

# Diseño de dispositivos médicos personalizados asistido por inteligencia artificial y métodos numéricos: aplicación a prótesis articulares

William Solórzano-Requejo<sup>1,2</sup>, Adrián Martínez Cendrero<sup>1</sup>, Carlos Aguilar<sup>1</sup>, Rodrigo Zapata Martínez<sup>1</sup>, Carlos Ojeda<sup>2</sup>, Andrés Díaz Lantada<sup>2</sup>,

<sup>1</sup>División de Ingeniería de Máquinas, Departamento de Ingeniería Mecánica, Universidad Politécnica de Madrid, España.  
Email: [wsrequejo@gmail.com](mailto:wsrequejo@gmail.com)

<sup>2</sup>Grupo de Biomecánica, Departamento de Ingeniería Mecánico-Eléctrica, Universidad de Piura, Perú.

## Resumen

El proceso típico para diseñar dispositivos médicos personalizados comienza con la generación del modelo digital basado en técnicas de imagen médica, sin embargo, esta metodología tiene varias fuentes de error como la resolución de la imagen y las facetas triangulares del archivo tridimensional; por ello, este artículo propone una nueva estrategia de diseño evadiendo la segmentación. Para demostrar su viabilidad, se analizó un caso de estudio: el vástago femoral. Se extrajeron representaciones similares a las imágenes médicas del fémur de un paciente que fueron procesadas, con algoritmos de inteligencia artificial y métodos numéricos, porque a partir del contorno interior es posible ajustar matemáticamente un círculo o elipse; y las curvas ajustadas asisten el modelado de las prótesis articulares, demostrando que es posible automatizar el diseño personalizado de biodispositivos eliminando las fuentes de error inherentes al flujo de trabajo convencional.

**Palabras clave:** inteligencia artificial; dispositivos médicos; diseño personalizado; métodos numéricos.

## Abstract

The typical process to design personalized medical devices begins with the generation of the digital model based on medical imaging techniques, however, this methodology has several sources of error such as image resolution and triangular facets of the three-dimensional file; therefore, this article proposes a new design strategy avoiding segmentation. To demonstrate its feasibility, a case study was analyzed: the femoral stem. Representations similar to medical images of a femur were extracted and processed, with artificial intelligence algorithms and numerical methods, because from the inner contour it is possible to mathematically adjust a circle or ellipse; and the fitted curves assist the modeling of joint prostheses, demonstrating that it is possible to automate the customized design of biodevices by removing the sources of error inherent to the conventional workflow.

**Keywords:** artificial intelligence; medical devices; custom design; numerical methods.

## 1. Introducción

Las prótesis desempeñan un papel fundamental en el tratamiento y la gestión de muchas afecciones, como los traumatismos, las enfermedades y la rehabilitación, porque ayudan a restaurar los rasgos estéticos y la función mecánica. El predominio y la accesibilidad de las tecnologías de escaneo y fabricación 3D está impulsando su incorporación en la creación de prótesis

personalizadas, anatómicamente precisas para los pacientes [1], [2]. Para ello, la información clínica sobre la morfología interna y/o externa se incorpora en la fase de diseño; en consecuencia, todas las invenciones emergentes tienen en común los métodos de captura de datos anatómicos para guiar el diseño y la fabricación de biodispositivos hechos a medida [3]. La capacidad de capturar digitalmente la anatomía del paciente impulsa la adopción de las prótesis

personalizadas al proporcionar un enfoque rápido, no invasivo y más preciso para su uso cotidiano en hospitales. Las imágenes médicas, obtenidas a través de tomografía computarizada (TC) o resonancia magnética, son cortes transversales bidimensionales cuya reconstrucción (segmentación) produce modelos tridimensionales de alta resolución de un paciente proporcionando una visión de su anatomía y de los tejidos blandos subyacentes valiosa para optimizar el ajuste protésico, pero cuya obtención conlleva una gran carga computacional [3]–[6].

La información digital en el flujo de trabajo de los implantes personalizados sufre varias transformaciones, comienza con la adquisición de la imagen que tanto por aproximación como por fallos en la resolución da lugar a una fuente de error en el diseño. El modelo anatómico se define sobre los vóxeles en función del tamaño de los píxeles y el grosor de los cortes tomográficos; por ende, cuanto mayor sea el grosor, mayor será la influencia de este primer error. Procesadas las imágenes, se exporta el modelo en formato STL, originándose la segunda fuente de error, ya que el segmentador crea facetas triangulares con algunos milímetros de separación respecto a los vóxeles seleccionados [7]. Debido a que los implantes personalizados, generalmente, son fabricados con tecnología aditiva (AM), el modelo digital se importa al software de AM que crea la información necesaria para que la máquina produzca el modelo físico. Según el tipo de sistema de AM, se requieren diferentes alturas de capa, creando un efecto escalera que genera la tercera fuente de error.

Todos los errores descritos afectan al producto final; no obstante, la inexactitud relacionada con la obtención de las imágenes médicas y el proceso de fabricación no son sencillas de evitar, pero la relacionada con la segmentación puede mitigarse obteniendo la información de la anatomía del paciente empleando algoritmos que extraen su contorno y permiten al diseñador modelar sobre él. En consecuencia, este artículo tiene por objetivo desarrollar una metodología innovadora para asistir el diseño personalizado de biodispositivos utilizando algoritmos de inteligencia artificial y métodos numéricos que permita eliminar la segunda fuente de error relacionada con la segmentación de la imagen médica.

## 2. Metodología

### 2.1. Imagen tomográfica y detección de bordes

Partiendo de las imágenes tomográficas es posible obtener un modelo virtual; sin embargo, puede resultar muy complejo según el tejido que se desee obtener, pero los diseñadores necesitan la estructura tridimensional para modelar implantes personalizados, siendo un paso imprescindible en el proceso de diseño biomédico.

Chitubox® v1.9.0 (Chitubox, Zhongcheng Future Industrial Park, Hangcheng Avenue, Baoan District, Shenzhen, Guangdong, China 518128) es un programa gratuito, de interfaz intuitiva, para fabricar modelos tridimensionales con una impresora 3D de resina con tecnología de procesamiento digital de luz. Cuando se prepara una pieza para imprimir, el software genera cortes de abajo a arriba, recorriendo la pieza capa a capa, produciendo imágenes blanco y negro similares a las tomográficas (Figura 1). Por este motivo, se utilizó Chitubox® para obtener imágenes tomográficas artificiales, a partir de un archivo STL, evadiendo el uso de un modelo digital para diseñar el implante a medida.

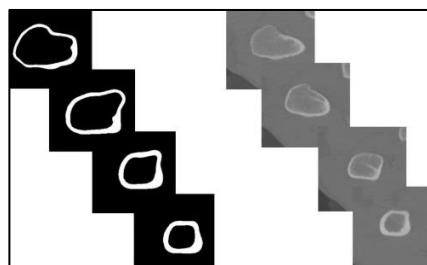


Figura 1. Imágenes tomográficas reales y artificiales.

Las imágenes son una función continua y están compuestas por píxeles (unidad básica) que en su mayoría utilizan el modelo de color Red-Green-Blue (RGB) para crear una paleta de colores, donde la intensidad de cada color primario se representa con 8 bits. En el procesamiento de imágenes y la visión computacional la detección de bordes es una tarea fundamental; en el diseño personalizado cumple un rol importante porque a partir del contorno interno se diseña la sección transversal de una prótesis articular. Una manera de reconocer el borde es identificar regiones de píxeles con intensidades diferentes, sin embargo, el resultado no se adapta adecuadamente al contorno de la estructura anatómica (Figura 2A) y es necesario otro método más preciso (Figura 2B).

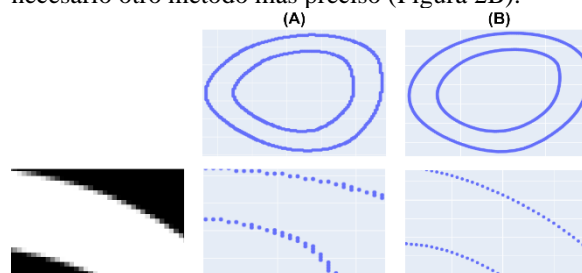


Figura 2. Detección de borde a nivel de (A) píxeles y (B) subpíxeles.

Trujillo-Pino et al. [8] presentaron un nuevo detector de bordes basado en el efecto de área parcial, que no asume continuidad en los valores de intensidad de los píxeles, cuyo objetivo principal es lograr una extracción altamente precisa de la posición, orientación

y curvatura del contorno en condiciones difíciles como imágenes con ruido, bordes borrosos, áreas de bajo contraste o bordes muy cercanos. Esta técnica detecta el borde a nivel de subpíxeles, definiendo su localización y orientación dentro del píxel (Figura 2B). Para utilizar este algoritmo [8], se convirtió la imagen tomográfica, matriz tridimensional cuyas filas y columnas corresponden al número de píxeles, a escala de grises para obtener una matriz bidimensional de píxeles cuyas intensidades oscilan entre 0 y 255. Además, se definieron tres hiperparámetros: el umbral (120), que permite al algoritmo distinguir un borde si la diferencia de intensidades en dos regiones adyacentes supera dicho valor; un filtro (0), para detectar el borde en imágenes con ruido; y el orden de la arista que se desea ajustar (2).

## 2.2. Algoritmo de agrupamiento espacial basado en densidad de aplicaciones con ruido

Las coordenadas de los puntos, extraídos del borde de la imagen tomográfica, están representados en el dominio de los píxeles, pero para el diseño de biodispositivos se deben expresar en unidades de longitud, milímetros. Para ello, se define el origen en el centro de la imagen y se hace una equivalencia entre la resolución y las medidas de la mesa de impresión, configuradas en Chitubox®.

La imagen tomográfica está compuesta por dos bordes: interno y externo. No obstante, la información que requiere el diseñador es proporcionada por la parte interior, y para separarlos automáticamente se utilizó el algoritmo de agrupamiento espacial basado en densidad de aplicaciones con ruido (DBSCAN) porque es capaz de encontrar regiones de alta densidad y no requiere especificar el número de grupos, puede tomar cualquier forma arbitraria y adaptarse al conjunto de datos, es robusto a valores atípicos y capaz de detectarlos [9].

La idea principal de esta técnica es: dos puntos se consideran vecinos, son del mismo grupo, si la distancia entre ellos es menor o igual a  $\epsilon$  y el número mínimo de puntos para definir un grupo es  $min\_sample$ . Por lo tanto, se implementa configurando ambos hiperparámetros ( $min\_samples$  y  $\epsilon$ ) [9].

Para las imágenes tomográficas, se determinó que los valores de  $min\_samples$  y  $\epsilon$  eran de 3 y 0.7 respectivamente (Figura 3).



Figura 3. Funcionamiento del algoritmo DBSCAN en imágenes médicas.

## 2.3. Ajuste algebraico

### 2.3.1. Elíptico

Para modelar implantes como la prótesis de cadera, el diseñador debe ajustar una curva a la sección ósea del fémur para acondicionar su diseño a la fisiología del paciente. Las elipses, particularmente, se adaptan a las formas y tamaños de varios cortes anatómicos, por esta razón, se detallan los principios básicos de su ajuste algebraico.

Los puntos del borde interno, obtenidos con el algoritmo de agrupamiento DBSCAN, permiten el ajuste elíptico: una cónica representada por un polinomio implícito de segundo orden ( $Q$ ), definido por un vector de coeficientes ( $v = [A B C D E F]^T$ ):

$$Q(p, v) = [x^2 \quad xy \quad y^2 \quad x \quad y \quad 1] \cdot \begin{bmatrix} A \\ B \\ C \\ D \\ E \\ F \end{bmatrix} = 0 \quad (1)$$

Si  $P = \{p_1, p_2, \dots, p_n\}$  es el conjunto de puntos del contorno del corte tomográfico axial, el vector de coeficientes debe ajustarse a él, para ello se usa la distancia algebraica ( $D_A$ ) porque simplifica los cálculos y requiere menos recursos computacionales [10]. Matemáticamente, se obtiene reemplazando las coordenadas de un punto  $p_i = (x_i, y_i)$  en el polinomio  $Q$ , por ende, si  $p_i$  pertenece a la elipse su distancia será nula:

$$D_A(p_i, v) = Ax_i^2 + Bx_iy_i + Cy_i^2 + Dx_i + Ey_i + F \quad (2)$$

La técnica de mínimos cuadrados optimiza el ajuste minimizando el cuadrado de la distancia algebraica entre los puntos  $P$  y la elipse  $Q$ , puede expresarse como la norma al cuadrado del producto entre la matriz de diseño  $D_P$ , que contiene información de  $P$ , y el vector  $v$ .

$$D_P = \begin{bmatrix} x_1^2 & x_1 & y_1 & y_1^2 & x_1 & y_1 & 1 \\ x_2^2 & x_2 & y_2 & y_2^2 & x_2 & y_2 & 1 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ x_n^2 & x_n & y_n & y_n^2 & x_n & y_n & 1 \end{bmatrix} \quad (3)$$

$$\min \sum_{i=1}^n D_A(p_i, v)^2 = \min \|D_P v\|^2 \quad (4)$$

Para evitar la solución trivial de  $v = \bar{0}_6$ , se restringe el vector de coeficientes  $\|v\|^2 = 1$ , evitando que todos los términos sean nulos [11]. Los multiplicadores de Lagrange permiten minimizar la distancia considerando este condicionamiento, de manera que  $L$  es la función lagrangiana que se debe optimizar:

$$L = v^T D_P^T D_P v - \lambda(v^T v - 1) \quad (5)$$

Para minimizar la función, se iguala el gradiente de  $L$  con respecto a  $v$  a 0:

$$\nabla_v L = 0 \Leftrightarrow 2D_P^T D_P v - 2\lambda v = 0 \quad (6)$$

$$D_P^T D_P v = \lambda v \quad (7)$$

La ecuación (7) conduce al problema de los vectores propios, entonces  $\lambda$  y  $v$  deben ser un valor y un vector propio de  $D_P^T D_P$ . Si  $D_P^T D_P v = \lambda v$ , la ecuación (4) será:

$$\min v^T D_p^T D_p v = \min \lambda \|v\|^2 = \min \lambda \quad (8)$$

En consecuencia, el vector de coeficientes ( $v$ ) que minimiza la distancia será el vector propio de  $D_p^T D_p$  correspondiente al valor propio más pequeño ( $\lambda$ ).

### 2.3.2. Circular

Resulta interesante ajustar una circunferencia a la pared interna de fémur en algunos casos. Por ello, en este apartado se describe la teoría relacionada a su ajuste algebraico.

Partiendo de la ecuación general de la circunferencia ( $f$ ) y desarrollándola, se obtiene [12]:

$$f = [x^2 \quad xy \quad y^2 \quad x \quad y \quad 1] \cdot \begin{bmatrix} 1 \\ 0 \\ 1 \\ -2k \\ -2m \\ k^2 + m^2 - r^2 \end{bmatrix} = 0 \quad (9)$$

Relacionando la ecuación (1) con la (9) se determina que  $A = C = 1$ ,  $B = 0$ ,  $D = -2k$ ,  $E = -2m$  y  $F = k^2 + m^2 - r^2$ . Por lo tanto, la distancia algebraica ( $D_A$ ) de un punto  $p_i = (x_i, y_i)$  a la circunferencia ajustada es:

$$D_A(D, E, F) = x_i^2 + y_i^2 + D \cdot x_i + E \cdot y_i + F \quad (10)$$

Para encontrar los valores de  $D$ ,  $E$  y  $F$  que definen la curva ajustada, se minimiza la distancia algebraica al cuadrado de los  $N$  puntos que componen el borde interior:

$$D_A^2 = \min \sum_{i=1}^n (x_i^2 + y_i^2 + D \cdot x_i + E \cdot y_i + F)^2 \quad (11)$$

Con este fin, se deriva parcialmente  $D_A^2$  respecto a  $D$ ,  $E$  y  $F$ , y se igualan todas las expresiones a 0. Reescribiendo las ecuaciones de forma matricial:

$$\begin{bmatrix} \sum x_i^2 & \sum x_i \cdot y_i & \sum x_i \\ \sum x_i \cdot y_i & \sum y_i^2 & \sum y_i \\ \sum x_i & \sum y_i & N \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} D \\ E \\ F \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sum -(x_i^2 + y_i^2) \cdot x_i \\ \sum -(x_i^2 + y_i^2) \cdot y_i \\ F \sum -(x_i^2 + y_i^2) \end{bmatrix} \quad (12)$$

Resolviendo el sistema lineal, se obtienen los coeficientes de la circunferencia ajustada.

### 2.4. Algoritmo de consenso de muestras aleatorias

El algoritmo de consenso de muestras aleatorias (RANSAC), publicado por Fischler y Bolles [13], es un método iterativo para estimar los parámetros de un modelo matemático a partir de un conjunto de datos que contiene valores atípicos. Para ello, RANSAC propone crear una función de coste que sume la distancia de los puntos a la curva ajustada e iterativamente seleccione algunos de ellos para ajustarlos nuevamente y escoger aquella que produzca el coste más bajo.

Debido a la naturaleza iterativa del algoritmo, no es determinista y es posible que el modelo obtenido no sea el mejor. No obstante, es una herramienta útil para integrarla al ajuste elíptico y circular, presentado en las secciones anteriores, ya que en el diseño de implantes

personalizados se requiere que la curva ajustada se adapte lo mejor posible al borde interior sin sobrepasarlo. Si solo se ajusta algebraicamente el resultado no cumple dicha condición, en consecuencia, es necesario integrar este procedimiento a RANSAC utilizando como función de coste la distancia algebraica (Figura 4).

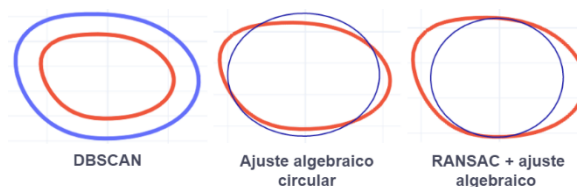


Figura 4. Eficiencia de la integración de RANSAC con el ajuste algebraico.

A diferencia del ajuste algebraico que eleva la distancia al cuadrado para tornar la función convexa y garantizar que exista un mínimo, el algoritmo RANSAC modificado aprovecha el signo de la distancia para determinar si la curva ajustada está dentro o fuera del borde. Esta propuesta es interesante y puede aplicarse en problemas de procesamiento de imágenes y visión computacional.

### 2.5. Aplicación web

Para integrar los algoritmos explicados e incentivar la simbiosis entre la ingeniería mecánica asistida por ordenador, la inteligencia artificial y los métodos numéricos en la personalización de biodispositivos, se ha programado una aplicación web en donde el usuario puede cargar las imágenes médicas en formato .ZIP y asistir el diseño de las prótesis articulares. El programa ha sido desarrollado con la librería Streamlit [14] de Python® 3.8.5 (Phyton Software Foundation) porque permite el despliegue de aplicaciones de forma sencilla.

### 3. Resultados

La artroplastia total de cadera se considera uno de los procedimientos más exitosos en ortopedia durante las últimas décadas. Consiste en una intervención quirúrgica donde se hace un cambio total o parcial de la articulación de la cadera con un dispositivo artificial (prótesis) para restaurar el movimiento articular que puede dañarse debido a la fractura del cuello o cabeza femoral y a enfermedades como la osteoartritis, artritis reumatoide y osteonecrosis [5], [15].

Debido al desarrollo de la ingeniería mecánica asistida por ordenador y de las imágenes médicas, se empezó a realizar diseños a medida utilizando la TC del fémur para que la prótesis se adapte y fije al hueso naturalmente [5]. Se han realizado comparaciones entre los modelos convencionales y a medida concluyendo que la precisión en el ajuste y el llenado

del fémur, inherente a la personalización, influye positivamente en los aspectos mecanobiológicos, favoreciendo la osteointegración y disminuyendo la probabilidad de aflojamiento [16]–[18].

Los vástagos femorales son un elemento crítico de la prótesis de cadera porque interactúan directamente con el hueso, y en el caso de los implantes sin cemento, su adherencia depende primordialmente de este elemento. Investigadores han propuesto el diseño personalizado de este componente basándose en la segmentación de la imagen médica, [5], [15], [19], [20]; seccionando transversalmente el modelo tridimensional del fémur y dibujando en cada corte el croquis del vástago con el suficiente contacto anatómico con las paredes internas del hueso para llenar la cavidad lo mejor posible, evitar la inestabilidad rotacional y favorecer el crecimiento óseo (Figura 5).

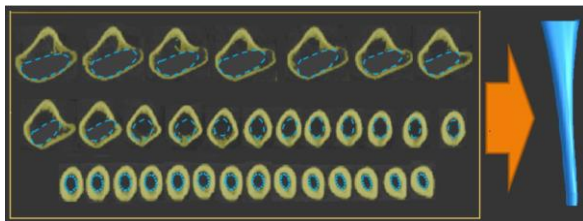


Figura 5. Metodología convencional de diseño del vástago femoral personalizado.

Esta metodología es ineficiente porque el diseñador necesita obtener el modelo virtual, a partir de la TC, para ir sección a sección dibujando el implante, haciendo tediosa la personalización. La aplicación web elaborada automatiza este proceso siendo capaz de conseguir matemáticamente la sección que mejor se ajusta a la cavidad del paciente. Para ello, el programa requiere que el usuario importe las imágenes extraídas de Chitubox®; por lo tanto, para probar el concepto es necesario un modelo digital del fémur de un paciente. Éste se obtuvo de la segmentación de una TC, extraída de la librería virtual “The Cancer Imaging Archive” con referencia TCGA-SARC [21], empleando el programa 3D Slicer® 4.10.2 (<https://www.slicer.org>) y sus herramientas *threshold*, *level tracing*, *paint*, *erase* y *smooth*. El hueso cortical segmentado se exportó en formato STL e importó en Meshmixer® 3.5 (Autodesk Inc., Mill Valley, CA, USA) para inspeccionarlo, repararlo y/o suavizarlo; la Figura 6 muestra el resultado.

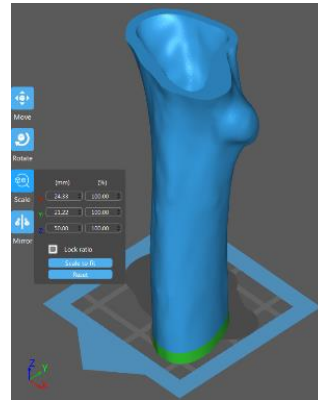


Figura 6. Modelo tridimensional del fémur.

La aplicación web es capaz de asistir el diseño de prótesis de cadera, sin embargo, el usuario debe proporcionarle las imágenes que son obtenidas importando el archivo STL del fémur en Chitubox® (Figura 7).



Figura 7. Imágenes tomográficas artificiales del fémur.

Internamente la aplicación, extrae el borde de las imágenes y pasa del dominio de los píxeles a un sistema cartesiano; posterior a ello, define el borde externo e interno y con la información de la parte interior ajusta una elipse y circunferencia, seleccionando finalmente cuál de las dos se adapta mejor a la cavidad femoral, este proceso puede ser observado por el usuario (Figura 9). A su vez, permite exportar en un archivo .txt los puntos que conforman cada sección ajustada del vástago para que puedan ser importados en cualquier software de diseño asistido por ordenador. Además, brinda la vista tridimensional de los cortes del fémur con su respectiva curva ajustada (Figura 8).



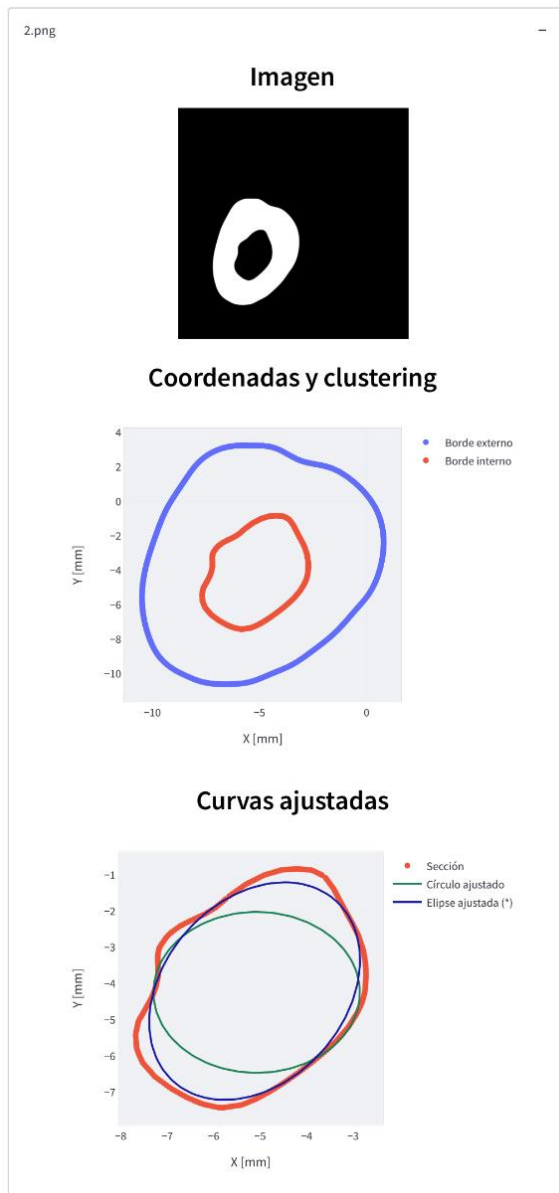


Figura 9. Ajustes por cortes del fémur.

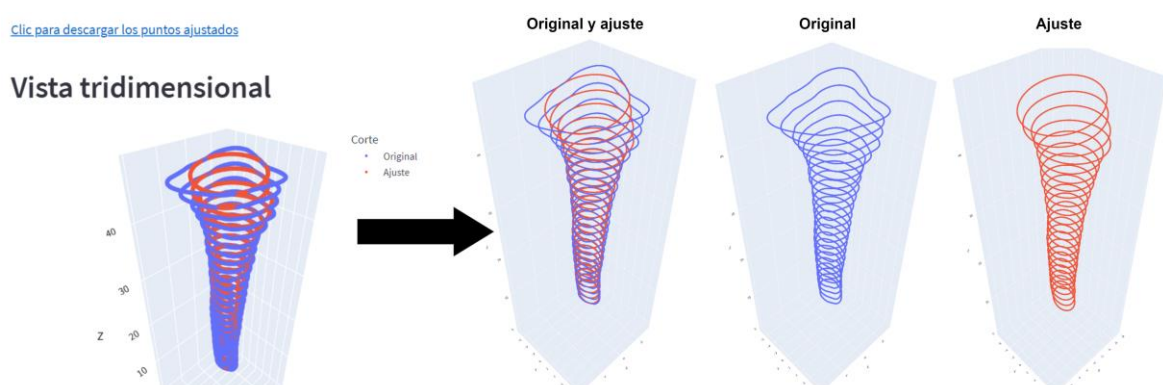


Figura 8. Vista tridimensional proporcionada por la aplicación.

Para modelar el implante personalizado, el archivo .txt fue exportado de la aplicación e importado en NX<sup>®</sup> 12 (Siemens PLM Software Solutions, Plano, TX, USA). Este fichero contiene las coordenadas X, Y y Z de todos los puntos que conforman las curvas ajustadas observadas en la Figura 8. Para obtener las secciones a partir de la nube de puntos, se utilizó la herramienta “Fit curve” y para interpolarlas y generar un sólido a partir de ellas, “Through Curves”. El modelo resultante es el vástago personalizado que se ajusta apropiadamente a la pared interna del fémur (Figura 10). Con el fin de facilitar su inserción en el canal femoral, se recomienda redondear la base del implante.

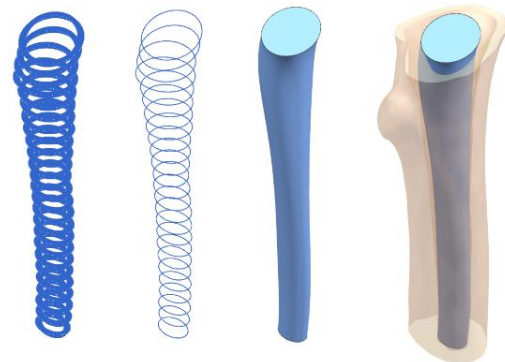


Figura 10. Modelado del vástago femoral personalizado.

Para validar la funcionalidad de la aplicación web en el diseño de prótesis articulares, se elaboraron prototipos del fémur y su vástago con estereolitografía láser (SLA) y se introdujo la prótesis en su cavidad para comprobar que la modificación en el flujo de trabajo proporciona un implante que llena y se ajusta adecuadamente al hueso cortical del paciente (Figura 11).

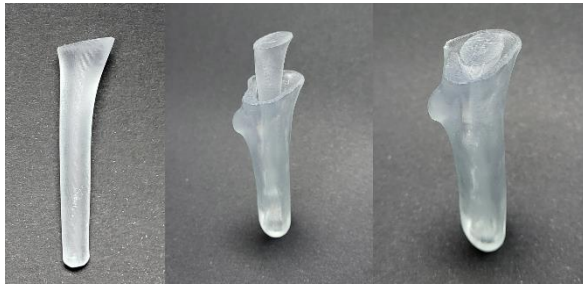


Figura 11. Prototipos del fémur y su vástago femoral fabricados por SLA.

#### 4. Conclusiones

Este trabajo de investigación, prueba de concepto, evade la segmentación de los cortes tomográficos extrayendo el contorno óseo de la imagen tomográfica, reduciendo los errores inherentes de la metodología convencional de diseño. La integración de la inteligencia artificial y los métodos numéricos ha demostrado que las secciones elípticas se adaptan a estructuras anatómicas diversas y a partir de esas curvas ajustadas se pueden diseñar biodispositivos a medida como prótesis de cadera.

El programa es una herramienta útil que permite asistir el modelado de biodispositivos complejos distribuyendo la sección transversal del implante en la cavidad interna, mejorando el ajuste y llenado protésico. Además, transforma la labor del diseñador en un inspector que garantice que la solución propuesta por la aplicación cumple estándares de calidad.

La automatización en el diseño personalizado reduce los tiempos de espera, siendo las prótesis personalizadas competitivas con las convencionales en situaciones de emergencia clínica, ya que, debido a la falta de correspondencia entre el implante estándar y la anatomía, se reduce el rendimiento y la vida útil.

Esta simbiosis de tecnologías informáticas, mecánicas y biomédicas produce una nueva generación de prótesis personalizadas, cuya mejora en los resultados clínicos debe ser estudiada a profundidad porque beneficiaría a millones de pacientes en todo el mundo.

#### 5. Referencias

[1] P. Volonghi, G. Baronio, y A. Signoroni, «3D scanning and geometry processing techniques for customised hand orthotics: an experimental assessment», *Virtual Phys. Prototyp.*, vol. 13, n.º 2, pp. 105-116, abr. 2018, doi: 10.1080/17452759.2018.1426328.

[2] J. Tuesta-Guzmán, W. Solórzano-Requejo, G. Grosso-Salazar, C. Ojeda, y A. Díaz Lantada, «Innovative Methodology for the 3D Reconstruction of Body Geometries using Open-source Software», en *Proceedings of the 15th International Joint Conference on Biomedical Engineering Systems and Technologies*, Online

Streaming, --- Select a Country ---, 2022, pp. 162-169. doi: 10.5220/0010870200003123.

[3] N. C. Paxton, R. C. Nightingale, y M. A. Woodruff, «Capturing patient anatomy for designing and manufacturing personalized prostheses», *Curr. Opin. Biotechnol.*, vol. 73, pp. 282-289, feb. 2022, doi: 10.1016/j.copbio.2021.09.004.

[4] I. Ludwig, A. Ernst, P. Gromzig, y J. Wolff, «Clinical Workflow in Medical Additive Manufacturing», *Trans. Addit. Manuf. Meets Med.*, p. Vol 1 (2019): Trans. AMMM, sep. 2019, doi: 10.18416/AMMM.2019.1909S01T02.

[5] C. J. Ojeda Díaz, «Estudio de la influencia de estabilidad primaria en el diseño de vástagos de prótesis femorales personalizadas: aplicación a paciente específico», Doctoral, Universidad Politécnica de Madrid, 2009. Accedido: 19 de junio de 2022. [En línea]. Disponible en: <https://oa.upm.es/1797/>

[6] T. H. Farook y N. B. Jamayet, «A review of prostheses fabricated for rehabilitation of nasal septal defect using digital workflow», *Otorinolaringología*, vol. 70, n.º 2, jun. 2020, doi: 10.23736/S0392-6621.20.02254-7.

[7] H. A. Almeida, J. Vasco, M. Correia, y R. Ruben, «Layer Thickness Evaluation Between Medical Imaging and Additive Manufacturing», en *VipIMAGE 2019*, Cham, 2019, pp. 693-701. doi: 10.1007/978-3-030-32040-9\_71.

[8] A. Trujillo-Pino, K. Krissian, M. Alemán-Flores, y D. Santana-Cedrés, «Accurate subpixel edge location based on partial area effect», *Image Vis. Comput.*, vol. 31, n.º 1, pp. 72-90, ene. 2013, doi: 10.1016/j.imavis.2012.10.005.

[9] M. Ester, H.-P. Kriegel, J. Sander, y X. Xu, «A density-based algorithm for discovering clusters in large spatial databases with noise», en *Proceedings of the Second International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining*, Portland, Oregon, ago. 1996, pp. 226-231.

[10] A. Fitzgibbon, M. Pilu, y R. B. Fisher, «Direct least square fitting of ellipses», *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, vol. 21, n.º 5, pp. 476-480, may 1999, doi: 10.1109/34.765658.

[11] K. Paton, «Conic sections in chromosome analysis», *Pattern Recognit.*, vol. 2, n.º 1, pp. 39-51, ene. 1970, doi: 10.1016/0031-3203(70)90040-3.

[12] N. Černov, *Circular and linear regression: fitting circles and lines by least squares*. Boca Raton, Fla. London: CRC, 2011.

[13] M. A. Fischler y R. C. Bolles, «Random sample consensus: a paradigm for model fitting with applications to image analysis and automated cartography», *Commun. ACM*, vol. 24, n.º 6, pp.

- 381-395, jun. 1981, doi: 10.1145/358669.358692.
- [14] «Streamlit Docs». <https://docs.streamlit.io/> (accedido 27 de julio de 2022).
- [15] W. Solórzano-Requejo, C. Ojeda, y A. Díaz Lantada, «Innovative Design Methodology for Patient-Specific Short Femoral Stems», *Materials*, vol. 15, n.º 2, Art. n.º 2, ene. 2022, doi: 10.3390/ma15020442.
- [16] W. Sun, B. Starly, J. Nam, y A. Darling, «Bio-CAD modeling and its applications in computer-aided tissue engineering», *Comput.-Aided Des.*, vol. 37, n.º 11, pp. 1097-1114, sep. 2005, doi: 10.1016/j.cad.2005.02.002.
- [17] F. Adam, D. Hammer, D. Pape, y D. Kohn, «Femoral anatomy, computed tomography and computer-aided design of prosthetic implants», *Arch. Orthop. Trauma Surg.*, vol. 122, n.º 5, pp. 262-268, jun. 2002, doi: 10.1007/s00402-001-0361-8.
- [18] C. Götze, V. Vieth, N. Meier, F. Böttner, J. Steinbeck, y L. Hackenberg, «CT-based accuracy of implanting custom-made endoprostheses», *Clin. Biomech.*, vol. 20, n.º 8, pp. 856-862, oct. 2005, doi: 10.1016/j.clinbiomech.2005.05.015.
- [19] W. Solórzano, C. Ojeda, y A. Díaz Lantada, «Biomechanical Study of Proximal Femur for Designing Stems for Total Hip Replacement», *Appl. Sci.*, vol. 10, n.º 12, p. 4208, jun. 2020, doi: 10.3390/app10124208.
- [20] A. Díaz Lantada, W. Solórzano, A. Martínez Cendrero, R. Zapata Martínez, C. Ojeda, y J. M. Muñoz-Guijosa, «Methods and Technologies for the Personalized Design of Open-Source Medical Devices», en *Engineering Open-Source Medical Devices: A Reliable Approach for Safe, Sustainable and Accessible Healthcare*, A. Ahluwalia, C. De Maria, y A. Díaz Lantada, Eds. Cham: Springer International Publishing, 2022, pp. 191-218. doi: 10.1007/978-3-030-79363-0\_9.
- [21] C. Roche, E. Bonaccio, y J. Filippini, «Radiology Data from The Cancer Genome Atlas Sarcoma [TCGA-SARC] collection». The Cancer Imaging Archive, 2016. doi: 10.7937/K9/TCIA.2016.CX6YLSUX.