

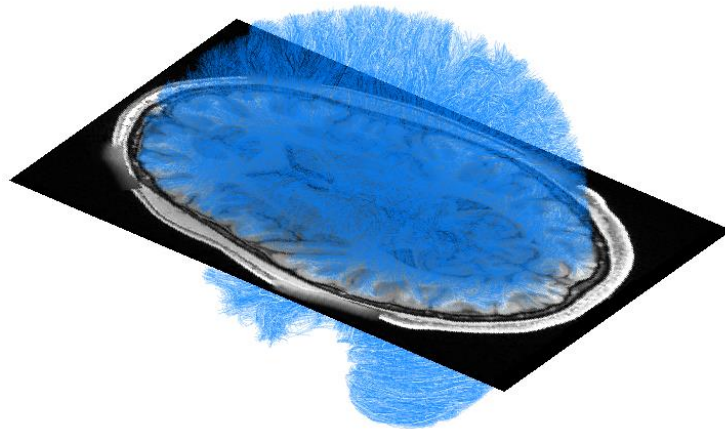
Taller de procesamiento de Imágenes Médicas
Laboratorio 3 - Segmentación de fibras (24/05/2018)

Profesora: Pamela Guevara
Ayudante: Claudio Román (claudio.roman@biomedica.udec.cl)

Las fibras cerebrales se pueden agrupar en fascículos de fibras. Estos fascículos están compuestos por grupos de fibras similares entre sí en cuanto a forma y trayectoria.

El objetivo de este laboratorio es segmentar fibras cerebrales obtenidas a partir de un algoritmo de tractografía determinística. La segmentación estará guiada por un atlas de fascículos de fibras de la materia blanca profunda el cual estará en el mismo espacio que el set de datos a segmentar (MNI).

Fibras obtenidas de tractografía sobre imágenes de resonancia magnética de difusión.



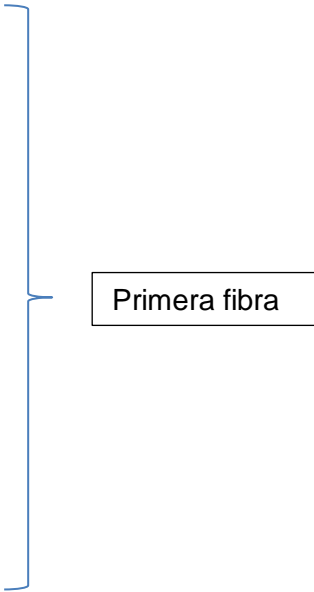
1. Tractografía

Las streamlines o fibras reconstruidas mediante tractografía están guardadas en archivos con extensión “.bundles” y “.bundlesdata”. En el primero es de texto, y almacena información general como número de fibras en el set de datos y etiquetas junto con los índices que indican donde comienza cada tracto etiquetado. En el segundo archivo (binario) se almacenan los datos cada fibra. En ellos se tiene en forma secuencial, para cada fibra, el número de puntos de la fibra y luego los puntos que la componen, con sus coordenadas x,y,z. El número de puntos de cada fibra es variable, pero para este mini-proyecto, se entrega un set de datos remuestreado, donde todas las fibras tienen 21 puntos equidistantes. Esto facilita la segmentación usando el atlas de fascículos.

Al usar la biblioteca de Python que se les entregará, es posible leer los archivos de fibras mediante una función.

Una de ellas entrega una lista de fascículos, donde a su vez cada fascículo es una lista de fibras. Cada fibra es un arreglo de puntos en 3D. Para el set de prueba, tendrá las dimensiones (21, 3), donde cada fila es un punto de la fibras, y los 3 valores son las coordenadas [x, y, z] de cada punto.

```
[[array([[ 27.393385 , -15.776      , -67.42044  ],
        [ 24.689037 , -14.289553 , -65.297455 ],
        [ 22.316889 , -13.056652 , -62.67897  ],
        [ 20.270731 , -12.005142 , -59.719063 ],
        [ 18.775936 , -10.874425 , -56.485504 ],
        [ 18.294975 , -9.49371  , -53.053123 ],
        [ 18.872646 , -7.968224 , -49.6938    ],
        [ 20.128756 , -6.753729 , -46.384792 ],
        [ 21.88106  , -6.4612985, -43.10099  ],
        [ 24.094593 , -6.947705 , -40.12162  ],
        [ 26.889624 , -7.4208717, -37.679653 ],
        [ 30.119085 , -7.9052997, -35.858547 ],
        [ 33.4071   , -8.887663 , -34.390327 ],
        [ 36.772346 , -10.213968 , -33.403023 ],
        [ 40.22085  , -11.471629 , -32.69059  ],
        [ 43.824062 , -12.444475 , -32.989334 ],
        [ 47.008114 , -13.585698 , -34.54582  ],
        [ 49.748665 , -14.578023 , -36.877136 ],
        [ 52.309383 , -15.447805 , -39.47437  ],
        [ 54.87024  , -16.36387  , -42.052578 ],
        [ 57.4799   , -17.496998 , -44.495087 ]], dtype=float32),
 array([[ 24.426868, -13.219664, -71.3025  ],
        [ 22.718576, -12.935224, -68.28111  ],
        [ 21.147038, -12.783051, -65.177086],
        [ 19.70903 , -12.552891, -62.0172  ],
        [ 18.754374, -12.012793, -58.7248  ],
        ...
```

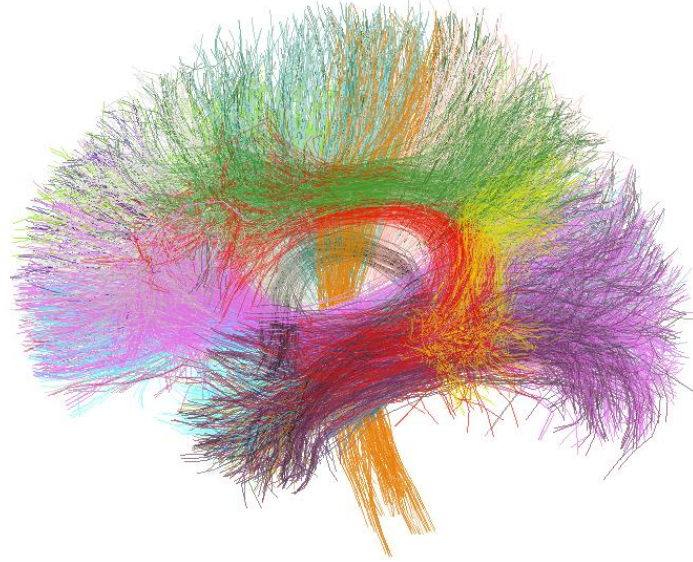


Primera fibra

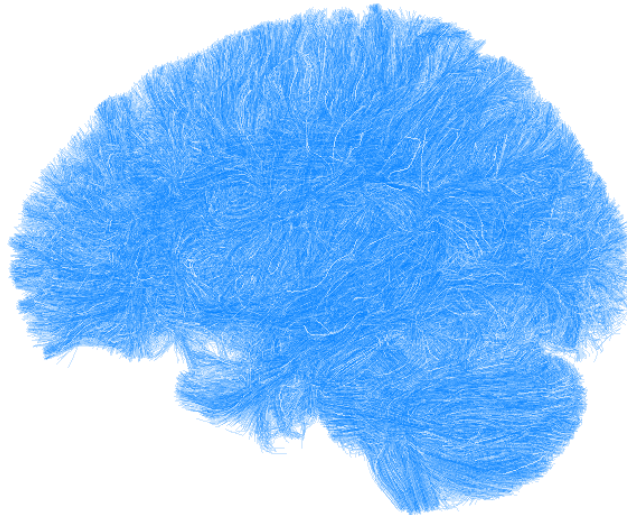
También existe una función que permite leer todas las fibras directamente en una lista de fibras (sin separar en fascículos).

En el set de fibras, cada fascículo puede ser etiquetado, pudiendo ser visualizado cada fascículo de acuerdo a una paleta de colores en Anatomist.

El set de datos del atlas está dividido en 38 fascículos etiquetados, cada uno en un archivo separado. Los datos de tractografía están sin etiquetar y todas las fibras están guardadas como un solo set de fibras.



Set de datos de fibras de todo el cerebro sin etiquetar



2. Distancia entre pares de fibras

Para realizar una segmentación, es necesario reconocer las fibras similares entre el atlas y los datos a segmentar. Para determinar si dos fibras son similares, se utiliza una medida de distancia entre fibras. Una forma de distancia entre pares de fibras comúnmente usada corresponde al cálculo de distancia máxima euclidiana entre puntos correspondientes de un par de fibras.

Utilizando la ecuación (1) se debe calcular la distancia entre cada par de fibras pertenecientes a un set de datos, donde a_i y b_i son la posición de los puntos correspondientes de un par de fibras A y B . $\|a_i - b_i\|$ corresponde a la distancia euclidiana entre a_i y b_i .

Para corroborar que la distancia entre puntos correspondientes sea medida en el sentido correcto (es decir, ambas fibras ordenadas de la misma forma), ésta debe ser medida en ambos sentidos ($\|a_i - b_i\|$ y $\|a_i - b_{N_p-i}\|$), calcular la distancia máxima de cada caso y finalmente seleccionar mínimo entre los dos máximos, que corresponderá a la distancia correcta.

$$d_{ME}(A, B) = \min \left(\max_i \|a_i - b_i\|, \max_i \|a_i - b_{N_p-i}\| \right) \quad (1)$$

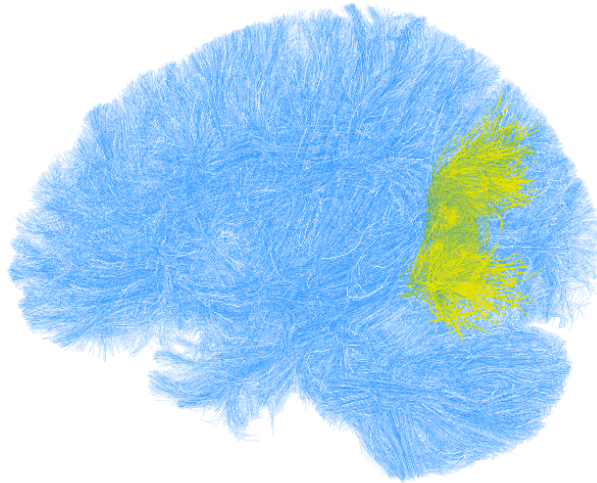
3. Mini-proyecto N°3

El objetivo de este proyecto es segmentar datos de tractografía guiado por un atlas de la materia blanca profunda. Para esto se deben comparar las fibras de cada fascículo del atlas con cada fibra de la tractografía, aquellas fibras con una distancia menor a un umbral de distancia (8 - 10 mm), serán consideradas similares, por lo tanto, serán etiquetadas. Cada fascículo se segmenta en forma independiente.

Una vez identificadas las fibras a segmentar, guardar un set de datos (archivo .bundles) con las fibras segmentadas y etiquetadas según cada fascículo del atlas. (Puede generar un archivo para todos los fascículos etiquetados, o un archivo para cada fascículo).

Ejemplo de segmentación

Fascículo arqueado posterior izquierdo segmentado en el set de datos



Materiales

Se entregarán funciones en Python para lectura y escritura de archivos de fibras .bundles.

Existe una función que permite almacenar en un solo archivo .bundles varios fascículos de fibras etiquetados.

Se dispone además de un archivo de jerarquía (archivo .hie), el que sirve para visualizar los distintos fascículos con un mapa de colores de acuerdo a las etiquetas).

El atlas de fibras, el set de datos a segmentar y las funciones en Python se encuentran disponibles en el siguiente enlace:

https://drive.google.com/drive/folders/1fKUzW2tWh0n_u2qTNnnkHhXbB1jSy6v?usp=sharing

Incluir en el informe imágenes con los fascículos segmentados resultantes, además de mostrar gráficamente la cantidad de fibras de los fascículos.

Entrega del trabajo

Se debe entregar un **informe en formato y modalidad paper** (máximo 2 páginas), a más tardar el día 13 de junio de 2018:

- Entregar copia impresa de informe en secretaría (hasta 18:30 hrs).
- Subir informe, scripts y datos en archivo comprimido a infoalumno, o enviarlo por email (hasta 18:30 hrs).