICAS

Liver dataset.			
Volume #	Total # of slices	Image size (wxh)	# of slices with Liver
28 059	59	462 × 321	6
23 186	87	405 × 346	6
18 152	139	512 × 512	5
10 504	59	460 × 306	7

B. Calidad de la segmentación hepática

Los resultados segmentados utilizando Chan-Vese en las imágenes originales y mejoradas se muestran en las Figs. 4, 5 y 6 para diferentes imágenes hepáticas.

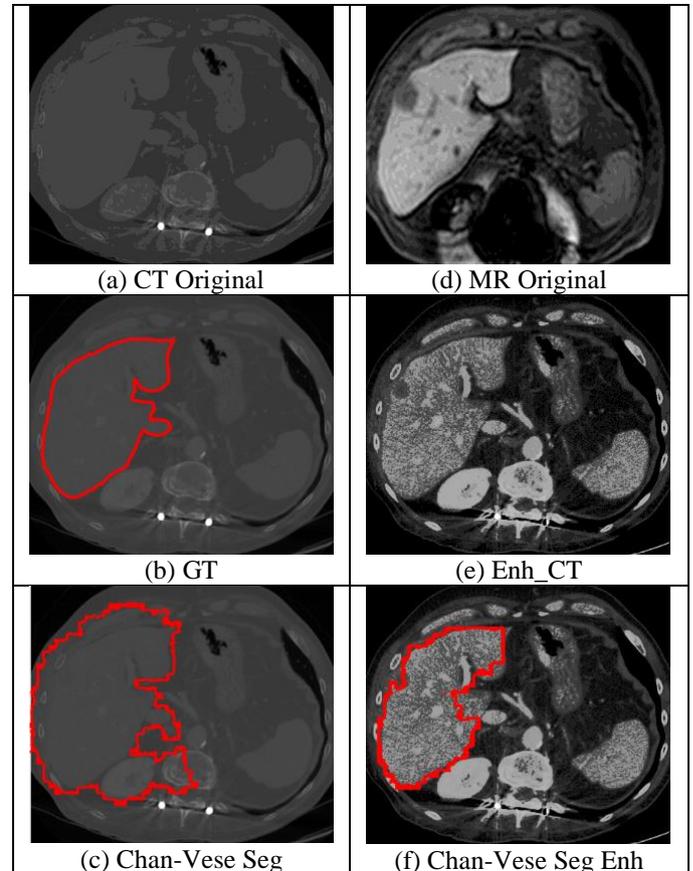


Figura 5. Imagen hepática 2

Para todas ellas: Las Figs. (a) muestran la segmentación del hígado en los cortes de hígado de CT originales. Las Figs. (b) muestran el *Ground truth* marcado por el clínico sobre la imagen CT original. Las Figs. (c) muestran la segmentación obtenida con el método Chan-Vese sobre la imagen CT original. Las Figs. (d) muestran las imágenes originales provenientes de MR que ayudarán como guía para la mejora del realce mediante la modalidad cruzada sobre las imágenes CT. Las Figs. (e) muestran la imagen realzada obtenida gracias a la modalidad cruzada guiada. Finalmente, las Figs. (f) presentan la segmentación obtenida con el método Chan-Vese sobre la imagen realzada.

Se observa en la evaluación de la calidad de la segmentación (Tabla 2) que el hígado segmentado se obtiene de forma más precisa cuando se mejora el contraste del hígado.

TABLA II. DATASET DE IMÁGENES HEPÁTICAS

Liver segmentation quality analysis.

Liver Slice #	Chan-Vese without enhancement			Chan-Vese with enhancement		
	Dice	Sensitivity	Accuracy	Dice	Sensitivity	Accuracy
1	0.504	0.831	0.719	0.904	0.979	0.969
2	0.533	0.669	0.748	0.895	0.961	0.966
3	0.762	0.882	0.896	0.894	0.988	0.967
4	0.759	0.868	0.890	0.879	0.991	0.961
5	0.721	0.829	0.858	0.815	0.901	0.917
Average	0.656	0.816	0.822	0.877	0.964	0.956
Std. Dev.	0.126	0.085	0.082	0.036	0.037	0.022

Los datos de la prueba MICCAI contienen TC clínicas en 3D [32,33]. El método propuesto se basa en un enfoque de modalidad cruzada en el que utilizamos imágenes de RM para la mejora guiada. Hasta donde sabemos, este es el primer enfoque sin aprendizaje que utiliza la mejora de contraste guiada de modalidad cruzada para la segmentación del hígado.

C. Rendimiento del cómputo

En esta sección, analizamos la aceleración obtenida por la implementación de GPU de Chan-Vese en comparación con la implementación de CPU, se muestra en la Tabla 3.

TABLA III. RENDIMIENTO DEL CÓMPUTO
Liver segmentation speedup analysis.

Liver Slice #	Chan-Vese without enhancement			Chan-Vese with enhancement		
	CPU (s)	GPU (s)	Speedup	CPU (s)	GPU (s)	Speedup
1	4.324	0.276	15.667	276.15	2.78	99.335
2	4.117	0.256	16.082	270.098	2.44	110.696
3	2.679	0.195	13.738	173.93	1.95	89.195
4	2.857	0.211	13.54	165.03	1.65	100.018
5	3.112	0.219	14.21	175.82	1.73	101.63
Average	3.49425	0.2345	14.647	221.302	2.205	99.811
Std. Dev.	0.752	0.033	1.155	55.8	0.484	7.65

La complejidad computacional del algoritmo Chan-Vese propuesto es $O(N)$ donde N es el número de elementos en la imagen TC, por ello es muy eficiente incluso para imágenes de gran tamaño. Se muestra el tiempo promedio y la desviación estándar, mostrando una aceleración media de 100 veces en el procesamiento de la imagen realzada. Esto se obtiene gracias a evitar llamadas intermedias del kernel, y a la explotación del paralelismo de alto nivel.

IV. CONCLUSIÓN

El algoritmo de Chan-Vese es un algoritmo muy potente debido a la mejora de la robustez del ruido, pero su cómputo es muy lento debido a los cálculos de las ecuaciones diferenciales parciales, especialmente cuando se trata de grandes imágenes médicas. Puede plantear un problema para la implementación en tiempo real y es muy deseable un enfoque paralelo eficiente. Como desventaja, la segmentación hepática obtenida es poco precisa y sensible.

Es necesario realzar el contraste del hígado para una segmentación más precisa. La imagen de RM registrada se utiliza para mejorar la imagen de TC de baja calidad, para ello se aplica una técnica de eualización y coincidencia de histogramas 2D que no requiere aprendizaje.

Realizamos el realce de la imagen hepática aplicando modalidad cruzada guiada a partir de imágenes de TC y RM. El enfoque de modalidad cruzada incluye el análisis de histogramas 2D que requieren mucho tiempo de cómputo, pues incluye tareas repetitivas de análisis de histogramas por pares de elementos provenientes de las imágenes hepáticas. Esto también es aplicable a los cálculos numéricos de las ecuaciones diferenciales parciales en Chan-Vese. Estas tareas repetitivas se implementan en GPU obteniendo una mejora significativa del rendimiento. La implementación secuencial tradicional en CPU es lenta para grandes estructuras de datos 2D/3D como son las imágenes médicas. Los algoritmos de procesamiento de imágenes se caracterizan por realizar operaciones sencillas de

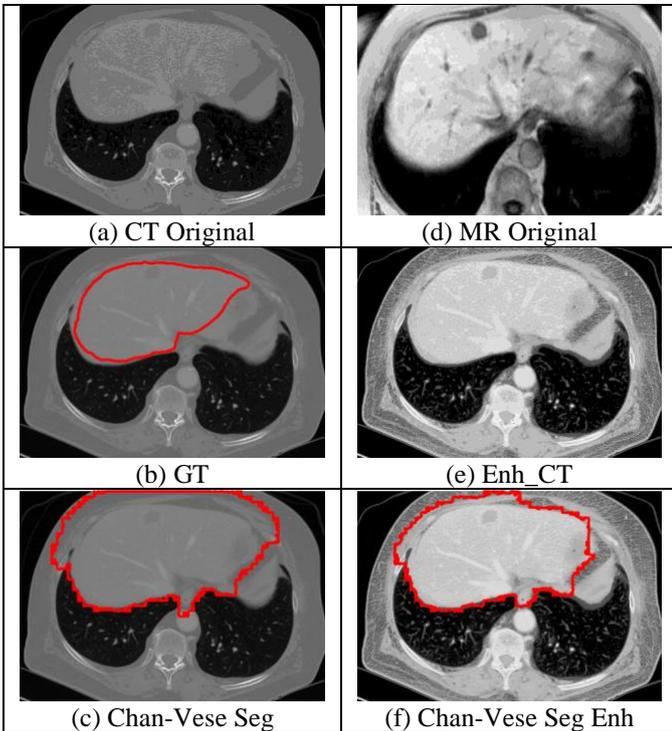


Figura 6. Imagen hepática 3

La Tabla 2 muestra los parámetros de evaluación de la calidad, es decir, Dice-Score, sensibilidad y precisión [22,23] para el enfoque de Chan-Vese con y sin realce. La medida *Dice* indica la región de superposición. La sensibilidad (*Sensitivity*) actúa como tasa de verdaderos positivos y define si el método es sensible a los elementos hepáticos. La precisión (*Accuracy*) explica el número de elementos hepáticos y no hepáticos segmentados con precisión. Puede verse en la Tabla 2 que los datos promedio y la desviación estándar. Se observa que el enfoque de Chan-Vese mejora notablemente en los cortes de hígado realzados a la vez que la desviación estándar se reduce.

Los resultados demuestran que el realce de la imagen hepática obtenida de forma guiada gracias a modalidad cruzada mejora la calidad de la segmentación en términos de precisión, *Dice* y sensibilidad utilizando el enfoque Chan-Vese propuesto. El algoritmo de segmentación propuesto puede delinear los límites del hígado que tienen niveles de variabilidad similares a los obtenidos manualmente. El enfoque propuesto acelera el proceso general de segmentación del hígado 100 veces en la GPU en comparación con la implementación de la CPU.

forma altamente paralelizable, siendo especialmente susceptibles de implementar en arquitecturas FPGA [17] o GPU, como evidencia la multiplicación de matrices dispersas [18].

En este artículo, proponemos una segmentación hepática rápida paralelizando el enfoque de Chan-Vese. También estudiamos el impacto del realce del contraste en la segmentación de hígado. El enfoque propuesto es rápido y preciso y supera a otros enfoques para cortes de hígado por TC de baja calidad. El algoritmo de segmentación propuesto puede delinear los límites del hígado que tienen niveles de variabilidad similares a los obtenidos manualmente. La implementación en GPU del enfoque propuesto acelera el proceso general de segmentación del hígado 100 veces en comparación con la implementación en CPU. La mejora de contraste gracias a la modalidad cruzada guiada mejora la calidad de los resultados al disminuir los falsos positivos.

AGRADECIMIENTOS

El trabajo cuenta con el apoyo de los proyectos: “(DESIDERIO) DESarrollo de Sistemas DEep-learning, Robótica e IoT”, PPIT_2022E_026434, y PP-RC-OPI-HIPERNAV. “IoT Next Generation: Towards 2030 Horizon” de la Universidad de Córdoba. “ALive: Analytics for computation and visualization of liver resections”, 311393 The Research Council of Norway. Agradecemos a *The Intervention Centre, Oslo University Hospital*, las imágenes médicas y la información *Ground truth* para la validación clínica de la segmentación de hígado.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] K.K. Delibasis, et al A novel tool for segmenting 3d medical images based on generalized cylinders and active surfaces. *Comput. Methods Programs Biomed.*, 111 (1) (2013), pp. 148-165
- [2] F.J. Rodríguez - Lozano, et al. Non-Invasive Forehead Segmentation in Thermographic Imaging. *Sensors* vol. 19, 4096 (2019).
- [3] N Satpute, et al. Fast parallel vessel segmentation. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, vol. 192, (2020) 105430.
- [4] S.K. Siri, M.V. Latte, Combined endeavor of neutrosophic set and Chan-Vese model to extract accurate liver image from CT scan, *Comput. Methods Programs Biomed.* 151 (2017) 101–109.
- [5] R Palomar, et al. “Parallelizing and Optimizing LIP-Canny Using NVIDIA CUDA” *Int. Conf. on Industrial, Engineering and Other Applications of Applied Intelligent Systems* (2010), pp. 389-398
- [6] R. Palomar, et al. High-performance computation of bézier surfaces on parallel and heterogeneous platforms, *Int. J. Parallel Program.* 46 (6) (2018) 1035–1062.
- [7] O. Zachariadis, et al. Accelerating B-spline interpolation on GPUs: Application to medical image registration, *Comput. Methods Programs Biomed.* 193 (2020) 105431.
- [8] E. Smistad, et al. Medical image segmentation on GPUs—A comprehensive review, *Med. Image Anal.* 20 (1) (2015) 1–18.
- [9] N Satpute, et al. “Accelerating Chan–Vese model with cross-modality guided contrast enhancement for liver segmentation,” *Computers in Biology and Medicine*, vol. 124, (2020) 103930.
- [10] R. Hemalatha, et al. Active contour based segmentation techniques for medical image analysis, *Med. Biol. Image Anal.* (2018) 17.
- [11] X. Lu, et al. Fully automatic liver segmentation combining multi-dimensional graph cut with shape information in 3D CT images, *Sci. Rep.* 8 (1) (2018) 10700.
- [12] R. Naseem, et al. “Cross-modality guided contrast enhancement for improved liver tumor image segmentation” *IEEE Access* vol. 9, (2021) pp. 118154 – 118167.
- [13] S. Tomoshige, et al. A conditional statistical shape model with integrated error estimation of the conditions; Application to liver segmentation in non-contrast CT images, *Med. Image Anal.* 18 (1) (2014) 130–143,
- [14] J. Duan, et al. Some fast projection methods based on Chan-Vese model for image segmentation, *EURASIP J. Image Video Process.* 2014 (1) (2014) 7.
- [15] F. Espinosa, et al. Proyecto ALCOR: Contribuciones a la Optimización del Guiado Remoto de Robots en Espacios Inteligentes. *Revista Iberoamericana de Automática e Informática industrial.* (2018) v. 15, n. 4, p. 416-426.
- [16] W. Aydi, et al. Active contour without edges vs GVF active contour for accurate pupil segmentation, *Int. J. Comput. Appl.* 54 (4) (2012).
- [17] J. Olivares, et al. Minimum Sum of Absolute Differences Implementation in a Single FPGA Device. *Field Programmable Logic and Application. Lecture Notes in Computer Science*, vol 3203 (2004).
- [18] O. Zachariadis, et al. “Accelerating Sparse Matrix-Matrix Multiplication with GPU Tensor Cores”. *Computers Methods and Programs in Biomedicine*, 193, (2020) 105431.
- [19] L. He, S. Osher. Solving the Chan-Vese model by a multiphase level set algorithm based on the topological derivative, in: *Int. Conf. on Scale Space and Variational Methods in Computer Vision*, 2007, pp. 777–788.
- [20] K. Zhang, et al. Active contours driven by local image fitting energy, *Pattern Recognit.* 43 (4) (2010) 1199–1206.
- [21] E. Smistad, et al. GPU accelerated segmentation and centerline extraction of tubular structures from medical images, *Int. J. Comput. Assist. Radiol. Surg.* 9 (4) (2014) 561–575.
- [22] Z. Yan, et al. A three-stage deep learning model for accurate retinal vessel segmentation, *IEEE J. Biomed. Health Inf.* 23 (4) (2019) 1427–1436.
- [23] M.H. Yap, et al. Automated breast ultrasound lesions detection using convolutional neural networks, *IEEE J. Biomed. Health Inf.* 22 (4) (2018) 1218–1226.
- [24] T. Celik. Two-dimensional histogram equalization and contrast enhancement, *Pattern Recognit.* 45 (10) (2012) 3810–3824.
- [25] S.-W. Jung, Two-dimensional histogram specification using two-dimensional cumulative distribution function, *Electron. Lett.* 50 (12) (2014) 872–874.
- [26] K. Gupta, et al. A study of persistent threads style GPU programming for GPGPU workloads, in: *Innovative Parallel Computing-Foundations & Applications of GPU, Manycore, and Heterogeneous Systems (INPAR 2012)*, IEEE, 2012, pp. 1–14.
- [27] M. Sourouri, et al. Panda: A compiler framework for concurrent CPU+GPU execution of 3D stencil computations on GPU-accelerated supercomputers, *Int. J. Parallel Program.* 45 (3) (2017) 711–729.
- [28] M. Harris, *CUDA Pro Tip: Write Flexible Kernels with Grid-Stride Loops*, GitHub, 2015. URL <http://goo.gl/b8Vmkh>.
- [29] N. Satpute, et al. GPU acceleration of liver enhancement for tumor segmentation, *Comput. Methods Programs Biomed.* 184 (2020) 105285.
- [30] R. Naseem, et al. Cross modality guided liver image enhancement of CT using MRI, in: *8th European Workshop on Visual Information Processing (EUVIP)*, IEEE, 2019, pp. 46–51.
- [31] Å.A. Fretland, et al. Laparoscopic versus open resection for colorectal liver metastases, *Ann. Surg.* 267 (2) (2018) 199–207.
- [32] C. Shi, et al. A hierarchical local region-based sparse shape composition for liver segmentation in CT scans, *Pattern Recognit.* 50 (2016) 88–106.
- [33] C. Shi, et al. Low-rank and sparse decomposition based shape model and probabilistic atlas for automatic pathological organ segmentation, *Med. Image Anal.* 38 (2017) 30–49.
- [34] F. Espinosa, et al. “Proyecto ALCOR: Contribuciones a la Optimización del Guiado Remoto de Robots en Espacios Inteligentes”, *Revista Iberoamericana de Automática e Informática industrial.* (2018) v. 15, n. 4, p. 416-426.