

Algorytm Nonlocal Means

M. Pękala, A. Potempa

10 stycznia 2017

1 Wstęp

Algorytm Nonlocal Means najczęściej stosowany jest w przetwarzaniu obrazów. W odróżnieniu od filtrów wykorzystujących algorytm local means, gdzie przetworzona wartość piksela liczona jest jako średnia pikseli ją otaczających to w algorytmie nonlocal means wartość piksela wyznaczana jest jako średnia ze wszystkich punktów obrazu z uwzględnieniem wagi podobieństwa pikseli w zależności od przetwarzanego punktu.

Ten algorytm może być też stosowany do przetwarzania sygnałów 1D, co pozwala na zastosowanie go do filtracji sygnału EKG.

2 Opis matematyczny

2.1 Algorytm Nonlocal Means

Dla sygnału v , który jest oryginalnym, zaszumionym sygnałem, wartość przetworzonego sygnału u wyraża się wzorem:

$$\frac{1}{Z(s)} \sum_{t \in N(s)} w(s, t) v(t), \quad (1)$$

gdzie $w(s, t)$ są wagami, które mierzą podobieństwo pomiędzy dwoma kwadratowymi wycentrowanymi obszarami wokół s oraz t . Wagi można zdefiniować przy pomocy równania nr 2. $Z(s)$ jest znormalizowaną stałą, gdzie dla każdego s zachodzi zależność $Z(s) = \sum_{t \in N(s)} w(s, t)$. $N(s)$ odpowiada otoczeniu punktu s , nazywanym często obszarem okna poszukiwań.

$$w(s, t) = g_h \left(\sum_{\delta \in \Delta} G_\sigma(\delta) (v(s + \delta) - v(t + \delta))^2 \right), \quad (2)$$

G_σ jest Gaussowskim jądrem przekształcenia wariancji σ^2 , g_h jest ciągłą nierosnącą funkcją dla której $g_h(0) = 1$ a $\lim_{x \rightarrow +\infty} g_h(x) = 0$, a Δ reprezentuje obszar zawierający otoczenie punktu δ .

Podsumowując algorytm Nonlocal Means odtwarza sygnał poprzez przeprowadzenie ważonej średniej wartości punktów uwzględniając przestrzenne podobieństwo pomiędzy punktami. Podobieństwo jest liczone pomiędzy równymi obszarami, w których uchwycona jest lokalna struktura (geometria, tekstura). Należy zwrócić uwagę, że punkty poza obszarem $N(s)$ nie mają wpływu na wartość $u(s)$. Zakładamy, że okna poszukiwań N i obszary Δ mają taką samą liczebność $(2K + 1)^d$ i $(2P + 1)^d$ dla $N = [-K, K]^d$ i $\Delta = [-P, P]^d$.

W przedstawionym do tej pory opisie znalazły się parametry, za pomocą których wykonano odsumowanie przebiegu EKG. Jednym z nich jest bazowy parametr opisany jako połowa długości P , czyli połowa szerokości załamka P o największej amplitudzie.

Sygnałowi poddawanemu analizie odpowiada parametr $N(s)$.

2.2 Algorytm Fast Nonlocal Means

Algorytm NLM jest dosyć skomplikowany, w związku z czym podjęto wiele starań, aby przyspieszyć jego działanie. Najczęściej stosowanym podejściem jest Fast Nonlocal Means Algorytm, zaproponowany przez Darbona. To podejście znacząco przyspiesza działanie algorytmu poprzez zmianę kolejności operacji tak aby wyeliminować zagnieżdżone pętle. Dzięki temu sygnał 1D o długości N będzie mieć złożoność obliczeniową równą $O(2NM)$, podczas gdy przy tradycyjnym podejściu wynosi $O(L_\Delta NM)$.

Podstawowym elementem algorytmu FNL jest efektywne policzenie wag $w(s, t)$. Wyznaczenie wag jest najbardziej czasochłonnym krokiem przy generowaniu przetworzonego sygnału u . Przy podejściu 1D zakładamy, że $\Omega = [0, n - 1]$ dla sygnału n elementowego. Mając wektor translacji d_x wprowadzamy nowy sygnał S_{d_x} jako:

$$S_{d_x}(p) = \sum_{k=0}^p (v(k) - v(k + d_x))^2, p \in \Omega \quad (3)$$

S_{d_x} odpowiada dyskretnemu całkowaniu kwadratu różnic pomiędzy sygnałem v a jego przesunięciem o wektor d_x . W sygnałach 1D mamy obszary $\Delta = [-P, P]$. Jądro przekształcenia Gaussowskiego zamienia się na stałą, co nie ma zauważalnego wpływu na sygnał, dzięki czemu równanie 2 można zapisać w postaci: $w(s, t) = g_h(\sum_{\delta \in \Delta} (v(s + \delta_x) - v(t + \delta_x))^2)$. Zakładając, że $d_x = (t - s)$, a $p = s + \delta_x$ to równanie $w(s, t)$ można przeparametryzować do postaci $w(s, t) = g_h(\sum_{p=s-P}^{s+P} (v(p) - v(p + d_x))^2)$. Jeżeli rozdzielimy sumę i użyjemy równania nr 3 to uzyskamy:

$$w(s, t) = g_h(S_{d_x}(s + P) - S_{d_x}(s - P)) \quad (4)$$

Równanie nr 4 jest niezależne od t z założeniem, że wielkość S_{d_x} jest znana. Jest to kluczowe równanie, które pozwala na wyznaczenie wag dla pary punktów w stałym czasie.

Podsumowując, działanie algorytmu można opisać jako wyznaczenie wartości S_{d_x} z wykorzystaniem równania 3, następnie wyznaczane są wagi korzystając z równania 2 i 4, a na koniec przeprowadzana jest filtracja na podstawie równania 1. Procedura jest powtarzana dla wszystkich możliwych translacji wyznaczonych przez wymiar okna poszukiwań N .

3 Implementacja algorytmu

Algorithm 1 Algorytm Fast-NLM

Wejście: v, K, P, h

Wyjście: u

Zmienne pomocnicze: S_{d_x}, Z, M

```

1: Inicjalizacja  $u, M, Z$  jako 0.
2: for all  $d_x \in [-K, K]$  do
3:   Obliczenie  $S_{d_x}$  na podstawie równania 3
4:   for all  $s \in [0, n - 1]$  do
5:     Obliczenie wag  $w$  na podstawie równania 2 i 4
6:      $u(s) \leftarrow u(s) + w \cdot u(s + d_x)$ 
7:      $M(s) = \max(M(s), w)$ 
8:      $Z(s) \leftarrow Z(s) + w$ 
9:   for all  $s \in [0, n - 1]$  do
10:     $u(s) \leftarrow u(s) + M(s) \cdot v(s)$ 
11:    Zastosowanie normalizacji sygnału wyjściowego
12:     $u(s) \leftarrow \frac{u(s)}{Z(s) + M(s)}$ 
13: return  $u$ 

```

Do implementacji algorytmu zostały użyte 4 parametry wejściowe, oznaczone kolejno jako v, K, P oraz h . Symbolem v oznaczono sygnał wejściowy, podawany na wejście implementowanej funkcji. Użyty parametr h , decydował o stopniu wygładzenia sygnału po filtracji. Zbyt mała wartość tego parametru oznacza zbyt duży wpływ szumu, co skutkuje niedostatecznym uśrednianiem sygnału. Efektem przyjęcia za parametr h zbyt dużej wartości jest zmiana wyglądu przebiegów sygnału EKG, która spowoduje że wiele sygnałów będzie do siebie podobnych mimo występujących różnic. Pierwszy z dwóch kolejnych parametrów K , został wykorzystany do stworzenia wektora będącego zbiorem według którego iterowane były kolejne przejścia algorytmu. Parametr P odpowiadał natomiast za sąsiedztwo w którym wyszukiwane będą kolejne próbki. Odpowiedni dobór zakresu sąsiedztwa wpływa m.in. na szybkość przeszukiwania sygnału co ma bezpośredni wpływ na wydajność algorytmu. Zbyt duży zakres sąsiedztwa sprawi, że czas kompilacji zostanie wydłużony, nawet w przypadku szybkiego algorytmu. Dobór odpowiednio dużego P umożliwi porównanie ze sobą zespołów QRS występujących w zakresie parametru P .