Guida all’uso

Estrazione del pattern venoso

Per estrarre il pattern venoso, utilizzare il fine “*automatico.m*”.

Specificare la posizione della cartella contenente “Codice” nella variabile **base\_path** e della cartella contenente i file “.mat” in **dataset\_path**.



Inserire il numero di core fisici della macchina su cui viene eseguito il codice tramite la variabile **num\_core**.

In base al tipo di studio che si vuole effettuare occorre modificare alcuni parametri:

* **filtered** stabilisce se lo script utilizzerà un filtro in pre-processing: 0 nessun filtro, 1 il filtro SRAD.
* **Tipo Binarizzazione** consente di scegliere il tipo di binarizzazione da usare: 0 corrisponde alla binarizzazione con media mentre 1 con soglia di Ridler.

Una volta effettuate queste modifiche è possibile eseguire lo script, al termine del quale i file saranno memorizzati nelle cartelle “template2D” e “template3D” nella cartella indicata come base\_path.

Matching

Per effettuare il matching 2D eseguire il file “identificazioneMatching2D\_CPUParallel”, caricando appena richiesto, tramite interfaccia grafica, i template2D elaborati in precedenza.

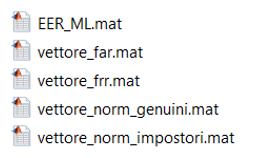
Per il matching 3D utilizzare eseguire prima il file “prepara\_dati” ed in seguito “identificazioneMatching3D\_CPUParallel\_new” caricando i template3D.

In entrambi i casi verrà generata una tabella contenente il punteggio di matching di ogni confronto memorizzata nella posizione specificata dall’utente.

Statistiche e grafici

Per generare le statistiche usare il file “statics3D.m” che richiede in input la tabella con il punteggio di matching che verrà fornita tramite interfaccia grafica.

Fornito il file, vengono generate automaticamente le curve FAR-FRR, genuini-impostori e le informazioni su queste curve vengono memorizzate nelle seguenti strutture dati:



CURVE DET

Le curve DET vengono generate tramite il file “sovrapponiDET”.