



**UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN
FACULTAD DE INGENIERÍA
DEPARTAMENTO DE INGENIERÍA ELÉCTRICA**



**SIMULADOR DE FIBRAS CEREBRALES BASADO EN MODELO TUBULAR CON
SECTORES ELÍPTICOS**

POR

Matias Nicolás Jorquera Sáez

Memoria de Título presentada a la Facultad de Ingeniería de la Universidad de Concepción para optar al
título profesional de Ingeniería Civil Biomédica

Profesores/as Guía
Pamela Guevara Álvez y Cecilia Hernandez Rivas

29 de enero de 2026
Concepción (Chile)

© 2026 Matias Nicolás Jorquera Sáez

© 2026 Matias Nicolás Jorquera Sáez

Se autoriza la reproducción total o parcial, con fines académicos, por cualquier medio o procedimiento, incluyendo la cita bibliográfica del documento.

Agradecimientos

Primero agradecer a mi esposa Javiera Campos Muñoz, por impulsarme, empujarme, motivarme y ayudarme a trabajar, estudiar y formar nuestra familia juntos, Gracias por ser paciente, amable y directa cuando lo necesité. Por ser mi compañera y ayuda en cada aspecto. Por hacer de mi un mejor ser humano y alegrarme, abrazarme y amarme en todo momento. Gracias por enseñarme a levantarme cuando caemos.

A mi padre, Leonardo Jorquera, por siempre decirme que soy capaz. Por nunca frenarme, por mostrarme que se puede estudiar y trabajar. Por enseñarme que se llega a la hora y se debe ser responsable. Por mostrarme que no importa lo que uno haga, uno tiene que ser buena persona y lo mejor posible en lo que uno se desempeña.

A mi madre, Ingrid Sáez, por educarme. Por enseñarme matemáticas. Por comprarme Icaritos cuando niño y despertar el hambre de conocimiento, el querer saber todo. Por contestar mis preguntas, por enseñarme como suena una letra con la otra. Por forzarme a saludar y enseñarme que uno puede hablar con cualquiera. Por enseñarme a desarrollar varios aspectos de mi mismo.

A mi hermano Camilo Jorquera, por ser un constante compañero durante toda la vida. Por siempre decirme que soy capaz. Por animarme y enseñarme el sentido de protección. Por existir y ser mi amigo.

A mis abuelos, Enrique, Maria Cristina, Mario y Miryam. Por enseñarme el amor de los abuelos. Por mostrarme que con esfuerzo se puede salir adelante. Por luchar por oportunidades para mis padres y para que hoy yo pueda tener oportunidades propias.

A mi casa de estudios, por brindarme el ambiente y las herramientas necesarias para estudiar una carrera profesional. Por los amigos y compañeros de equipo de Biomedica FC que me acogieron desde el primer año.

A todos los profesores por su infinito conocimiento y preparación. Hacen de la Universidad de Concepción, un lugar donde se quiera aprender.

Gracias a mi profesora guía Pamela Guevara, por la paciencia y por la ayuda. Por permitirme trabajar con ella.

Finalmente, agradezco a Cristo mi Salvador y redentor por su amor y apoyo constante.

Resumen

En las últimas décadas, ha habido un notable progreso en el uso de neuroimágenes, respaldado por una amplia gama de técnicas e investigaciones para el estudio y diagnóstico de imágenes de trastornos cerebrales en diversas enfermedades. Una de estas técnicas es la tractografía cerebral, obtenida a través de resonancia magnética por difusión, que permite visualizar en tres dimensiones las fibras cerebrales y analizar la conectividad entre diferentes regiones del cerebro. Sin embargo, procesar los datos de tractografía es complicado debido a la alta dimensionalidad y complejidad de los datos, ya que estos conjuntos pueden contener cientos de miles o incluso millones de fibras cerebrales con formas variadas.

Para abordar esta dificultad se han propuesto diversos algoritmos de clustering que permiten agrupar las fibras según ciertos patrones presentes en los datos. Dentro de los algoritmos de mayor importancia se encuentran: QuickBundles [1]y. Sin embargo al ser algoritmos no supervisados estos no proporcionan una certeza absoluta de que el agrupamiento fue hecho de manera correcta. Para ello un simulador de fascículos propuesto por Elida Poo [2], establece un método que permite evaluar el comportamiento de los algoritmos de clustering mencionados. Este simulador fue validado usando un atlas multisujeto.

El simulador existente se basa en un modelo tubular compuesto por 5 secciones circulares a lo largo del centroide de un fascículo. Luego usando curvas splines se generan fibras que pasan por las secciones circulares formando un modelo tubular.

En este trabajo se implementó una nueva forma de definir el modelo tubular pero utilizando secciones transversales elípticas para mejorar la simulación de algunos fascículos con formas más complejas.

Para la validación, se caracterizaron 38 fascículos de un atlas de referencia mediante Análisis de Componentes Principales (PCA), obteniendo los parámetros geométricos para la simulación. Los resultados comparativos mostraron una alta similitud estructural entre las fibras simuladas y el atlas real, alcanzando un porcentaje de intersección promedio del 50.7 % y una distancia media entre fascículos de 11.76 mm. Adicionalmente, se evaluó el algoritmo QuickBundles sobre un cerebro completo simulado, logrando una identificación exitosa de los clústeres mediante la métrica de Overlap Score. Se concluye que el modelo de secciones elípticas permite una representación más realista de la morfología de la materia blanca, ofreciendo una herramienta robusta para validar algoritmos de segmentación.

Abstract

In recent decades, there has been significant progress in the use of neuroimaging, supported by a wide range of techniques and research for the study and diagnosis of brain disorders in various diseases. One such technique is brain tractography, obtained through diffusion magnetic resonance imaging (MRI), which allows for the three-dimensional visualization of brain fibers and analysis of connectivity between different brain regions. However, processing tractographies is complicated due to the high dimensionality and complexity of the data, as these datasets can contain hundreds of thousands or even millions of brain fibers with varied shapes.

To address this difficulty, various clustering algorithms have been proposed to group fibers according to certain patterns present in the data. Among the most important algorithms are QuickBundles and FFclust. However, being unsupervised algorithms, they do not provide absolute certainty that the clustering was performed correctly. To address this, a fascicle simulator proposed by Elida Poo establishes a method for evaluating the behavior of the aforementioned clustering algorithms. This simulator was validated using a multi-subject atlas.

The existing simulator is based on a tubular model composed of 5 circular sections along the centroid of a fascicle. Then, using spline curves, fibers passing through the circular sections are generated, forming a tubular model. The objective of this project is based on the existing simulator and seeks a new way to define the tubular model but using elliptical cross-sections to improve the simulation of some fascicles with more complex shapes.

Tabla de contenidos

ÍNDICE DE FIGURAS	VIII
CAPÍTULO 1. INTRODUCCIÓN.....	1
1.1 INTRODUCCIÓN GENERAL.....	1
1.2 OBJETIVOS	2
1.2.1 <i>Objetivo general</i>	2
1.2.2 <i>Objetivos específicos</i>	2
1.3 ALCANCE Y LIMITACIONES	2
1.4 METODOLOGÍA	3
1.4.1 <i>Diseño del modelo geométrico</i>	3
1.4.2 <i>Implementación del diseño en software y posterior simulación</i>	3
1.4.3 <i>Evaluación de rendimiento y simulación</i>	4
1.5 TEMARIO	5
CAPÍTULO 2. MARCO TEÓRICO	7
2.1 FUNDAMENTOS BIOLÓGICOS	7
2.1.1 <i>Sistema Nervioso Central</i>	7
2.1.2 <i>Fibras Cerebrales</i>	8
2.2 IMÁGENES DE RESONANCIA MAGNÉTICA POR DIFUSIÓN	9
2.2.1 <i>Tractografía a partir de resonancia magnética</i>	11
2.3 SEGMENTACIÓN DE FIBRAS.....	13
2.3.1 <i>Métodos de clustering (agrupamiento de datos)</i>	14
2.4 COMPONENTES PRINCIPALES (PCA).....	15
2.4.1 <i>Metodos de cálculo en PCA</i>	16
2.5 SIMULADORES DE FIBRAS.....	17
CAPÍTULO 3. MÉTODO EXISTENTE Y VALIDACIÓN DE SIMULADOR	18
3.1 MÉTODO EXISTENTE	18

3.2	FUNCIONAMIENTO.....	18
3.2.1	<i>Simulación de conjuntos de fibras usando splines</i>	18
3.2.2	<i>Parámetros iniciales</i>	18
3.2.3	<i>Construcción del modelo tubular</i>	19
3.2.4	<i>Creación de las curvas splines</i>	20
3.3	DISCUSIÓN	20
CAPÍTULO 4. MODELO TUBULAR CON SECTORES ELÍPTICOS		22
4.1	UTILIZACIÓN SOFTWARE EXISTENTE	22
4.2	ATLAS DE FASCÍCULOS DE REFERENCIA	23
4.3	CARACTERIZACIÓN DEL ATLAS MEDIANTE ANÁLISIS DE COMPONENTES PRINCIPALES	23
4.4	EVALUACIÓN COMPARATIVA ENTRE ATLAS ORIGINAL Y SIMULACIÓN	31
4.5	EVALUACIÓN DE ALGORITMO DE CLUSTERING MEDIANTE OVERLAP SCORE	32
CAPÍTULO 5. RESULTADOS		34
CAPÍTULO 6. CONCLUSIONES.....		40
6.1	DISCUSIÓN	40
6.2	CONCLUSIONES	42
6.3	TRABAJO FUTURO	43
GLOSARIO.....		44
REFERENCIAS		45
ANEXO A. TABLAS		48

Índice de Figuras

1.1	Diagrama metodología	5
2.1	Neurona y sus partes	7
2.2	Sustancia gris y blanca cerebral	8
2.3	Tipos de fibras cerebrales [3].	9
2.4	Concepto de tensor de difusión [4]	10
2.5	Imágenes de resonancia magnética de difusión (dMRI) A. Imagen ponderada en T2 (WI)- imagen planar eco (EPI). B. Imagen isotrópica ponderada en difusión (DW). C. Mapa de coeficiente de difusión aparente (ADC). D. Mapa de anisotropía fraccional (FA). E. Mapa de color FA. F. Tractografía 7). (Kore de waku Kakusan MRI, 3ª edición, 2013: 16-55 7))	11
2.6	Concepto de tractografía [5]	12
2.7	Tractografía cerebro completo. [6]	13
2.8	Proceso de segmentación automática [7]	13
2.9	Diferenciación de estructuras en un mismo fascículo usando el algoritmo Quick Bundles [1]	15
3.1	Proceso de simulación de fibras en PhyberSIM	20
4.1	Simulaciones realizadas con software existente con distintos radios.	22
4.2	Gráfico N°1 de puntos clave y elipses generadas con PCA	26
4.3	Gráfico N°2 de puntos clave y elipses generadas con PCA	27
4.4	Gráfico N°3 de puntos clave y elipses generadas con PCA	28
4.5	Gráfico N°3 de puntos clave y elipses generadas con PCA	29
4.6	Gráfico N°3 de puntos clave y elipses generadas con PCA	30
5.1	Ejemplo de un buen performance de algoritmo Quick Bundles, tracto corticoespinal iz- quierdo	38
5.2	Ejemplo de un mal performance de algoritmo Quick Bundles, Fornix Izquierdo	39

Capítulo 1. Introducción

1.1 Introducción general

Conocer la estructura y funcionalidad del cerebro permite estudiar y entender mejor este órgano tan importante del cuerpo humano. Hoy en día se han desarrollado diversas técnicas con el fin de mejorar la capacidad para conocer y estudiar la estructura y función del cerebro.

La Resonancia magnetica por difusión (dMRI) es una técnica de imagen de vanguardia que ha transformado la comprensión de la microestructura tisular y su función en diversos entornos clínicos. Al evaluar el movimiento molecular del agua en los tejidos, la dMRI proporciona una visión detallada de la organización microscópica de los mismos. Utilizando modalidades como Imagen de tensor de difusión (DTI), Imagen de curtosia difusional (DKI) e Imagen de difusión de alta resolución angular (HARDI), se pueden cuantificar aspectos clave de la microestructura, como la orientación de las fibras y la conectividad neuronal. Esta técnica ha revolucionado la imagen médica al permitir la visualización de los tejidos sanos y enfermos con una claridad sin precedente [5][8].

Una forma de visualizar las conexiones neuronales y sus fibras es mediante el uso de la tractografía de imágenes de resonancia magnética por difusión. Ésta provee una importante herramienta para realizar un mapa cuantitativo de la conectividad estructural del cerebro utilizando medidas de conectividad. En las últimas décadas el estudio de la conectividad cerebral usando tractografía ha tomado un rol prominente en el panorama de la investigación de neuroimagen [9].

Estas conexiones se estructuran básicamente en fascículos, que son proyecciones axonales que conectan áreas corticales especializadas distantes, los cuales se unen en paquetes (bundles) para formar los denominados tractos cerebrales [10].

Uno de los principales desafíos a la hora de analizar este tipo de datos es la clasificación y segmentación de los fascículos como tal. La mayoría de los algoritmos utilizados para segmentar fascículos utilizan métodos como el clustering que se basa en aprendizaje no supervisado y agrupa los datos en base a similitudes y diferencias [11]. Existe una falta de referencias sobre las características exactas de los fascículos, ya que no pueden ser estudiados a la escala de todo el cerebro con ninguna técnica de validación.

Como una forma de abordar este problema, se ha desarrollado un simulador de fibras cerebrales [2] que utiliza curvas spline para generar conjuntos de fibras cerebrales realistas, con forma tubular, con el fin de evaluar algoritmos de clustering. Este requiere de mejoras en la creación de conjuntos de fibras con formas más complejas y no tan definidas.

En consecuencia, en este proyecto se busca ampliar la manera de establecer los parámetros de forma para la simulación de fibras, ampliando la funcionalidad del simulador ya desarrollado. Se diseñará e implementará un nuevo modelo tubular basado en sectores transversales elipsoidales y curvas splines para simular fascículos cerebrales y evaluar el rendimiento del simulador con este nuevo modelo, mediante un atlas de fascículos existente. Por último, se evaluará el rendimiento de un algoritmo de clustering existente.

1.2 Objetivos

1.2.1 Objetivo general

Desarrollar un simulador de fibras cerebrales basado en un modelo tubular con sectores elípticos que permita una representación de las fibras cerebrales, facilitando la validación de algoritmos de clustering de fibras cerebrales calculadas mediante dMRI.

1.2.2 Objetivos específicos

- Diseñar un nuevo modelo tubular con sectores elípticos para el simulador de fibras cerebrales.
- Implementar el modelo en lenguaje Python.
- Generar grupos de fascículos con diferentes configuraciones y evaluar algoritmo de clustering utilizando diferentes métricas de evaluación.
- Comparar resultados con modelo tubular simple, basado en sectores circulares.

1.3 Alcance y limitaciones

- Se continuará utilizando modelo tubular ya existente como base, desarrollado por Elida Poo [12].

- Código desarrollado en base a código existente y lenguaje Python.
- El código será desarrollado en Macbook Air 2020, procesador Apple M1, Memoria RAM 8gb. Sistema operativo MacOS Sonoma 14.5

1.4 Metodología

La metodología general se encuentra representada en la figura 1.1 y se basa en las siguientes etapas: (I) Diseño del modelo geométrico, (II) Implementación del diseño y posterior simulación, (III) Evaluación de rendimiento utilizando métricas de interés.

1.4.1 Diseño del modelo geométrico

En esta fase de la metodología, se realizará un análisis detallado del simulador existente utilizado como referencia. El enfoque se centrará en el cálculo del centroide y la subdivisión del fascículo en cinco regiones transversales: las dos extremas, la central y dos intermedias [12]. Este análisis crítico del simulador existente servirá como base fundamental para la adaptación y mejora del modelo en nuestra investigación, asegurando que las modificaciones introducidas contribuyan de manera efectiva a la precisión y robustez del simulador de fibras cerebrales desarrollado, especialmente enfocado en la incorporación de nuevas secciones elipsoidales.

Se procederá al diseño detallado de las secciones elipsoidales que formarán parte del modelo tubular para la simulación de fibras cerebrales. Las secciones elipsoidales se seleccionarán y diseñarán cuidadosamente para capturar con precisión la forma y variabilidad observada en los fascículos de fibras cerebrales. Se utilizará un enfoque basado en la adaptación de la geometría elipsoidal para cada sección transversal, permitiendo una representación más realista de la estructura tridimensional.

1.4.2 Implementación del diseño en software y posterior simulación

Para la implementación del código del simulador de fibras cerebrales, se seleccionará Spyder IDE dentro del entorno de Anaconda debido a su robustez y facilidad de uso en proyectos científicos y de investigación. Spyder proporcionará un entorno integrado que facilitará el desarrollo y la depuración de código Python, lo cual será crucial dada la complejidad del modelo matemático y las operaciones numéricas involucradas en el trabajo.

Además, se hará uso extensivo de diversas bibliotecas especializadas. Entre ellas, destacará *Dipy* [13], una biblioteca diseñada para el análisis de imágenes de difusión y tractografía, que nos permitirá implementar algoritmos avanzados para la simulación de fibras nerviosas. También se utilizará *BundleTools* para la manipulación y visualización de haces de fibras.

Para el desarrollo del código del simulador de fibras cerebrales, se utilizará como base el código existente desarrollado por Elida Poo [14]. Este código proporcionará un punto de partida sólido, sobre el cual se realizarán las adaptaciones necesarias para implementar el modelo tubular basado en secciones elipsoidales. Se llevará a cabo una revisión detallada del código existente para identificar y modificar las secciones relevantes con el fin de incorporar las nuevas funcionalidades y algoritmos requeridos para el estudio.

Durante este proceso, se seguirá una metodología iterativa, realizando pruebas continuas y refinamientos para asegurar la correcta integración de las curvas splines al nuevo modelo tubular.

1.4.3 Evaluación de rendimiento y simulación

Se utilizará como referencia un atlas de fibras de la materia blanca profunda (DWM) [7]. Para comparar y evaluar la precisión anatómica del simulador frente al atlas real, se emplearán tres métricas de similitud cuantitativa: el Porcentaje de Intersección (IP), la Distancia entre fascículos (ID) y el Bundle Adjacency (BA) Score.

Finalmente, se generará un conjunto de datos de tractografía simulado de cerebro completo, combinando los fascículos individuales generados. Esto permitirá evaluar el rendimiento del algoritmo de clustering QuickBundles para segmentar correctamente los datos simulados. Para esta evaluación se utilizará la métrica de Overlap Score (OS), considerando una identificación exitosa cuando el solapamiento entre el clúster predicho y el fascículo real sea significativo.

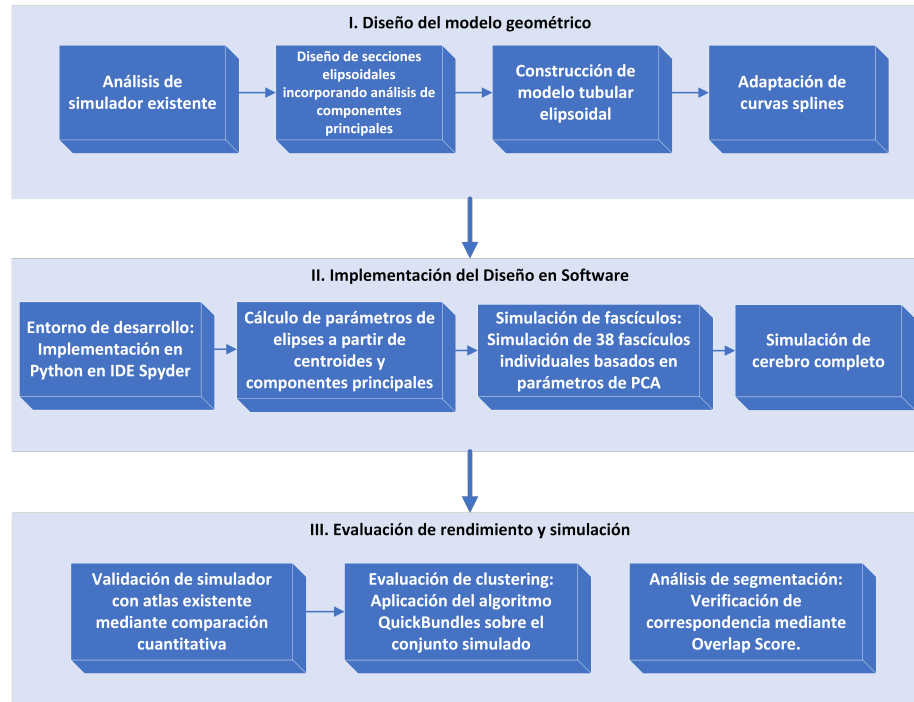


Figura 1.1: Diagrama metodología

1.5 Temario

- **Capítulo 1. Introducción:** Se introduce el tema a tratar, se indican los objetivos, metodología a seguir y alcances del proyecto.
- **Capítulo 2. Marco Teórico:** En este capítulo, en base a la revisión bibliográfica, se explican conceptos teóricos que se utilizarán a lo largo del desarrollo del trabajo.
- **Método existente y validación de simulador:** En esta sección se presenta el software previamente desarrollado, el cual presenta la base del trabajo que se llevará a cabo.
- **Capítulo 4. Modelo tubular:** En este capítulo se detalla la metodología de diseño e implementación del nuevo modelo. Se explica el uso de Análisis de Componentes Principales (PCA) para caracterizar geométricamente un atlas de referencia y obtener los parámetros de los fascículos. Además, se definen los protocolos de validación comparativa mediante métricas de similitud (Distancia, Intersección y BA Score) y la estrategia de evaluación del algoritmo QuickBundles sobre datos simulados.
- **Capítulo 5. Resultados:** Se presentan los datos cuantitativos obtenidos tras la simulación. Esto

incluye la tabla de parámetros geométricos extraídos por PCA (radios mayores y menores) , el análisis comparativo de similitud anatómica entre los fascículos simulados y el atlas real , y finalmente, el rendimiento de segmentación del algoritmo de clustering medido a través del Overlap Score.

- **Capítulo 6. Conclusiones:** Se sintetizan los hallazgos principales del estudio, discutiendo la efectividad del modelo elíptico para representar formas complejas de la materia blanca frente al modelo circular tradicional. Se evalúa el cumplimiento de los objetivos planteados, se presentan las limitaciones del simulador actual y se proponen líneas de trabajo futuro para continuar la investigación.

Capítulo 2. Marco Teórico

2.1 Fundamentos biológicos

2.1.1 Sistema Nervioso Central

El Sistema Nervioso Central (SNC) controla muchas de las funciones del organismo. El cerebro es el órgano central del sistema nervioso, encargado de procesar información, controlar funciones corporales y regular comportamientos. Su principal protección son los huesos del cráneo y la columna vertebral. En el SNC, los principales centros donde se produce el intercambio de información nerviosa son el encéfalo y la médula espinal. Estos se hayan recubiertos por un sistema de membranas, denominadas meninges y se encuentran suspendidos en el líquido cefalorraquídeo.

2.1.1.1 Neuronas: Célula base

El SNC está compuesto por células especializadas llamadas neuronas que tienen como función recibir estímulos sensitivos y transmitirlos. Las neuronas son células nerviosas excitables, poseen un cuerpo celular compuesto por un núcleo y soma a partir del cual se proyectan largas prolongaciones que se denominan axones o fibras nerviosas. Estos axones propagan el impulso nervioso. Para favorecer esta propagación son rodeados por una vaina de mielina compuesta por células de la neuroglía. Los fascículos de fibras nerviosas que se encuentran en el sistema nervioso central reciben el nombre de tractos nerviosos [15].

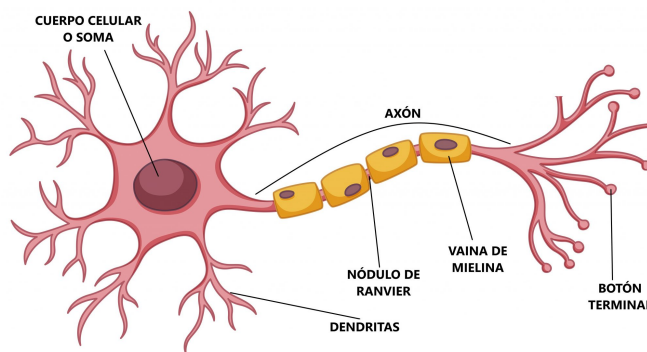


Figura 2.1: Neurona y sus partes [16].

2.1.1.2 Sustancia gris y blanca

La composición de células nerviosas (neuronas) se organiza principalmente en dos: la sustancia gris y la sustancia blanca. La sustancia gris o materia gris (GM) es conformada por los cuerpos de las neuronas presentes en la neuroglía, recibe su nombre dado el color que este conjunto presenta. La sustancia blanca o materia blanca (WM) consta de fibras nerviosas incluidas en la neuroglía, el color característico blanco se debe al material lipídico presente en las vainas de mielina de las fibras nerviosas.

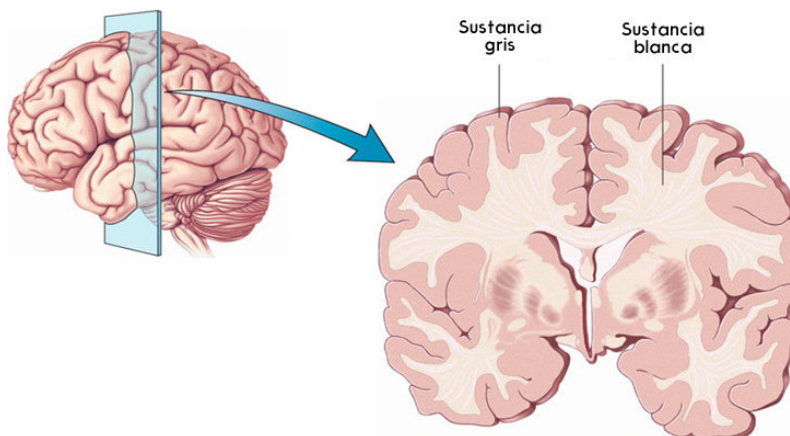


Figura 2.2: Sustancia gris y blanca cerebral [17]

Una fibra nerviosa (o axón) es una prolongación larga y filiforme de una célula nerviosa (o neurona) que conecta regiones cerebrales específicas y transmite información mediante impulsos eléctricos. Estas fibras están estrechamente agrupadas en tractos de fibras, conjuntos de fibras o fascículos, que comparten un origen y un destino comunes. El diagrama de cableado completo del cerebro, en toda su complejidad, suele denominarse conectoma.

2.1.2 Fibras Cerebrales

Una fibra cerebral (o axón) es una prolongación larga y filiforme de una célula nerviosa (o neurona) que conecta regiones cerebrales específicas y transmite información mediante impulsos eléctricos. Estas fibras están estrechamente agrupadas en tractos de fibras, conjuntos de fibras o fascículos, que comparten un origen y un destino comunes.

Convencionalmente, los tractos de fibras de la materia blanca profunda (DWM) se han clasificado de la siguiente forma: Las fibras de asociación que interconectan áreas corticales en el mismo hemisferio.

Las fibras de proyección que interconectan las áreas corticales con los núcleos profundos, el tronco encefálico, el cerebelo y la medula espinal. Las fibras de proyección eferentes y aferentes. Por último las fibras comisurales que interconectan áreas corticales similares entre hemisferios opuestos. En la figura 2.3 se visualiza un esquema de lo mencionado.

Es importante notar que, aunque tradicionalmente se modelan los fascículos como estructuras tubulares cilíndricas simplificadas, la anatomía real de la materia blanca es más compleja. Muchos fascículos importantes (como el cuerpo calloso o el fascículo arqueado) presentan secciones transversales aplanadas o irregulares que se aproximan mejor a una geometría elíptica que a una circular. Esta característica morfológica es clave para mejorar la precisión de las simulaciones computacionales.

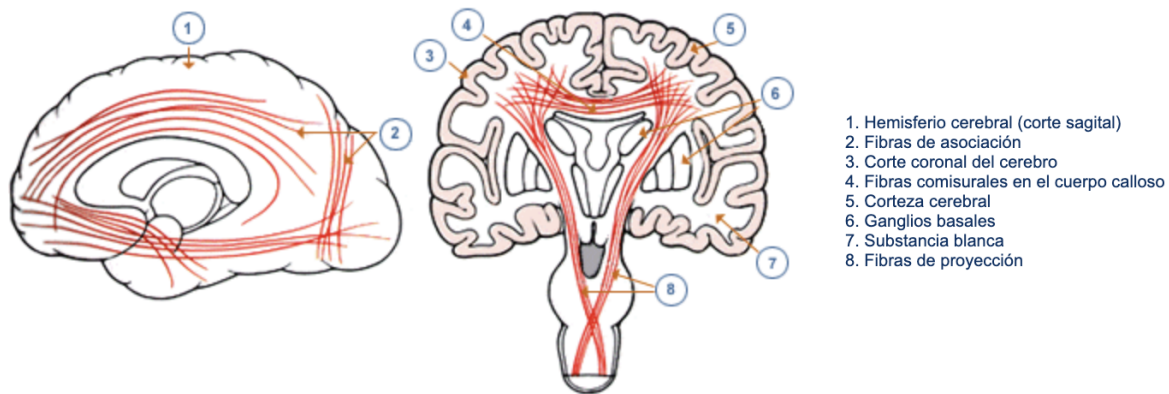


Figura 2.3: Tipos de fibras cerebrales [3].

2.2 Imágenes de Resonancia magnética por difusión

Una de las técnicas más avanzadas para estudiar la conectividad neuronal es la resonancia magnética por difusión, que permite rastrear el movimiento de moléculas de agua en el tejido cerebral. Aplicando los gradientes de campo magnético adecuados, las imágenes de RM pueden sensibilizarse al movimiento aleatorio accionado térmicamente de las moléculas de agua en la dirección del gradiente de campo magnético. La difusión es anisotrópica (dependiente de la dirección) en los tractos de WM, ya que las membranas axonales y las vainas de mielina presentan barreras al movimiento de las moléculas de agua en direcciones que no son paralelas a su propia orientación. La dirección de máxima difusividad coincide con la orientación del tracto fibroso de la WM.

La información se puede representar en el tensor de difusión, un modelo matemático que describe la difusión en el espacio tridimensional. En términos generales, un tensor es una entidad matemática

abstracta con propiedades específicas que permiten cuantificar fenómenos físicos complejos. En este contexto, el tensor es esencialmente una matriz de números derivados de medidas de difusión en diferentes direcciones. A partir de estas medidas, se puede estimar la difusividad en cualquier dirección arbitraria o determinar la dirección de máxima difusividad. Visualmente, la matriz del tensor puede representarse como un elipsoide. El tamaño del elipsoide en cualquier dirección indica la difusividad en esa dirección, mientras que su eje principal está alineado con la dirección de máxima difusividad, como se observa en la figura 2.4. Arriba a la izquierda, los tractos de fibras tienen una orientación arbitraria con respecto a la geometría del escáner (ejes x, y, z) e imponen una dependencia direccional (anisotropía) en las mediciones de difusión. Arriba a la derecha, la difusividad tridimensional se modela como un elipsoide cuya orientación se caracteriza por tres vectores propios ($\epsilon_1, \epsilon_2, \epsilon_3$) y cuya forma se caracteriza por tres valores propios ($\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3$). Los vectores propios representan los ejes principales mayor, medio y menor del elipsoide, y los valores propios representan las difusividades en estas tres direcciones, respectivamente. Abajo, este modelo de elipsoide se ajusta a un conjunto de al menos seis mediciones de difusión no colineales resolviendo un conjunto de ecuaciones matriciales que involucran las difusividades (ADC's) y requieren un procedimiento conocido como diagonalización de matrices. El vector propio mayor (aquel vector propio asociado con el mayor de los tres valores propios) refleja la dirección de máxima difusividad, que, a su vez, refleja la orientación de los tractos de fibras. El superíndice T indica la transposición de la matriz.

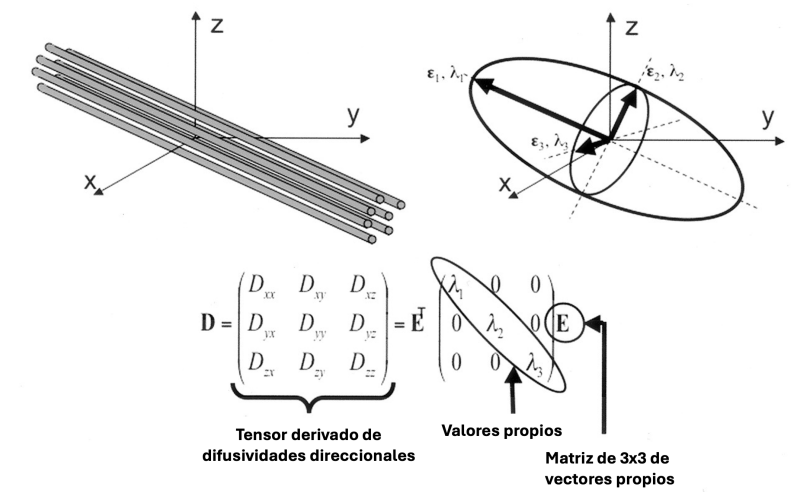


Figura 2.4: Concepto de tensor de difusión [4]

La anisotropía de difusión se entiende fácilmente como la medida en que la forma del elipsoide del tensor se desvía del de una esfera. Se traduce en el grado en que los tres valores propios del tensor difieren entre sí. Una de las más comunes es la anisotropía fraccional (FA). Un valor de FA próximo a

cero significa que el tejido presenta una difusión isotrópica. Mientras que si el valor de FA se aproxima a uno, el tejido muestra una difusión altamente anisotrópica [4].

Mediante la tractografía por resonancia magnética, se puede mapear la trayectoria de los axones nerviosos y visualizar las fibras cerebrales, como se puede observar en la figura 2.5, revelando la compleja red de conexiones que subyace a la función cerebral. Esta técnica ha revolucionado nuestra comprensión de la conectividad cerebral y ha abierto nuevas fronteras en la investigación de enfermedades neurológicas y trastornos del cerebro [18].

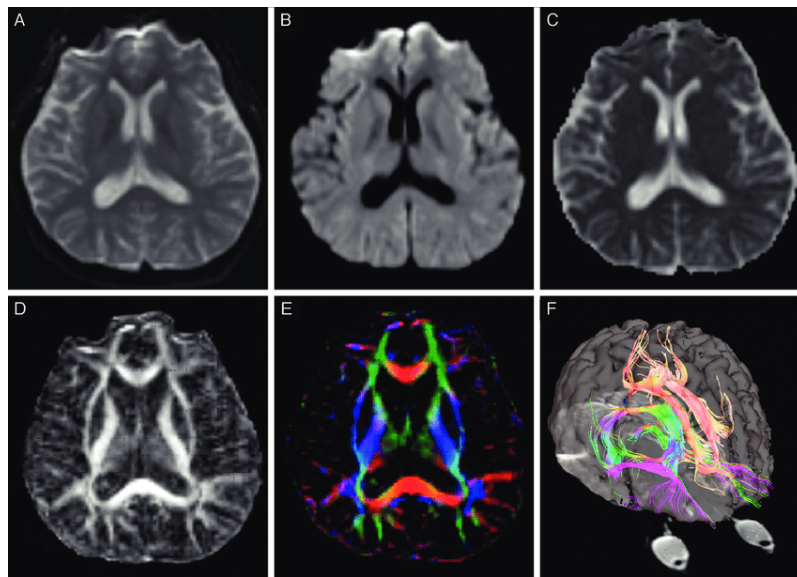


Figura 2.5: Imágenes de resonancia magnética de difusión (dMRI) A. Imagen ponderada en T2 (WI)-imagen planar eco (EPI). B. Imagen isotrópica ponderada en difusión (DW). C. Mapa de coeficiente de difusión aparente (ADC). D. Mapa de anisotropía fraccional (FA). E. Mapa de color FA. F. Tractografía 7). (Kore de waku Kakusan MRI, 3ª edición, 2013: 16-55 7))

2.2.1 Tractografía a partir de resonancia magnética

La tractografía es una técnica avanzada que utiliza las imágenes de resonancia magnética por difusión para mapear las conexiones de las fibras nerviosas en el cerebro humano. La tractografía de fibras determinística asume que cada vóxel de la imagen está caracterizado por una única orientación predominante, luego infiere y conecta las orientaciones locales de la trayectoria de las fibras.

Desde una perspectiva matemática, las orientaciones locales de las fibras cerebrales pueden ser concebidas como un espacio vectorial tridimensional, donde las rutas generales de las fibras se interpretan

como líneas de flujo (*streamlines*). Una línea de flujo se describe como una curva cuya dirección en cada punto a lo largo de su camino coincide con el campo vectorial local. Matemáticamente, una línea de flujo puede ser representada como una curva espacial en tres dimensiones parametrizada por su longitud de arco s , denotada como $\mathbf{r}(s)$. Para que una línea de flujo se alinee con el campo vectorial, la tangente en cada punto s debe coincidir con el vector en esa posición, tal como se expresa en la ecuación 2.2.1, donde $\mathbf{r}(s)$ representa la posición tridimensional a lo largo de la línea de flujo y $\mathbf{v}$ es un vector en el espacio tridimensional.

$$\frac{d\mathbf{r}(s)}{ds} = \mathbf{v}[\mathbf{r}(s)] \quad (2.2.1)$$

Esta ecuación se resuelve por medio de la integración:

$$\mathbf{r}(s) = \int_{s_0} \mathbf{v}[\mathbf{r}(s)] ds \quad (2.2.2)$$

donde $\mathbf{r}(s_0) = \mathbf{r}_0$ representa el punto de partida de la línea de flujo y la integración es comúnmente referida como tractografía. Mediante el método de integración de Euler se puede reconstruir un camino entero para unir las orientaciones en la forma de una fibra.

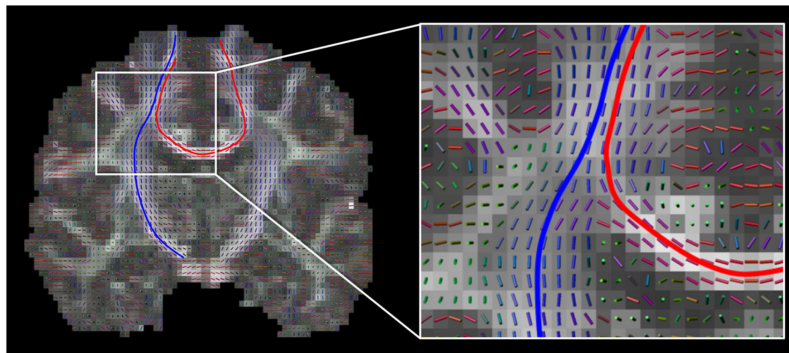


Figura 2.6: Concepto de tractografía [5]

Mediante la generación de modelos tridimensionales, la tractografía visualiza la organización espacial de las fibras de la materia blanca, revelando la estructura y conectividad del sistema nervioso central. Es importante recalcar que esta técnica representa una aproximación y no es la trayectoria real, sino una trayectoria virtual, de las fibras cerebrales.

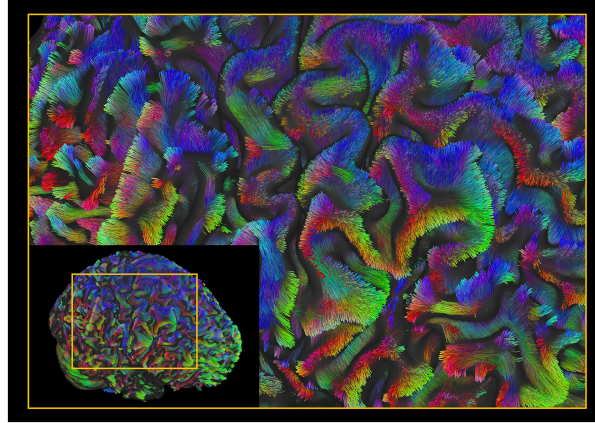


Figura 2.7: Tractografía cerebro completo. [6]

2.3 Segmentación de Fibras

La generación de modelos tridimensionales basados en la tractografía, crea un conjunto de datos muy grande y complejo a la vez. Esto genera la necesidad de métodos de análisis que favorezcan la interpretación y manipulación de los mismos. Un ejemplo de análisis es la segmentación de fascículos de interés. La segmentación de las fibras de materia blanca se convierte en un desafío complejo debido a la gran cantidad de datos y a la variabilidad entre sujetos. No obstante, es un proceso necesario, ya que muchos estudios clínicos dependen de la segmentación para poder llevar a cabo comparaciones entre individuos y poblaciones.

Principalmente se aborda la segmentación basada en el agrupamiento de fibras (*clustering*) usando medidas de similitud entre pares. La segmentación de fascículos basada en clustering ha sido utilizada de manera satisfactoria para segmentar algunos fascículos conocidos de materia blanca [7].

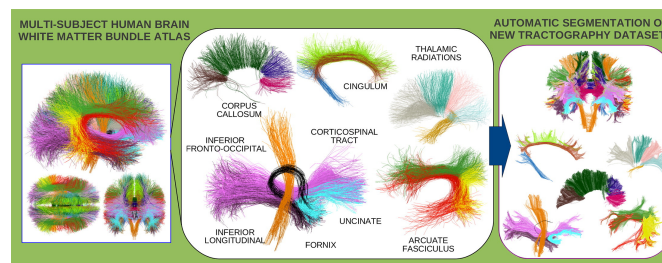


Figura 2.8: Proceso de segmentación automática [7]

2.3.1 Métodos de clustering (agrupamiento de datos)

El agrupamiento o clustering de fibras cerebrales se basa en el uso de algoritmos de clasificación no supervisado, es decir, se agrupan datos no etiquetados en función de sus similitudes y/o diferencias sin la necesidad de intervención humana en el proceso de clasificación. Es un análisis exploratorio. Estos algoritmos se pueden clasificar en varios tipos:

- **Exclusivos y superpuestos:** La agrupación en clústeres exclusiva es un método de clasificación donde cada punto de datos pertenece a un solo clúster. Este tipo de agrupación también se conoce como “agrupación dura”. Los clústeres superpuestos se distinguen de la agrupación exclusiva porque permiten que los puntos de datos sean parte de múltiples clústeres, cada uno con diferentes niveles de pertenencia. Algunos ejemplos son: K-means y soft k-means .
- **Jerárquicos:** La agrupación en clústeres jerárquica, también conocida como análisis de clústeres jerárquicos (HCA, por sus siglas en inglés), es un algoritmo no supervisado que se puede clasificar en dos tipos: aglomerante y divisivo. En el enfoque aglomerante, considerado un “enfoque de abajo hacia arriba ”, los puntos de datos comienzan como clústeres individuales y se van fusionando de manera iterativa según su similitud, hasta que todos los puntos de datos están en un solo clúster. Para medir la similitud se utilizan cuatro métodos: enlace ward, enlace promedio, enlace completo (o máximo), enlace único (o mínimo).
- **Probabilísticos:** Un modelo probabilístico es una técnica no supervisada que permite abordar problemas de clústeres “suaves” o de estimación de densidad. En la agrupación en clústeres probabilística, los puntos de datos se asignan a clústeres basándose en la probabilidad de pertenencia a una distribución específica. Uno de los métodos más utilizados en la agrupación en clústeres probabilística es el modelo de mezcla gaussiana (GMM, por sus siglas en inglés). *Ej: Modelos de mezcla gaussiana [11].*

En el ámbito de las fibras cerebrales, estos algoritmos son capaces de agrupar fibras que tienen características y forma similares que pudiesen pertenecer a un mismo fascículo. Un algoritmo importante presente en la literatura es: Quick Bundles, una herramienta poderosa y eficiente para el análisis y agrupamiento de datos de tractografía cerebral, que permite una clasificación precisa y específica de las fibras. Sin embargo, este método completamente no supervisado no provee la suficiente validez anatómica por sí mismo, lo que produce la necesidad de establecer un terreno de validez para estos algoritmos [1].

2.3.1.1 Quick Bundles

Es uno de los métodos de clustering mas usados actualmente. Su función es reducir la representación de tractografía a una estructura más accesible.

QuickBundles es un algoritmo eficiente diseñado para simplificar datos de tractografía al reducirlos a una estructura accesible en tiempo lineal al número de trayectorias. Se emplea para explorar múltiples datos de tractografía, encontrar correspondencias o similitudes entre ellas, seleccionar conjuntos de fascículos de interés para la interrogación de datos, y descubrir trayectorias ocultas que inicialmente no son visibles para el usuario. Este método puede utilizarse con todos los tipos de tractografías de resonancia magnética por difusión y es independiente del modelo de reconstrucción. Su propósito es proporcionar simplificaciones para revelar la anatomía detallada de la materia blanca, especialmente en regiones de materia blanca densamente empaquetada, al trabajar con conjuntos de datos grandes.



Figura 2.9: Diferenciación de estructuras en un mismo fascículo usando el algoritmo Quick Bundles [1]

2.4 Componentes principales (PCA)

El Análisis de Componentes Principales (PCA, por sus siglas en inglés Principal Component Analysis) es una técnica estadística utilizada para reducir la dimensionalidad de conjuntos de datos complejos, manteniendo la mayor cantidad posible de información relevante. PCA transforma un conjunto de observaciones posiblemente correlacionadas en un nuevo conjunto de variables no correlacionadas llamadas componentes principales, las cuales están ordenadas según la cantidad de varianza que explican en los datos originales [19].

Desde una perspectiva geométrica, el PCA está intrínsecamente relacionado con la definición de elipsoides de confianza. Al aplicar PCA a un conjunto de puntos bidimensionales (como una sección transversal de un fascículo), los vectores propios resultantes definen naturalmente los ejes mayor y menor

de una elipse que se ajusta a la dispersión de los datos. Por lo tanto, el PCA proporciona el marco matemático ideal para caracterizar y parametrizar secciones transversales elípticas en modelos de fibras [19]

2.4.1 Metodos de cálculo en PCA

El procedimiento de cálculo de los componentes principales se basa en operaciones de álgebra.

1. **Obtención de puntos de la sección transversal:** Para cada sección elíptica, se genera un conjunto de puntos distribuidos en la elipse usando ecuaciones paramétricas:

$$\begin{cases} x(t) = a \cos(t) \\ y(t) = b \sin(t) \end{cases} \quad \text{donde } a \text{ y } b \text{ son los semiejes, y } t \in [0, 2\pi]. \quad (2.4.1)$$

2. Aplicación de PCA:

- Los puntos se organizan en una matriz $X \in \mathbb{R}^{n \times 2}$
- Se calcula la matriz de covarianza $C = \frac{1}{n} X^T X$
- Se obtienen los vectores propios (v_1 y v_2) y los valores propios (λ_1 y λ_2) de C .

3. Determinación de ejes:

- Eje mayor: Dirección del vector propio v_1 asociado al valor propio λ_1 .
- Eje menor: Dirección del vector propio v_2 asociado al valor propio λ_2
- Longitudes de los semi ejes: $a = \sqrt{\lambda_1}$, $b = \sqrt{\lambda_2}$

En este proyecto, PCA se aplica específicamente para calcular los ejes mayores y menores de las secciones elípticas que conforman el modelo tubular de fibras cerebrales. Para cada sección transversal, se genera un conjunto de puntos distribuidos en una elipse mediante ecuaciones paramétricas (Ec. 4.2.1). Estos puntos se organizan en una matriz de datos, y al calcular sus componentes principales, se obtienen:

- Vectores propios (v_1 y v_2): Definen las direcciones ortogonales de máxima varianza, correspondientes a los ejes mayor y menor de la elipse.
- Valores propios (λ_1 y λ_2): Determinan las longitudes de los semiejes ($a = \sqrt{\lambda_1}$, $b = \sqrt{\lambda_2}$).

2.5 Simuladores de fibras

Con el fin de validar y saber realmente que tan bien funcionan los algoritmos de clustering se ha propuesto el uso de un simulador de fibras cerebrales [2]. Estos simuladores tienen el objetivo de proporcionar un “ground truth” para los algoritmos de clustering de fibras cerebrales usados actualmente. Al crear virtualmente los fascículos de fibras, según características determinadas por software, permite la comparación con los datos etiquetados por clustering, además de su comparación con diversos atlas ya presentes.

Capítulo 3. Método existente y validación de simulador

3.1 Método existente

El simulador existente es un software de conjuntos de fibras que utiliza curvas spline para simular fascículos en el cerebro. Está diseñado para generar representaciones realistas de fibras para el análisis de la conectividad cerebral. El simulador se ha validado utilizando un atlas de fascículos de materia blanca profunda y se ha utilizado para crear conjuntos de datos simulados de tractografía de todo el cerebro para evaluar algoritmos de clustering. El simulador ha mostrado resultados prometedores en la simulación de varios fascículos de fibras cerebrales y en la evaluación del comportamiento de los algoritmos de clustering con datos realistas. El código del simulador está disponible en GitHub para uso público [14].

3.2 Funcionamiento

Un diagrama para comprender mejor el funcionamiento del software se muestra en la figura 3.1

3.2.1 Simulación de conjuntos de fibras usando splines

La simulación se basa en el uso de los centroides de fascículos. Éste se divide en cinco secciones transversales. Los dos extremos, la región central y dos regiones intermedias entre cada extremo [2]. Se usaron círculos en cada sección transversal, centrados en sus respectivos puntos del centroide. La clave para poder obtener curvas realistas fue usar puntos de control en cada círculo.

3.2.2 Parámetros iniciales

Los parámetros considerados inicialmente para cada simulación son el centroide, el número de fibras y el radio de los cinco círculos de las secciones transversales. Este radio representa la distancia desde el centroide hasta la fibra más lejana. Por último para asegurarse de incluir la dispersión característica de los fascículos en sus extremos, se incluyó el uso de ruido Gaussiano en cada extremo de las fibras.

3.2.3 Construcción del modelo tubular

1. **Generación de Círculos:** Se generan cinco círculos alrededor del punto central seleccionado, para definir las cinco regiones transversales del fascículo cerebral.
2. **Definición de Puntos Iniciales:** Para establecer los puntos de partida de cada círculo, se elige un punto inicial en su borde (P_{ri}) y se realiza una rotación con siete ángulos diferentes θ alrededor de cada punto central seleccionado P_{ci} . Estos ángulos de rotación están espaciados a intervalos de 45° , lo que divide cada círculo en ocho secciones equidistantes de 45° .
3. **Determinación de la Dirección del Centroide del Fascículo:** Se calcula el vector tangente ($\vec{U}_{ti}$) a la curva en cada punto central P_{ci} para determinar la dirección del centroide del fascículo.
4. **Selección de Puntos Periféricos Iniciales:** Para definir el punto periférico inicial de cada sección transversal P_{ri} , se selecciona un punto a una distancia r_i de P_{ci} , siguiendo la dirección del vector $\vec{P}_{ci}P_{ri}$ (perpendicular al vector $\vec{U}_{ti}$) y perteneciente al plano que contiene a P_{ci} definido por $\vec{U}_{ti}$.
5. **Alineación de los Puntos:** Para garantizar que todos los puntos estén en la misma posición, se alinean con respecto al primer punto del círculo.
6. **Construcción de la Matriz de Rotación:** Se construye una matriz de rotación 3x3 basada en el eje de rotación correspondiente $\vec{U}_{ti}$ y el ángulo de rotación θ . La ecuación se muestra a continuación:

$$\mathbf{R} = \begin{bmatrix} u_{x_i}^2(1 - \cos \theta) + \cos \theta & u_{x_i}u_{y_i}(1 - \cos \theta) - u_{z_i}\sin \theta & u_{x_i}u_{z_i}(1 - \cos \theta) + u_{y_i}\sin \theta \\ u_{y_i}u_{x_i}(1 - \cos \theta) + u_{z_i}\sin \theta & u_{y_i}^2(1 - \cos \theta) + \cos \theta & u_{y_i}u_{z_i}(1 - \cos \theta) - u_{x_i}\sin \theta \\ u_{z_i}u_{x_i}(1 - \cos \theta) - u_{y_i}\sin \theta & u_{z_i}u_{y_i}(1 - \cos \theta) + u_{x_i}\sin \theta & u_{z_i}^2(1 - \cos \theta) + \cos \theta \end{bmatrix} \quad (3.2.1)$$

7. **Rotación de los Puntos Periféricos:** Se rota cada punto periférico (P_{ri}) alrededor de su punto central (P_{ci}) utilizando la matriz de rotación construida, lo que garantiza que la rotación represente fielmente la dirección del centroide del fascículo en cada región.
8. **Modelo Tubular Resultante:** Después de la rotación inicial de los puntos periféricos de cada círculo, se obtiene un conjunto de ocho puntos que definen los círculos, formando así el modelo tubular del fascículo cerebral.

3.2.4 Creación de las curvas splines

Las splines son una clase importante de funciones matemáticas utilizadas para la interpolación. Una spline es una función polinómica a trozos que suele describirse como "lo más suave posible sin reducirse a un polinomio"[20].

El modelo tubular generado proporciona ocho sectores circulares a lo largo de las cinco secciones transversales. En consecuencia, el algoritmo genera puntos en estas secciones transversales para usarlos como puntos de referencia por el cual la curva debe pasar.

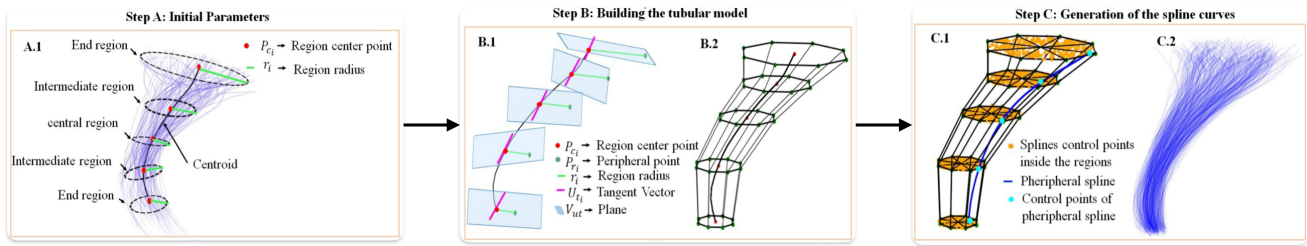


Figura 3.1: Proceso de simulación de fibras en PhyberSIM

3.3 Discusión

La tractografía es una técnica esencial en la neurociencia y la medicina, permitiendo visualizar y mapear las complejas conexiones de fibras nerviosas en el cerebro humano. Su aplicación abarca desde la comprensión básica de la conectividad cerebral hasta su relevancia en el diagnóstico y la planificación quirúrgica. Además, juega un papel crucial en la investigación de enfermedades neurológicas y en el estudio del desarrollo y la plasticidad cerebral. En conjunto, la tractografía ha emergido como una herramienta indispensable que ha transformado nuestra comprensión del cerebro y ha mejorado significativamente el manejo clínico de diversas condiciones neurológicas.

A medida que se avanza en el uso de esta herramienta se ha hecho necesario manejar la gran cantidad de datos que se generan a través de la tractografía, es por esto que algoritmos de clustering se han desarrollado con el fin de mejorar la segmentación de los grandes volúmenes de datos [1].

Con el auge de estos algoritmos se hace necesario establecer que está bien y que está mal. Dado que se usan con preferencia algoritmos no supervisados, el resultado de la mayoría de las segmentaciones es incierto. Es por esto que el uso de simuladores que sean capaces de recrear virtualmente la forma de

conjuntos de fibras toma relevancia a la hora de establecer un marco de comparación y un terreno de validación para la segmentación no supervisada.

Sin embargo, el desarrollo de este tipo de softwares aún se encuentra en una fase inicial, por lo que el progreso en nuevas formas de simular conjuntos de fibras con formas más complejas resulta un área de interés.

Capítulo 4. Modelo tubular con sectores elípticos

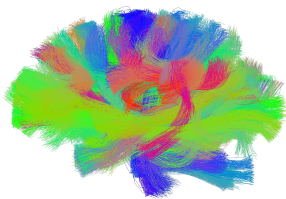
Para superar las limitaciones geométricas identificadas en el modelo circular, este capítulo presenta el diseño e implementación de un nuevo modelo tubular basado en secciones elípticas. Al incorporar un segundo grado de libertad en la sección transversal (radio menor independiente del radio mayor), es posible ajustar la simulación a la dispersión real de las fibras, permitiendo representar tanto fascículos tubulares como estructuras aplanadas con un único formalismo matemático."

4.1 Utilización Software existente

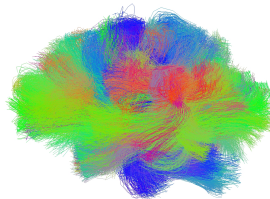
En esta fase inicial del proyecto, se ha empleado un simulador de fibras cerebrales con el objetivo de adquirir un entendimiento profundo sobre su funcionamiento y la generación de datos simulados. Esta herramienta es fundamental para establecer las bases teóricas necesarias que sustentan el enfoque experimental.

El código se divide en tres macro partes que son: creación del modelo tubular, creación de curvas splines y creación de parámetros. En conjunto, proporcionan el código "main" para la simulación. Esto conformará la estructura a seguir para la implementación del nuevo modelo tubular.

A continuación, se presentan en la figura 4.1 tres simulaciones con radios distintos para visualizar el comportamiento del algoritmo.



(a) Simulación original con radios estándares (entre 5 y 10 mm).



(b) Simulación radios de mayor longitud (entre 10 y 15 mm).



(c) Simulación radios de menor longitud entre (3 y 7 mm).

Figura 4.1: Simulaciones realizadas con software existente con distintos radios.

Un factor a considerar para el realismo de la simulación es el equilibrio entre el radio de la sección y la densidad de fibras. Cuando el radio aumenta pero la cantidad de fibras permanece fija, los puntos de

control terminan estando demasiado separados entre sí. Esta dispersión excesiva fuerza al algoritmo de interpolación a generar trazos inestables o con un efecto de 'zig-zag' al tratar de conectar puntos tan distantes. Por ello, para asegurar que las curvas se mantengan suaves y anatómicamente coherentes, resulta indispensable incrementar el número de fibras de manera proporcional al crecimiento de la sección.

4.2 Atlas de fascículos de referencia

Como referencia se utilizó un atlas de fascículos de la DWM. Este atlas está basado en múltiples sujetos, capturando la variabilidad en forma y posición de 36 fascículos [7].

4.3 Caracterización del atlas mediante análisis de componentes principales

Para caracterizar los fascículos del atlas y extraer sus parámetros geométricos esenciales, se implementó un proceso basado en Análisis de Componentes Principales (PCA) que opera en cinco secciones estratégicas de cada fascículo. La metodología combina técnicas de preprocesamiento, análisis estadístico y modelado geométrico para capturar la variabilidad transversal de las fibras.

El procedimiento implementado consta de las siguientes etapas integradas:

Validación y alineación inicial: Se verificó la consistencia geométrica de todas las fibras, asegurando que contuvieran exactamente 21 puntos espaciales. Posteriormente, se identificó una fibra de referencia mediante minimización de distancias Euclidianas. Para formalizar este proceso, se consideró un fascículo $\mathcal{F} = \{F_1, F_2, \dots, F_N\}$ compuesto por N fibras. Cada fibra F_i está definida por una secuencia discreta de K puntos tridimensionales $\{p_{i,1}, p_{i,2}, \dots, p_{i,K}\}$, donde $K = 21$ en este estudio.

La distancia media directa $d(F_i, F_j)$ entre dos fibras F_i y F_j se define como el promedio de las distancias Euclidianas entre sus puntos correspondientes:

$$d(F_i, F_j) = \frac{1}{K} \sum_{k=1}^K \|p_{i,k} - p_{j,k}\|_2 \quad (4.3.1)$$

Donde $\|\cdot\|_2$ representa la norma Euclidianas. La fibra de referencia o centroide geométrico F_{ref} se selecciona como aquella fibra perteneciente al fascículo que minimiza la distancia promedio respecto a todas las demás fibras del conjunto:

$$F_{ref} = \underset{F_i \in \mathcal{F}}{\operatorname{argmin}} \left(\frac{1}{N} \sum_{j=1}^N d(F_i, F_j) \right) \quad (4.3.2)$$

Una vez identificada esta fibra de referencia, todas las demás fibras del conjunto se reorientan (invierten su orden de puntos si es necesario) para asegurar que la dirección de recorrido sea consistente antes de proceder al cálculo de las secciones transversales.

Selección de secciones transversales: Se usaron cinco puntos estratégicos a lo largo de la trayectoria del fascículo, correspondientes a los índices 0 (extremo proximal), 3 (transición proximal), 10 (región central), 17 (transición distal) y 20 (extremo distal). Esta selección garantiza una representación equilibrada de la morfología en zonas críticas [12].

Modelado elíptico mediante Análisis de componentes principales (PCA): Para cada sección transversal, los puntos correspondientes a todas las fibras se centraron en su media espacial. Se aplicó una normalización de escalas mediante *Standard Scaler*. Utilizando PCA se identificaron las direcciones ortogonales de máxima varianza. Los radios de la elipse se calcularon como:

$$\text{Radio Mayor} = 2 \cdot \sigma(\text{proyección } PC_1), \text{ Radio menor} = 2 \cdot \sigma(\text{proyección } PC_2) \quad (4.3.3)$$

donde σ representa la desviación estándar de las proyecciones en cada dirección principal.

Como resultado de este proceso, para cada fascículo se obtuvieron tres conjuntos de parámetros geométricos:

- **Centroide:** Fibra promedio representativa de la trayectoria media (21 puntos)
- **Radios mayores:** Vector $[r_0^{\text{maj}}, r_3^{\text{maj}}, r_{10}^{\text{maj}}, r_{17}^{\text{maj}}, r_{20}^{\text{maj}}]$ cuantificando la dispersión principal.
- **Radios menores:** Vector $[r_0^{\text{min}}, r_3^{\text{min}}, r_{10}^{\text{min}}, r_{17}^{\text{min}}, r_{20}^{\text{min}}]$ cuantificando la dispersión secundaria

Esta caracterización proporciona una representación compacta pero fiel de la geometría compleja de los fascículos cerebrales, permitiendo posteriormente la generación de simulaciones realistas mediante el modelo tubular con secciones elípticas. Los parámetros extraídos capturan tanto la orientación predominante como la anisotropía transversal característica de cada fascículo en sus secciones estratégicas.

$$\mathbf{Parámetros\ de\ salida} = \begin{bmatrix} \text{Centroide: } [\mathbf{p}_0, \mathbf{p}_1, \dots, \mathbf{p}_{20}] \\ \text{Radios mayores: } [r_0^{\text{maj}}, r_3^{\text{maj}}, r_{10}^{\text{maj}}, r_{17}^{\text{maj}}, r_{20}^{\text{maj}}] \\ \text{Radios menores: } [r_0^{\text{min}}, r_3^{\text{min}}, r_{10}^{\text{min}}, r_{17}^{\text{min}}, r_{20}^{\text{min}}] \end{bmatrix}$$

En las siguientes figuras se grafican los puntos de todas fibras en las secciones clave 0, 3, 10, 17 y 20 en conjunto con la elipse dibujada y obtenida por medio de componentes principales para los fascículos del atlas [7].

Análisis de Fascículos con Componentes Principales

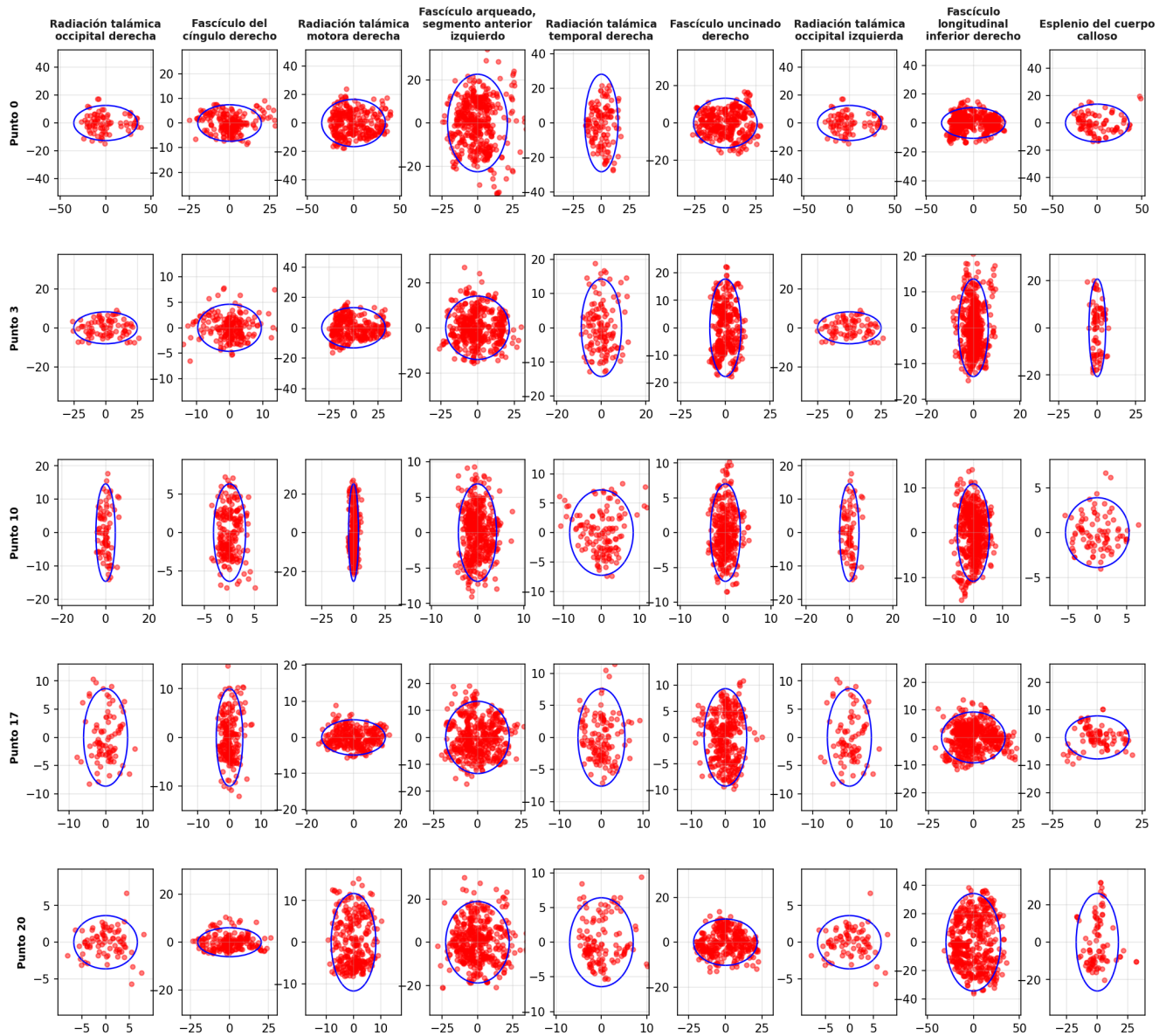


Figura 4.2: Gráfico N°1 de puntos clave y elipses generadas con PCA

Análisis de Fascículos con Componentes Principales

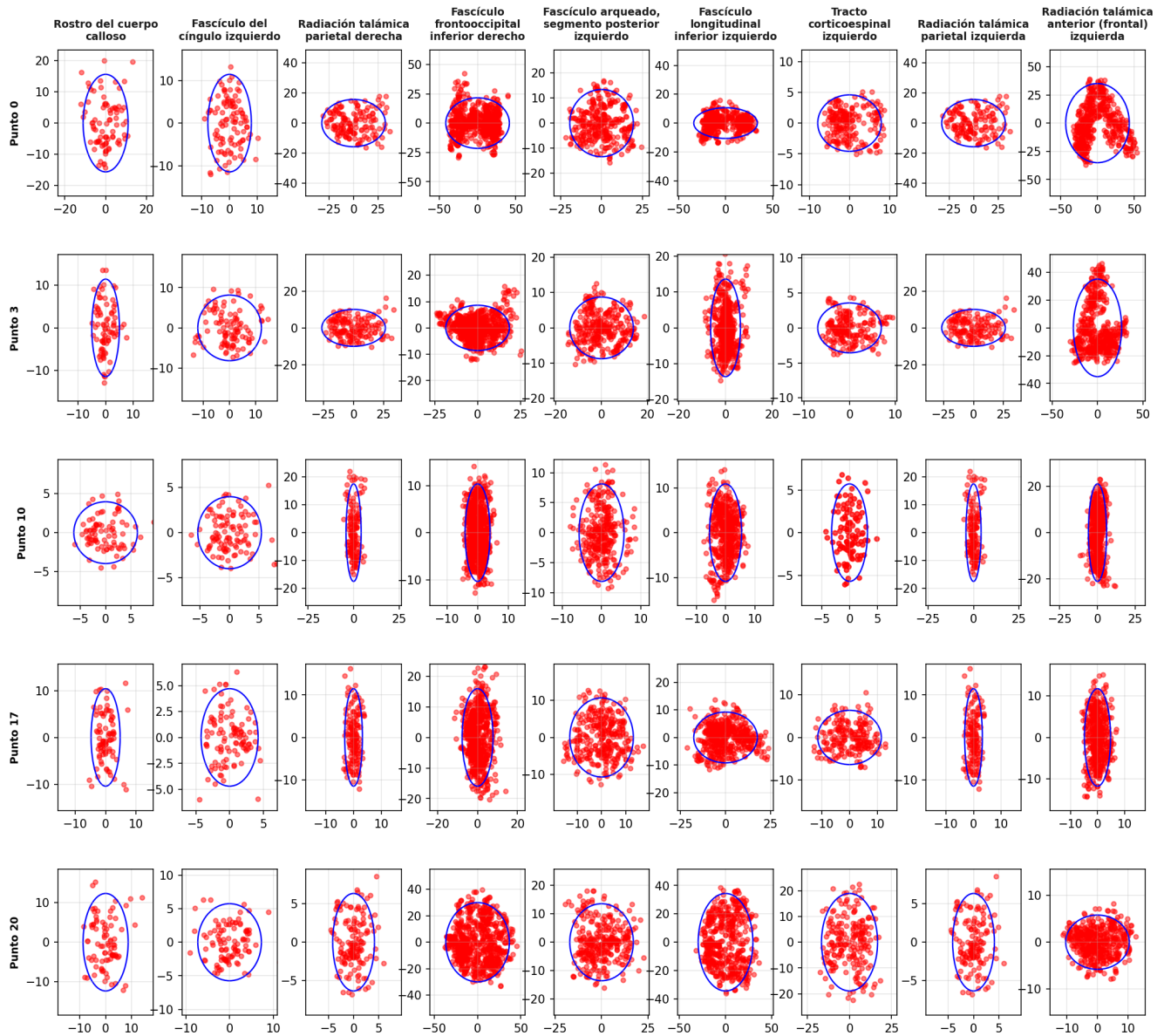


Figura 4.3: Gráfico N°2 de puntos clave y elipses generadas con PCA

Análisis de Fascículos con Componentes Principales

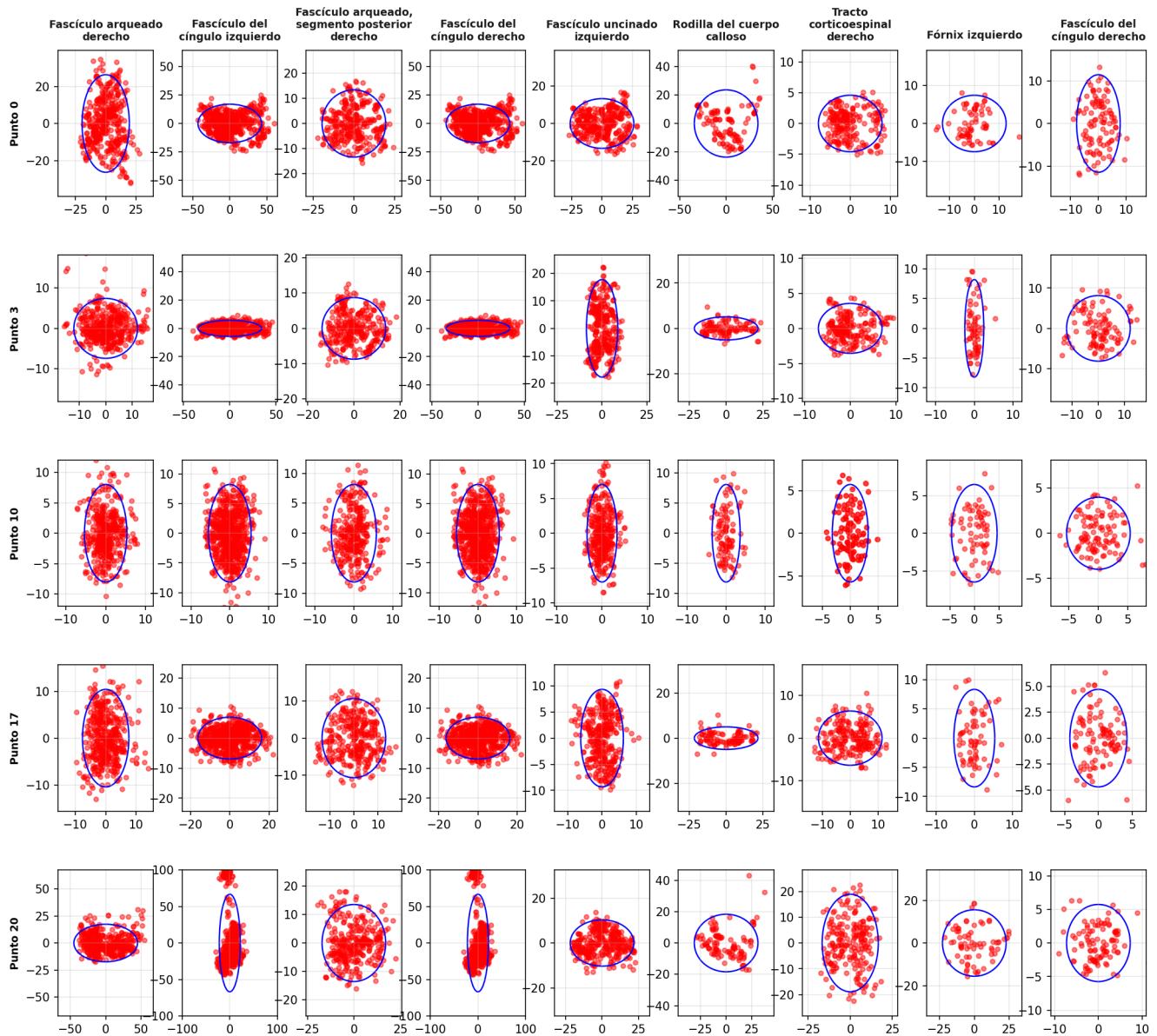


Figura 4.4: Gráfico N°3 de puntos clave y elipses generadas con PCA

Análisis de Fascículos con Componentes Principales

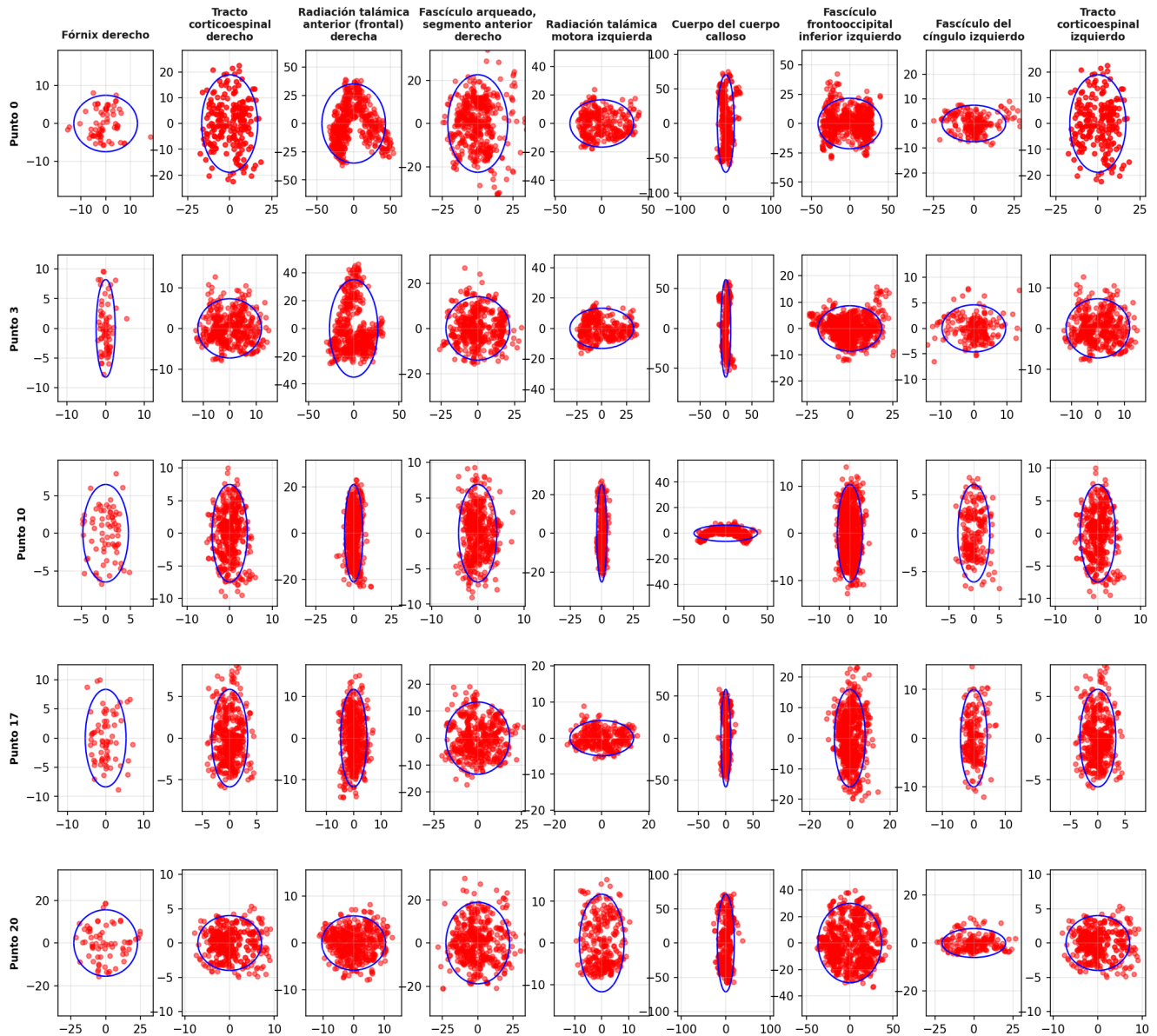


Figura 4.5: Gráfico N°3 de puntos clave y elipses generadas con PCA

Análisis de Fascículos con Componentes Principales

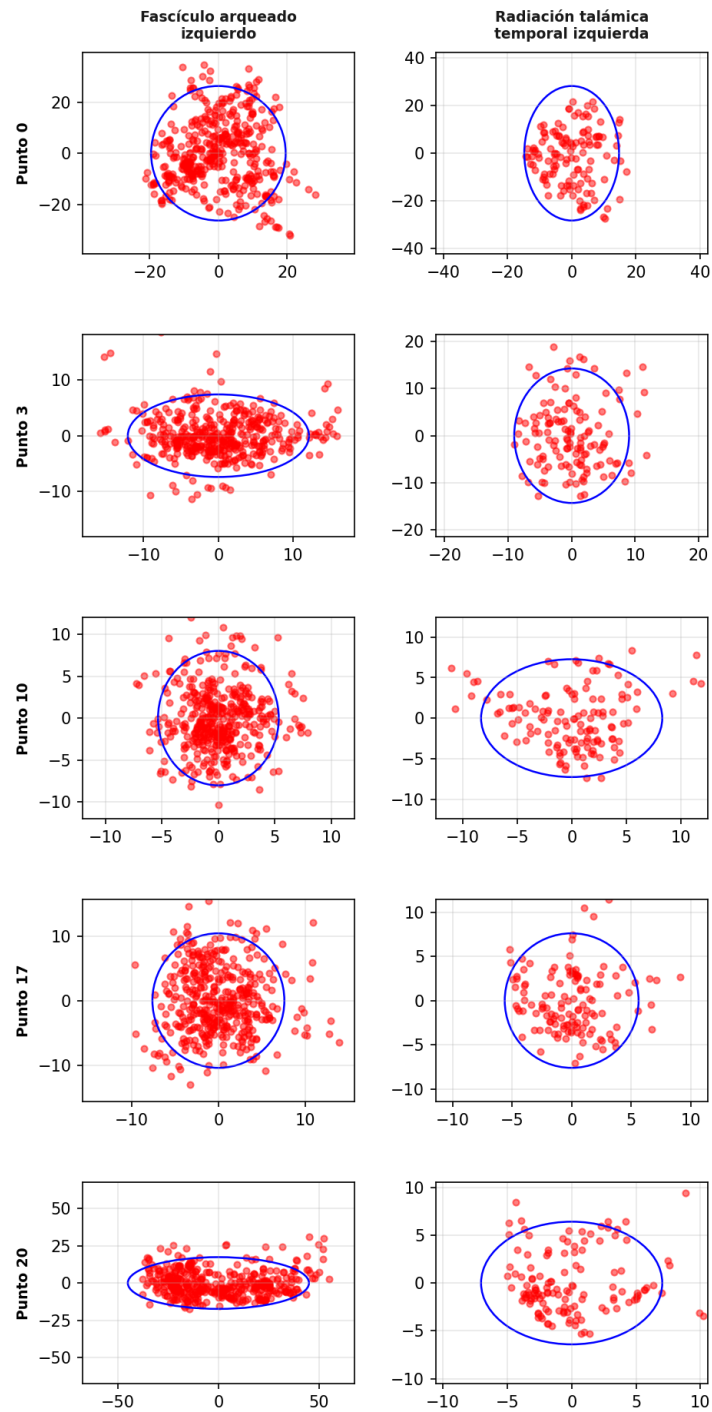


Figura 4.6: Gráfico N°3 de puntos clave y elipses generadas con PCA

4.4 Evaluación comparativa entre atlas original y simulación

Para validar la precisión anatómica de los fascículos generados con el nuevo modelo tubular elíptico, se implementó un protocolo de evaluación comparativa frente al atlas de referencia original. Este análisis cuantitativo se sustentó en tres métricas fundamentales reconocidas en la literatura de neuroimagen:

La Distancia Euclidiana Máxima entre pares de fibras, se define en la siguiente ecuación como:

$$d_{ME}(A, B) = \min \left(\max_i \|a_i - b_i\|, \max_i \|a_i - b_{N_p-1-i}\| \right) \quad (4.4.1)$$

Donde:

- $A = \{a_1, \dots, a_{N_p}\}$ y $B = \{b_1, \dots, b_{N_p}\}$ son dos fibras con el mismo número de puntos (N_p).
- $\|\cdot\|$ es la norma euclidiana (distancia) entre puntos correspondientes.
- El primer término, $\max_i \|a_i - b_i\|$, calcula la distancia máxima asumiendo que ambas fibras tienen la misma dirección.
- El segundo término, $\max_i \|a_i - b_{N_p-1-i}\|$, calcula la distancia máxima asumiendo que la fibra B está invertida (se recorre en sentido contrario).
- La función $\min$ selecciona el menor de los dos valores para resolver la ambigüedad de dirección.

Esta fórmula se basa en la descrita en la sección el estado del arte [21].

Esta métrica calcula la separación máxima entre los puntos correspondientes de dos fibras (considerando la inversión direccional o flipping), siendo más estricta al penalizar desviaciones locales. El valor ID reportado corresponde al promedio de estas distancias máximas entre las fibras más cercanas de los conjuntos comparados. Se calculó la proporción de fibras del fascículo simulado que poseen una correspondencia anatómica en el atlas original dentro de un rango de tolerancia específico. Siguiendo los criterios de validación del estado del arte y los utilizados por Elida [12] en el software original, se consideró una intersección exitosa cuando la Distancia Euclidiana Máxima entre fibras era inferior a 10 mm. Finalmente, el Bundle Adjacency (BA) Score evaluó la similitud estructural global mediante un algoritmo que analiza la coherencia espacial entre fascículos completos.

El proceso se aplicó sistemáticamente a los 38 fascículos del atlas, garantizando correspondencia uno a uno entre cada tracto original y su simulación. Para cada par, se implementó un flujo automatizado que incluyó: primero, carga y normalización de los fascículos, asegurando geometrías comparables; segundo, cálculo paralelo de las tres métricas mediante funciones especializadas de la biblioteca NumPy [22]; y tercero, consolidación de resultados en una tabla comparativa.

Los valores obtenidos se exportaron a formato HTML para facilitar su visualización interactiva y análisis comparativo. Este enfoque metodológico proporcionó una evaluación objetiva y reproducible de la capacidad del modelo para replicar las características anatómicas esenciales de los tractos cerebrales, ofreciendo evidencia cuantitativa de su validez para aplicaciones en investigación neurocientífica.

4.5 Evaluación de algoritmo de clustering mediante Overlap Score

Para evaluar la capacidad del algoritmo QuickBundles (QB) de segmentar correctamente los fascículos simulados, se diseñó un procedimiento basado en la métrica de Overlap Score (OS_q) [23]. Este enfoque permite comparar los fascículos generados individualmente con los clústeres obtenidos por QB al aplicar el algoritmo sobre el conjunto completo de fibras simuladas (i.e., cerebro completo). Esta definición penaliza con mayor fuerza los desbalances entre el tamaño del clúster y el fascículo de referencia, asegurando que el solapamiento sea significativo tanto en cantidad absoluta como relativa.

El Overlap Score se define en la ecuación 4.5.1 como:

$$OS = \frac{|A \cap B|^2}{|A \cup B|} \quad (4.5.1)$$

donde A representa el conjunto de índices de fibras de un fascículo simulado y B corresponde a los índices de un clúster generado por QB. Esta métrica cuantifica el grado de solapamiento entre dos grupos, y se considera un matching exitoso cuando $OS \geq 0.8$.

El procedimiento seguido fue el siguiente:

1. Se simularon los 38 fascículos por separado, cada uno a partir de su respectivo centroide.
2. Todos estos fascículos fueron luego combinados para generar un único conjunto de 6628 fibras, representando un cerebro completo simulado.
3. Se aplicó QuickBundles sobre este conjunto con un umbral de agrupamiento de 10 mm.

4. Para cada fascículo simulado, se buscó el clúster de QB que presentara el mayor OS.
5. Si dicho clúster alcanzaba un $OS \geq 0.8$, se consideraba correctamente identificado.
6. Con los pares fascículo-clúster mapeados, se construyeron vectores de etiquetas predichas y reales, permitiendo el cálculo de métricas de evaluación tradicionales.

Este método presenta una ventaja significativa respecto a enfoques más estrictos como el uso directo de etiquetas, ya que tolera ligeras desviaciones en la agrupación de fibras y es robusto frente a diferencias en el orden de los datos.

Capítulo 5. Resultados

A continuación se presentan los resultados cuantitativos derivados de la implementación y validación del simulador de fibras cerebrales con modelo tubular elíptico. Los resultados se organizan en tres etapas fundamentales que responden a los objetivos específicos del estudio. En primer lugar, se expone la caracterización geométrica del atlas de referencia, detallando en las Tablas 5.1 y 5.2 los parámetros de dispersión (radios mayores y menores) obtenidos mediante Análisis de Componentes Principales (PCA) para las secciones transversales de cada fascículo. Posteriormente, se presentan los resultados de la validación anatómica en la Tabla 5.3, donde se evalúa la fidelidad estructural de la simulación frente al atlas original mediante tres métricas de similitud: Porcentaje de Intersección (IP), Distancia Inter-fascículo (ID) y Bundle Adjacency Score (BA). Finalmente, se exhibe la evaluación funcional del simulador como Ground Truth, reportando el rendimiento del algoritmo de clustering QuickBundles en la segmentación de un cerebro completo simulado, cuantificado a través de la métrica de Overlap Score.

Tal como se mencionó en el informe se seleccionaron puntos a través de la fibra del centroide calculado, como referencia para el punto de partida del cálculo de radios. Aquellos puntos son las posiciones 0, 3, 10, 17 y 20. Los radios para el modelo de circunferencia se presentan en el anexo A.1.

Fascículo	0		3		10		17		20	
	Mayor	Menor	Mayor	Menor	Mayor	Menor	Mayor	Menor	Mayor	Menor
Radiación talámica occipital derecha	35.0	12.6	25.0	8.2	4.4	14.6	6.0	8.6	6.7	3.6
Fascículo del cíngulo derecho	19.8	7.4	9.6	4.6	3.2	6.3	4.2	10.0	20.4	6.1
Radiación talámica motora derecha	34.3	16.6	32.2	13.3	3.9	25.2	13.5	4.9	8.2	11.7
Fascículo arqueado, segmento anterior izquierdo	21.2	22.6	21.6	14.1	4.1	6.9	18.1	13.4	22.6	18.9
Radiación talámica temporal derecha	14.7	28.2	9.0	14.3	8.3	7.3	5.6	7.6	7.0	6.4
Fascículo uncinado derecho	26.0	13.3	8.7	17.8	3.3	7.0	6.3	9.3	21.7	10.3
Radiación talámica occipital izquierda	35.0	12.6	25.0	8.2	4.4	14.6	6.0	8.6	6.7	3.6
Fascículo longitudinal inferior derecho	33.8	10.6	6.4	13.6	5.5	10.9	17.7	9.2	29.6	34.4
Esplénio del cuerpo caloso	35.6	13.8	5.4	20.6	5.4	3.9	17.7	7.8	17.3	26.0
Rostro del cuerpo caloso	11.0	15.6	5.0	11.5	6.2	3.9	4.8	10.4	8.7	12.3
Fascículo del cíngulo izquierdo (subdivisión 3)	7.8	11.4	12.1	8.1	5.4	4.0	4.2	4.7	7.3	5.7
Radiación talámica parietal derecha	32.4	15.7	26.5	10.0	4.2	17.5	3.2	11.5	4.2	6.3
Fascículo frontooccipital inferior derecho	41.6	21.5	18.6	8.6	4.1	10.4	7.7	15.9	36.9	30.0
Fascículo arqueado, segmento posterior izquierdo	19.4	13.4	13.8	8.7	5.7	8.1	13.1	10.7	17.1	13.5
Fascículo longitudinal inferior izquierdo	33.8	10.6	6.4	13.6	5.5	10.9	17.7	9.2	29.6	34.4
Tracto corticoespinal izquierdo (recorrido largo)	7.9	4.6	7.0	3.6	3.2	5.7	11.5	6.4	16.7	18.9
Radiación talámica parietal izquierda	32.4	15.7	26.5	10.0	4.2	17.5	3.2	11.5	4.2	6.3
Radiación talámica anterior (frontal) izquierda	43.2	35.1	26.6	35.1	6.0	21.0	4.8	11.8	10.4	5.8
Fascículo arqueado derecho	19.6	26.4	12.1	7.4	5.3	8.0	7.6	10.4	45.1	17.4
Fascículo del cíngulo izquierdo (subdivisión 2)	43.0	17.0	34.4	5.7	5.5	8.2	16.2	7.0	22.1	66.9
Fascículo arqueado, segmento posterior derecho	19.4	13.4	13.8	8.7	5.7	8.1	13.1	10.7	17.1	13.5
Fascículo del cíngulo derecho (subdivisión 2)	43.0	17.0	34.4	5.7	5.5	8.2	16.2	7.0	22.1	66.9
Fascículo uncinado izquierdo	26.0	13.3	8.7	17.8	3.3	7.0	6.3	9.3	21.7	10.3
Rodilla del cuerpo caloso	34.3	23.7	21.6	5.1	3.6	8.1	21.6	5.0	31.1	18.4
Tracto corticoespinal derecho (recorrido largo)	7.9	4.6	7.0	3.6	3.2	5.7	11.5	6.4	16.7	18.9
Fórnix izquierdo	12.9	7.5	2.5	8.2	4.6	6.5	5.4	8.4	22.9	15.6
Fascículo del cíngulo derecho (subdivisión 3)	7.8	11.4	12.1	8.1	5.4	4.0	4.2	4.7	7.3	5.7
Fórnix derecho	12.9	7.5	2.5	8.2	4.6	6.5	5.4	8.4	22.9	15.6
Tracto corticoespinal derecho	16.7	18.9	12.0	7.3	4.1	7.5	3.3	5.9	7.1	4.0
Radiación talámica anterior (frontal) derecha	43.2	35.1	26.6	35.1	6.0	21.0	4.8	11.8	10.4	5.8
Fascículo arqueado, segmento anterior derecho	21.2	22.6	21.6	14.1	4.1	6.9	18.1	13.4	22.6	18.9
Radiación talámica motora izquierda	34.3	16.6	32.2	13.3	3.9	25.2	13.5	4.9	8.2	11.7
Cuerpo del cuerpo caloso	18.7	70.3	9.5	61.3	38.2	6.4	8.9	58.0	19.1	71.3
Fascículo frontooccipital inferior izquierdo	41.6	21.5	18.6	8.6	4.1	10.4	7.7	15.9	36.9	30.0
Fascículo del cíngulo izquierdo	19.8	7.4	9.6	4.6	3.2	6.3	4.2	10.0	20.4	6.1
Tracto corticoespinal izquierdo	16.7	18.9	12.0	7.3	4.1	7.5	3.3	5.9	7.1	4.0
Fascículo arqueado izquierdo	19.6	26.4	12.1	7.4	5.3	8.0	7.6	10.4	45.1	17.4
Radiación talámica temporal izquierda	14.7	28.2	9.0	14.3	8.3	7.3	5.6	7.6	7.0	6.4
Promedios	25.2	18.1	15.7	12.5	5.7	9.8	9.2	10.3	18.1	17.9

Tabla 5.1: Radios Mayores y menores en mm calculados con PCA para los puntos 0, 3, 10, 17 y 20 del centroide.

En la tabla 5.2, se presentan los resultados de comparación del simulador con el atlas de referencia, tanto para el modelo circular como elíptico. En azul se presentan aquellos resultados en donde el modelo elíptico mejoró con respecto al circular y en rojo donde empeoró.

Fascículo	IP (%)		ID (mm)		BA Score	
	Circular	Elíptico	Circular	Elíptico	Circular	Elíptico
Fascículo arqueado, segmento anterior izquierdo	58.64	60.25	11.03	10.61	0.93	0.95
Fascículo arqueado, segmento anterior derecho	58.69	56.94	10.98	10.92	0.93	0.94
Fascículo arqueado izquierdo	43.72	42.84	13.57	13.27	0.79	0.82
Fascículo arqueado, segmento posterior izquierdo	83.52	82.96	8.04	7.99	1.00	1.00
Fascículo arqueado, segmento posterior derecho	82.30	82.07	8.15	8.29	1.00	1.00
Fascículo arqueado derecho	44.29	42.27	13.47	13.51	0.79	0.81
Cuerpo del cuerpo calloso	16.08	22.24	21.46	20.70	0.61	0.60
Rodilla del cuerpo calloso	38.33	38.11	12.55	12.37	0.91	0.90
Pico (rostro) del cuerpo calloso	38.76	55.03	12.28	11.21	0.96	0.97
Esplenio (rodete) del cuerpo calloso	15.20	9.89	16.17	16.53	0.86	0.86
Fascículo del cíngulo izquierdo	51.61	41.24	15.26	15.31	0.72	0.71
Fascículo del cíngulo derecho	51.32	45.42	14.73	15.39	0.73	0.73
Fascículo del cíngulo izquierdo	68.03	65.15	10.10	10.05	0.93	0.93
Fascículo del cíngulo derecho	63.17	61.34	10.42	10.27	0.91	0.92
Fascículo del cíngulo izquierdo	55.60	59.97	10.97	10.24	0.91	0.95
Fascículo del cíngulo derecho	57.41	51.62	10.81	10.89	0.91	0.94
Tracto corticoespinal izquierdo	61.57	57.89	9.97	9.96	0.97	0.98
Tracto corticoespinal derecho	63.26	49.83	9.75	10.33	0.97	0.98
Tracto corticoespinal izquierdo(recorrido largo)	77.24	76.30	8.53	8.42	1.00	1.00
Tracto corticoespinal derecho (recorrido largo)	81.24	73.45	8.29	8.73	1.00	1.00
Fórnix izquierdo	42.04	22.26	11.60	12.28	0.91	0.91
Fórnix derecho	40.71	46.80	11.45	11.22	0.91	0.92
Fascículo frontooccipital inferior izquierdo	3.85	10.61	16.29	15.98	0.78	0.80
Fascículo frontooccipital inferior derecho	4.14	6.29	16.01	15.79	0.82	0.85
Fascículo longitudinal inferior izquierdo	12.79	22.51	14.03	13.88	0.86	0.84
Fascículo longitudinal inferior derecho	16.00	14.41	14.39	14.02	0.82	0.87
Radiación talámica anterior (frontal) izquierda	50.84	43.90	13.67	13.43	0.81	0.80
Radiación talámica anterior (frontal) derecha	49.29	45.82	13.57	13.90	0.80	0.79
Radiación talámica motora izquierda	67.85	63.03	10.15	10.48	0.85	0.81
Radiación talámica motora derecha	67.35	56.50	10.04	10.82	0.83	0.81
Radiación talámica occipital izquierda	67.04	65.60	10.55	10.10	0.93	0.95
Radiación talámica occipital derecha	66.11	61.18	10.05	10.51	0.95	0.89
Radiación talámica parietal izquierda	69.77	66.33	9.56	9.83	0.93	0.91
Radiación talámica parietal derecha	73.03	69.42	9.30	9.66	0.93	0.92
Radiación talámica temporal izquierda	70.80	68.56	9.60	9.54	0.96	0.95
Radiación talámica temporal derecha	68.63	70.65	9.62	9.56	0.96	0.96
Fascículo uncinado izquierdo	60.00	57.38	10.40	10.29	0.96	0.99
Fascículo uncinado derecho	62.16	61.75	10.27	10.22	0.95	0.96
PROMEDIO	52.69	50.73	11.76	11.75	0.89	0.89

Tabla 5.2: Comparación de indicadores entre sección Circular y Elíptica. Los valores en rojo indican un peor desempeño del modelo elíptico, mientras que los azules indican una mejora.

Es la tabla 5.3, se muestran las métricas de evaluación del rendimiento del algoritmo QuickBundles

frente a la simulación realizada del cerebro completo con el modelo de elipses, utilizando diferentes thresholds. El mejor resultado se obtuvo en un threshold mayor, específicamente de 15 mm. Esto quiere decir, la mejor agrupación de fibras se realizó con un umbral de 15 mm.

Thresholds	10 mm	12 mm	15 mm
Algorithm clusters	60	42	36
Accuracy	0.77	0.94	0.97
Recall	0.54	0.82	0.87
F-measure	0.55	0.82	0.87
Maximum Matching ratio	0.55	0.84	0.90

Tabla 5.3: Métricas de evaluación de algoritmo Quick Bundles

En las figuras 5.1 y 5.2, se presentan 2 ejemplos de un buen y mal performance del algoritmo Quick-Bundles al agrupar fibras de los fascículos simulados. Primero se presenta el bundle original y luego las agrupaciones realizadas para los distintos thresholds en milímetros. También se muestra el Overlap Score obtenido.

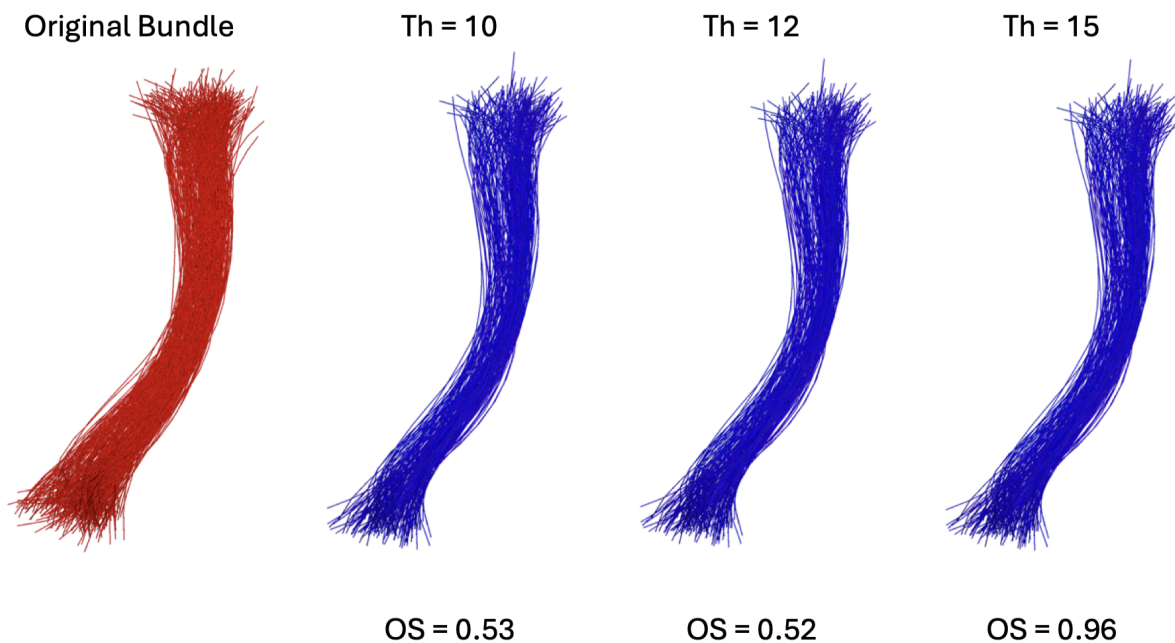


Figura 5.1: Ejemplo de un buen performance de algoritmo Quick Bundles, tracto corticoespinal izquierdo

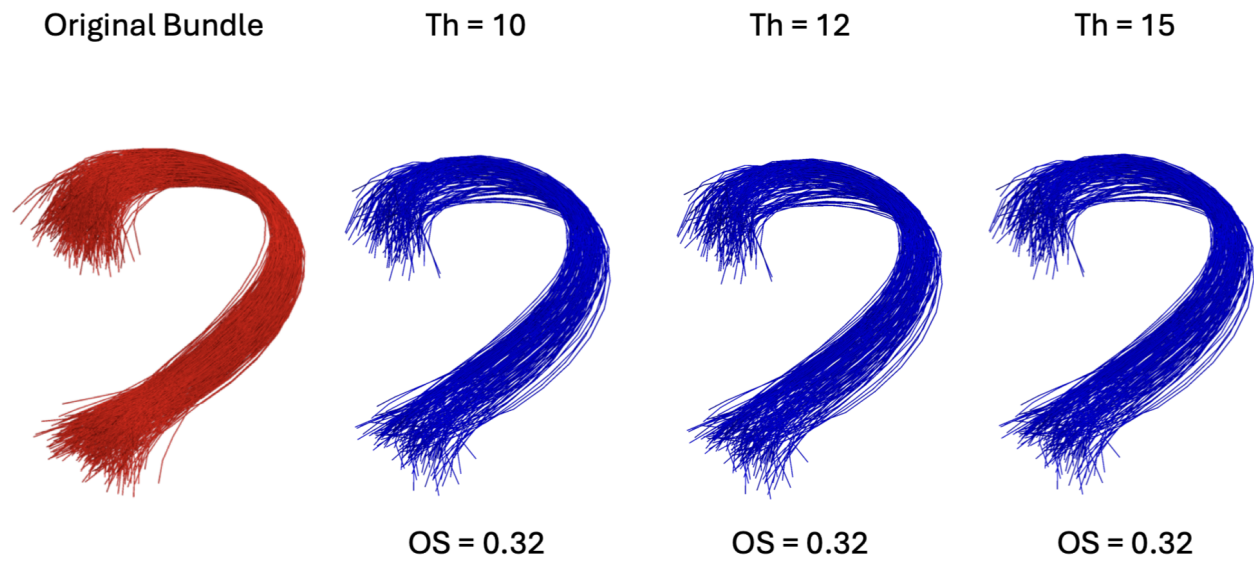


Figura 5.2: Ejemplo de un mal performance de algoritmo Quick Bundles, Fornix Izquierdo

Capítulo 6. Conclusiones

6.1 Discusión

Desde el marco teórico, la tractografía basada en resonancia magnética por difusión enfrenta limitaciones propias del método: la dispersión del ruido, la resolución espacial, la incapacidad de resolver cruces complejos entre fibras y la ausencia de un estándar absoluto para la conectividad estructural. Por ello, la construcción de simuladores constituye una estrategia metodológica que permite generar datos controlados que facilitan la evaluación de algoritmos.

El trabajo de Poo et al. [2], fue un avance importante al proponer un modelo tubular con splines para representar fascículos. Dicho modelo logró altos porcentajes de intersección con el atlas ($\approx 76\%$ en promedio), y distancias entre fascículos relativamente bajas ($\approx 8.5 \pm 1.5mm$). Sin embargo el alcance se limitó a 28 fascículos, dada la compleja forma de algunos de ellos y la representación asumía secciones circulares que no capturan adecuadamente la anisotropía transversal de ciertas estructuras.

En este contexto, el presente trabajo introduce un modelo tubular con secciones elípticas derivadas de un análisis PCA de las fibras de referencia, lo que constituye un refinamiento metodológico relevante. El modelo propuesto se diseñó con el propósito de representar con mayor fidelidad la variabilidad morfológica de los tractos cerebrales. Los resultados muestran que, en promedio, el simulador elíptico alcanzó un IP de 50.73 % y una ID de 11.76 mm, cifras menores a las reportadas por el simulador anterior, pero explicables en gran parte por la inclusión de fascículos con morfologías más complejas y subdivisiones anatómicas adicionales. Es importante recalcar que el presente simulador no busca reemplazar al anterior, sino más bien complementar el trabajo ya realizado, buscando nuevas propuestas de caracterización.

Un caso particularmente relevante es el del fascículo arqueado, que en este trabajo se representó de manera más detallada al dividirlo en segmentos anteriores, posteriores y globales para ambos hemisferios. Estos fascículos, que no fueron considerados en el simulador anterior, presentaron porcentajes de intersección entre 14,41 % y 70,65 %. Aunque estos valores son más bajos, la incorporación de dichas subdivisiones permite analizar la morfología del arqueado con mayor precisión, lo que concuerda con lo descrito por Catani et al. (2005), quienes destacaron la complejidad de este fascículo y la dificultad de representarlo con modelos geométricos simples.

En cambio, los fascículos de morfología más tubular, como el tracto corticoespinal o las radiaciones

talámicas, mostraron porcentajes de intersección más altos ($\geq 70\%$ en algunos casos). Esto sugiere que el modelo elíptico se adapta mejor a estructuras con una orientación predominante y una dispersión transversal más homogénea, lo que confirma la hipótesis de que las secciones elípticas capturan mejor la anisotropía en tractos de geometría regular.

Metodológicamente, el modelo elíptico ofrece una base de validación más robusta. Permite someter los algoritmos a escenarios más exigentes, con fascículos de formas variadas y distribuciones menos predecibles. Los resultados con QuickBundles confirman que el algoritmo logra segmentar con mayor precisión los fascículos tubulares del modelo elíptico, pero presenta mayores dificultades en aquellos con ramificaciones o curvaturas pronunciadas. Este comportamiento coincide con lo reportado por Garyfallidis et al. (2012) [1], quienes observaron que QuickBundles tiende a fragmentar tractos de forma irregular o divergente.

Aun así, el trabajo presenta ciertas limitaciones. El uso de un único atlas de referencia restringe la generalización de los resultados, y la estrategia de ubicar elipses en puntos fijos del trayecto podría perfeccionarse mediante distribuciones adaptativas que se ajusten a la curvatura y densidad de cada fascículo. Otra limitación importante del modelo propuesto está relacionada con el uso del Análisis de Componentes Principales PCA para determinar los ejes de las secciones elípticas. Si bien esta técnica permite estimar de forma eficiente las direcciones predominantes de variación dentro del conjunto de puntos que conforman una sección transversal del fascículo, su desempeño se ve afectado cuando existe superposición o alta dispersión de puntos en el espacio tridimensional. En estos casos, el PCA tiende a subestimar o incluso perder la orientación real de los ejes principales, ya que el cálculo se basa en la varianza global de los datos y no distingue entre puntos pertenecientes a diferentes planos locales del mismo fascículo.

Esta situación se presenta con mayor frecuencia en regiones donde las fibras se cruzan, se curvan bruscamente o presentan irregularidades topológicas. En tales zonas, las elipses generadas pueden adquirir orientaciones no representativas o con proporciones distorsionadas, afectando la coherencia geométrica del fascículo simulado. En otras palabras, cuando los puntos de una sección se encuentran excesivamente dispersos o solapados, el PCA tiende a “promediar” direcciones que en realidad corresponden a porciones distintas del tracto, lo que se traduce en una pérdida de precisión en la definición de los ejes mayor y menor.

Desde una perspectiva metodológica, esta limitación no invalida el enfoque, pero sí resalta la necesidad de emplear métodos más robustos de análisis local, capaces de adaptarse a variaciones topológicas sin depender exclusivamente de la varianza global. Una alternativa futura podría ser la incorporación de PCA ponderado o segmentado, donde los puntos más cercanos al centro de la elipse tengan mayor

influencia en el cálculo de los ejes.

6.2 Conclusiones

El análisis comparativo entre el simulador previo y el desarrollo elíptico permite ponderar el equilibrio necesario entre la abstracción geométrica y la fidelidad anatómica. El modelo circular cumplió su función con eficacia en estructuras de morfología sencilla, entregando resultados sólidos allí donde la geometría lo permitía. Si bien el modelo circular demostró una alta efectividad para representar fascículos de morfología simple —alcanzando valores de intersección cercanos al 85 %—, su estructura rígida limitó la capacidad de reflejar la verdadera naturaleza anisotrópica del tejido cerebral.

En respuesta a esta limitación, el modelo elíptico se diseñó para abordar dicha complejidad, ampliando el alcance a 38 fascículos e incorporando las subdivisiones de estructuras intrincadas mediante el Análisis de Componentes Principales (PCA). La implementación de este enfoque confirmó que la búsqueda de un mayor realismo conlleva, inevitablemente, un incremento en la complejidad técnica y de diseño.

Al examinar los resultados cuantitativos, la disminución en los promedios de intersección y distancia no debe interpretarse como un deterioro del desempeño, sino como el reflejo de haber sometido el modelo a un escenario de prueba sustancialmente más exigente. En las estructuras tubulares definidas, la eficacia se mantuvo alta ($\geq 70\%$); los valores intermedios en zonas complejas son coherentes con la dificultad intrínseca de modelar geometrías irregulares. Es decir, a pesar de la implementación, la forma irregular sigue siendo un desafío.

El uso de PCA mejoró la definición de los ejes y la coherencia anatómica, aunque no eliminó la totalidad de los desafíos geométricos, especialmente en áreas de alta dispersión. No obstante, el sistema mantuvo su competitividad, aportando una representación más fiel a la realidad biológica. En definitiva, este trabajo establece un entorno de validación más riguroso y deja una base metodológica —integrando nuevas métricas— sobre la cual futuras investigaciones podrán seguir perfeccionando la validación objetiva en tractografía.

6.3 Trabajo futuro

El desarrollo de este simulador abre distintas líneas de investigación que pueden ayudar a mejorar su realismo, precisión y aplicabilidad dentro del campo de la tractografía computacional. Una de las proyecciones más directas consiste en perfeccionar el uso del Análisis de Componentes Principales (PCA). En versiones futuras, sería interesante explorar variantes ponderadas o segmentadas que reduzcan los errores asociados a la superposición o dispersión de puntos durante el cálculo de los ejes principales. Con ello, se podrían generar elipses más estables y con una orientación más fiel a la anatomía real, especialmente en zonas donde las fibras se curvan o se entrecruzan con mayor complejidad. Es importante integrar ambos simuladores, tubular y elíptico, para que en conjunto se pueda decidir cuál se aplica mejor al tipo de fascículo implementando una especie de toolbox con ambas herramientas.

Glosario

DKI Imagen de curtosis difusional

dMRI Resonancia magnetica por difusión

DTI Imagen de tensor de difusión

DWM materia blanca profunda

FA anisotropía fraccional

GM materia gris

HARDI Imagen de difusión de alta resolución angular

PCA Análisis de componentes principales

SNC Sistema Nervioso Central

WM materia blanca

Referencias

- [1] E. Garyfallidis, M. Brett, M. M. Correia, G. B. Williams, and I. Nimmo-Smith, “QuickBundles, a method for tractography simplification,” *Front. Neurosci.*, vol. 6, 2012.
- [2] E. Poo, C. Kublik, J. Houenou, C. Poupon, J.-F. Mangin, C. Hernández, and P. Guevara, “Fiber bundles simulator using exponential curves to validate fiber clustering algorithms,” in *18th International Symposium on Medical Information Processing and Analysis*, M. G. Linguraru, L. Rittner, N. Lepore, E. Romero Castro, J. Brieva, and P. Guevara, Eds. SPIE, 2023.
- [3] M. M. Inostroza., Jorge Belmar, “Estructura, desarrollo y funciones del sistema nervioso.”
- [4] B. J. Jellison, A. S. Field, J. Medow, M. Lazar, M. S. Salamat, and A. L. Alexander, “Diffusion tensor imaging of cerebral white matter: A pictorial review of physics, fiber tract anatomy, and tumor imaging patterns,” *American Journal of Neuroradiology*, vol. 25, no. 3, pp. 356–369, 2004. [Online]. Available: <https://www.ajnr.org/content/25/3/356>
- [5] D. Le Bihan and M. Iima, “Diffusion magnetic resonance imaging: What water tells us about biological tissues,” *PLoS Biol.*, vol. 13, no. 7, p. e1002203, 2015.
- [6] B. Jeurissen, M. Descoteaux, S. Mori, and A. Leemans, “Diffusion MRI fiber tractography of the brain,” *NMR Biomed.*, vol. 32, no. 4, 2019.
- [7] P. Guevara, D. Duclap, C. Poupon, L. Marrakchi-Kacem, P. Fillard, D. Le Bihan, M. Leboyer, J. Houenou, and J.-F. Mangin, “Automatic fiber bundle segmentation in massive tractography datasets using a multi-subject bundle atlas,” *Neuroimage*, vol. 61, no. 4, pp. 1083–1099, 2012.
- [8] J. S. W. Campbell and G. Bruce Pike, “Diffusion magnetic resonance imaging,” in *Encyclopedia of Biomedical Engineering*. Elsevier, 2019, pp. 505–518.
- [9] F. Zhang, A. Daducci, Y. He, S. Schiavi, C. Seguin, R. E. Smith, C.-H. Yeh, T. Zhao, and L. J. O’Donnell, “Quantitative mapping of the brain’s structural connectivity using diffusion MRI tractography: A review,” *Neuroimage*, vol. 249, no. 118870, p. 118870, 2022.
- [10] E. Ordóñez Rubiano, J. Marín Muñoz, J. Hernández, M. Bello Dávila, J. Ordóñez, K. Saavedra, N. Montes Reyes, D. Angulo, and E. Ordóñez Mora, “Principios de tractografía cerebral,” *Rev. Repert. Med. Cir.*, vol. 28, no. 1, 2019.

- [11] “¿qué es el aprendizaje no supervisado?” <https://www.ibm.com/es-es/topics/unsupervised-learning>, May 2023, accessed: 2024-5-2.
- [12] E. Poo, J.-F. Mangin, C. Poupon, C. Hernández, and P. Guevara, “Phybersim: a tool for the generation of ground truth to evaluate brain fiber clustering algorithms,” *Frontiers in Neuroscience*, vol. 18, 2024. [Online]. Available: <https://www.frontiersin.org/journals/neuroscience/articles/10.3389/fnins.2024.1396518>
- [13] E. Garyfallidis, M. Brett, B. Amirbekian, A. Rokem, S. Van Der Walt, M. Descoteaux, and I. Nimmo-Smith, “Dipy, a library for the analysis of diffusion mri data,” *Frontiers in Neuroinformatics*, vol. Volume 8 - 2014, 2014. [Online]. Available: <https://www.frontiersin.org/journals/neuroinformatics/articles/10.3389/fninf.2014.00008>
- [14] E. Poo, “Brain_bundle_simulator.” [Online]. Available: https://github.com/elidapoo/Brain_bundle_simulator
- [15] R. S. Snell, *Clinical Neuroanatomy*, 7th ed. Philadelphia, PA: Lippincott Williams and Wilkins, 2009.
- [16] “Diferencia entre neurona y neuroglía,” <https://www.psycholab.com/diferencia-entre-neurona-y-neuroglia/>, Sep. 2021, accessed: 2026-1-26.
- [17] J. Cuadros-Muñoz, N. Garcia-Casares, and J. D. Santotoribio, “Biomarcadores de inflamación en Líquido cefalorraquídeo y sangre para el diagnóstico de meningitis infecciosas,” Ph.D. dissertation, 07 2017.
- [18] E. R. Kandel, J. H. Schwartz, T. M. Jessell, S. A. Siegelbaum, and A. J. Hudspeth, *Principles of neural science, fifth edition*, 5th ed. McGraw-Hill Education/Medical, 2012.
- [19] I. T. Jolliffe, *Principal Component Analysis*, 2nd ed., ser. Springer Series in Statistics. Springer, 2002.
- [20] S. A. Johnson, “Splines,” in *Encyclopedia of Operations Research and Management Science*. Boston, MA: Springer US, 2013, pp. 1443–1446.
- [21] C. Román, M. Guevara, R. Valenzuela, M. Figueroa, J. Houenou, D. Duclap, C. Poupon, J.-F. Mangin, and P. Guevara, “Clustering of whole-brain white matter short association bundles using hardi data,” *Frontiers in Neuroinformatics*, vol. Volume 11 - 2017, 2017. [Online]. Available: <https://www.frontiersin.org/journals/neuroinformatics/articles/10.3389/fninf.2017.00073>

- [22] C. R. Harris, K. J. Millman, S. J. van der Walt, R. Gommers, P. Virtanen, D. Cournapeau, E. Wieser, J. Taylor, S. Berg, N. J. Smith, R. Kern, M. Picus, S. Hoyer, M. H. van Kerkwijk, M. Brett, A. Haldane, J. F. del Río, M. Wiebe, P. Peterson, P. Gérard-Marchant, K. Sheppard, T. Reddy, W. Weckesser, H. Abbasi, C. Gohlke, and T. E. Oliphant, “Array programming with NumPy,” *Nature*, vol. 585, no. 7825, pp. 357–362, Sep. 2020. [Online]. Available: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2649-2>
- [23] T. Nepusz, H. Yu, and A. Paccanaro, “Detecting overlapping protein complexes in protein-protein interaction networks,” *Nature methods*, vol. 9, no. 5, pp. 471–472, 2012.

Anexo A. Tablas

Fascículo	0	3	10	17	20
	radios (mm)	radios (mm)	radios (mm)	radios (mm)	radios (mm)
Fascículo arqueado, segmento anterior izquierdo	15.34	12.40	8.37	11.19	14.89
Fascículo arqueado, segmento anterior derecho	15.34	12.40	8.37	11.19	14.89
Fascículo arqueado izquierdo	15.96	11.65	8.67	14.41	22.68
Fascículo arqueado, segmento posterior izquierdo	11.66	8.45	6.51	9.20	11.37
Fascículo arqueado, segmento posterior derecho	11.66	8.45	6.51	9.20	11.37
Fascículo arqueado derecho	15.96	11.65	8.67	14.41	22.68
Cuerpo del cuerpo calloso	36.59	30.17	18.02	28.91	37.60
Rodilla del cuerpo calloso	19.38	11.95	5.46	11.41	16.89
Rostro del cuerpo calloso	16.88	10.99	5.26	10.49	14.33
Esplenio del cuerpo calloso	19.93	12.45	5.91	15.46	23.93
Fascículo del cíngulo izquierdo	20.07	16.23	14.86	22.82	26.51
Fascículo del cíngulo derecho	20.07	16.23	14.86	22.82	26.51
Fascículo del cíngulo izquierdo	14.61	12.90	9.54	8.69	9.43
Fascículo del cíngulo derecho	14.61	12.90	9.54	8.69	9.43
Fascículo del cíngulo izquierdo	12.74	10.36	8.64	10.30	16.45
Fascículo del cíngulo derecho	12.74	10.36	8.64	10.30	16.45
Tracto corticoespinal izquierdo	13.34	9.68	8.28	11.52	13.79
Tracto corticoespinal derecho	13.34	9.68	8.28	11.52	13.79
Tracto corticoespinal izquierdo	7.25	6.07	5.24	9.17	13.34
Tracto corticoespinal derecho	7.25	6.07	5.24	9.17	13.34
Fórnix izquierdo	13.28	9.37	7.79	7.47	13.74
Fórnix derecho	13.28	9.37	7.79	7.47	13.74
Fascículo frontooccipital inferior izquierdo	23.36	10.77	7.94	13.09	23.75
Fascículo frontooccipital inferior derecho	23.36	10.77	7.94	13.09	23.75
Fascículo longitudinal inferior izquierdo	19.61	11.70	8.81	13.70	22.61
Fascículo longitudinal inferior derecho	19.61	11.70	8.81	13.70	22.61
Radiación talámica anterior (frontal) izquierda	27.20	21.02	10.44	6.42	6.25
Radiación talámica anterior (frontal) derecha	27.20	21.02	10.44	6.42	6.25
Radiación talámica motora izquierda	18.63	16.59	11.78	7.67	7.19
Radiación talámica motora derecha	18.63	16.59	11.78	7.67	7.19
Radiación talámica occipital izquierda	17.37	12.54	8.68	5.90	4.92
Radiación talámica occipital derecha	17.37	12.54	8.68	5.90	4.92
Radiación talámica parietal izquierda	17.58	14.13	8.89	6.48	5.61
Radiación talámica parietal derecha	17.58	14.13	8.89	6.48	5.61
Radiación talámica temporal izquierda	16.70	12.38	9.63	7.07	6.62
Radiación talámica temporal derecha	16.70	12.38	9.63	7.07	6.62
Fascículo uncinado izquierdo	15.95	11.01	5.56	7.52	12.85
Fascículo uncinado derecho	15.95	11.01	5.56	7.52	12.85
PROMEDIO	17.21	12.63	8.79	10.83	13.60

Tabla A.1: Radios en milímetros calculados según metodología de modelo circular.

UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN – FACULTAD DE INGENIERÍA

RESUMEN DE MEMORIA DE TÍTULO

Departamento	: Departamento de Ingeniería Civil Eléctrica
Carrera	: Ingeniería Civil Biomédica
Nombre del memorista	: Matias Nicolás Jorquera Sáez
Título de la memoria	: Simulador de fibras cerebrales basado en modelo tubular con sectores elípticos
Fecha de la presentación oral	: 27 de Enero 2026
Profesor(es) Guía	: Pamela Guevara Álvez, Cecilia Hernandez Rivas
Profesor(es) Revisor(es)	: Jaime Pinto Vargas
Concepto	:
Calificación	:

Resumen

En las últimas décadas, el uso de neuroimágenes ha avanzado significativamente, permitiendo el estudio y diagnóstico de trastornos cerebrales mediante diversas técnicas. Entre ellas destaca la tractografía por resonancia magnética de difusión, que visualiza en tres dimensiones las fibras cerebrales y su conectividad. No obstante, el procesamiento de estos datos es complejo debido a su alta dimensionalidad y a la gran cantidad de fibras con morfologías variadas. Para enfrentar este problema se han propuesto algoritmos de clustering no supervisados, como QuickBundles, que agrupan fibras según patrones presentes en los datos, aunque sin garantizar completamente la corrección del agrupamiento.

Con el fin de evaluar estos algoritmos, se ha desarrollado un simulador de fascículos que permite generar datos controlados. El simulador original utiliza un modelo tubular con secciones circulares a lo largo del centroide del fascículo. En este trabajo se propone una mejora del modelo mediante secciones transversales elípticas, lo que permite representar de forma más realista fascículos con geometrías complejas.

Para validar el modelo, se caracterizaron 38 fascículos de un atlas de referencia usando PCA. Los resultados mostraron una alta similitud estructural entre las fibras simuladas y las reales, con un 50,73 % de intersección promedio y una distancia media de 11,76 mm. Además, QuickBundles identificó exitosamente los clústeres en un cerebro simulado, confirmando la utilidad del modelo para validar algoritmos de segmentación.