

SEGMENTACIÓN DE IMÁGENES MÉDICAS MEDIANTE ALGORITMOS DE COLONIA DE HORMIGAS

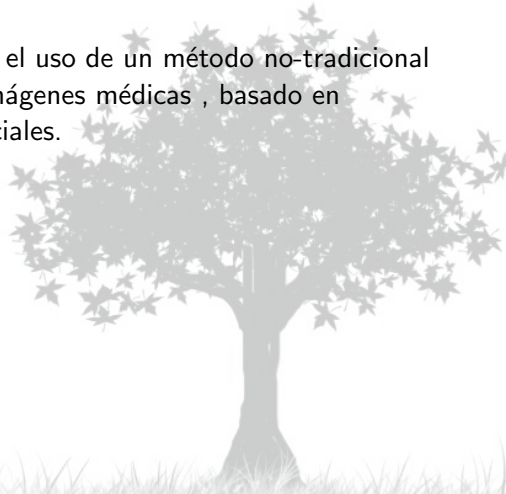
Salcedo Almiron Melvin David

Mayo 2018

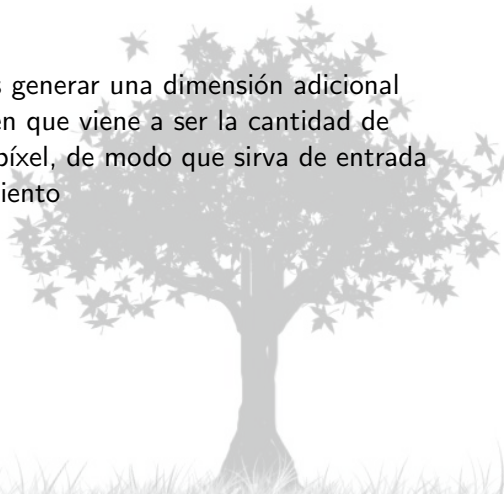
- Las segmentación cobra especial importancia en el ámbito de imágenes médicas, donde es común el uso de computadoras y técnicas de segmentación automáticas para delinear estructuras anatómicas. Como por ejemplo:
 - resonancias magnéticas cerebrales
 - Materia Gris
 - Materia Blanca
 - Líquido Cefalorraquídeo.
- La realización de estos procedimientos de manera manual es tediosa y demanda tiempo considerable .
- El proceso de segmentación consiste en dividir la imagen en regiones.

- Dada su importancia, varios procedimientos han sido definidos para afrontar esa tarea.
 - técnicas basadas en umbrales.
 - técnicas basadas en detección de bordes.
 - técnicas basadas en regiones
 - técnicas de transformación divisoria.
- el desempeño de estas técnicas puede ser optimizado mediante el uso de herramientas avanzadas
 - algoritmos evolutivos
 - redes neuronales
 - lógica difusa
- aún no existe un procedimiento generalmente aceptado que produzca segmentaciones de calidad para múltiples dominios de aplicación.

- En este trabajo, se plantea el uso de un método no-tradicional para la segmentación de imágenes médicas , basado en colonias de hormigas artificiales.



- El objetivo del algoritmo es generar una dimensión adicional para cada píxel de la imagen que viene a ser la cantidad de feromona asociada a cada píxel, de modo que sirva de entrada a un algoritmo de agrupamiento



- algoritmo

```
Iniciar matriz de rastros de feromonas
Mientras no se ha llegado al máximo de iteraciones hacer
    Para cada hormiga k
        Construir una ruta de píxeles mediante la regla
        de transición
    FinPara
        Actualizar los valores de rastro de feromona para
        todas las rutas de píxeles.
        Evaporar la feromona asociada a todos los píxeles
FinMientras
Normalizar matriz de feromona

Ejecutar algoritmo de agrupamiento usando como atributos
el valor de feromona y el valor de escala de grises
```

- Regla de Transición

- Al iniciar el algoritmo asignamos una hormiga de la colonia a cada píxel de la imagen a segmentar
- Dentro de cada iteración, cada hormiga se traslada hacia un píxel dentro de su vecindad (8 píxeles adyacentes.)
- La probabilidad de selección del siguiente píxel en la ruta es realizada mediante el mismo procedimiento de Ant System descrito es de acuerdo a la siguiente expresión.

$$p_{ij}^k = \frac{[\tau_{ij}]^\alpha [\eta_{ij}]^\beta}{\sum_{l \in N_i^k} [\tau_{il}]^\alpha [\eta_{il}]^\beta} \quad \text{if } j \in N_i^k$$

- τ_{ij}^i es el contenido de feromona del píxel de coordenadas i, j
- N_i^k está definido por los píxeles colindantes al píxel i en el que se encuentra la hormiga k .
- η_{ij} es la información heurística asociada al trasladarse al píxel j viniendo del píxel i . Viene a estar definida como la inversa del valor absoluto de la diferencia entre el valor de escala de grises del píxel j y el valor medio de la escala de grises de la ruta de píxeles actual
- α es un parámetro que define la importancia relativa de la feromona
- β es un parámetro que define la importancia relativa de la información heurística

- Actualización de Rastros de Feromona

$$\tau_i^{new} = W\tau_i^{current} + \Delta\tau_i^k$$

$$\tau_{ij} = (1 - p)\tau_{ij} \quad 0 < p \leq 1.$$

- donde:

- ρ define la persistencia de los rastros de feromona y toma valores entre 0 y 1
- W =toma valores entre 0 y 1, y tiene por objeto reducir la contribución de la feromona pre-existente y darle mayor énfasis a la feromona adicional.

- Calidad de la Solución

- El algoritmo busca encontrar regiones de la imagen con valores bajos de escala de grises.

$$\mu_g^k = 1/n * \sum_{s \in g_k} y_s$$

$$\Delta \tau_i^k = \frac{1}{A + B \mu_g^k}$$

- donde:

- A es igual 500
 - B es igual a 10
 - n es igual al camino de pixeles de cada hormiga

- La matriz de feromonas obtenida es normalizada linealmente. Luego, se genera un set de datos con una instancia por cada píxel de la imagen original, donde para cada instancia se definen dos atributos: Cantidad de feromona normalizada, y el valor de escala de grises de la imagen original. Este set de datos es agrupado mediante Kmeans, habiéndole proveído previamente del número de clústers a considerar.

Segmentación del telencéfalo I

- El algoritmo de umbralización filtrará de la imagen original el fondo, dejando sólo la región concerniente al telencéfalo. Es sobre esta región de la imagen que aplicaremos el algoritmo de segmentación con el fin de obtener la Materia Gris, Materia Blanca y Líquido Cefalorraquídeo de la imagen original.



Algoritmo genético para la segmentación de imágenes I

- 1 dividir la imagen con el algoritmo de agrupamiento k-means
- 2 Se genera una población inicial a partir de la imagen dividida y se calcula la aptitud para cada individuo.
- 3 La reproducción se realiza mediante el apareamiento de dos padres, que se seleccionan de acuerdo con sus valores de condición física mediante la selección de la ruleta.
- 4 seleccionamos dos padres para generar dos descendientes.



Algoritmo genético para la segmentación de imágenes II

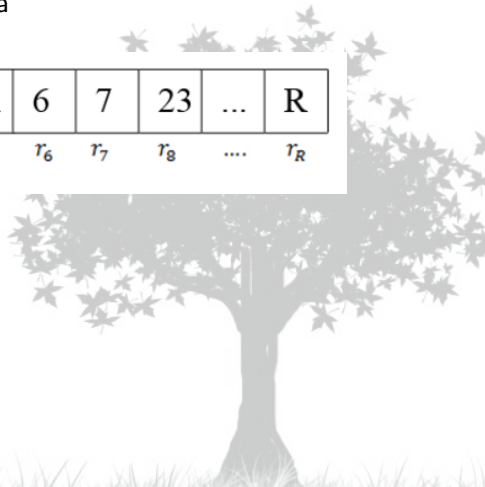
- 5 aplicamos el operador de mutación se aplica para escapar del óptimo local.
- 6 Se calculan los valores de aptitud para ambos descendientes.
- 7 Regresamos al paso 2 hasta que se generen todas las personas para la nueva población.
- 8 La última población se reemplaza con la nueva población
- 9 Si se cumple la condición de finalización, se extrae la persona con el mejor valor de aptitud y el procedimiento se detiene.
- 10 Si no se cumple la condición de finalización, regresamos al paso 2.

Generación de población

- se selecciona un número de genes del cromosoma inicial al azar y, si se satisfacen las condiciones de fusión, estas regiones seleccionadas se fusionarán con uno de sus vecinos.



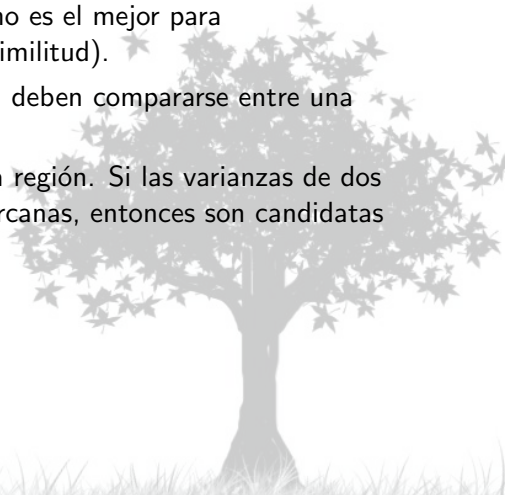
representacion de un cromosoma



1	2	4	4	11	6	7	23	...	R
r_1	r_2	r_3	r_4	r_5	r_6	r_7	r_8	r_R

procedimiento de fusión

- Sirve para decidir qué vecino es el mejor para fusionarse(distancias de disimilitud).
- las distancias de disimilitud deben compararse entre una región y todos sus vecinos.
- se basa en la varianza de la región. Si las varianzas de dos regiones adyacentes son cercanas, entonces son candidatas para la fusión.



varianza de la región R

$$\sigma^2_R = \frac{\sum_{i=1}^n (g_i - \bar{g})}{\bar{g}}$$

- σ^2_r varianza de la region
- g_i representa la intensidad de nivel de grises del píxel
- \bar{g} indica el punto medio de la región que se basa en la intensidad de nivel de grises de los píxeles

Para calcular la distancia entre dos regiones adyacentes, la distancia euclidiana de varianzas se denota mediante

$$d_i = \sqrt{|(\sigma^2_{r_i})^2 - (\sigma^2_{N_i})^2|}$$

- La descripción del procedimiento de fusión se muestra con el siguiente algoritmo;

```
For i := 0 to R
{
  if  $a_i \neq i$  then Neighbors[ ] := RAG(i);
  Caculate dissimilarity distance for all neighbor array members;
  Min_distance := select neighbor with lower distance;
  If Min_distance < T;
  { change region label of two regions into a same label;
    remove boundary between regions with the same label;
    update RAG;
  }
}
```

where a_i represents the value of i^{th} gene of the chromosome and T is a predefined threshold value.

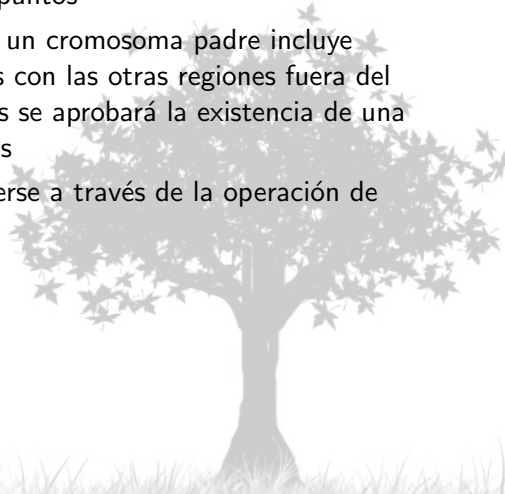
Función de fitness

$$F = \sum_{i=1}^N \frac{1}{d_i * s_i} , i = 1, \dots, N$$

donde

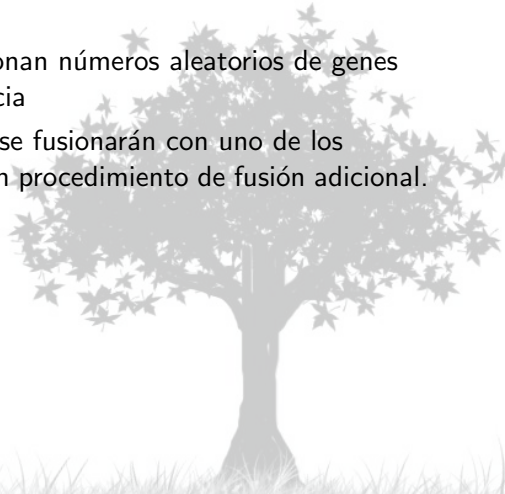
- donde (i) representa las regiones candidatas que deberían fusionarse con sus mejores vecinos, (si) indica el tamaño de la región eliminada y (di) representa las distancias euclidianas entre las regiones eliminadas y su vecino más cercano en función de la varianza.

- operación de cruce de dos puntos
- Si el segmento de cruce de un cromosoma padre incluye algunas regiones fusionadas con las otras regiones fuera del intervalo de cruce, entonces se aprobará la existencia de una relación entre estas regiones
- Esta relación debe mantenerse a través de la operación de cruce.

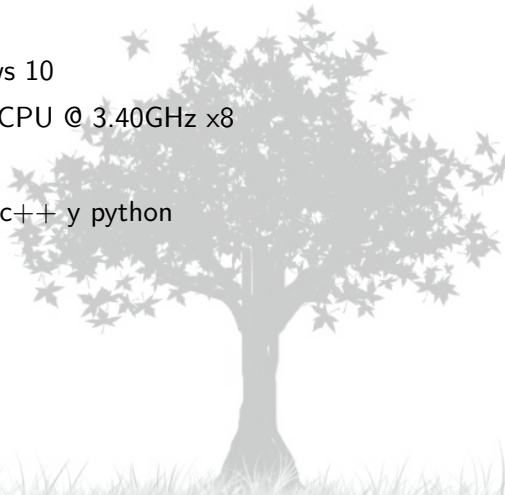


mutación

- En este método, se seleccionan números aleatorios de genes (regiones) de la descendencia
- Las regiones seleccionadas se fusionarán con uno de los vecinos adyacentes como un procedimiento de fusión adicional.



- sistema operativo : windows 10
- procesador : core i7-3770 CPU @ 3.40GHz x8
- ram : 20 gb
- Lenguaje de programación c++ y python



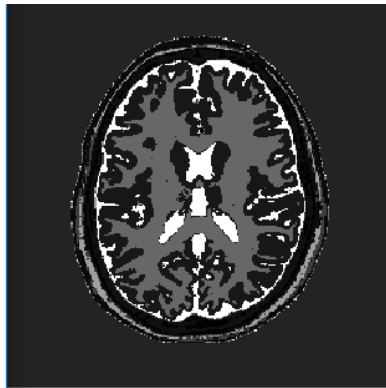
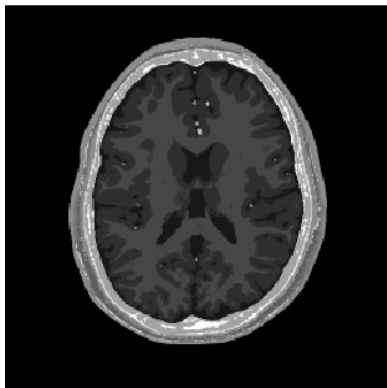
- numero de iteraciones : 5
- $A = 500$
- $B = 10$
- $Q = 1$
- $w = 0.6$
- $\alpha = \beta = 1$
- $\rho = 0.7$
- feromona inicial = 0.1



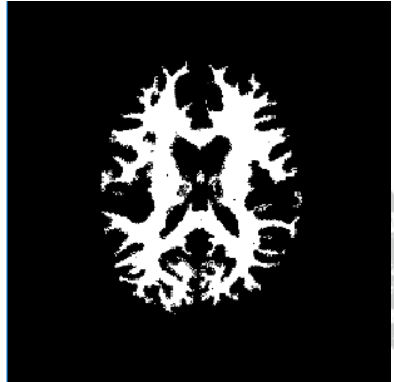
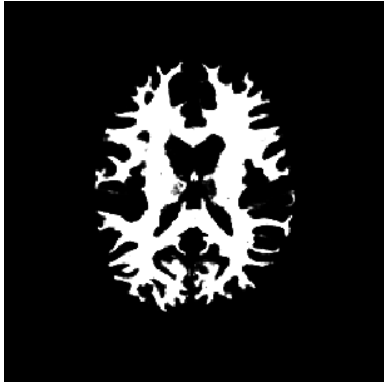
- numero de iteraciones : 5
- tamaño de la población 10
- longitud de los cromosomas = K



Resultados de Hormigas I



Resultados de Hormigas II



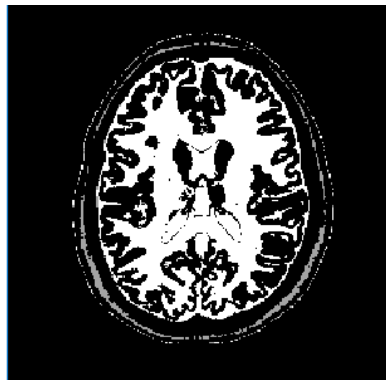
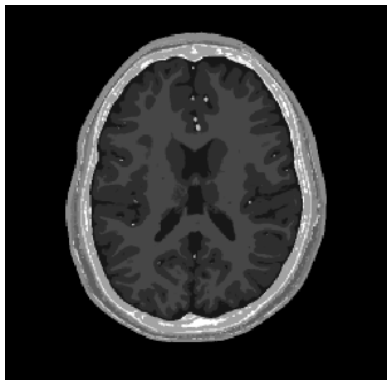
Resultados de Hormigas III

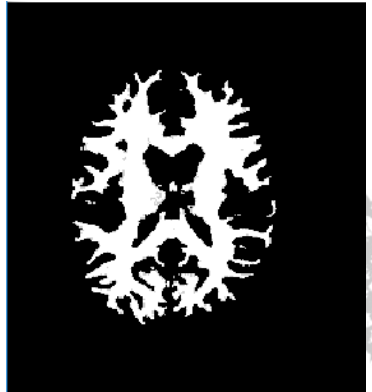
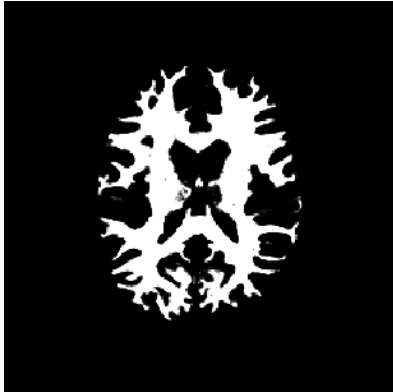


Resultados de Hormigas IV

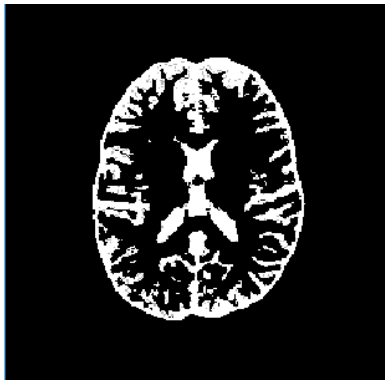
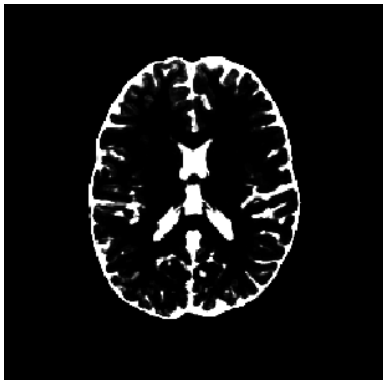


Resultados de AG I





Resultados de AG III



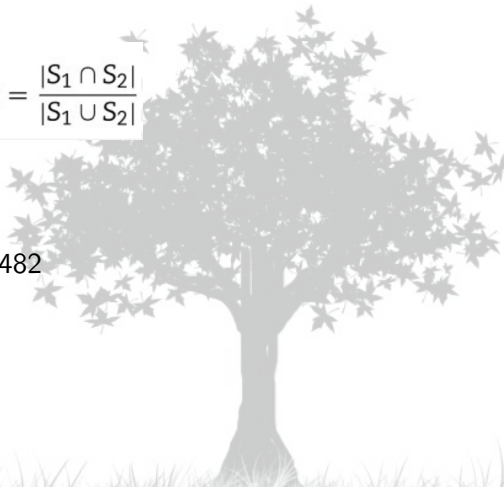
Resultados de AG IV



Segmento JSI
similitud de Jaccard

$$J(S_1, S_2) = \frac{|S_1 \cap S_2|}{|S_1 \cup S_2|}$$

- cerebro completo 0.7921
- Líquido cefalorraquídeo 0.8482
- Materia Gris 0.8992
- Materia Blanca 0.93228



Segmento JSI
similitud de Jaccard

- cerebro completo 0.5975
- Líquido cefalorraquídeo 0.8944
- Materia Gris 0.9287
- Materia Blanca 0.89228

