

# Laboratorio 3 Procesamiento de imágenes médicas

Alumno  
Matías Medina

Profesora  
Pamela Guevara

## 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, el cerebro con las fibras pintadas de distinto color y un gráfico que muestra la cantidad de fibras que se clasificaron por fascículo.

## Algoritmo

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 del cerebro.

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 del cerebro completo en 10 grupos, cada grupo es entonces clasificado por un hilo que ejecuta el algoritmo sobre el pedazo de cerebro. Luego de ser procesados, las fibras son guardadas en sus respectivos archivos con nombre dependiendo del fascículo al que pertenecen, bajo un directorio que se crea, con el mismo formato del directorio del atlas pero con el nombre del archivo del cerebro.

El algoritmo 1 muestra el pseudocódigo que se implementa de este algoritmo que ejecuta cada hilo.

### Algorithm 1: Algoritmo segmentación de fibras cerebrales en base a un atlas

```
umbral = 10;
brainChunk = wholeBrainChunks[indiceDatos];
for fibrDatos in brainChunk do
  for fasciculoAtlas in fasciculosAtlas do
    for fibraAtlas in fasciculoAtlas do
      max1 = 0;
      max2 = 0;
      for i in range(0, 21) do
        a = fibraAtlas[i];
        b1 = fibraDatos[i];
        b2 = fibraDatos[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
```

## Resultados

Se crearon 10 hilos, las cuales se encargaron de procesar una parte del cerebro de tamaño de 10.000 fibras cada una. El tiempo de ejecución del procesamiento fue de 1615 segundos, aproximadamente 30 minutos. La figura 1 muestra el cerebro con las fibras pintadas de color dependiendo del fascículo al que pertenecen y en la figura 2 se puede ver la cantidad de fibras que se clasificaron como parte de el fascículo.

conclusiones

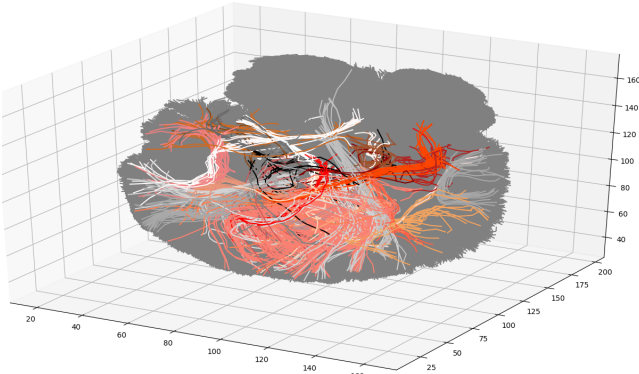


Figura 1. Fibras clasificadas del cerebro completo

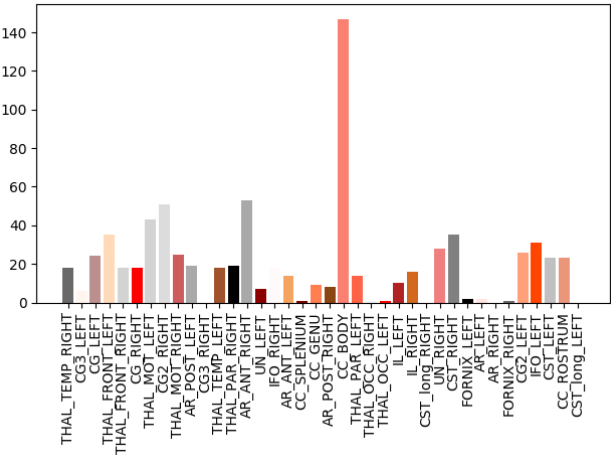


Figura 2. Gráfico de barras con cantidad de fibras por fascículo

La velocidad de procesamiento puede aumentar considerablemente si se utiliza el paralelismo de forma correcta, el tiempo de procesamiento se logra reducir de manera considerable, en el futuro se podría hacer más pruebas con otras cantidades de hilos para comparar los tiempos de ejecución y poder determinar la cantidad de hilos óptimos, esto depende mucho del procesador en el cual se esté corriendo el programa, para este laboratorio, el código corrió en un procesador doble núcleo con 4 hilos virtuales.