



Fig. 4.9: Ejemplo de clúster de fibras íter-hemisferio obtenido con método QuickBundles.

4.4. Intersección de fibras con el mallado cortical

4.4.1. Detección de conexiones íter-hemisferio

Como fue mencionado en la sección 3.6, debido a que el algoritmo de intersección sólo considera intersección si esta ocurre en los dos extremos de un fascículo dentro de un mismo hemisferio, es posible que un porcentaje significativo de aquellos rechazados por el algoritmo correspondan a clústers íter-hemisferio. En la Fig. 4.9 se muestra un clúster de dicho tipo. Independiente de cuál hemisferio se utilice, el fascículo siempre registrará intersección sólo en uno de sus extremos, por lo que será descartado. Sin embargo, este representa información de conectividad potencialmente importante, y sus intersecciones debiesen ser consideradas para el posterior cálculo de la parcelación.

Para incluir a este tipo de clústers, se adaptó y construyó sobre el algoritmo de la Sección 3.6, sin modificar su funcionamiento base. En primer lugar, se eliminó la sección que descarta automáticamente una fibra si esta no presenta intersección en sus dos extremos. En el código original, esto es controlado por una variable binaria con valor 1 si ocurre una intersección en ambos extremos, y 0 en caso contrario. La variable fue reemplazada por dos variables binarias In y Fn , cada una representando al extremo inicial y final de la fibra, respectivamente. Así, el algoritmo realiza una clasificación inicial de la siguiente forma:

- Si $In = Fn = 1$, la fibra es considerada intra-hemisferio, y es guardada junto con los índices de los triángulos correspondientes a ambos extremos de la intersección.
- Si $In = 1 \wedge Fn = 0$, la fibra es *potencialmente* íter-hemisferio, por lo que también es almacenada. Sin embargo, sólo se guardan los triángulos correspondientes a la intersección del extremo inicial, mientras que en la intersección del otro extremo se guardan triángulos de índice -1 .

- Si $In = Fn = 0$, la fibra es descartada, y no se guarda información alguna.

Para evitar que un tipo de conexión sea dominante sobre el otro (por ejemplo, que un fascículo con 9 conexiones íter-hemisferio y 1 intra-hemisferio sea considerado intra-hemisferio), se crearon dos variables acumuladoras *intra_sum* e *inter_sum*, las cuales registran la cantidad de fibras intra-hemisferio y potencialmente íter-hemisferio, respectivamente, para cada fascículo. Así, al terminar la iteración sobre todas las fibras del clúster, el algoritmo establece el tipo de fascículo asignando una tupla binaria, de la siguiente forma:

- Si $intra_sum = inter_sum = 0$, el fascículo no intersecta en ningún extremo con el mallado. Se le asigna un valor $(0, 0)$.
- Si $intra_sum \geq inter_sum$, el fascículo es considerado intra-hemisferio. Se asocia con la tupla $(1, 1)$.
- Si $intra_sum < inter_sum$, el fascículo es potencialmente íter-hemisferio. Se le asigna la tupla $(1, 0)$.

Al final de esta etapa, se obtienen dos archivos en formato binario por fascículo. Primero, un archivo de extensión *.intersectiondata* conteniendo los triángulos del mallado donde existe intersección, sus correspondientes puntos en el espacio tridimensional, y el índice de la fibra intersectada relativa al fascículo. Segundo, un archivo de extensión *.membershipdata* que simplemente almacena la tupla de conectividad del fascículo.

4.5. Clasificación de fascículos

En este punto se han identificado tanto fascículos con características de conexiones intra-hemisferio, como otros potenciales íter-hemisferio. Sin embargo, es necesario tener mayor información antes de determinar definitivamente el tipo de intersección que estos clústers representan.

4.5.1. Perfil de conectividad

Con tal de obtener la mayor información de conectividad para cada clúster, el algoritmo de intersección mencionado anteriormente se ejecutó cuatro veces: dos veces correspondientes a la tractografía completa y cada hemisferio, y luego dos veces con la tractografía completa invertida y cada hemisferio. El resultado es un perfil de conectividad completo para cada fascículo, con las tuplas correspondientes a todos los casos posibles. Dicha información se almacenó en un diccionario. En lo subsecuente se utilizará la siguiente notación: L_{direct} se refiere a la información de intersección entre un fascículo S y el hemisferio izquierdo, mientras que $L_{inverse}$ se refiere a la intersección entre el mismo fascículo invertido S^F y el hemisferio izquierdo. Se definen R_{direct} y $R_{inverse}$ de forma análoga.