

# Laboratorio 3 Procesamiento de imágenes médicas

Alumno  
Matías Medina

Profesora  
Pamela Guevara

Figura 1. Mi Figura

de x segundos

## Resumen

En este informe se muestra como se hizo la segmentación de datos de fibras de materia blanca profunda en grupos, llamados fascículos, utilizando un atlas de fascículos y se muestran los resultados obtenidos de esta segmentación.

## Algoritmo

El tamaño de las fibras se redujo a 10.000, ya que el algoritmo tarda demasiado tiempo en comparar 100000 fibras con 21 puntos con 38 fascículos del atlas, cada una con 61 fibras con 21 puntos, lo que sería equivalente a hacer  $100.000 * 38 * 61 * 21$  comparaciones, es decir 4.867.800.000.

Para acelerar el procesamiento se utiliza la librería Threading, la cual permite crear hilos que pueden ser ejecutados en paralelo. Cada hilo se encarga de clasificar solo un pedazo del cerebro completo. Se divide las fibras en 10 grupos, cada grupo es clasificada por un hilo. Para clasificar las fibras, estas son comparadas con todas las fibras de cada fascículo del atlas y se calcula la distancia euclidiana de cada punto en la fibra en ambos sentidos. Si estas distancias son mayores al umbral, inmediatamente podemos concluir que la fibra no se parece a la fibra del fascículo del atlas y podemos pasar a la siguiente. En cambio, si el mínimo entre ambos máximos de las distancias euclidianas son menores al umbral, la fibra se etiqueta como parte del fascículo y se puede pasar a la siguiente fibra.

A continuación se muestra el pseudocódigo de este algoritmo que ejecuta cada hilo.

## Resultados

A continuación se muestran las fibras segmentadas de los datos usando el atlas. El algoritmo tomo en correr un tiempo

```
brainChunk = wholeBrainChunks[indiceDatos];
for fibrDatos in brainChunk do
  for fasciculoAtlas in fasciculosAtlas do
    for fibraAtlas in fibraAtlas do
      max1 = 0;
      max2 = 0;
      for i in range(0, 21) do
        a = fibraAtlas[i];
        b1 = fibrDatos[i];
        b2 = fibrDatos[20 - i];
        dist1 = euclidian(a - b1);
        dist2 = euclidian(a - b2);
        if dist1 > max1 then
          max1 = dist1;
        end
        if dist2 > max2 then
          max2 = dist2;
        end
        if dist1 > max1 and dist2 > max2 then
          nextFibra;
        end
      end
      dist = min(max1, max2);
      if dist < umbral then
        nextData;
        index = id * 1000 + indexBrain;
        segmentation[index] =
          indexfasciculo end
      end
    end
  end
end
```