

بهینه سازی الگوریتم *BCFCM* با *GA* و *PSO* برای قطعه بندی ام آر آی مغز

جمال قاسمی^۱، ایمان ارقند^۲

^۱گروه مهندسی برق، دانشکده فنی و مهندسی، دانشگاه مازندران، j.ghasemi@umz.ac.ir

^۲گروه مهندسی برق- الکترونیک، دانشکده فنی و مهندسی، دانشگاه آزاد اسلامی- واحد نور، Imana621@gmail.com

چکیده - قطعه بندی تصاویر پزشکی یکی از پیش پردازش های اولیه لازم در طراحی سیستم های خودکار تشخیص بیماری ها به شمار می رود. تصاویر MRI مغز بدلیل وجود عوامل مخرب مصنوعی در فرایند تصویربرداری از جمله نویز و غیریکنواختی شدت روشنایی، با عدم قطعیت همراه بوده و به همین علت، قطعه بندی این تصاویر همواره از جمله مسایل چالشی به شمار می رود. با توجه به عدم قطعیت مذکور، پژوهشگران روش های فازی را در قطعه بندی MRI مغز بسیار بکار گرفته اند. یکی از روش های قطعه بندی فازی روش BCFCM می باشد که در آن از اطلاعات پیکسل های همسایه نیز برای قطعه بندی استفاده می شود. این روش پارامترهای مختلفی دارد که انتخاب نامناسب آنها به شدت از عملکرد آن می کاهد. در این مقاله یک روش، تحت دو ساختار ارائه شده است که در آن با استفاده از الگوریتم های تکاملی GA, PSO، پارامتر های الگوریتم BCFCM بهینه شده اند. نتایج شبیه سازی بر روی داده های استاندارد BrainWeb و با استفاده از معیار شباهت Dice و Tanimoto، عملکرد مناسب روش پیشنهادی را نشان می دهد.

کلید واژه- ازدحام ذرات، ام آر آی، خوشه بندی فازی، الگوریتم ژنتیک، قطعه بندی تصاویر

کیفیت تصاویر با استفاده از آشکار سازی اطلاعاتی است که در تصویر اولیه به طور مشخص و واضح قابل رویت نیست. در سال های اخیر پردازش تصاویر پزشکی کاربرد هایی از جمله مداخله و کمک در تشخیص بیماری ها و برنامه ریزی و مداخله در جراحی و همچنین کمک به طرح های پرتو درمانی و ... پیدا نموده است. در دهه های اخیر روش های پردازش تصاویر پزشکی به کمک کامپیوتر بینش بهتری را برای بررسی تصاویر پزشکی موجب شده است و نیز پیشرفت پیوسته فناوری های عکس برداری و همچنین افزایش تعداد تصاویر و کاربرد های آن ها، نیاز به پیدایش الگوریتم های با قابلیت های جدید و متفاوت را موجب می شود.

یکی از این روش های تصویر برداری، روش تصویر سازی تشدید مغناطیسی^۲ (MRI) می باشد که برای به تصویر کشیدن

۱. مقدمه

طراحی سیستم تشخیص خودکار تصاویر پزشکی یکی از چالش های پردازش این نوع تصاویر بوده است. با توجه به حجم بالای تصاویر برای یک بیمار که حتی در برخی موارد به ۵۰ تصویر می رسد، لزوم این سیستم ها بیشتر نمایان می شود تا به کارشناس در تشخیص سریع تر و دقیق تر بیماری کمک نماید. قطعه بندی تصاویر پزشکی عملیات پردازشی است که در آن، به هر پیکسل^۱ در تصاویر دو بعدی و یا سه بعدی مربوط به یک مجموعه داده های پزشکی، یک برجسب خاص تعلق بگیرد. این برجسب نشان دهنده نوع بافت یا ساختار آناتومی خاصی است [۱۰]. بنابراین هدف قطعه بندی تصاویر پزشکی، بهبود

² Magnetic Resonance Imaging (MRI)

¹ Pixel

متفاوت دارای شدت روشنایی یکسانی باشند. در بسیاری از موارد، غیر یکنواختی شدت روشنایی بیشتر از ۳۰٪ تغییرات در دامنه پیکسل های بافت های مشابه ایجاد می کند [۱۰-۱۱].

کارهای زیادی در زمینه تشخیص و قطعه بندی تصاویر ام آر آی صورت گرفته که می توان به مقاله *M.N Ahmed* و همکارانش اشاره نمود که از خوشه بندی فازی و تاثیر همسایگی هر پیکسل، برای قطعه بندی استفاده نموده و آن را *BCFCM*^۷ نامیده اند [۱]. آقای جمال قاسمی و همکارانشان در مقاله خود [۳] با استفاده از خوشه بندی فازی و تئوری شواهد روش جدیدی در قطعه بندی تصاویر به نام *FCMDS*^۸ ارائه نمودند. *Ahmed Al-Taie* و همکارانش در مقاله ای [۲] به بهبود روش *BCFCM* پرداخته و روش خود را *BCFCM-WA*^۹ نامیدند.

در روش پیشنهادی *Ahmed* [۱] و همکارانش، علاوه بر خصوصیات پیکسل، از خصوصیات همسایگی آن نیز استفاده شده است، و شامل پارامترهایی می باشد که در بخش ۲ به آنها اشاره می شود. این پارامترها به صورت سعی و خطا و تصادفی به سیستم داده شده و در صورتی که مقادیر پارامترها درست انتخاب نشود، نتایج الگوریتم نامیدکننده خواهد بود. بنابراین انتخاب صحیح پارامترها، نقش بسیار مهمی در خروجی الگوریتم خواهد داشت، طوری که انتخاب اشتباه نتایج غیر منتظره به همراه دارد. همچنین تعیین دقیق پارامترها به صورت دستی امری زمان بر، همراه با خطا، و حتی می توان گفت غیر ممکن خواهد بود. این در حالی است که نویسنده مقاله نیز به طور قطع پارامترها را صحیح ندانسته و با احتمالی آن پارامترها را برای کسب بهترین جواب برگزیده است.

هدف این تحقیق این است تا با استفاده از دو الگوریتم بهینه سازی ازدحام ذرات^{۱۰} (*PSO*) و الگوریتم ژنتیک^{۱۱} (*GA*) پارامترهای الگوریتم *BCFCM* به نحوی بهینه گردد که نتیجه نهایی بهترین جواب ممکن باشد. به عبارت دیگر بدون آنکه پارامترهای الگوریتم مشخص باشد، کار را با مجموعه تصادفی از

بخش های داخلی بدن برای اهداف پزشکی یا علوم پزشکی مورد استفاده قرار می گیرد. ام آر آی یک روش غیرمخرب در تصویر برداری تشخیص پزشکی است که از خاصیت مغناطیسی بافت ها استفاده کرده و تصویر تولید می کند. اصول پایه ی ام آر آی بر این اساس است که، هسته های برخی از عناصر وقتی در میدان مغناطیسی قوی قرار می گیرند، با نیروی مغناطیسی هم راستا می شوند و البته بعد از برداشتن میدان مغناطیسی به حالت اولیه برمی گردند. از آنجایی که زمان بازگشت به حالت اولیه برای مواد مختلف متفاوت می باشد، لذا طی پروسه آشکارسازی از یکدیگر تفکیک می گردند.

بررسی آناتومی مغز انسان ها نشان می دهد که در آن سه بافت بسیار مهم وجود دارد که تمایز آنها در تصاویر ام آر آی مد نظر عصب شناسان و متخصصان مغز و اعصاب است. این سه بافت عبارتند از بافت خاکستری^۱، بافت سفید^۲ و مایع مغزی-نخاعی^۳. اگر چه سه بافت (به صورت چشمی) در ام آر آی قابل رویت است، ولی قطعه بندی خودکار ام آر آی مغز یک مساله غیر بدیهی و چالش برانگیز است.

تصاویر ام آر آی تحت تاثیر پدیده های مخرب مصنوعی در حین فرآیند عکس برداری تخریب می شوند، که باعث عدم قطعیت شده و قطعه بندی تصاویر را به مساله فازی و چالشی تبدیل می کند. تصاویر ام آر آی تحت سه عامل مهم که شامل نویز، آمیخته شدن شدت روشنایی (*PVE*)^۴ و عمده ترین عامل تخریب در تصویر برداری ام آر آی، غیر یکنواختی (*INU*)^۵، که به میدان بایاسی^۶ نیز معروف است، قرار دارند [۱۰].

بزرگترین مشکل در قطعه بندی ام آر آی مغز، غیر یکنواختی شدت روشنایی است. این مشکل به حالتی اطلاق می شود که در آن، شدت روشنایی بافت های مشابه، در حوزه تصویر مورد نظر، ثابت نیستند. به عبارت دیگر، ممکن است پیکسل های مربوط به بافت های یکسان در یک تصویر کاملا با یکدیگر متفاوت باشند. در عین حال ممکن است که پیکسل های نماینده بافت های

⁷ Bias Corrected Fuzzy C-Means

⁸ FCM Dempster_Shefer

⁹ BCFCM with Weighted Alpha

¹⁰ Particle Swarm Optimization

¹¹ Genetic Algorithm

¹ Gray Matter

² White Matter

³ Cerebro_Spinal Fluid

⁴ Partial Volume Effect (PVE)

⁵ Intensity Non_Uniformity

⁶ Bias Field

که $\{x_k\}_{k=1}^N$ را به C کلاس تقسیم می کند به صورت زیر تعریف می شود.

$$j = \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^N u_{ik}^p \|x_k - v_i\|^2 \quad (3)$$

$$\sum_{i=1}^c u_{ij} = 1, u_{ij} \in [0,1]$$

به طوری که $X = (x_1, x_2, \dots, x_N)$ مبین داده های ورودی است و شدت روشنایی پیکسل را نشان می دهد. پارامتر p که توان وزنی هر عضو فازی را بیان می کند، میزان فازی شدن از نتایج کلاس بندی است.

$\{v_i\}_{i=1}^c$ نوع کلاس ها و به عبارتی مرکز i امین خوشه فازی است و آرایه $[u_{ik}] = U$ ماتریس بخش بندی را نشان می دهد که بیانگر عضویت k امین الگو به i امین خوشه است. برای مینیمم نمودن تابع هدف به منظور دستیابی به بهترین خوشه بندی، باید عضویت بالاتر به نمونه ای که به یک خوشه شباهت بیشتری دارد، تخصیص یابد و به تبع آن به نمونه ای که به یک خوشه کمتر شباهت دارد، عضویت کمتری تخصیص یابد. شرایط مینیمم نمودن تابع هدف با مشتق گیری از تابع هدف نسبت به u, v به صورت زیر بدست می آید [۷-۵].

$$u_{ik} = \left(\sum_{j=1}^c \left(\frac{d(x_k, v_i)}{d(x_k, v_j)} \right)^{2/p-1} \right)^{-1} \quad (4)$$

$$v_i = \frac{\sum_{k=1}^n u_{ik}^p x_j}{\sum_{k=1}^n u_{ik}^s} \quad (5)$$

$$u \left\{ \begin{array}{l} u_{ik} \in [0, 1] \mid \sum_{i=1}^c u_{ik} = 1 \forall k \text{ and} \\ 0 < \sum_{i=1}^c u_{ik} < N \forall i \end{array} \right.$$

پارامترها شروع کرده و الگوریتم پیشنهادی، سیستم را به سمت پاسخ بهینه ببرد.

پس از بیان موضوع در بخش اول، در بخش دوم مقاله، مفاهیم اولیه، شامل خوشه بندی فازی، الگوریتم $BCFCM$ ، الگوریتم ازدحام ذرات و الگوریتم ژنتیک بیان می شوند. در بخش سوم روش پیشنهادی و در بخش چهارم نتایج شبیه سازی حاصل از روش پیشنهادی ارائه می گردد. در پایان مقاله در بخش پنجم، نتایج الگوریتم های پیشنهادی با هم و با سایر الگوریتم ها مقایسه و با نتیجه گیری به پایان می رسد.

۲. مفاهیم اولیه

۲.۱. خوشه بندی فازی $BCFCM$

تصویر ام آر آی را می توان به صورت حاصلضرب سیگنال ناشی از آناتومی بدن و میدان بایاسی ناشی از دستگاه تصویر برداری به صورت زیر مدل کرد [۱۳].

$$Y_k = X_k G_k \quad \forall k \in \{1, 2, \dots, N\} \quad (1)$$

که X_k, Y_k شدت روشنایی پیکسل K ام و G_k میدان بایاسی پیکسل K ام و N تعداد کل پیکسل های تصویر می باشد. معادله ۱ در حالت لگاریتمی به صورت مجموع شدت روشنایی و میدان بایاسی در می آید.

$$y_k = x_k + \beta_k \quad \forall k \in \{1, 2, \dots, N\} \quad (2)$$

که x_k, y_k مقادیر لگاریتمی شدت روشنایی پیکسل K ام و β_k مقدار لگاریتمی میدان بایاسی پیکسل K ام و N تعداد کل پیکسل های تصویر می باشد [۲-۱].

خوشه بندی فازی FCM توسعه یافته الگوریتم k -means است، که در آن تمام مقادیر ورودی برای تمام کلاس ها تعریف می شود. به عبارتی به ازای هر ورودی، برای همه خوشه ها، عضویت در نظر گرفته می شود. میزان عضویت در هر کلاس به میزان شباهت الگو به کلاس، به نسبت سایر کلاس ها، وابسته می باشد [۳-۴]. عضویت الگوها در خوشه های اطلاعاتی بر اساس میزان شباهت الگوی مربوطه به یک خوشه نسبت به همه خوشه ها در نظر گرفته می شود [۶]. تابع هدف در FCM استاندارد،

شرایط مینیمم نمودن تابع هدف الگوریتم $BCFCM$ با مشتق گیری از معادله ۷ نسبت به v, u محقق می شود.

۲.۲ الگوریتم ازدحام ذرات (PSO)

الگوریتم اجتماع ذرات یک الگوریتم بهینه سازی تقلیدی از رفتار های جوامع جانوری در پردازش دانش جامعه است. هر ذره مقدار تابع هدف را در موقعیتی از فضا که در آن قرار گرفته است محاسبه می کند. سپس با استفاده از ترکیب اطلاعات محل فعلی اش و بهترین محلی که قبلا در آن بوده است و همچنین اطلاعات یک یا چند ذره از بهترین ذرات موجود در جمع، جهتی را برای حرکت انتخاب می کند [۱۲].

الگوریتم PSO با تعدادی پاسخ اولیه (ذرات) شروع به کار می کند و با حرکت دادن این پاسخ ها در طی تکرار های متوالی، به دنبال یافتن جواب بهینه برای مسئله است. در هر تکرار، بهترین مقدار شایستگی در طول حرکت هر ذره و مکان بهترین ذره در جمعیت فعلی مشخص می شوند. سپس سرعت و موقعیت ذرات با استفاده از رابطه زیر به روز می شوند.

$$v_{n+1} = wv_n + c_1r_1(p_{best,n} - p_n) + c_2r_2(g_{best,n} - p_n) \quad (8)$$

در روابط فوق، مقادیر r_1, r_2 اعدادی تصادفی بین صفر و یک هستند و ضرایب c_1, c_2 ضرایب یادگیری نامیده می شوند. میزان تمایل ذره برای ادامه مسیر قبلی خود می باشد. پارامتر w بیانگر سرعت ذره در هر لحظه می باشد.

در رابطه فوق $PBest$ ، بیانگر مکان بهترین مقدار شایستگی در طول حرکت هر ذره و $Gbest$ ، بیانگر مکان بهترین ذره در جمعیت فعلی است. v_n و v_{n+1} ، سرعت فعلی و سرعت بعدی ذره می باشد. برای به دست آوردن موقعیت جدید ذرات با داشتن سرعت جدید و موقعیت قبلی از رابطه زیر استفاده می شود [۷].

$$p_{n+1} = p_n + v_{n+1} \quad (9)$$

موقعیت جدید هر ذره و مقدار تابع هدف آن، در هر تکرار با تمامی مقادیر متناظر با همان ذره و سایر ذرات، مقایسه می شود.

۲.۳ الگوریتم ژنتیک (GA)

الگوریتم ژنتیک، الگوریتم جستجوی تصادفی است، که ایده آن، برگرفته از طبیعت و نظریه تکاملی داروین است که در آن صفات طبیعی که با قوانین طبیعت سازگاری بیشتری دارند،

طبق رابطه ۴ همه نمونه های ورودی به همه خوشه ها تخصیص داده شده و عضویت آنها محاسبه می شود. سپس با توجه به رابطه ۵ و با توجه به تقسیم بندی صورت گرفته، مراکز جدید خوشه ها محاسبه می شوند. این فرآیند تکراری تا تحقق شرط $\epsilon < v(t) - v(t - 1)$ ادامه می یابد. در صورت تحقق شرط توقف فرآیند، تکرار متوقف شده و نمونه ها به خوشه ای که بیشترین مقدار عضویت را به خود اختصاص داده، تعلق می گیرند. الگوریتم $BCFCM$ نیز از تکنیک FCM پیروی می کند، با این تفاوت که در این روش تاثیر همسایگی [۱۴] یک پیکسل، در تخصیص آن به یک خوشه نیز تاثیر گذار است. این بدان معنی است که هر پیکسل به همراه پنجره ای از پیکسل های اطراف خود نسبت به خوشه ها سنجیده می شوند. تابع تبدیل، از اضافه کردن بخشی که به پیکسل ها اجازه می دهد تا در برچسب همسایگی شان نفوذ کنند بوجود می آید. تابع تبدیل تغییر یافته به صورت زیر می باشد.

$$J_m = \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^N u_{ik}^p \|x_k - v_i\|^2 + \frac{\alpha}{N_R} \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^N u_{ik}^p \left(\sum_{x_r \in N_k} \|x_k - v_i\|^2 \right) \quad (6)$$

که در آن پارامتر α تاثیر همسایگی هر پیکسل می باشد. بنابراین در تصاویر با نویز کمتر نیاز به مقادیر بالاتر α می باشد. N_k ماتریس مربعی اطراف هر پیکسل می باشد و N_R سایز ماتریس مربعی است [۲-۱].

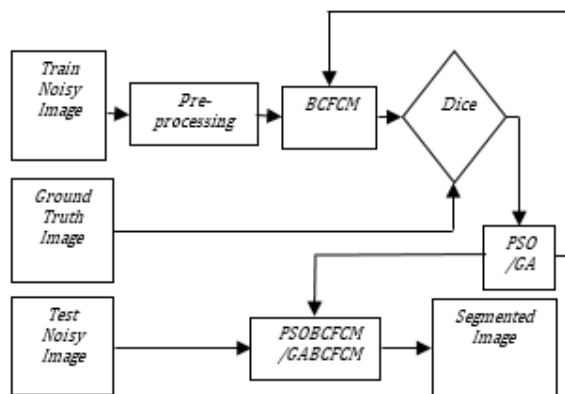
با قراردادن معادله ۲ در معادله ۶ خواهیم داشت.

$$J_m = \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^N u_{ik}^p \|y_k - \beta_k - v_i\|^2 + \frac{\alpha}{N_R} \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^N u_{ik}^p \left(\sum_{x_r \in N_k} \|y_r - \beta_r - v_i\|^2 \right) \quad (7)$$

از محیط دایره را اشغال کرده اند، احتمال انتخاب عضوی که احتمال P_i آن بزرگتر است، نسبت به سایر کروموزوم ها بیشتر است.

۳. ساختار های پیشنهادی

الگوریتم $BCFCM$ ارائه شده در مرجع [۱]، به پارامترهای مختلفی وابسته است. در این مرجع به انتخاب دقیق پارامترهای این الگوریتم هیچ اشاره ای نشده است و مولف تنها به ذکر بازه قابل قبولی از آن ها بسنده نموده است [۱]. بنابراین به نظر می رسد که تعیین دقیق این مقادیر می تواند نتایج مطلوبی به همراه داشته باشد. جهت تنظیم پارامتر ها، ابتدا تصویر نویزی تحت عملیات پردازشی قرار گرفته و پس از قطعه بندی توسط الگوریتم $BCFCM$ با بررسی و مقایسه توسط الگوریتم های تکاملی GA, PSO ، پارامتر های آن تنظیم می شوند. مراحل و نحوه عملکرد ساختار های پیشنهادی در بلوک دیاگرام شکل ۱ آمده است. مطابق بلوک دیاگرام شکل ۱، تصویر نویزی پس از پردازش اولیه - که در آن با استفاده از تصویر بدون نویز، بافت مغز از جمجمه و پس زمینه جدا می شود- و استخراج اطلاعات لازم آماده استفاده در الگوریتم می شود. الگوریتم ها با مقادیر تصادفی از پارامتر های تعیین شده و پس از تعداد تکرار معین، پارامتر های حاصل جهت قطعه بندی تصویر استفاده می گردد.



شکل ۱: بلوک دیاگرام ساختار پیشنهادی

شانس بقای بیشتری دارند. در طبیعت از ترکیب^۱ کروموزوم^۲ های بهتر، نسل های بهتر پدید می آیند و در این بین گاهی جهش^۳ هایی در کروموزوم ها باعث تغییرات زیادی در نسل بعدی می شود. الگوریتم ژنتیک با جمعیت اولیه تصادفی شروع به کار می کند. سپس هر کدام از اعضای جمعیت بر اساس تابع هزینه، ارزیابی شده و بهترین اعضای جمعیت، طی فرآیند انتخاب، جهت تولید نسل بعدی به عنوان والد، ذخیره می گردند. برخی از اعضا نیز جهت اعمال جهش انتخاب می شوند. مجموعه ای از فرزندان حاصل از ترکیب والدین، جهش یافتگان و نیز بهترین های والدین، نسل بعدی را بوجود می آورند. در صورت عدم تحقق شرط پایان، مراحل مجدد تکرار شده و تا حصول بهترین پاسخ ادامه می یابد [۹].

جهت انتخاب والدین از روش چرخ رولت^۴ RWS استفاده شده است. در روش چرخ رولت، ابتدا برای هر کدام از کروموزوم ها، مقدار احتمال از روش بولتزمان طبق رابطه زیر محاسبه می شود.

$$P_i = \frac{e^{-\beta c_i}}{\sum_j e^{-\beta c_j}} \quad (10)$$

در رابطه ۱۰، P_i احتمال هر کدام از اعضای جمعیت، c_i مقدار تابع هزینه مربوط به عضو i ام جمعیت و β پارامتر فشار انتخاب^۵ می باشد. فشار انتخاب، میزان احتمال برای مقادیر مختلف تابع هزینه را کنترل می کند. به عبارت دیگر، با تنظیم مناسب این پارامتر، آن دسته از جمعیت که مقادیر بهتری از تابع هزینه را دارند، احتمال حضور بیشتری برای تولید نسل بعد پیدا می کنند.

پس از تعیین مقدار احتمال برای هر یک از اعضای جمعیت، کلیه مقادیر در چرخ رولت قرار گرفته و به طور تصادفی اشاره گر بخشی از محیط چرخ رولت را که توسط احتمال یک کروموزوم خاص احاطه شده، نشان میدهد، که همان انتخاب والد اول است. برای انتخاب سایر والدین نیز این عمل تکرار می گردد. با توجه به آنکه هر یک از اعضا بر اساس میزان احتمال خود بخشی

⁴ Roulette Wheel Selection

⁵ Selection Pressure

^۱ crossover

^۲ chromosome

^۳ Mutation

تعیین می گردد. این عمل ۳۰ بار تکرار و در هر مرحله بهترین جواب گروه بروز رسانی می شود و در انتها بهترین ذره به عنوان بهترین پارامترها برای الگوریتم *BCFCM* به عنوان پارامترهای اولیه آن در نظر گرفته می شود.

در الگوریتم پیشنهادی، در ابتدا پارامترهای اولیه در بازه صفر و یک مطلق به صورت تصادفی ایجاد می شدند و به دلیل قرار دادن حد بالا و پایین جهت قرار دادن پارامترها در محدوده مشخص، در برخی موارد به دلیل یکسان شدن مراکز خوشه، الگوریتم دچار خطا شده و متوقف می گردید. جهت رفع خطای بوجود آمده بازه به صورت صعودی قرار داده شد. به این ترتیب محدودیت حد بالا و پایین به مقادیر متفاوت ختم می گردید. همچنین بدلیل خارج شدن نمونه ها از محدوده، از خاصیت آیینی ای نیز استفاده گردید. در این حالت در صورتی که مقدار تابع هزینه از محدوده تعیین شده خارج گردد، سرعت آن در مرحله بعد قرینه شده تا خروج از محدوده را، جبران نماید.

۳.۲ ساختار پیشنهادی دوم

در ساختار دوم از الگوریتم ژنتیک جهت تنظیم پارامترهای الگوریتم *BCFCM* استفاده شده است. در این ساختار، پارامترهای اصلی مربوط به *BCFCM* تحت الگوریتم *GA*، تنظیم شده و بدلیل ترکیب دو الگوریتم *GA*، *BCFCM* ساختار پیشنهادی *GABCFCM* نامیده شده است.

اطلاعات لازم از تصویر آغشته به نویز که در آن بخش هایی از مجسمه و پس زمینه نیز می باشد، پس از ورود به سیستم و طی پردازش اولیه، استخراج شده و به همراه پارامترهای مراکز خوشه (V_i)، تاثیر همسایگی (α) و توان وزنی هر عضو فازی (P) وارد سیستم شده و قطعه بندی با مقادیر تصادفی از پارامترها انجام می شود. این مقادیر در طی ۳۰ تکرار بروز رسانی شده و مقادیر نهایی، به عنوان مقادیر بهینه برای *BCFCM* در نظر گرفته می شوند و در نهایت تصویر نویزی اولیه توسط مقادیر جدید قطعه بندی شده و نتایج ثبت می گردد.

جهت بروز رسانی مقادیر و کسب بهترین جواب ممکن، الگوریتم پیشنهادی با مجموعه ای تصادفی از کروموزومها شروع

در این مقاله، جهت محاسبه مقدار تابع هزینه مربوط به هر تصویر قطعه بندی شده، از تفریق مقدار معیار دایس مربوط به آن تصویر از عدد یک استفاده شده است.

$$Cost = 1 - Dice \quad (9)$$

رابطه بالا نشان می دهد که هر چقدر معیار دایس افزایش یابد، مقدار تابع هزینه کم خواهد شد و در نتیجه برای رسیدن به پاسخ بهینه نیاز به بالاترین مقدار برای معیار دایس می باشد.

۳.۱ ساختار پیشنهادی اول

طبق رابطه ۷ پارامترهای مهم الگوریتم *BCFCM* شامل مراکز خوشه (V_i)، تاثیر همسایگی (α) و توان وزنی هر عضو فازی (P) است. الگوریتم پیشنهادی با استفاده از تنظیم پارامترهای الگوریتم *BCFCM* عمل می کند. در این الگوریتم، با استفاده از گروهی از ذرات شامل پارامترهای تصادفی، تصویر ورودی توسط الگوریتم *BCFCM* قطعه بندی می شود. سپس تصویر قطعه بندی شده مربوط به هر ذره و تصویر قطعه بندی شده استاندارد، بر اساس معیار دایس^۱ مقایسه شده و هر ذره با توجه به بهترین خاطره شخصی و گروهی، بروز رسانی می شود. تصویر با ذرات بروز شده قطعه بندی و مجدداً با تصویر قطعه بندی شده استاندارد مقایسه می شوند. این عمل در هر مرحله تکرار و تصویر قطعه بندی شده، مقایسه و بر اساس بهترین پاسخها پارامترها بروز رسانی می شوند.

در ساختار پیشنهادی اول ترکیبی از الگوریتم *BCFCM* و *PSO* جهت تنظیم آن پارامترها استفاده شده است، لذا روش پیشنهادی *PSOBCFCM* نامیده شده است.

الگوریتم با پارامترهای تصادفی از مراکز خوشه، تاثیر همسایگی و ضریب فازی، کار خود را شروع می کند. تصویر نویزی که عملیات پیش پردازش روی آن انجام شده، به همراه پارامترهای تصادفی اولیه که توسط *PSO* تولید شده وارد الگوریتم *BCFCM* می شود و پس از قطعه بندی توسط معیار دایس با تصویر استاندارد مقایسه می شود. این عمل برای جمعیت اولیه شامل ۲۰ ذره، تکرار و نتایج در هر مرحله با هم مقایسه و بهترین موقعیت ذرات به عنوان بهترین جواب گروه

^۱ Dice

تعداد عملیات ترکیب و جهش با دو پارامتر کنترل می شود که به ترتیب برابر $Pc=0.3$, $Pm=0.8$ قرار داده شده است، همچنین نرخ جهش $m_u = 0.1$ می باشد. مقادیر Pc , Pm در صد اعمال عملیات مربوطه را نشان می دهند و بدان معنی است که هر چه این مقادیر بزرگتر باشند بر روی تعداد بیشتری از والدین جهش و ترکیب، اعمال می شود. همچنین نرخ جهش میزان جهش در یک والد را مشخص می کند. به عبارتی هر چه میزان نرخ جهش بالاتر باشد، میزان تغییرات در والد مورد نظر در اثر اعمال جهش، بیشتر می باشد.

۴. شبیه سازی و اجرا

برای مقایسه خروجی های تصویر معیار های شباهت دایس^۱ و شباهت تانیموتو^۲ استفاده شده است. این دو معیار از پرکاربردترین ملاک های ارزیابی در پژوهش ها به شمار می رود [۳-۴].

$$Dice = \frac{2|A_i \cap B_i|}{|A_i| + |B_i|} \quad (1-13)$$

$$= \frac{2 \times TP}{2 \times TP + FP + FN}$$

$$Tanimoto = \frac{|A_i \cap B_i|}{|A_i \cup B_i|} \quad (2-13)$$

$$= \frac{TP}{TP + FP + FN}$$

که A_i و B_i نتایج قطعه بندی هستند و $|A_i|$ تعداد پیکسل های آن را نشان می دهد.

تعاریف مربوط به ^۳TP، ^۴TN، ^۵FP، ^۶FN در ادامه آورده شده است:

TP: پیکسل هایی که در طبقه هدف بودند و توسط الگوریتم به طبقه هدف تخصیص داده شده اند.

به کار می کند. تصویر ورودی پس از پردازش های اولیه شامل جداسازی مغز از مجسمه و پس زمینه، توسط الگوریتم *BCFCM* و با استفاده از پارمترهای تصادفی که الگوریتم *GA* تولید کرده است قطعه بندی می شود. تصویر قطعه بندی شده، با استفاده از معیار دایس و مقایسه با تصویر قطعه بندی شده استاندارد بررسی می گردد.

پس از انتخاب والدین، به ازای هر جفت والد، یک عمل ترکیب صورت می گیرد و حاصل آن دو فرزند است که در برخی خصوصیات با هر دو والد یکسان است. جهت اعمال ترکیب از روش *Arithmetic Crossover* استفاده شده است.

$$y_1 = \alpha * x_1 + (1 - \alpha)x_2 \quad (11)$$

$$y_2 = \alpha * x_2 + (1 - \alpha)x_1$$

در رابطه ۱۱، y_1 و y_2 فرزندان حاصل از ترکیب دو والد x_1 و x_2

هستند و α ، ماتریس تصادفی در بازه صفر و یک که اندازه آن برابر اندازه والدین است.

پس از اعمال ترکیب، برخی از والدین بر اثر عمل *Mutation* تحت جهش قرار گرفته تا فضای جستجو را گسترده تر کنند. این عمل توسط رابطه ۱۲ عملی می شود.

$$y = x + \sigma * N(0,1) \quad (12)$$

در رابطه ۱۲، X کروموزوم (والد) است که عمل جهش روی آن اعمال می شود و \mathcal{Y} فرزند حاصل از اعمال جهش است. مقدار σ عددی بین حد بالا و پایین متغیرها می باشد که در این مقاله مقدار آن برابر ۰/۱ در نظر گرفته شده است و $N(0,1)$ مقداری تصادفی و نرمال بین صفر و یک است.

^۱ Dice similarity

^۲ Tanimoto similarity

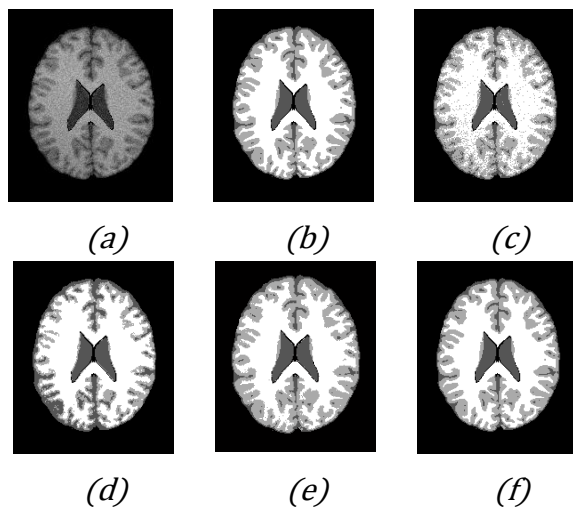
^۳ True Positive

^۴ True Negative

^۵ False Positive

^۶ False Negative

در ابتدا، ساختارهای پیشنهادی *BCFCM* و *FCM* با دو الگوریتم *PSOBCFCM*, *GABCFCM* در برش ۹۶ با نویز ۹ درصد و غیر یکنواختی ۴۰ درصد مقایسه گردید که نتایج آن در شکل ۲ و جدول ۱ آورده شده است. همچنین الگوریتم ها برای نویز و غیر یکنواختی کمتر نیز مقایسه و نتایج برای نویز ۵ درصد و غیر یکنواختی ۲۰ درصد در جدول ۲ آورده شده است.



شکل ۲. مقایسه نتیجه قطعه بندی تصویر شبیه سازی: (a) تصویر اصلی با ۹ درصد نویز و ۴۰ درصد، (b) تصویر معیار، (c) FCM، (d) GABCFCM، (e) PSOBCFCM، (f) BCFCM

TN: پیکسل هایی که در طبقه هدف نبودند و توسط الگوریتم به طبقه هدف تخصیص داده نشده اند.
FP: پیکسل هایی که در طبقه هدف نبودند و توسط الگوریتم به طبقه هدف تخصیص داده شده اند.
FN: پیکسل هایی که در طبقه هدف بودند و توسط الگوریتم به طبقه هدف تخصیص داده نشده اند [۹].

جهت محاسبه معیار دایس، ابتدا این معیار برای هر کدام از بافت ها محاسبه شده و میانگین معیار دایس مربوط به هر بافت به عنوان معیار دایس بدست می آید. در محاسبه معیار تانیموتو نیز از همان تکنیک استفاده شده است.

در این مقاله، در ابتدا از برش ۹۶ با نویز ۹ درصد و غیر یکنواختی ۴۰ درصد استفاده شد و سپس با استفاده از نتایج بدست آمده قطعه بندی سایر برش ها نیز انجام شد. دلیل انتخاب این برش، وجود تمامی بافت ها به طور کامل بدلیل قرار داشتن این برش در میانه تصویر است.

در این مقاله از تصاویر شبیه سازی شده از *Brainweb*[۸] جهت بررسی و مقایسه با سایر الگوریتم ها و مشاهده خروجی استفاده شده است. این پایگاه داده که توسط دانشگاه مک گیل^۱ در دسترس قرار گرفته است دارای سطح نویز با انتخاب از ارقام ۰٪، ۱٪، ۳٪، ۵٪، ۷٪ و ۹٪ و غیر یکنواختی ۰٪، ۲۰٪، ۴۰٪ قابل انتخاب است. الگوریتم های پیشنهادی با الگوریتم *FCM* و *BCFCM* مقایسه گردید. برای شبیه سازی از تصاویر با وزن *TI* و ضخامت ۱ میلی متر و ساینز $217*181*181$ استفاده شده است.

جدول ۱: مقایسه معیار دایس و تانیموتو برای نویز ۹ درصد، غیر یکنواختی ۴۰ درصد

	CSF		GM		WM	
	Dice	Tanimoto	Dice	Tanimoto	Dice	Tanimoto
FCM	۸۹/۷۱	۸۱/۳	۸۲/۶۳	۷۰/۴	۸۹/۷۰	۸۱/۳۲
BCFCM	۷۷/۷۲	۶۳/۵۱	۷۲/۴۴	۵۶/۷	۹۱/۸۳	۸۴/۹۱
PSOBCFCM	۹۱/۷۱	۸۴/۳۸	۸۷/۵۸	۷۸/۰۳	۹۳/۳۴	۸۷/۷۴
GABCFCM	۹۱/۵۴	۸۴/۳۷	۸۷/۶۶	۷۸/۰۷	۹۳/۴۴	۸۷/۷۵

جدول ۲: مقایسه معیار دایس و تانیموتو برای نویز ۵ درصد، غیر یکنواختی ۲۰ درصد

	CSF		GM		WM	
	Dice	Tanimoto	Dice	Tanimoto	Dice	Tanimoto
FCM	۹۵/۷۵	۹۰/۳۳	۹۳/۱۱	۸۶/۶۴	۹۶/۲۱	۹۲/۷۱
BCFCM	۸۹/۵۴	۸۱/۱۲	۹۱/۱۵	۸۴/۲۱	۹۶/۲۱	۹۲/۷
PSOBCFCM	۹۶/۰۱	۹۲/۲۸	۹۳/۴۸	۸۷/۸۳	۹۶/۴۵	۹۳/۰۳
GABCFCM	۹۵/۸۵	۹۰/۶۸	۹۳/۴۶	۸۷/۳۴	۹۶/۴۹	۹۳/۱۹

خاکستری توسط الگوریتم *BCFCM* می باشد که علت آن عدم تعیین دقیق مرز همسایگی برای این بافت میانی است. به عبارت دیگر بدلیل تداخلی که بافت خاکستری با بافت سفید و مغزی نخاعی دارد، الگوریتم در تنظیم نقطه مرزی برای تعیین محدوده همسایگی دچار اشتباه شده و به عبارت دیگر در تشخیص مرکز خوشه برای بافت خاکستری، دچار ضعف می شود. این اشکال را می توان در بافت های میانی به وضوح مشاهده نمود. در برش های ابتدا و انتهای بدلیل عدم وجود از هر سه بافت به صورت یکنواخت، قطعه بندی ممکن است تحت تاثیر قرار بگیرد اما هر چه به بافت های میانی نزدیک شویم، از این مشکل کاسته می شود.

جدول ۳: نتایج سه برش مغز با روش PSOBCFCM

Slice	۷۵	۹۰	۱۰۶
CSF	۹۰/۶۳	۹۱/۳	۸۷/۸۵
GM	۸۶/۶	۸۷/۴۸	۸۸/۶۱
WM	۸۹/۴۶	۹۲/۶۱	۹۲/۸۰
Ave	۸۸/۹۰	۹۰/۴۶	۸۹/۷۵

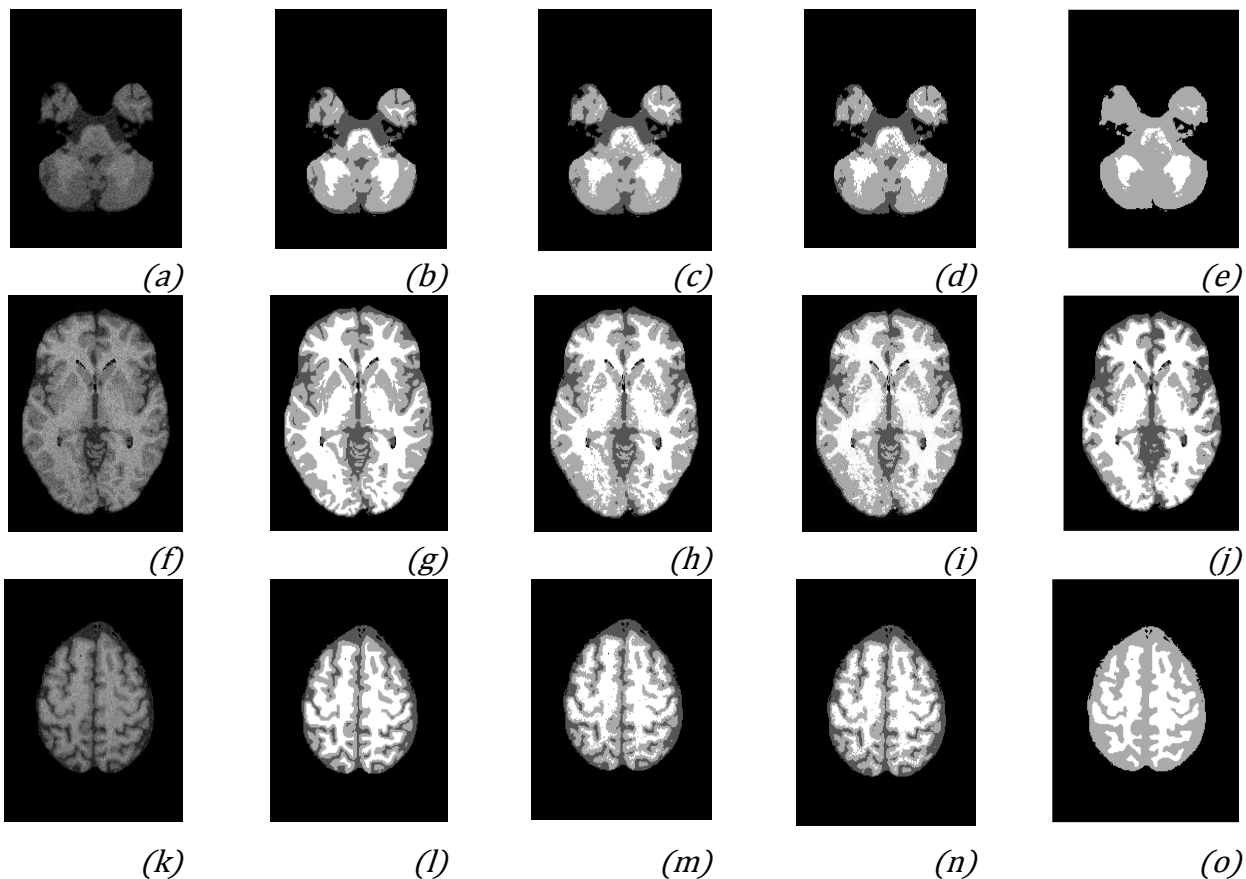
جدول ۴: نتایج سه برش مغز با روش GABCFCM

Slice	۷۵	۹۰	۱۰۶
CSF	۹۱/۲۹	۹۱/۴۸	۸۸/۰۳
GM	۸۶/۴۱	۸۷/۳۸	۸۸/۷۶
WM	۸۹/۰۴	۹۲/۳۹	۹۲/۹۰
Ave	۸۸/۹۱	۹۰/۴۲	۸۹/۹۰

با توجه به مقادیر جدول ۱، برای نویز ۹ درصد و غیر یکنواختی ۴۰ درصد، مقادیر دایس و تانیموتو ساختار های پیشنهادی به میزان زیادی با دو الگوریتم *FCM*, *BCFCM* فاصله دارد. این امر با توجه به فاصله کمتر معیار های مقایسه برای نویز ۵ درصد و غیر یکنواختی ۲۰ درصد برای هر سه الگوریتم، نشان می دهد که دو الگوریتم *BCFCM* و *FCM* حساسیت بالاتری به نویز دارند و همانطور که نتایج جدول ۱ بیان می کند،

با افزایش نویز و غیر یکنواختی الگوریتم های پیشنهادی پاسخ بهتری داشته و در هر میزان از نویز و غیر یکنواختی، معیار دایس و تانیموتو برای هر سه بافت، مقادیر مطلوب تری دارد که نشان دهنده بهبود قطعه بندی است. جهت تعمیم نتایج بدست آمده، مقادیر بدست آمده از اجرای الگوریتم برای قطعه بندی سایر برش ها نیز استفاده شده است.

در جدول ۳ و ۴ نتایج حاصل از سه برش ۷۵، ۹۰ و ۱۰۶ با نویز ۹ درصد و غیر یکنواختی ۴۰ درصد بر اساس معیار مقایسه دایس، قرار داده شده است. بررسی نتایج جدول و مقایسه مقادیر حاصل از برش های ۷۵، ۹۰ و ۱۰۶ در هر دو ساختار، نشان دهنده بهبود قطعه بندی توسط آن ها می باشد. همچنین مقادیر دو ساختار نیز به هم نزدیک بوده و مقادیر با وجود تفاوت در بافت های مختلف در مقدار میانگین به هم بسیار نزدیک هستند. این بدان معنی است که با توجه به تنظیم پارامتر ها در یک برش خاص، میتوان نتایج حاصل را در قطعه بندی سایر برش ها نیز استفاده نمود که خود مزیت دیگر ساختار می باشد. جهت بررسی نتایج به صورت شهودی، تصویر قطعه بندی توسط ساختار های پیشنهادی، الگوریتم *BCFCM* و همچنین تصویر قطعه بندی شده استاندارد، در شکل ۳ آورده شده است. با مشاهده تصاویر، آنچه که خود را نشان می دهد، عدم قطعه بندی مناسب بافت



شکل ۳: مقایسه تصاویر قطعه بندی شده بر روی تصاویر شبیه سازی شده با استفاده از الگوریتم $BCFCM, PSOBFCM, GABCFCM$ (به ترتیب) تصاویر اصلی با ۹ درصد نویز و غیر یکنواختی ۴۰ درصد به ترتیب برای برش های (۳۰ و ۷۰ و ۱۳۰); (b, g, l) تصاویر قطعه بندی شده استاندارد: (c, h, m) نتایج قطعه بندی الگوریتم $PSOBFCM$; (d, i, n) نتایج قطعه بندی الگوریتم $GABCFCM$; (e, j, o) نتایج قطعه بندی الگوریتم $BCFCM$

۵. نتیجه گیری

در این پژوهش با استفاده از ترکیب دو الگوریتم PSO, GA و $BCFCM$ الگوریتم جدیدی معرفی گردید که در آن بوسیله بهینه سازی پارامترهای الگوریتم $BCFCM$ قطعه بندی تصاویر ام آر آی انجام می شود. در الگوریتم $BCFCM$ پارامترهای اولیه جهت قطعه بندی به صورت سعی و خطا به الگوریتم داده می شود که دلیل عدم قطعیت در مقادیر آن ها، نمی توان بهترین پاسخ را انتظار داشت و همین امر، از معایب این روش می باشد. این موضوع کارایی $BCFCM$ را به شدت کاهش می دهد و در نتیجه نمی توان به طور قطع نتایج را بهترین جواب ممکن دانست. نتایج مقایسه الگوریتم پیشنهادی با سایر الگوریتم ها، نشان از بهبود نتایج قطعه بندی و به صورت محسوس، بهبود در نویزهای بالا دارد.

۶. مراجع:

- [1] M. N. Ahmed, et al. (2002). "A Modified Fuzzy C-Means Algorithm for Bias Field Estimation and Segmentation of MRI Data." *IEEE Transaction on medical* 21:193-199
- [2] A. Al-Taie, et al. (2014). "Improved Bias-corrected Fuzzy C-Mean Segmentation of Brain MRI Data." *International Journal of Hybrid Information Technology* 7: 65-94.
- [3] J. Ghasemi, et al. (2013). "A novel fuzzy Dempster-Shafer inference system for brain MRI segmentation." *Information Sciences* 223:205-220
- [4] J. Ghasemi, et al. (2012). "Brain tissue segmentation based on spatial information fusion by Dempster-Shafer theory." *Journal of Zhejiang University SCIENCE C* 13(7): 520-533.
- [5] Z.-X. Ji, et al. (2011). "A modified possibilistic fuzzy c-means clustering algorithm for bias field estimation and segmentation of brain MR image." *Computerized Medical Imaging and Graphics* 35(5): 383-397.
- [6] M. T. Rostami, et al. (2013). "Neural network for enhancement of FCM based brain MRI segmentation." *13th Iranian Conference on Fuzzy systems (IFSC) 1-4.*
- [7] K.-P. Wang, et al. (2003). "Particle Swarm Optimization for Traveling Salesman Problem." *Second International Conference on Learning and Cybernetics, Xi'*: 1583-1585.
- [8] Available: <http://www.bic.mri.mcgill.ca/brainweb>
- [9] D. E. Goldberg, *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*, Addison-Wesley, Reading, MA, 1989

[۱۰] جمال قاسمی "قطعه بندی فازی ام آر آی مغز مبتنی بر نظریه شواهد"
رساله دکتری، دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، دانشگاه
مازندران، ۱۳۹۱

[۱۱] مریم طالبی رستمی "به کار گیری شبکه عصبی در تنظیم پارامتر های
الگوریتم خوشه بندی فازی برای بخش بندی تصاویر ام آر آی " پایان
نامه کارشناسی ارشد، دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، دانشگاه
نوشیروانی بابل، ۱۳۹۲

[12] J. Kennedy and R. C. Eberhart (1999). "Particle Swarm Optimization." *IEEE International Conference on Neural Networks 4:1942-1948*

[13] J. Ghasemi, et al. (2014). "Multi_Dimensional Fuzzy C_Mean Considering Spatial Information for Brain MRI Segmentation." *Majlesi Journal of Electrical Engineering 8:37-44*

[14] S. Shen, et al., (2005). "MRI fuzzy segmentation of brain tissue using neighborhood attraction with neural-network optimization," *IEEE transactions on information technology in biomedicine : a publication of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society, vol.9: 459-467*