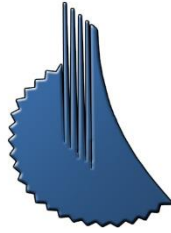


سبیل علم



موسسه آموزش عالی صنعتی مازندران

گروه کامپیوتر

پایان نامه کارشناسی ارشد رشته کامپیوتر گرایش نرم افزار

قطعه بندی تصاویر پزشکی MRI مغز با استفاده از کانتورهای فعال تعیین سطح

استادان راهنما :

دکتر مهدی بابلی

دکتر محسن نیک پور

دانشجو :

علی جهانیان بهنمیری

تیرماه 1399

تعهدنامه اصالت اثر

اینجانب علی جهانیان بهنمیری دانشجوی دوره کارشناسی ارشد رشته کامپیوتر گرایش نرم افزار ورودی نیمسال 96-97 سال تحصیلی 97-98 موسسه آموزش عالی صنعتی مازندران به شماره دانشجویی 9615561201 متعهد می‌شوم که مطالب مندرج در این پایان‌نامه حاصل کار پژوهشی اینجانب تحت نظارت و راهنمایی اساتید بوده و به دستاوردهای دیگران که در این پژوهش از آنها استفاده شده است مطابق مقررات و روال متعارف ارجاع و در فهرست منابع و مآخذ ذکر گردیده است. این پایان‌نامه قبلاً برای احراز هیچ مدرک هم‌سطح یا بالاتر ارائه نگردیده است.

در صورت اثبات تخلف در هر زمان، مدرک تحصیلی صادر شده توسط موسسه از درجه اعتبار ساقط بوده و موسسه حق پیگیری قانونی خواهد داشت.

امضا دانشجو

تاریخ

کلیه حقوق مادی مترتب بر نتایج مطالعات، ابتکارات و نوآوری‌های ناشی از تحقیق متعلق به موسسه آموزش عالی صنعتی مازندران است. همچنین چاپ و تکثیر، نسخه‌برداری، ترجمه و اقتباس از این پایان‌نامه کارشناسی‌ارشد برای موسسه آموزش عالی صنعتی مازندران محفوظ است و هرگونه استفاده از نتایج علمی و عملی و یا واگذاری اطلاعات به دیگران بدون موافقت کتبی موسسه آموزش عالی صنعتی مازندران ممنوع است.

نقل مطالب با ذکر مأخذ بلامانع است.

شکر و سپاس خدا را که بزرگترین امید و یاور، در محطه محطی زندگیت.

باتقدیر و شکر شایسته از استاید فریخته و فرزانه جناب آقای دکتر مهدی بابلی و جناب آقای دکتر محسن نیک پور و جناب

آقای دکتر شمیم یداله زاده طبری که با نکته های دلاویز و گفته های بلند، صحیفه های سخن را علم پرور نمود و همواره راهسما و راه

کشی نگارنده در اتمام و تکمال پایان نامه بوده است.

خداوند به توفیق تلاش در شکست، صبر در نوبت، رفتن بی همراه، جهاد بی سلاح، کار بی پاداش، فداکاری در سکوت،

دین بی دنیا، مذهب بی عوام، عظمت بی نام، عشق بی هوس، تنهایی در انبوه جمعیت و دوست داشتن بی آنکه

دوست بدارند، راعنایت فرما.

تقدیم به خانواده عزیز و مهربانم که در سختی ها و دشواری های زندگی همواره یاری دلسوز، فداکار و پشتیبانی محکم و مطمئن برایم بوده اند.

چکیده

تصاویر رادیولوژی و ام آر آی (تشدید مغناطیسی) از پرکاربردترین تصاویر پزشکی جهت تشخیص بیماری هستند. تصویربرداری ام آر آی به عنوان یکی از قویترین روش های تصویربرداری تشخیصی شناخته شده است. تصویربرداری رادیولوژی سریعتر از تصویربرداری ام آر آی است و در تشخیص بیماران تروما اهمیت ویژه ای دارد. تروما به معنی آسیبی است که بر اثر وارد شدن ضربه به بدن به وجود می آید. عدم تفکیک بافت های سخت و نرم در تصاویر پزشکی، به خصوص تصاویر رادیولوژی، چالشی بزرگ پیش روی تشخیص صحیح می باشد. این پایان نامه با هدف بهبود تصاویر پزشکی پر کاربرد (رادیولوژی و ام آر آی) انجام و از پیش پردازش به عنوان یک راهبرد اساسی برای قطعه بندی به منظور بهبود تصاویر استفاده شده است. هدف از این پایان نامه ارائه یک راهکار خوب و جامع برای یک سیستم تصمیم یار پزشکی برای طبقه بندی تومور از تصاویر ام آر آی برای تشخیص تومور مغزی و نیز فعالیت می کند هنوز هم دارای یکسری مشکلات عدیدی و بالقوه ای برای اصطلاح هر چه بیشتر آن می توان گفت که آنها هنوز به عنوان یک مشکل باز هستند.

مدل کانتور فعال، که مدل مارها نیز نامیده می شود، یک چارچوب در بینایی رایانه ای است که توسط مایکل کاس، اندرو ویتکین و دمتری ترزوپولوس معرفی شده، و برای ترسیم خطوط خارجی یک شیء، از یک تصویر دو بعدی احتمالاً پرنویز تعریف شده است. مدل مارها در دیدگاه رایانه ای محبوب است و این مدل بطور گسترده در برنامه های کاربردی مانند ردیابی شی، تشخیص شکل، تقسیم بندی، آشکارسازی لبه و تطبیق استریو مورد استفاده قرار می گیرد. مدل مار یک انرژی کمینه کننده و اسپلاین قابل اصلاح است که تحت تأثیر محدودیت ها و نیروهای تصویر است که آن را به سمت کانتورها و نیروهای داخلی متصل می کند که مقاومت در برابر تغییر شکل را دارند. مدل مارها ممکن است به عنوان یک مورد خاص از روش کلی تطبیق یک مدل ناپایدار به یک تصویر با استفاده از به حداقل رساندن انرژی درک شوند. در دو بعد، مدل شکل فعال، یک نسخه گسسته این رویکرد را نشان می دهد، با استفاده از مدل توزیع نقطه برای محدود کردن محدوده شکل به یک دامنه صریح از یک مجموعه آموزشی یاد می شود. مارها کل مشکل پیدا کردن خطوط در تصاویر را حل نمی کنند، زیرا این روش نیاز به دانش قبلی شکل کانتورهای طراحی شده دارد. در عوض، آنها به مکانیزم های دیگر مانند تعامل با یک کاربر، تعامل با برخی از فرآیندهای درک تصویری سطح بالاتر یا اطلاعاتی از داده های تصویر مجاور در زمان یا فضا بستگی دارد.

کلیدواژه ها: (تصاویر پزشکی مغز، تصویر MRI مغز، تشخیص تومور مغزی)

فهرست مطالب

فصل ۱: قطعه بندی تومور مغزی	۱۱
۱-۱ - مقدمه	۱۱
۱-۲ - فرضیات	۱۲
۱-۳ - سوالات پرسشی	۱۲
۱-۴ - چه موسساتی می توانند از نتایج استفاده نمایند؟	۱۳
۱-۵ - هدف از قطعه بندی تصاویر	۱۳
۱-۶ - اهمیت قطعه بندی تصاویر	۱۴
۱-۷ - شناسایی و جدا سازی تومور	۱۵
۱-۸ - پرسش های اساسی پایان نامه	۱۵
۱-۹ - معیار ارزیابی	۱۵
۱-۱۰ - شناسایی و جدا سازی تومور	۱۷
۱-۱۱ - مشکلات روش قطعه بندی	۱۷
۱-۱۲ - کانتور فعال (Active Contour)	۱۸
۱-۱۳ - دلایل انتخاب موضوع مورد مطالعه ولزوم انجام آن	۲۰
۱-۱۴ - خلاصه فصل ۱	۲۴
۱-۱۵ - مروری بر فصول پایان نامه	۲۴
فصل ۲: مروری بر مقالات و کارهای دیگران	۲۵
۲-۱ - مروری بر کارهای پیشین	۲۵
۲-۲ - فاز پیش پردازش	۳۰
۲-۳ - فاز دسته بندی براساس سیستم استنتاج فازی - عصبی وفقی (NFIS)	۳۱
۲-۴ - تعیین محدوده تومور با خوشه بندی سلسله مراتبی	۳۴
۲-۵ - پیش پردازش	۴۱
۲-۶ - کشف ناحیه مشکوک به تومور و محاسبه ویژگی	۴۲
۲-۷ - تبدیل تصویر خاکستری به رنگی و بالعکس	۴۵
۲-۸ - شبکه عصبی خود سازمانده (SOM)	۴۵

۹-۲	استخراج تومور	۴۶
۱۰-۲	مجموعه داده ها	۵۱
۱۱-۲	اولیه پیش پردازش	۵۱
۱۲-۲	حذف جمععه	۵۲
۱۳-۲	بخش بندی مبتنی بر آستانه گذاری	۵۲
۱۴-۲	تبدیل حوضچه مبتنی بر نشانگر	۵۴
۱۵-۲	نتایج پیاده سازی	۵۵
۱۶-۲	ارزیابی کیفی	۵۵
۱۷-۲	ارزیابی کمی	۵۸
۱۸-۲	یکسان سازی هیستوگرام	۶۳
۱۹-۲	شبکه عصبی کانولوشن	۶۳
۲۰-۲	کاهش ابعاد	۶۶
۲۱-۲	روش تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی	۶۶
۲۲-۲	ماشین بردار پشتیبان برای طبقه بندی چند کلاس متفاوت	۶۷
۲۳-۲	تجزیه و تحلیل نتایج	۶۹
۲۴-۲	تصاویر ام آر ای	۶۹
۲۵-۲	یکسان سازی هیستوگرام	۷۰
۲۶-۲	مجموعه داده گان(الکسنت)	۷۰
۲۷-۲	مجموعه داده گان(گوگلنت)	۷۱
۲۸-۲	داده های ترکیبی	۷۲
۲۹-۲	خوشه بندی فازی BCFCM	۷۶
۳۰-۲	الگوریتم ازدحام ذرات (PSO)	۷۸
۳۱-۲	الگوریتم ژنتیک (GA)	۷۹
۳۲-۲	ساختار الگوریتم BCFCM	۸۰
۳۳-۲	ساختار روش اول	۸۱
۳۴-۲	ساختار روش دوم	۸۲
۳۵-۲	شیبه سازی و اجرا	۸۳
۳۶-۲	برنامه های کاربردی تصویر برداری پزشکی	۹۰
۳۷-۲	مزایای این روش	۹۱

۳۸-۲	تشریح محدوده تحقیق و موارد مورد شمول تحقیق	۹۲
۳۹-۲	نتیجه گیری فصل ۲	۹۳
۳	ساختار الگوریتم	۹۸
۳-۱	پیش پردازش	۹۸
۳-۲	کشف ناحیه مشکوک به تومور و محاسبه ویژگی	۹۹
۳-۳	یک دست کردن رنگ بخش تومور	۱۰۴
۳-۴	استخراج تومور	۱۰۵
۳-۵	نتیجه و بحث	۱۰۶
۳-۶	الگوریتم SVM و PCA و LDA	۱۰۷
۳-۷	روش های کاهش بعد	۱۰۸
۳-۸	PCA یا تحلیل مولفه های اساسی	۱۰۸
۳-۹	ICA یا تحلیل مولفه های مستقل	۱۰۹
۳-۱۰	مقدمه ای بر طرح MLP به عنوان یک روش کاهش بعد	۱۱۰
۳-۱۱	LDA یا تحلیل الگوی متمایز خطی	۱۱۰
۳-۱۲	پیاده سازی و مقایسه تکنیک های کاهش بعد	۱۱۱
۳-۱۳	شرح و پیاده سازی	۱۱۲
۳-۱۴	مقایسه روش های کاهش بعد تبدیلی	۱۱۶
۳-۱۵	تعداد بهینه ویژگی های LDA	۱۱۷
۳-۱۶	مقایسه دو روش کاهش بعد تبدیلی و انتخابی	۱۱۸
۳-۱۷	نتیجه گیری فصل ۳	۱۱۹
۴	فصل ۴: روند پیاده سازی	۱۲۰
۴-۱	یافته ها	۱۲۱
۴-۲	نتایج آزمایشات	۱۲۲
۵	فصل ۵: نتیجه گیری	۱۲۶
	فهرست منابع	۱۲۷

فهرست اشکال

شکل (۱-۱) بازنمایی منحنی پارامتری (مورد مداوم).....	۱۸
شکل (۲-۱) بازنمایی منحنی پارامتری (شکل گسسته).....	۱۹
شکل (۳-۱) (a) تصویر اصلی از مغز (b) قطعه بندی از قسمت های مغز.....	۱۹
شکل (۴-۱) (e) تصویر اصلی از شکم (f) قطعه بندی از قسمتهای شکم.....	۱۹
شکل (۱-۲) فلوجارت الگوریتم پیشنهادی.....	۳۰
شکل (۲-۲) خروجی مراحل مختلف فاز پیش پردازش.....	۳۳
شکل (۳-۲) خروجی مراحل مختلف فاز دسته بندی.....	۳۴
شکل (۴-۲) خروجی مراحل مختلف فاز تشخیص محدوده دقیق تومور.....	۳۵
شکل (۵-۲) نحوه محاسبه پارامترهای ارزیابی کارایی.....	۳۶
شکل (۶-۲) نتایج ارزیابی کارایی ANFIS با استفاده از بردارهای ویژگی مختلف.....	۳۶
شکل (۷-۲) دقت روش پیشنهادی برای اعمال آستانه های مختلف روی بلاک های با اندازه مختلف.....	۳۷
شکل (۸-۲) نتایج خروجی روش ارائه شده برای تشخیص تومورهای مغزی.....	۳۹
شکل (۹-۲) منحنی ROC روش ارائه شده.....	۳۹
شکل (۱۰-۲) تقسیم بندی های انجام شده روی تصویر ورودی.....	۴۲
شکل (۱۱-۲) نمایش جعبه مرزی مغز سگمنت شده.....	۴۴
شکل (۱۲-۲) نمایش نمودار نواحی مشکوک به تومور ونواحی مربوطه.....	۴۶
شکل (۱۳-۲) چند تومور سگمنت شده.....	۴۹
شکل (۱۴-۲) روند نمای عملکرد روش برای آشکار سازی ناحیه تومور مغزی.....	۵۱
شکل (۱۵-۲) بلوک دیاگرام روش آستانه گیری موازی.....	۵۳
شکل (۱۶-۲) نتایج پیاده سازی روش ارائه شده بروی مجموعه تصاویر موجود در اینترنت.....	۵۶
شکل (۱۷-۲) نتایج پیاده سازی روش ارائه شده بروی مجموعه تصاویر اختصاصی بیمارستان سجاد مشهد.....	۵۷
شکل (۱۸-۲) نتایج الگوریتم تبدیل حوضچه با اعمال مقادیر آستانه متفاوت.....	۵۹
شکل (۱۹-۲) مدل پیشنهادی.....	۶۵
شکل (۲۰-۲) ساختار ساده شبکه عصبی کانولوشن.....	۶۵
شکل (۲۱-۲) ساختار مدل الکس نت.....	۶۵
شکل (۲۲-۲) ساختار مدل گوگل نت.....	۶۵

- شکل (۲-۲۳) ساختار ساده ماشین بردار پشتیبان در طبقه بندی باینری ۶۷
- شکل (۲-۲۴) انواع تومورهای مغزی ۷۰
- شکل (۲-۲۵) پیش پردازش تصویر با استفاده از روش یکسان سازی هیستوگرام ۷۰
- شکل (۲-۲۶) نتایج ماتریس کانفیوژن در سه مولفه مربوطه به داده های الکس نت+ تحلیل مولفه های اصلی احتمالی ۷۳
- شکل (۲-۲۷) نتایج ماتریس کانفیوژن در سه مولفه مربوطه به داده های گوگل نت+ تحلیل مولفه های اصلی احتمالی ۷۳
- شکل (۲-۲۸) نتایج ماتریس کانفیوژن در سه مولفه مربوطه به داده های گوگل نت+ الکس نت تحلیل مولفه های اصلی احتمالی ۷۳
- شکل (۲-۲۹) مقایسه عملکرد طبقه بندی ماشین بردار پشتیبان در سه شاخص ویژگی، حساسیت ودقت در داده های مختلف ۷۴
- شکل (۲-۳۰) بلوک دیاگرام مراحل و نحوه عملکرد ساختار الگوریتم BCFCM ۸۰
- شکل (۲-۳۱) مقایسه نتیجه قطعه بندی تصویر شبیه سازی ۸۴
- شکل (۲-۳۲) نتایج الگوریتم با اعمال مقادیر σ متفاوت ۹۴
- شکل (۲-۳۳) نتایج پیاده سازی روش پیشنهادی بروی داده BRATS 2012 ۹۵
- شکل (۲-۳۴) مقایسه تصاویر قطعه بندی شده بروی تصاویر شبیه سازی شده با استفاده از الگوریتم BCFCM- PSO BCFCM- GA BCFCM ۹۶
- شکل (۳-۱) روند نمای روش پیشنهادی برای آشکار سازی ناحیه تومور مغزی ۹۸
- شکل (۳-۲) بررسی ناحیه های مشکوک به تومور ۹۹
- شکل (۳-۳) فلوچارت مراحل انجام کار ۱۰۰
- شکل (۳-۴) تقسیم بندی های انجام شده روی تصویر ورودی ۱۰۱
- شکل (۳-۵) نمایش جعبه مرزی مغز سگمنت شده ۱۰۳
- شکل (۳-۶) یک دست کردن رنگ بخش تومور ۱۰۴
- شکل (۳-۷) چند مرحله تکرار عملیات رنگ بخش های تصویر ۱۰۵
- شکل (۳-۸) روند کلی مرحله آستانه گیری، حذف نویز واستخراج تومور ۱۰۵
- شکل (۳-۹) چند نمونه از نتایج ۱۰۶
- شکل (۴-۱) خروجی تصاویر MRI به روش قطعه بندی تصاویر ۱۲۳
- شکل (۴-۲) خروجی تصاویر MRI به روش قطعه بندی تصاویر ۱۲۴
- شکل (۴-۳) خروجی تصاویر MRI به روش قطعه بندی تصاویر ۱۲۴
- شکل (۴-۴) خروجی تصاویر MRI به روش قطعه بندی تصاویر ۱۲۵

فهرست جداول

جدول (۱-۲) نتایج روش های مختلف روی تصاویر بانک اطلاعاتی Havard	۳۹
جدول (۲-۲) نتایج ارزیابی معیارها	۴۸
جدول (۳-۲) مقایسه مرحله تقسیم بندی تومور	۵۰
جدول (۴-۲) نتایج بخش بندی تومور بوسیله الگوریتم پیشنهادی بروی تصاویر نشان داده شده در شکل ۱۸-۲	۵۹
جدول (۵-۲) مرور برخی از الگوریتم های طبقه بندی با استفاده از روش های سنتی استخراج ویژگی	۶۲
جدول (۶-۲) انواع کرنل در ماشین بردار پشتیبان	۶۸
جدول (۷-۲) تنظیم شاخص الگوریتم طبقه بند	۶۹
جدول (۸-۲) نتایج شاخص ویژگی، حساسیت ودقت در داده الکس نت + تحلیل مولفه های اصلی احتمالی بر اساس ماتریس کانفیوژن	۷۱
جدول (۹-۲) نتایج شاخص ویژگی، حساسیت ودقت در داده گوگل نت + تحلیل مولفه های اصلی احتمالی بر اساس ماتریس کانفیوژن	۷۲
جدول (۱۰-۲) نتایج شاخص ویژگی، حساسیت ودقت در داده گوگل نت + تحلیل مولفه های اصلی احتمالی بر اساس ماتریس کانفیوژن	۷۲
جدول (۱۱-۲) مقایسه معیار دایس وتانیموتو برای نویز ۹ درصد، فیر یکنواختی ۴۰ درصد	۸۴
جدول (۱۲-۲) مقایسه معیار دایس وتانیموتو برای نویز ۵ درصد، فیر یکنواختی ۲۰ درصد	۸۴
جدول (۱۳-۲) نتایج سه برش با روش PSO BCFCM	۸۵
جدول (۱۴-۲) نتایج سه برش با روش GA BCFCM	۸۶
جدول (۱۵-۲) مروری بر کارهای پیشین ونتایج بدست آمده با ذکر مراجع	۸۶
جدول (۱-۳) تعداد رکوردهای آزمایشی و آموزشی	۱۱۱
جدول (۲-۳) نتایج حاصل از طبقه بندی کننده های SVM با ورودی های شامل ۴۱ ویژگی	۱۱۲
جدول (۳-۳) نتایج حاصل از طبقه بندی کننده های SVM با ورودی های شامل ۱۰ ویژگی با PCA	۱۱۳
جدول (۴-۳) نتایج حاصل از طبقه بندی کننده های SVM با ورودی های شامل ۱۰ ویژگی با ICA	۱۱۴
جدول (۵-۳) نتایج حاصل از طبقه بندی کننده های SVM با ورودی های شامل ۱۰ ویژگی با MLP	۱۱۵
جدول (۶-۳) نتایج حاصل از طبقه بندی کننده های SVM با ورودی های شامل ۱۰ ویژگی با IDA	۱۱۶

- جدول (۷-۳) مقایسه نرخ آشکار سازی SVM با هر یک از روش های کاهش بعد بر حسب درصد ۱۱۶
- جدول (۸-۳) مقایسه زمان آزمایش و آموزش SVM با هر یک از روش های کاهش بعد ۱۱۷
- جدول (۹-۳) تعداد بهینه ویژگیهای LDA ۱۱۸
- جدول (۱۰-۳) مقایسه کاهش بعد انتخابی در مرجع و LDA پیاده سازی شده ۱۱۹
- جدول (۱-۴) نتایج آمار تطابق همگون ۱۲۱
- جدول (۲-۴) نتایج خروجی روش پیشنهادی در جهت تشخیص ناحیه تومور مغزی ۱۲۵

فصل ۱ قطعه بندی تومور مغزی

۱-۱ مقدمه

قطعه بندی تصویر، به معنی تقسیم بندی یک تصویر به قسمت های همگن، یکی از مسائل بنیادی در کاربرد های مختلف شامل نه فقط سنجش از راه دور بلکه تصویر برداری اپتیکی و تحلیل تصویر پزشکی می باشد. قطعه بندی دقیق تصویر مغز تبدیل به یکی از مهمترین مسائل در برنامه های کاربردی MRI شده است. قطعه بندی می تواند مبتنی بر ویژگی های وکسل تصویر، اطلاعات همسایگی، یا ویژگی های هندسی باشد. مشکلات برای بدست آوردن قطعه بندی دقیق تصویر از، نویز، ناهمگونی، اثر حجم با مشتقات جزئی و هندسه بسیار پیچیده پوسته ناشی می شود.

تومور مغزی نوعی نئوپلاسم سخت و توپُر در داخل مغز و یا کانال مرکزی نخاع است. به عبارت ساده تر، تومور مغزی یک توده غیرطبیعی در مغز است که امکان دارد ماهیت سرطانی (بدخیم) یا غیرسرطانی (خوشخیم) داشته باشد. میزان تهدید کنندگی یک تومور، به مجموعه ای از عوامل مانند نوع، محل، اندازه، عمر مغز نحوه گسترش و توسعه آن بستگی دارد مغز به طور کامل توسط جمجمه پوشانیده شده است. این امر تشخیص سریع و زودرس تومور مغزی را تنها در صورت موجود بودن ابزار پاراکلینیکی و وسایل تشخیصی مناسب برای بررسی وضعیت حفره داخل جمجمه در زمان های اولیه شکل گیری تومور امکان پذیر می سازد. حتی با وجود این ابزارها، تشخیص دقیق تومورهای مغزی به دلیل گوناگونی شکل، اندازه و ظاهر آنها بسیار دشوار است.

علاوه بر این، در بیشتر موارد تومور مغزی در مراحل پیشرفته بیماری و هنگام تشخیص داده می شود که با وجود آن موجب بروز علائم و نشانه های غیر قابل توضیحی در بیمار شده باشد. بررسی جسم جزئیات ساختار داخلی بدن بطور معمول از تصویربرداری تشدید مغناطیسی استفاده می شود. در این روش تصویربرداری، از تفاوت خواص مغناطیسی بافت ها برای تشکیل تصویر استفاده می شود.

۲-۱ فرضیات

- ۱- ناحیه بندی اتوماتیک تصاویر MRI جهت تشخیص ضایعات MS با استفاده از الگوریتم های بکار رفته در این پژوهش، دقت تشخیص را بالا برده و میزان خطا را کاهش می دهد.
- ۲- استفاده از سکانسهای ترکیبی تصاویر MRI جهت تشخیص ضایعات MS در مراحل مختلف بیماری مناسب تر از تک سکانس می باشد .
- ۳- با اضافه کردن تعداد لایه های شبکه عصبی در طول آموزش جهت حذف آرتیفکت ها و ضایعات غیر MS نتایج بهتری می توان بدست آورد .
- ۴- تشخیص ضایعات MS با استفاده از بافت سفید مغز، ناحیه بندی شده در تصاویر MRI مناسب تر از سایر روش های ناحیه بندی بخصوص ماده مغزی نخاعی می باشد .
- ۵- تصویر برداری موازی و بهبود وارونه بهتر از روش های تصویر برداری مدل قدیمی است .
- ۶- با سکانس DIR بهتر از سکانس Flair می توان ضایعه MS را تشخیص داد .
- ۷- استفاده از تصاویر دیفیوژن در مراحل اولیه بیماری MS بهتر از تصاویر MRI می باشد.

۳-۱ سوالات پرسشی

- ۱- معیار مناسب برای ارزیابی روشهای بکاررفته (استخراج ویژگی ضایعات با ویولت و طبقه بندی با استفاده از شبکه عصبی) جهت تشخیص MS در تصاویر MRI کدامند؟
- ۲- میزان تاثیر گذاری هریک از روشهای بکاررفته (استخراج ویژگی ضایعات با ویولت و طبقه بندی با استفاده از شبکه عصبی) جهت تشخیص MS در تصاویر MRI چقدر است؟
- ۳- آیا استفاده از روشهای جدید تصویر برداری موازی و بهبود وارونگی در تشخیص ضایعه MS بهتر از روش های تصویر برداری قدیمی است؟
- ۴- آیا سکانس DIR جهت تشخیص ضایعه MS نسبت به سکانس Flair ارجحیت دارد؟
- ۵- آیا استفاده از تصاویر دیفیوژن در مراحل اولیه بیماری MS بهتر از تصاویر MRI است؟
- ۶- با اجرای روشهای بکاررفته چقدر سرعت و دقت تشخیص بالا رفته و در هزینه صرف جویی می شود؟
- ۷- آیا ضایعه ایجاد شده در بیماری MS را می توان در مراحل مختلف شکل گیری بخصوص مرحله اولیه تشخیص داد؟
- ۸- آیا نتیجه پژوهش کاربرد کلینیکی و درمانی خواهد داشت؟

۱-۴ چه موسساتی می‌توانند از نتایج استفاده نمایند؟

این پژوهش یک ابزار تحلیل تصاویر کلینیکی بسیار موثر برای پزشکان و رادیولوژیست‌ها می‌باشد و به بررسی ضایعات و پلاک‌های ایجاد شده در تصاویر MRI با کمک کامپیوتر می‌پردازد تا بتواند در جهت تشخیص پاتوژن بیماری در بیماران مبتلا به MS که امکان ناحیه بندی تصاویر و شناخت درست ضایعات بیماری بطور ذهنی برای متخصصین رادیولوژی و سایر متخصصین بخصوص نورولوژیست‌ها سخت بوده و امکان خطا بعلت دشواری ناحیه بندی در تصاویر مغز بیماران MS به دلیل محو بودن مرزهای آنها تومیکی بین مناطق، حرکت بیمار حین تصویر برداری، افزایش زمان تصویر برداری و کاهش تعداد اسلایس‌ها، یکنواختی کمتر میدان مغناطیسی تولید شده، آرتیفکت‌های ذاتی بیشتر دستگاه به دلیل گرم شدن بدن بیمار هنگام اعمال میدان مغناطیسی بالا و افزایش میزان تابش الکترومغناطیس به بیمار و تکنیک‌های تصویر برداری وجود دارد، بطور ساده با هزینه کمتر و با دقت بالاتر و در زمان کمتری انجام دهد. و نیز با تشخیص ماده سفید به ظاهر سالم بافت مغز (قبل از تخریب سد خونی مغزی) بتوان قبل از دست رفتن غلاف میلین محل ضایعه را شناسایی کرد. در آخر، هدف اصلی بدست آوردن یک روش ناحیه خودکار و تکرار پذیر است. بطوریکه قادر به پردازش صدها یا هزاران تصویر مورد نیاز برای کاربردهای علمی و یا کلینیکی باشد.

۱-۵ هدف از قطعه بندی تصاویر

امروزه در زمینه‌های پزشکی، تصویر برداری پزشکی یک جزء حیاتی در بسیاری از برنامه‌های کاربردی است. مانند برنامه‌های کاربردی که در سراسر مسیر بالینی وقایع، نه تنها در تنظیمات تشخیص، بلکه در ناحیه آماده سازی، انجام و ارزیابی قبل از عمل جراحی نیز قرار می‌گیرند. فرآیند قطعه بندی خودکار برای غلبه بر مشکل قطعه بندی دستی است. قطعه بندی بسیار دقیقی برای معرفی بافت‌های غیر طبیعی مانند ضایعات و اختلالات، در صورت وجود، مورد نیاز است و می‌تواند در سطح خرد دسته بندی شود. یکی از اهداف اصلی، که قطعه بندی تصاویر پزشکی دنبال می‌کند، قطعه بندی آن به ساختارهای آناتومی متفاوتی می‌باشد، که به موجب آن بتوان مولفه‌های مد نظر اعم از رگ‌های خونی و یا تومورها را از تصویر کلی، مجزا ساخت [۱].

در اینجا، حالت‌های تصویر برداری مانند CT (تومورگرافی محاسبه شده)، MRI (تصویر برداری تشدید مغناطیسی)، PET (تومورگرافی گسیل پزیترون) و غیره تعداد بسیار زیادی اطلاعات تصویر تولید می‌کنند. نه تنها اندازه قدرت تفکیک تصاویر با رشد تکنولوژی بهبود می‌یابد، بلکه تعداد ابعاد نیز افزایش می‌یابد. در گذشته، کارمندان پزشکی تصاویر دو بعدی تولید شده توسط اشعه ایکس را مطالعه می‌کردند.

حتی داده های چهار بعدی (تغییر تصاویر سه بعدی با گذر زمان مانند فیلم) نیز اغلب استفاده می شوند. این افزایش در اندازه و بعد، چالش های فنی عمده و همچنین شناختی ایجاد می کنند. چگونه ما همه این داده ها را ذخیره کرده و انتقال می دهیم و چگونه می توانیم آنها را دیده و اطلاعات مناسبی را پیدا کنیم؟

این جایی است که الگوریتم های اتوماتیک یا نیمه اتوماتیک مورد نظر می باشند. ایده آل این است که الگوریتم هایی داشته باشیم که بتوانند بطور اتوماتیک بیماری ها، زخم ها و تومور ها (غده ها) را تشخیص داده و مکان آنها را در تصاویر بزرگتری برجسته کنند. اما پیچیدگی دیگری به وجود خواهد آمد و این مساله خصوصاً در برنامه های کاربردی پزشکی حائز اهمیت است ما نمی خواهیم الگوریتم اخطارهای اشتباهی بدهند. بنابر این، تولید الگوریتم هایی برای تحلیل تصاویر پزشکی نیاز به تایید اعتبار دارد تا در عمل نیز نتایج موثری داشته باشد. این امر بعد دیگری به فرآیند تحقیق اضافه می کند که شامل ارتباط بین دو دنیای متفاوت، دنیای پزشکی با مرکزیت بیمار و دنیای فنی با مرکزیت کامپیوتر می شود. همزیستی بین این دو به سختی ایجاد می شود و نیاز به تلاش های بسیاری از هر دو قسمت برای پیوستن به هدفی مشترک دارد. قطعه بندی تصویر، به معنی تقسیم بندی یک تصویر به قسمت های همگن، یکی از مسائل بنیادی در کاربردهای مختلف شامل نه فقط سنجش از راه دور بلکه تصویر برداری اپتیکی و تحلیل تصویر پزشکی می باشد. اگرچه گام های بزرگی در طرح کلی تقسیم بندی تصویر برداشته شده است، همچنان چالش های دشوار بسیاری برای این مساله مخصوصاً برای تصاویر پزشکی وجود دارد. در اینجا قصد ارائه روشی جدید مبتنی بر کانتورهای فعال داریم این روش با استفاده از پروسه ای مبنی بر فیلتر حوزه فرکانس از روش های مجموعه سطح می باشد. برای استفاده از این روش ابتدا با استفاده از حوزه فرکانس تصویر را رگولار می کنیم.

۱-۶ اهمیت قطعه بندی تصاویر

باتوجه به اهمیت سیستم مغزی در بدن انسان و متأسفانه بروز برخی مشکلات در این قسمت و اهمیت موضوع در تشخیص صحیح ضایعات مغزی که با استفاده از عکسبرداری MRI انجام می شود لذا وضوح تصویر در این روش بسیار حائز اهمیت می باشد و تشخیص ناصحیح ممکن است تبعات جبران ناپذیری برای بیمار داشته باشد. پس هر چقدر تصویر با وضوح و کیفیت و کنتراست بالاتری ثبت شود امکان خطا در تشخیص بیماری به حداقل ممکن و کمک شایانی به تیم پزشکی خواهد شد.

۷-۱ شناسایی و جدا سازی تومور

هدف اصلی شناسایی و جدا سازی تومور در تصاویر CT Scan و MRI بود که نظیر تشخیص سایز، نوع و غیره می تواند نقش پایه ای داشته باشند. شبیه سازی، شناسایی و استخراج تومور از تصاویر CT Scan و MRI مغز به وسیله نرم افزار Matlab انجام شده است. از بین چندین تصویر دارای تومور، محدوده تومور مشخص می شود. روش پیشنهادی در این پایان نامه مبتنی بر هیستوگرام رنگ است که می تواند در زمان بسیار کمی محدوده تومور را شناسایی نماید. ورودی یک مجموعه ای از برش های CT Scan و MRI از بیماران مورد مطالعه است و خروجی بخش هایی از برش ها که شامل یک چهار ضلعی که تومور را احاطه کرده است.

بر اساس روش شناسایی تغییر بوده که فرآیند تشخیص تغییر از یک تابع امتیاز بر مبنای ضریب و فاصله مورد استفاده قرار می گیرد. که بر مبنای هیستوگرام های شدت روشنایی سطح خاکستری محاسبه می شود. از ترکیب قابلیت های موجود در شبکه های عصبی و روش های مبتنی بر هیستوگرام یک سیستم با کارایی و قابل اطمینان بالا جهت تشخیص وجود تومور در تصاویر را مورد استفاده قرار می دهیم.

۸-۱ پرسش های اساسی پایان نامه

- ۱- آیا استفاده از کانتورهای فعال تعیین سطح می تواند باعث افزایش دقت قطعه بندی تصاویر پزشکی مغز شود؟
- ۲- آیا روش پیشنهادی می تواند حساسیت قطعه بندی تصویر را بهبود دهد؟
- ۳- آیا استفاده از کانتورهای فعال تعیین سطح می تواند باعث افزایش دقت قطعه بندی تصاویر پزشکی مغز شود؟
- ۴- آیا استفاده از کانتورهای فعال تعیین سطح می تواند باعث ارتقاء و کاهش نویز در تصاویر پزشکی مغز شود؟

۹-۱ معیار ارزیابی

برای بررسی عملکرد سیستم های تشخیص کامپیوتری بصورت عمده از شاخص های گوناگونی استفاده می شود. و در پژوهش های متعدد بررسی عملکرد این سیستم ها یکدست و براساس شاخص ثابت سنجیده نمی شود اما بطور کلی این سیستم ها در دسته تقسیم بندی محسوب می شوند.

اگر تصاویر حاوی تومور را برابر کلاس Positive تصاویری که دارای تومور نیستند را برابر با کلاس Negative در نظر بگیریم. در نتیجه می توان نتیجه گرفت که تصاویری را که حاوی تومور است و سیستم تومور را در آنها درست تشخیص می دهد را به عنوان Positive True و همچنین تصاویری که دارای تومور نیستند را سیستم به درستی تشخیص ندهد که دارای تومور نیستند را به عنوان Negative False در نظر بگیریم.

TP: برابر است با تعداد بیماران مبتلا به تومور که سیستم تشخیص کامپیوتری آنها بصورت صحیح تومور دار تشخیص داده است.

TN: برابر است با تعداد افراد سالم که سیستم تشخیص کامپیوتری آنها بصورت صحیح تومور دار تشخیص داده است.

FP: برابر است با تعداد بیماران مبتلا به تومور که سیستم تشخیص کامپیوتری آنها بصورت اشتباه تومور دار تشخیص داده است.

FN: برابر است با تعداد افراد سالم که سیستم تشخیص کامپیوتری آنها بصورت اشتباه تومور دار تشخیص داده است.

متغیرهای ورودی عبارتند از: تصویر پزشکی مغز، پارامترهای کانتورهای فعال تعیین سطح

متغیرهای خروجی عبارتند از: حساسیت روش پیشنهادی، دقت قطعه بندی

حساسیت (TPR): عبارتند است از نسبت تعداد پیکسل هایی که بدرستی به عنوان تومور تشخیص داده شده اند،

بر تعداد کل پیکسل های تومور در تصویر اولیه:

دقت: یکی از مهمترین معیارهای ارزیابی نتایج است و به صورت زیر تعریف می گردد.

(۱-۱)

$$Sensitivity = \frac{TP}{TP + FN} \times 100$$

$$Specificity = \frac{TN}{TN + FP} \times 100$$

$$Accuracy = \frac{TP + TN}{TP + TN + FN + FP} \times 100$$

$$Dice\ Similarity\ Score = \frac{2(TP)}{2(TP) + FN + FP} \times 100$$

$$Jaccard\ Similarity\ Index = \frac{TP}{TP + FN + FP} \times 100$$

۱-۱۰ شناسایی و استخراج تومور

هدف اصلی شناسایی و جدا سازی تومور در تصاویر MRI بود که در کاربردهایی نظیر تشخیص سائز، نوع و غیره می تواند نقش پایه ای داشته باشند. شبیه سازی، شناسایی و استخراج تومور از تصاویر MRI مغز به وسیله نرم افزار متلب انجام شده است. از بین چندین تصویر دارای تومور، محدوده تومور مشخص می شود. روش پیشنهادی مبتنی بر هیستوگرام رنگ است که، می تواند در زمان بسیار کمی محدوده تومور را شناسایی نماید. ورودی یک مجموعه ای از برش های MRI از بیماران مورد مطالعه است و خروجی بخش هایی از برش ها که شامل یک چهار ضلعی که تومور را احاطه کرده است، می باشد.

۱-۱۱ مشکلات روش های قطعه بندی

تصاویر پزشکی تصاویر پیچیده ای هستند و دارای جزئیات زیادی می باشند. روش های قطعه بندی سطح بالا، در قطعه بندی تصاویر پزشکی به نسبت روش های قطعه بندی سطح پایین و سطح متوسط به خوبی عمل کرده اند، اما این روش ها دارای مشکلاتی همچون بار محاسباتی زیاد و دقت قطعه بندی پایین می باشند. در هیچ یک از الگوریتم های قطعه بندی بررسی شده در بخش قبل، مرحله پیش پردازش تصویر، قبل از قطعه بندی انجام نشده است. در روش پیشنهادی سعی شده است تا به وسیله پیش پردازش با فیلترهای مناسب، قبل از قطعه بندی، مشکلات قطعه بندی را تا حدودی بهبود یابند. در اکثر روش های مورد استفاده در پیش پردازش و قطعه بندی مشکلات آشکار وجود داشت که سبب نقصان روند بهبود تصاویر می گردید. الگوریتم بالاگذر و تاکید بر فرکانس بالا در دو حالت گوسین و باترورث که در حوزه فرکانس پردازش تصویر قرار داشتند به جهت بهبود کیفیت بافت سخت در تصاویر رادیولوژی پزشکی استفاده نماییم. همچنین در حیطه قطعه بندی از میان اکثر روش های پرکاربرد، چهار نمونه الگوریتم قطعه بندی که زیرمجموعه روش های دگر شکل پذیر هندسی بر اساس تئوری تکامل منحنی و نمایش مرز اشیاء با استفاده از سطح تراز، بودند. به دلیل خصوصیتی از جمله حساسیت کم به کانتر اولیه و نویز و مقدار دهی اولیه، توانایی در قطعه بندی مرزهای پیچیده و فرورفتگی ها و تصاویر با زمینه پیچیده، موفق عمل کردن در قطعه بندی مرزهای مبهم و دارای گسستگی، موفقیت در یافتن لبه های ضعیف اشیاء در کنار لبه های قوی، موفقیت در یافتن کانترهای درونی یک شیء، نمایش پیوسته تابع ضمنی و حجم محاسبات کمتر نسبت به روش های دیگر مورد استفاده قرار گرفته اند.

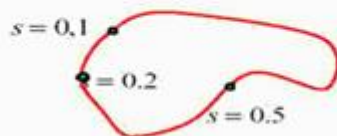
۱۲-۱ کانتور فعال (Active Contour)

اولین بار این مدل کانتور فعال توسط کاس در سال ۱۹۸۷ معرفی شد. کانتور در واقع مرزهای خارجی تصویر هست یک منحنی بسته که تمام تصویر در آن جای می گیرد و هرچه الگوریتم های پردازش تصویر در زمینه یافتن کانتور تصویر بیشتر دقیق باشند ، این منحنی بسته به لبه های خارجی تصویر نزدیکتر هستند. از یک مدل مرز فعال مبتنی بر محتوا برای بخش بندی تومور استفاده شده است. در این سیستم ابتدا کانتور اولیه توسط رادیولوژیست در منطقه تومور نشانه گذاری شده و سپس خصوصیات بافت و شدت آن تخمین زده می شود و با استفاده از آن نقشه لبه تومور ایجاد می گردد که از آن جهت تولید میدان و تشکیل بخشی از هدایت انرژی خارجی تغییر شکل حرکتی ایستا شکل کانتور استفاده می شود.

در مرحله بعد میدان حرکتی ایستا و برای هدایت مکرر کانتور به سمت مرزهای میدان حرکتی پویا تومور تولید می شوند. تغییر شکل کانتور با محدود کردن تعداد تکرار و یا رسیدن به معیارهای ثابت متوقف می شود. کاملاً خودکار نبودن، از مشکلات این روش است. بخش هایی از تصویر که مد نظرمان هست را استخراج کنیم. مدل های دگر شکل پذیر کانتور فعال منحنی را روی تکرارهایی که متوالی انجام می دهیم که به شکل مورد نظر ست می کند. برای تصاویری که دچار نویز هستند که اطلاعات مصنوعی به تصویر اضافه شده است یا تصاویری که لبه های ضعیفی دارند. (لبه هایی که قابل شناسایی وجود ندارد). روش کانتور فعال لبه های آن شی را با لبه های آن شناسایی می کنیم. لبه های شی را به شکل منحنی پارامتریک در نظر می گیریم و یک تابع انرژی را به هم ربط می دهد و آن منحنی پارامتریک، منحنی که باید حرکت کند از یکسری انرژی ها تشکیل شده انرژی ها حداقل یا کمینه شود و منحنی حرکت کند که به محل مورد نظر برسد. یک منحنی اولیه نزدیک به مرز شی تعریف کنیم سپس تعریف به مدل مار این منحنی تغییر شکل حرکت کند و به سمت مرزهای مربوطه ، مدل را بر مبنای انرژی در نظر می گیریم. منحنی اولیه را بر مبنای یکسری انرژی تعریف می کنیم ، انرژی ها را حداقل یا کمینه کنیم و در طول زمان انرژی ها به حداقل انرژی می رسد آنجا محلی است که مرز شی وجود دارد.

بازنمایی منحنی پارامتری (مورد مداوم)

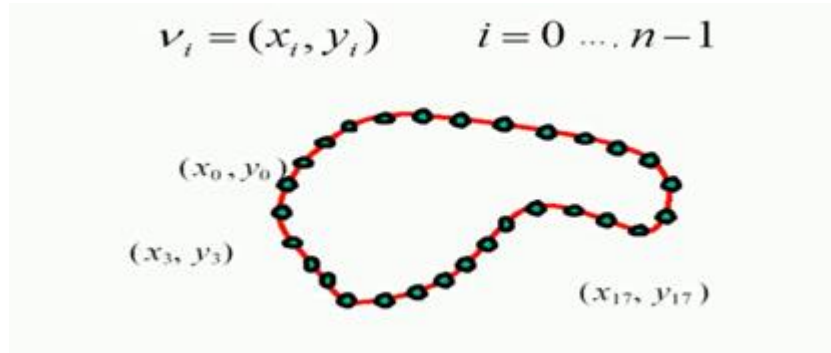
$$v(s) = (x(s), y(s)) \quad 0 \leq s \leq 1$$



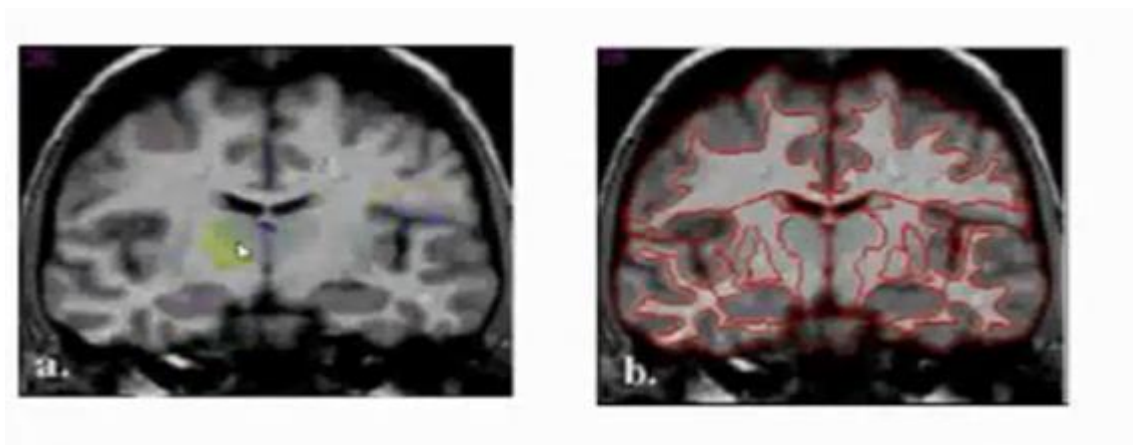
شکل ۱-۱- بازنمایی منحنی پارامتری (مورد مداوم)

بازنمایی منحنی پارامتری (شکل گسسته)

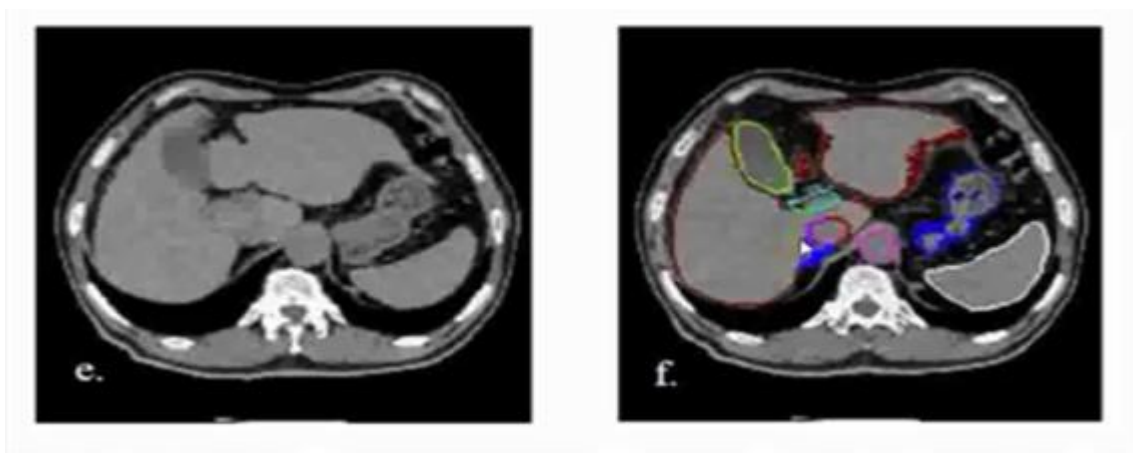
نمایش دوره با مجموعه ای از نقاط مختلف



شکل ۱-۲- بازنمایی منحنی پارامتری (شکل گسسته)



شکل ۱-۳- (a) تصویر اصلی از مغز (b) قطعه بندی از قسمت های مغز



شکل ۱-۴- (e) تصویر اصلی از شکم (f) قطعه بندی از قسمتهای شکم

۱-۱۳ دلایل انتخاب موضوع مورد مطالعه و لزوم انجام آن

تومورهای مغزی یکی از مهمترین موارد مرگ و میر در انواع سرطان ها می باشند، بنابراین مطالعه تومورهای مغزی مهم و حائز اهمیت می باشد. تصاویر تشدید مغناطیسی در تشخیص تومورهای مغزی استفاده می شوند. تحلیل تومورهای مغزی توسط پزشکان صورت می گیرد اما پزشکان روشی برای پیدا کردن تومورهای مغزی که بتواند به صورت استاندارد مورد استفاده قرار گیرد، در اختیار ندارند. رادیولوژیست ها از تصاویر MRI اطلاعاتی نظیر مکان تومور را بدست می آورند که یک راه آسان برای تشخیص تومور جهت ارائه طرحی برای جراحی و پرتودرمانی استفاده از روش های داده کاوی و یا شبکه های عصبی می باشد.

خستگی و یا کار زیاد رادیولوژیست از جمله مواردی است که باعث خطا در تشخیص می شود. همچنین عوامل زیادی مانند نویز تصاویر از جمله عوامل مهمی است که باعث تشخیص نادرست در درمان می شود. قطعه بندی تصاویر پزشکی به دلیل فراهم ساختن اطلاعات مفیدی درباره ساختار بدن انسان حائز اهمیت است. این اطلاعات برای به تصویر کشیدن آسیب ها یا پیگیری پیشرفت بیماری و بررسی نیاز به اقدامات درمانی مناسب، کمک فراوانی به رادیولوژیست ها می کنند. تکنیک های قطعه بندی تصاویر کار بسیار ارزشمندی در بسیاری از حوزه ها مثل تعیین مقدار حجم بافت، تشخیص پزشکی، پاتولوژی، مطالعه ساختار تشریحی درمان برنامه ریزی، اصلاح بخشی از حجم عملکردی داده های تصویر برداری، و عمل های جراحی که کامپیوتر در آنها دخیل است.

قطعه بندی تصویر هنوز یک مسئله قابل بحث است در حالیکه تحقیقات بسیاری روی آن در دهه اخیر انجام شده است. روش قطعه بندی تصاویر پزشکی کلاً دارای محدودیت هایی است، بخاطر اینکه تصاویر پزشکی دارای تصاویر بسیار مشابه ای با زمینه خاکستری و بافت هایی در میان اشیاء مورد نظر دارد. بنابراین، خطا در قطعه بندی ممکن است روی دهد. با توجه به این مطلب در این پایان نامه سعی در کاهش خطا و افزایش دقت قطعه بندی هستیم. MS بیماری پیچیده ای است به گونه ای که آن را "بیماری هزار چهره" نام نهاده اند. یک علت این پیچیدگی گوناگونی علائمی است که می تواند ایجاد کند. این گوناگونی سبب می شود که گاهی با بیماری های دیگر اشتباه شود، و یا برعکس بیماریهای دیگر با آن اشتباه شوند. یک بیماری التهابی که در آن غلاف های میلین سلول های عصبی در مغز و نخاع آسیب می بینند. این آسیب دیدگی در تمامی بخش هایی از سیستم عصبی که مسئول ارتباط هستند می تواند اختلال ایجاد کند، و باعث به وجود آمدن علائم و نشانه های زیاد جسمی شود. MS بطور خاصی بیماری "سخت تحقیقی" است. اگرچه در حال حاضر هزاران نفر محقق در حال انجام مطالعات بالینی MS هستند اما باید اعتراف کرد که بیماری MS از دیدگاه تحقیق، بیماری "سخت تحقیقی"

است به چه دلائلی می گوئیم تحقیقات در MS دشوار است؟

۱- علت بیماری MS نامعلوم است. اگرچه بطور عموم باور داریم که علت بیماری MS مجموعه ای از فاکتورهای ژنتیک، محیطی و ایمنولوژیک است اما چون سالها طول می کشد تا برای فردی تشخیص بیماری MS گذاشته شود و از طرفی متغیرهای زیادی وجود دارند که بر بیماری اثر گذارند، تعیین علت دقیق آن کار دشواری است.

۲- هدف بیماری MS دو ناحیه کاملاً دست نیافتنی از بدن یعنی مغز و نخاع است و محققان فقط از سال 1980 به بعد که MRI در دسترس قرار گرفت، قادر شدند ضایعات بیماری را مشاهده و بررسی کنند.

۳- هیچ الگوی خاصی برای بیماری وجود ندارد. سیر بیماری قابل پیش بینی نیست و رابطه تنگاتنگی بین ضایعات در MRI و حملات بیماری و یا میزان ناتوانی وجود ندارد.

در کنار این ها، هیچ تست تشخیصی خاصی برای بیماری موجود نیست. همه این عوامل را که کنارهم بگذاریم می بینیم که انجام مطالعات بالینی MS و کشف راز و رمزهای آن، کار آسانی نیست و شاید بدلیل همین سختی هاست که هنوز حتی علت بیماری را بدرستی نمی دانیم. ولی آنچه مسلم است این سختی ها محققین را نا امید نکرده است و نخواهد کرد و بدین گونه است که هرروز شاهد به ثمر رسیدن مطالعات زیادی در زمینه بیماری MS هستیم. ام آر آی یک نقش انکارناپذیر در تشخیص این بیماری دارد.

بطور خلاصه MRI چهار نقش در MS دارد: ۱- تشخیص ۲- بررسی پاسخ به درمان ۳- آینده بیماری ۴- رد علل دیگر یافته های MS در MRI اختصاصی نیستند و در بیماری های زیاد دیگری هم دیده می شوند.

بیش از ۱۰ تا ۱۵ بیماری است که می تواند در MRI مغز ضایعاتی ایجاد کنند که کاملاً شبیه MS است و اگر پزشک رادیولوژیست تجربه کافی نداشته باشد آنرا MS گزارش می کند و متخصصین مغز و اعصاب نیز براساس آن ممکن است به درمان آن پردازند. تشخیص MS در MRI دارای ضابطه و قواعد خاصی است که یک کمیته بین المللی MS تقریباً در جلسات سالانه آنها را مشخص کرده است. از چند سال پیش تا کنون معیارهای تشخیص MS خیلی فرق کرده است، امروزه با ۲ تا ۳ ضایعه کوچک در ماده سفید مغز که می تواند پراکنده و در جاهایی باشد که توسط افراد کم تجربه به راحتی دیده نشود بیماری را تشخیص می دهند، یعنی گاهی ضایعات در یک مناطقی از مغز قرار می گیرد که ممکن است هر گزارش کننده MRI آن را نبیند و MRI آن را نرمال گزارش کند، در حالیکه افراد با تجربه به علت اطلاع از بیماری و اینکه در چه مناطقی می تواند مغز را درگیر کند آنها را پیدا می کند. هدف از انجام این پژوهش معرفی تکنیکی است که بتواند بطور اتوماتیک ضایعات بیماری MS را در تصاویر MRI مغز قطعه بندی شده با کمک ویولت و شبکه عصبی تشخیص داده و کاربرد درمانی و کلینیکی داشته باشد.

یکی از مراحل اساسی در پردازش تصویر قطعه بندی می باشد ، فرایندی است که تصویر را به نواحی جدا از هم به گونه ای تقسیم می کند که هر ناحیه مجموعه ای از پیکسل های مجاور و متصل به هم باشد . تا کنون روش های بسیاری برای قطعه بندی تصویر انجام گرفته شده است که از جمله می توان به روش های آماری ، روش های خوشه بندی فازی ، روش های بهینه سازی و روش های مبتنی بر گراف اشاره کرد . یکی از روش های تشخیص این بیماری قطعه بندی ضایعه در تصاویر MRI است . قطعه بندی یعنی فرآیند تقسیم بندی کردن یک تصویر دیجیتال به قطعه های مختلف (مجموعه ای از پیکسل ها) ، هدف از انجام قطعه بندی ، ساده سازی یک تصویر به چیزهایی است که معنی دارتر بوده . بطوری که راحت تر می توان تصویر را آنالیز کرد. قطعه بندی تصویر معمولاً به منظور پیدا کردن یک object و یا یک سری مرز (خطوط ، منحنی و ...) در تصاویر است . و بطور دقیق تر، قطعه بندی تصویر فرآیند تخصیص دادن برجسب به هر پیکسل یک تصویر است . بطوریکه پیکسل ها یی با برجسب های مشابه دارای ویژگیهای مشخص و متشابه به هم هستند . اساسی ترین ویژگی در قطعه بندی یک تصویر تک رنگ، میزان شدت رنگ تصویر در یک تصویر رنگی، مولفه ای رنگی آن تصویر است. همچنین لبه های تصویر و بافت آن جزء ویژگی های مهم در قطعه بندی می باشد. شبکه عصبی یک سامانه پردازشی داده ها است که از مغز انسان ایده گرفته و پردازش داده ها را به عهده پردازنده های کوچک و بسیار زیادی سپرده که بصورت شبکه به هم پیوسته و موازی با یکدیگر رفتار می کنند تا یک مساله را حل نمایند . شبکه های عصبی دارای قابلیت های بسیار زیادی می باشند که شامل:

۱- قدرت انطباق مناسب با تغییرات محیط (با تغییر اهمیت ورودهای مختلف) ۲- قدرت تعمیم بالا (در شرایطی که میزان داده کافی در اختیار نباشد) ۳- قابلیت تحمل خطا (حفظ عملکرد مطلوب در فرآیند یادگیری حتی در شرایطی که داده های ورودی ، حاوی نویز باشد) طبقه بندی اطلاعات . پیشگویی ، تخمین توابع ناشناخته ، یادگیری تطبیقی (اصلاح خطا و پردازش موازی) ، خودسازماندهی ، عملکردهای بی درنگ ، پایداری ، انعطاف پذیری ، محاسبات غیر خطی و بهینه ساز، از ویژگی های شبکه عصبی است . تبدیل ویولت برای بخش بندی و استخراج ویژگی تصاویر پزشکی بر مبنای بافت ، بر اساس تبدیلات خطی یا استخراج چند رزولوشنه اشکال پیشنهاد می شود، برای استفاده از این روش ابتدا هیستوگرام سطح خاکستری تصاویر پزشکی به همراه نویز با استفاده از تبدیل چند رزولوشنه ویولت پردازش می شود، سپس آستانه خاکستری به تدریج انجام ، از مقیاس بزرگ تا کوچک پدیدار می شود. روش کلی به این صورت است که ابتدا هیستوگرام تصویر، به ضرایب ویولت در سطوح مختلف تجزیه می شود، سپس مقدار آستانه بر مبنای ضرایب ویولت و ملاک بخش بندی تعیین می شود و در آخر بخش های تقسیم شده و مشخص شده از سطح آستانه استفاده می کنند:

۱- در تبدیل ویولت، از سیگنال پنجره شده، تبدیل فوریه گرفته نمی شود و بنابراین پیک های منفرد متناظر با یک سینوسی، یا به عبارت دیگر فرکانس های منفی محاسبه نمی شود.

۲- در تبدیل ویولت، عرض پنجره به موازات تغییر مؤلفه های فرکانسی تغییر می کند که به طور حتم مهمترین ویژگی تبدیل ویولت است.

واژه ویولت به معنای موج کوچک است که در برخی ترجمه ها، تعبیر موجک برای آن آورده شده است. دلیل استفاده از واژه کوچک، محدود بودن و کوتاه بودن تابع پنجره می باشد. علت استفاده از واژه موج نیز به دلیل ماهیت نوسانی این تابع است. در تبدیل ویولت به جای فرکانس، پارامتر مقیاس وجود دارد. همانگونه که از معنی این پارامتر برمی آید، نوعی مفهوم مقیاس درون آن نهفته است.

درست به مانند مفهوم مقیاس در نقشه، در تبدیل ویولت نیز مقیاس های بزرگ، متناظر با یک دید کلی (فارغ از جزئیات) به سیگنال است (متناظر با فرکانس های پائین) و مقیاس های کوچک، متناظر با نگاه به جزئیات سیگنال است و لذا در تناظر با فرکانس های بالا خواهد بود. نقاط پیک هیستوگرام، با آشکارسازی نقاط تکی یا گسترده در تبدیل ویولت مشخص می شوند. نقاط پیک و دره در تبدیل ویولت، مقدار سطح خاکستری و آستانه در تصویر را مشخص می کند. بخش بندی آستانه ای تصویر با استفاده از اشکال چندرزلوشنه تبدیل ویولت تحقق می یابد. سیگنال هیستوگرام یک بعدی تصویر به وسیله تبدیل ویولت پردازش شده، سپس نقاط تغییر ناگهانی سیگنال هیستوگرام پیدا شده و بعد از آن نقاط دره ی بین دو پیک، به عنوان آستانه بخش بندی انتخاب می شود، و این اصل اولیه استفاده از تبدیل ویولت در بخش بندی تصویر است. برای هیستوگرام تصویر، ضرایب تجزیه ویولت در هر لایه، جزئیات سیگنال را در رزلوشن های مختلف نشان می دهد.

ضرایب و تخمین های ویولت با هم، هیستوگرام تجزیه شده چند رزلوشنه را می سازد. نقاط پیک و دره هیستوگرام با نقاط بی نهایت و گذر از صفر مشخص می شوند. نقاط دره به عنوان آستانه بخش بندی تصویر و نقاط میانگین بین دو آستانه، به عنوان مقادیر سطح خاکستری بین آنها در نظر گرفته می شوند. ویولت رزلوشن زمانی خوبی را برای فرکانس های بالا و رزلوشن فرکانسی خوبی را برای فرکانسهای پایین ارائه می دهد. اطلاعات کافی و مناسبی را هم در مورد تجزیه و هم ترکیب سیگنال اصلی یا درصد قابل توجهی در زمان محاسبات ارائه می دهد. فیلترهای از فرکانس های قطع مختلف برای تجزیه سیگنال در مقیاس های متفاوت استفاده می شوند. سیگنال از یک سری فیلتر های بالا گذر و پایین گذر برای تجزیه فرکانس های بالا و پایین عبور داده می شود. درجه تفکیک پذیری سیگنال با عملیات فیلترینگ تغییر می کند. و مقیاس با عملیات Up Down Sampling. Sampling Sub Sampling تغییر می کند. سیگنال را در فرکانس های مختلف با رزلوشن های متفاوت با تجزیه سیگنال به تقریب Approximation کلی و اطلاعات جزئیات detail تحلیل می کند.

تبدیل ویولت نويز را در مقياس بزرگ کاهش داده ولبه ها را در مقياس پايين مشخص می کند. تبدیل ویولت در واقع مشکلاتی را که الگوریتم های کلاسیک و سنتی نمی توانستند حل کنند را حل کرده است. در تبدیل ویولت تصویر به دودسته ضرایب اندازه بزرگ و ضرایب اندازه کوچک تقسیم می شود. ضرایب اندازه بزرگ در بردارنده ویژگی های اصلی تصویر و ضرایب اندازه کوچک نیز اساساً در بردارنده اثرات مخرب (نظیر نویز) می باشد. تبدیل موجک تصویر را به چهار باند فرعی در هر بزرگنمایی تقسیم می کند و باند فرعی که پايين ترين فرکانس را دارد مجدداً به چهار باند دیگر تقسیم می گردد.

ویولت در واقع یک تکنیک پنجره سازی با ناحیه هایی با ساینز متغیر است. این تحلیل اجازه استفاده از بازه های زمانی طولانی را برای اطلاعات فرکانس پايين و بازه های زمانی کوتاه را برای اطلاعات فرکانسی بالا می دهد. تبدیل ویولت حاصل شباهت سنجی (کورولیشن) بین محتوای فرکانسی (مقياس) سیگنال و تابع ویولت در مقياس های مختلف است.

۱-۱۴ خلاصه فصل ۱

باتوجه به اهمیت سیستم مغزی در بدن انسان و متأسفانه بروز برخی مشکلات در این قسمت و اهمیت موضوع در تشخیص صحیح ضایعات مغزی که با استفاده از عکسبرداری MRI انجام می شود لذا وضوح تصویر در این روش بسیار حائز اهمیت می باشد و تشخیص ناصحیح ممکن است تبعات جبران ناپذیری برای بیمار داشته باشد. پس هر چقدر تصویر با وضوح و کیفیت و کنتراست بالاتری ثبت شود امکان خطا در تشخیص بیماری به حداقل ممکن و کمک شایانی به تیم پزشکی در درمان هر چه بیشتر بیماران خواهد شد.

۱-۱۵ مروری بر فصول پایان نامه

ابتدا در فصل دوم مروری بر مقالات و کارهای دیگران (مروری بر کارهای پیشین) اشاره می شود.

در فصل سوم نیز به ساختار الگوریتم و نحوه کشف ناحیه مشکوک به تومور و استخراج تومور پرداخته می شود.

در فصل چهارم به روند پیاده سازی و یافته ها و نتایج آزمایشات مورد بحث قرار می گیرد.

و در نهایت فصل پنجم و نتیجه گیری از فرآیند قطعه بندی تصاویر و تشخیص ناحیه تومور در تصاویر MRI مغز مورد بحث قرار می گیرد.

فصل ۲ مروری بر مقالات و کارهای دیگران

۲-۱ مروری بر کارهای پیشین

روشی جهت طبقه بندی تصاویر تومور مغزی با اعمال جداگانه تبدیل گسسته کسینوسی و تبدیل موجک گسسته و سپس استفاده از شبکه عصبی احتمالی ارائه داده اند. آنها همچنین از آنروپی و انرژی تصویر نیز به عنوان ویژگی بهره جسته اند [۱].

از ماشین بردار پشتیبان برای طبقه بندی تومور مغزی تصاویر CT بکار گرفته اند و با بررسی دو دسته مختلف ماشین بردار پشتیبان به این نتیجه رسیده اند که RBF-SVM به نتیجه بهتری می رسد. آنها دو عامل "محل" و "شدت" را بعنوان ویژگی در نظر گرفته اند. این ویژگی ها با استفاده از پنج مستطیل و پنج نقطه از ناحیه تومور و یاغیر تومور عکس بدست آورده شده اند [۲].

ایده جدیدی با استفاده از انتخاب برخی نقاط "بذری" در تصویر MRI T1 که قبلاً کنتراست آن بهبود داده شده ارائه داده اند. در این روش پژوهش نقاط بذر مربوط به ناحیه تومور یا سایر نسوج با استفاده از ترکیبی از روش های تبدیل موجک و نقشه های لبه تصویر و همچنین روش های شکل شناسی انتخاب می شوند، سپس این نقاط رشد داده می شوند تا تصویر به نواحی مختلف بخش بندی شود [۳].

محققان در روش پیشنهادی خود به نام WSFTA ابتدا تبدیل موجک را بر تصویر اعمال کرده و سپس ویژگی های بافت تصویر را با استفاده از اعمال "آنالیز بافت فرکتال مبتنی بر طبقه بندی" بر تصویر تجزیه شده فرکانس پایین استخراج می کنند. پس از آن یک شبکه عصبی پیشرو دو لایه برای طبقه بندی تصویر MRI مغز به دو قسمت بافت نرمال و بافت غیر نرمال استفاده می شود [۴].

تحلیل گران استفاده از معیارهای "دقت طبقه بندی" و "متوسط مربع خطا" MSE نشان داده اند که روش پیشنهادی در مقایسه با روش "ماتریس هم رخدادی سطح خاکستری GLCM" و روش ویژگی بافت هارلیک عملکرد بهتری دارد. روشی بر مبنای استفاده از "شبکه عصبی کوپل شده با پالس PCNN" توسط سوباشینی و ساهو ارائه شده است [۵].

در اینجا، ابتدا مرحله پیش پردازش شامل رفع نویز، بهبود کنتراست و همچنین حذف آرتیفکت های ناشی از کیفیت تصویر برداری روی تصویر اعمال می شود و سپس ویژگی های مختلفی مانند شدت پیکسل ها، لبه ها و بافت استخراج شده و با استفاده از شبکه PCNN عمل بخش بندی تصویر به دو بخش حاوی تومور انجام می شود. برای تشخیص تومور مغزی از الگوریتم اصلاح شده ماشین بردار پشتیبان استفاده شده است. در این پایان نامه روش (SVM) جهت تشخیص ظهور تومور ها در تصاویر MRI مغز توسعه داده می شود. برای بهبود عملکرد در این پایان نامه، الگوریتم ماشین بردار پشتیبان به SLFA SVM توسعه داده شده است که باعث افزایش میزان کارایی سیستم گردیده است [۶].

طبقه بندی سرطان مغزی MRI با استفاده از طبقه بندی هایبیرید صورت گرفته است. در این پایان نامه یک سیستم برای تشخیص تصاویر طبیعی و غیر طبیعی MRI مغز را ارائه می دهد. الگوریتم هایبیرید استفاده شده است [۷].

پژوهشگران یک تکنیک تقسیم بندی تصویر برای شناسایی تومور توسط MRI ارائه کرده اند. تکنیک های آستانه سازی موجود نتایج متفاوتی در هر تصویر تولید کردند. بنابراین برای رسیدن به یک نتیجه رضایت بخش در تصویر تومور مغزی، آن ها یک روش ارائه کرده اند که یافتن تومور به طور منحصر به فرد انجام شد [۲۱].

محققان روشی مبتنی بر کامپیوتر برای شناسایی دقیق محدوده تومور در مغز توسط تصویر های MRI، ارائه کرده اند. در اینجا طبقه بندی بر روی تصویر تومور مغزی انجام گرفته است تا معلوم شود که تومور از نوع خوش خیم یا بدخیم است. مراحل موجود در الگوریتم پیشنهادی شامل پردازش، تقسیم بندی تصویر، استخراج خصوصیات و طبقه بندی تصویر از طریق تکنیک های شبکه عصبی می باشد. در نهایت، با استفاده از تکنیک محدوده مورد نظر، حدود تومور مکان یابی شده است [۲۲].

اندیشمندان یک الگوریتم CSM برای تقسیم بندی MRI مغز به منظور یافتن منطقه دقیق تومور مغزی، پیشنهاد کرده اند CSM توجه بسیاری به خود جلب کرده است. زیرا در مقایسه با سایر فرآیندهای ادغامی نتایج مطلوب تری می دهد. در اینجا اثر نویز به میزان زیادی کاهش یافته و لذا شانس یافتن منطقه دقیق تومور بیشتر شده و زمان محاسبه بسیار کمتر شده است. الگوریتم آن ها بسیار ساده تر و به لحاظ محاسباتی از پیچیدگی های کمتری برخوردار بود [۱۵].

محققان یک الگوریتم بهینه سازی ازدحام ذرات (PSO) بر مبنای خوشه بندی پیشنهاد کرده اند. الگوریتم پیشنهادی، مرکز جرم خوشه ها را شناسایی می کند. هر خوشه، الگوهای تومور مغزی به دست آمده توسط MRI را در یک گروه جای داده است. نتایج به دست آمده برای سه اندازه گیری عملکرد مختلف با نتایج به دست آمده توسط ماشین بردار پشتیبانی (SVM) و بوستینگ تطبیقی مقایسه شد. آنالیز عملکرد نشان داد که

نتایج کیفی مدل پیشنهادی مشابه نتایج به دست آمده با SVM هستند. به علاوه مقادیر مختلف پارامترهای کنترل PSO انتخاب شده اند تا نتایج بهتری از الگوریتم حاصل شود [۱۳].

تحلیل گران یک سیستم قدرتمند برای تشخیص تومور مغزی و همچنین برای استخراج منطقه تومور پیشنهاد کرده اند. در ابتدا، سیستم پیشنهادی با استفاده از طبقه بندی نایو بیز، از MRI تومور را تشخیص می دهد. پس از تشخیص، روش های خوشه چینی میانگین و یافتن مرزها به کار گرفته شد تا منطقه دقیق تومور استخراج شود. در اینجا، بالای 99٪ دقت برای تشخیص به دست آمد. نتایج آزمایشگاهی نشان داد که سیستم پیشنهادی منطقه دقیق تومور را استخراج کرده است [۱۴].

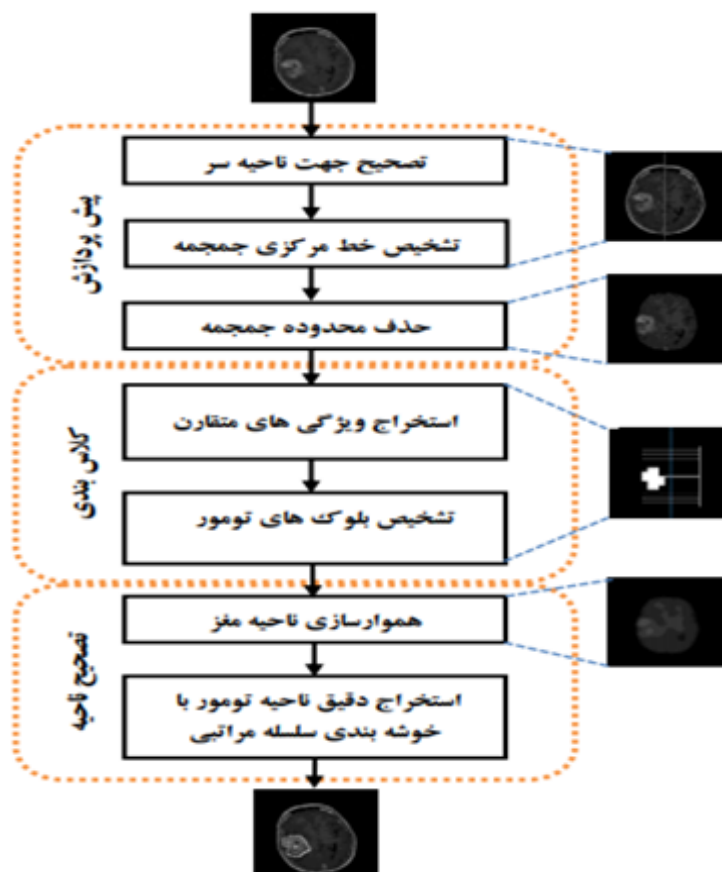
محققان روشی برای تقسیم بندی تومور مغزی در MRI سه بعدی پیشنهاد کرده اند. روش آن ها برای تومورهای مختلف مناسب بود. در ابتدا مغز با استفاده از این روش تقسیم بندی شد، سپس ناحیه مشکوک با توجه به صفحه مقارن و طبقه بندی فازی برای یافتن تومور، شناسایی شد. در اینجا در مرحله تقسیم بندی، با استفاده از ترکیب مدل تغییر پذیر و روابط فضایی، منطقه تومور با موفقیت شناسایی شد [۱۷].

نظریه پردازان یک سیستم کارآمد توسعه داد که در آن تومور مغزی با استفاده از شبکه های عصبی مصنوعی با دقت بالاتری تشخیص داده شد. پس از استخراج ویژگی ها از داده های MRI توسط بسته های موجک، یک شبکه عصبی مصنوعی به کار گرفته شد تا طیف های نرمال و غیر نرمال مشخص شود. معمولاً مزیت بسته های موجک این است که در مقایسه با تبدیل موجک آنالیز غنی تری می دهد و در نتیجه خصوصیات مثبت بیشتری به عملکرد سیستم پیشنهادی آن ها اضافه می کند [۱۹].

یک روش قدرتمند تقسیم بندی تصویر پزشکی پیشنهاد داده اند که ترکیبی از تقسیم بندی واترشد و الگوریتم CHCN برای کمینه سازی پدیده ناخواسته تداخل تقسیمات می باشد. یک روش ادغام مناطق ارائه شد که بر مبنای به کارگیری گراف مناطق مجاور (RAG) بوده و برای بهبود کیفیت تقسیم بندی واترشد به کار برده شده است. عملکرد تکنیک پیشنهادی توسط آزمایشات اعتبار سنجی کمی و کیفی روی یک تصویر معیار مورد ارزیابی قرار گرفت [۲۰].

یک روش جدید تقسیم بندی MRI بدون نظارت مبتنی بر نگاشت ویژگی های خود سازمان یافته توسط یان لی و ژرو چی ارائه شد. الگوریتم آن ها شامل اطلاعات فضایی اضافی در مورد ناحیه یک پیکسل با استفاده از مدل میدان تصادفی مارکوف (MRF) بود. ترم های MRF نتایج تقسیم بندی را بدون نمونه های داده های در دور آزمایشی، بهبود بخشید. همکاری MRF در SOFM پتانسیل بالای مدل های MRF در یکنواختی مناطق

این خصوصیات باعث تشخیص راحت‌تر بافت‌های سرطانی می‌گردد چون به واسطه رشد سلول‌های سرطانی در قسمت مورد نظر، تراکم سلولی بیشتری خواهیم داشت. در زمینه تشخیص تومور بصورت اتوماتیک کارهای فراوانی صورت گرفته و نتایج متفاوتی حاصل شده است. مراحل انجام این الگوریتم‌ها را می‌توان به دو دسته استخراج ویژگی و طبقه‌بندی نمونه‌ها تقسیم‌بندی نمود. روش کار بطور کلی به این شکل است که ابتدا ویژگی‌های تصویر استخراج می‌شود. این ویژگی‌ها معمولاً شامل ویژگی‌های استاتیک نظیر آنتروپی، چولگی، میانگین، انرژي، گشتاور، همبستگی و غیره و یا ویژگی‌های بدست آمده از اعمال الگوریتم‌های دیگر (تبدیل فوریه، هیستوگرام و...) می‌باشند. اطلاعات بدست آمده در این مرحله برای تصمیم‌گیری به مرحله طبقه‌بندی نمونه‌ها اعمال می‌شود. در زمینه استخراج ویژگی‌ها می‌توان به روش‌های مختلفی مانند ویولت، تبدیل فوریه، فیلتر گابور، بلوک‌بندی تصویر، استفاده از هیستوگرام، استفاده از قانون تقارن مغز و ویژگی‌های استاتیک اشاره نمود. همچنین از روش‌های آماری نیز برای تشخیص میزان احتمال ابتلا به سرطان نیز استفاده شده است. از اتوماتای سلولی برای پیاده‌سازی روش‌های آماری ارائه شده استفاده شده است. در زمینه طبقه‌بندی و جدا نمودن ویژگی‌ها از انواع روش‌های نظارت‌نشده و الگوریتم ژنتیک می‌توان استفاده نمود. روش‌هایی چون ماشین بردار نیز از این دسته می‌باشند. برای انجام پروژه ابتدا ویژگی‌های تصویر با استفاده از روش‌های پردازش تصویر همچون هیستوگرام و یا تبدیل موجک و غیره استخراج می‌شود. سپس ویژگی‌های مناسب از میان ویژگی‌های بدست آمده برای آموزش سیستم استنتاج عصبی، منطق فازی انتخاب می‌گردد. این سیستم استنتاج شبیه‌سازی شده برای انجام فرآیند تصمیم‌گیری و طبقه‌بندی نمونه‌ها بکار گرفته می‌شود. یک الگوریتم ترکیبی برای تشخیص خودکار ناحیه تومور مغزی و محاسبه دقیق اندازه تومور و بدست آوردن مشخصات مکانی آن ارائه شده است. بدین منظور از سیستم‌های استنتاج فازی-عصبی و فقی استفاده شده و تومورهای مغزی نوع آستروسیتوما که شایع‌ترین نوع تومورها هستند در تصاویر تشدید مغناطیسی با وزن T1 مورد مطالعه و تحلیل قرار گرفته است. مراحل روش ارائه شده دارای سه فاز پیش‌پردازش، دسته‌بندی و تعیین محدوده می‌باشد که جزئیات این فازها در ادامه آورده شده است. در فاز پیش‌پردازش ابتدا با تشخیص ناحیه مجسمه سر و تصحیح جهت آن، خط مرکزی ناحیه مغز تشخیص داده می‌شود. در گام بعد با بلاک‌بندی ناحیه دو نیمکره مغز و استخراج ویژگی شدت روشنایی و بافت هر بلاک و نیز با بهره‌گیری از ویژگی تقارن موجود در دو نیمکره مغز، بلاک‌های حاوی بافت‌های توموری با استفاده از سیستم‌های استنتاج فازی-عصبی و فقی (NFIS) داده تشخیص داده می‌شوند. در نهایت با هموارسازی تصویر ورودی و با بهره‌گیری از خوشه‌بندی سلسله‌مراتبی محدوده دقیق تومور مشخص خواهد شد.



شکل ۲-۱ فلوچارت الگوریتم

۲-۲ فاز پیش پردازش

پیش پردازش یک گام اساسی در سیستم های تشخیص خودکار اشیاء می باشد که تاثیر زیادی روی کارایی آنها خواهد گذاشت. بسته به ماهیت تصاویر و کاری که قرار است بر روی تصاویر صورت گیرد، تکنیک های مختلفی در فاز پیش پردازش بکار گرفته می شود. برای بدست آوردن ویژگی های دقیق و مناسب از تصاویر، سه گام تصحیح جهت، تشخیص خط مرکزی ناحیه مغز و حذف محدوده جرمه در تصویر ورودی در فاز پیش پردازش انجام می شود. برای این منظور ابتدا با اعمال آستانه عمومی بدست آمده از روش Otsu ناحیه سر در تصویر MRI ورودی تشخیص داده می شود. سپس از ترکیب عملگرهای مورفولوژیکی و فیلتر وینر دوبعدی با پنجره همسایگی 15×15 پیکسل برای حفره های موجود در ناحیه جرمه و هموار کردن ناحیه بدست آمده استفاده شده

است. فیلتر وینر بر پایه تخمین میانگین و انحراف معیار همسایه های محلی هر پیکسل $A(x,y)$ بوده و مقدار جدید هموار شده $B(x,y)$ را برای آن پیکسل بصورت زیر محاسبه

$$B(x,y) = \mu + \frac{\sigma^2 - v^2}{\sigma^2} (A(x,y) - \mu) \quad (1-2) \quad \text{می کند:}$$

که μ میانگین و σ انحراف معیار پیکسل های موجود در پنجره همسایگی با ابعاد 15×15 پیکسل و به مرکز پیکسل جاری در موقعیت (x,y) می باشد. همچنین v برابر میانگین کل واریانس های پنجره های محلی تصویر ورودی می باشد. البته فیلتر وینر علاوه بر هموار کردن محدوده باعث بزرگتر شدن این محدوده نیز خواهد شد که در نهایت با اعمال عملگر مورفولوژی مناسب آن را نیز حذف خواهد شد. برای تشخیص مرکز و جهت دوران ناحیه مجمله تشخیص داده شده، از محاط کردن یک بیضی روی ناحیه سر استفاده می شود. آنگاه مرکز بیضی (C) به عنوان مرکز ناحیه سر و زاویه قطر اصلی آن با محور x ها (θ) به عنوان جهت ناحیه سر استفاده می شود. سپس با دوران ناحیه سر به اندازه (θ) می توان جهت آن را بصورت عمودی اصلاح نمود. در نهایت با اعمال عملگر مورفولوژی فرسایش کرنل دایره های با شعاع ۲۵ پیکسل علاوه بر محدوده اضافه شده به وسیله فیلتر وینر، محدوده مجمله را نیز در ناحیه سر حذف کرده و فقط ناحیه مربوط به بافت مغز برای پردازش های بعدی انتخاب می شود. مراحل مختلف این فاز را در تصاویر شکل ۲-۱ می توانید مشاهده کنید.

۳-۲ فاز دسته بندی براساس سیستم استنتاج فازی - عصبی و فقی (NFIS)

استفاده از تکنیک های دسته بندی مبتنی بر یادگیری و ترکیب آن با ابزارهای استنتاجی قوی مثل سیستم استنتاج فازی می تواند کارایی دسته بندی نواحی و پیکسل های مختلف در تصاویر MRI را افزایش دهد. منطق فازی اولین بار توسط پروفسور لطفی زاده ارائه شد. این ابزار نه تنها به عنوان یک روش موثر در کنترل بلکه به عنوان یک ابزار مناسب برای پردازش داده ها مطرح می باشد. در منطق فازی برخلاف منطق دودویی که فقط از مقدارهای صفر و یک استفاده می کند، از مقادیر مبهم و فازی که با استفاده از توابع عضویت، عملگرها و قوانین فازی بدست می آیند بهره می گیرد. با استفاده از توابع عضویت این امکان وجود دارد که وزن هر کدام از ورودی ها را در خروجی نهایی تعیین نمود. خروجی نهایی با استفاده از قوانین فازی “if-then” مشخص می شود. این قوانین وابستگی های موجود بین ورودی های مختلف را با استفاده از عملگرهای منطقی فازی توصیف می کنند.

یکی از مهمترین مسائل در سیستم های فازی، تعیین مناسب پارامترهای مختلف آن مثل شکل و موقعیت توابع عضویت و ترکیب قوانین فازی می باشد. برای تعیین بهینه این پارامترها، علاوه بر روش سعی و خطا می توان از روش های مبتنی بر یادگیری مثل شبکه های عصبی بهره گرفت. سیستم استنتاج فازی-عصبی وفقی (NFIS) با استفاده از ترکیب سیستم استنتاج فازی و شبکه های عصبی برای این منظور بوجود آمده است. در اینجا نیز برای تشخیص موقعیت تومور، ابتدا ناحیه مربوط به دو نیمکره مغز به بلاک های غیرهمپوشان با ابعاد 10×10 پیکسل قطعه بندی شده و سپس برای هر بلاک ۵ ویژگی مختلف محاسبه و استخراج می گردد. با اعمال ویژگی های هر بلاک به سیستم استنتاج فازی-عصبی وفقی، این سیستم آن بلاک را بصورت نرمال یا غیرنرمال (توموری) دسته بندی می کند. بلاک بندی تصویر و دسته بندی بلاک ها امکان استخراج و بکارگیری ویژگی های سطح بالاتر مثل بافت را در فاز دسته بندی فراهم می کند. این ویژگی ها باعث کاهش تعداد داده مورد نیاز برای توصیف الگوهای موجود در هر بلاک می شود. انتخاب زیر مجموعه ای از ویژگی های قوی باعث بهبود دقت دسته بندی و کاهش پیچیدگی الگوریتم یادگیری و افزایش سرعت قطعه بندی تصویر و تشخیص موقعیت اولیه تومور خواهد شد. با توجه به اینکه اختلاف شدت روشنایی و نیز اختلاف بافت نواحی نرمال با غیرنرمال یکی از اصلی ترین خصیصه های تمایز بین آنها می باشد، در اینجا از آنها به عنوان ویژگی هر بلاک برای دسته بندی آن توسط NFIS استفاده شده است. اطلاعات شدت روشنایی با استفاده از میانگین و آنتروپی شدت روشنایی پیکسل ها تعریف شده و اطلاعات بافت نیز با استفاده از توابع هارالیک روی ماتریس همرخداد پیکسل های تصویر MRI ورودی محاسبه می شود. مقدار هر عنصر $P(i,j)$ در ماتریس همرخداد برابر تعداد دفعاتی است که پیکسل با شدت روشنایی j در همسایگی با فاصله واحد از پیکسل با شدت روشنایی i در جهات مختلف قرار گرفته است. برای هر بلاک ۵ میانگین و آنتروپی شدت روشنایی، وضوح بافت، همگن بودن بافت و انرژی بافت تصویر پیکسل های هر بلاک بصورت زیر محاسبه و استخراج می گردد:

$$MI = \frac{1}{|B|} \sum_{x,y \in B} I(x,y) \quad \text{۱- میانگین شدت روشنایی پیکسل های بلاک (۲-۲)}$$

$$Et = \sum_{x,y \in B} I(x,y) \log_2(I(x,y)) \quad \text{۲- آنتروپی شدت روشنایی پیکسل های بلاک (۳-۲)}$$

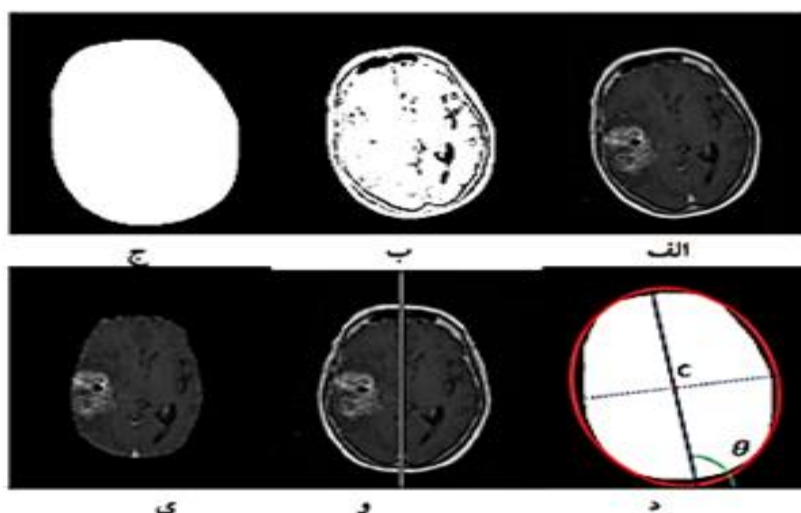
که $I(x,y)$ شدت روشنایی پیکسل موقعیت (x,y) در بلاک B بوده و $|B|$ برابر اندازه بلاک می باشد.

$$Ct = \sum_{i,j} |i,j|^2 p(i,j) \quad \text{۳- وضوح بافت پیکسل های بلاک (۴-۲)}$$

$$Hm = \sum_{i,j} |i,j| \frac{p(i,j)}{1+|i-j|} \quad \text{۴- همگن بودن بافت پیکسل های بلاک (۵-۲)}$$

$$En = \sum_{i,j} |i,j| p(i,j)^2 \quad \text{۵- انرژی بافت پیکسل های بلاک (۶-۲)}$$

که $P(i,j)$ مقدار عنصر (i,j) در ماتریس همرخداد بدست آمده از بلاک B می باشد.

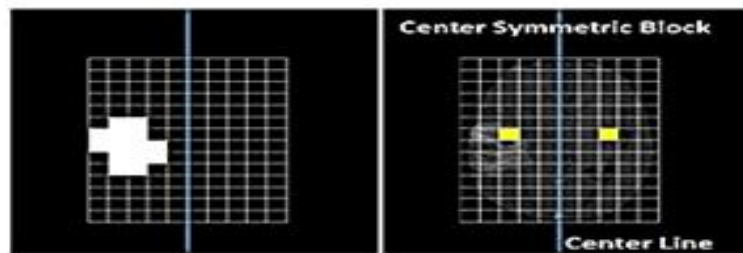


شکل ۲-۲ خروجی مراحل مختلف فاز پیش پردازش. الف) تصویر MRI ورودی. ب) اعمال آستانه عمومی برای تشخیص ناحیه سر. ج) هموار سازی محدوده سر با فیلتر وینر و پر کردن حفره های داخلی با عملگر مورفولوژی. د) محاط کردن بیضی و تشخیص مرکز ناحیه و جهت آن. و) اصلاح جهت و تخمین خط مرکزی مغز. ی) حذف محدوده مربوط به مجموعه سر در تصویر ورودی.

برای تشخیص بلاک های مربوط به نواحی توموری از خاصیت تقارن و تشابه بین دو نیمکره نیز استفاده می شود. چرا که بلاک های سالمی که در موقعیت یکسانی نسبت به خط مرکزی مغز قرار دارند دارای شدت روشنایی و بافت تقریباً یکسانی هستند و در صورتی که مغز دارای تومور باشد این تقارن و تشابه در ناحیه تومور وجود نخواهد داشت. از این رو برای تفکیک بلاک های نرمال از بلاک های توموری علاوه بر ویژگی های هر بلاک (CB) از ویژگی های بلاک متناظر یا تقارن آن (Sym) نیز به عنوان بردار ویژگی بلاک مورد نظر (\vec{F}) استفاده خواهد شد.

$$\vec{F} = \{ MI_{CB}, Hm_{CB}, Ct_{CB}, En_{CB}, Et_{CB}, Hm_{sym}, Ct_{sym}, En_{sym}, Et_{sym} \} \quad (۷-۲)$$

بردار ویژگی استخراج شد برای هر بلاک به عنوان ورودی به سیستم استنتاج فازی عصبی وفقی برای تعیین درجه تعلق آن بلاک به بلاک های نرمال اعمال می شود. هرگاه درجه تعلق بلاک مربوطه به بلاک های نرمال برزگتر مقدار آستانه T باشد، آن را به عنوان نرمال در نظر گرفته و در غیر اینصورت به عنوان بلاک حاوی تومور در نظر گرفته خواهد شد. این آستانه بصورت تجربی برابر ۰/۶ انتخاب شده است. نمونه ای از خروجی این فاز شامل نحوه بلاک بندی و بلاک های متناظر و نیز خروجی سیستم استنتاج فازی عصبی وفقی را در شکل ۲-۳ می توانید مشاهده کنید. با تشخیص موقعیت اولیه تومور و با محدود کردن فاز نهایی تشخیص محدوده تومور به بلاک های تشخیص داده شده توسط ANFIS، دقت نهایی روش ارائه شده بالاتر خواهد رفت.



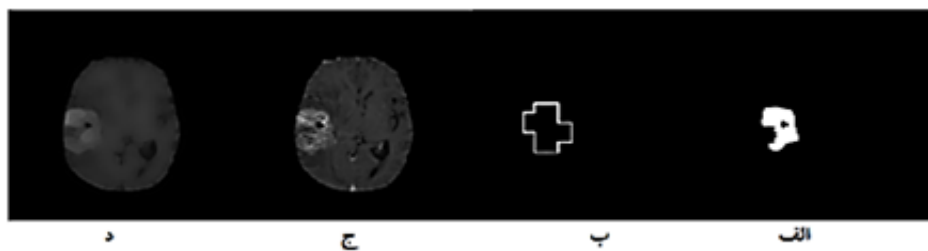
شکل ۲-۳ خروجی مراحل مختلف فاز دسته بندی. شکل سمت راست) بلاک بندی ناحیه مغز در تصویر MRI ورودی به همراه یک نمونه از بلاک های متناظر یا متقارن نسبت به خط مرزی دونیمکره مغز که با رنگ زرد نشان داده شده است. شکل سمت چپ) خروجی دسته بندی بلاک های مختلف با استفاده از سیستم استنتاج فازی- عصبی و فقی و نمایش بلاک های توموری بصورت بلاک های سفید رنگ.

۲-۴ تعیین محدوده تومور با خوشه بندی سلسله مراتبی

برای تشخیص محدوده دقیق تومور از الگوریتم خوشه بندی سلسله مراتبی روی پیکسل های مربوط به بلاک های توموری استفاده می شود. خوشه بندی سلسله مراتبی پیکسل های این بلاک ها را با استفاده از یک درخت گروه بندی می کند. اگر تعداد پیکسل های موجود در بلاک های توموری برابر m باشد، هر کدام از برگ های درخت مربوط به یک پیکسل بوده و به عنوان خوشه تکی در نظر گرفته می شود. خوشه های بالاتر با استفاده از آنها ساخته خواهند شد. در خوشه های سطح بالاتر (سطح h)، هر خوشه جدید شامل اندیس دو خوشه مشابه از سطح قبلی ($h-1$) می باشد. بنابراین $m-1$ خوشه بالاتر در درخت مربوطه وجود خواهد داشت. این درخت یک مجموعه از خوشه های سلسله مراتبی چند سطحی می باشد که خوشه های هر سطح با هم ادغام شده تا خوشه های سطح بعد را ایجاد کنند. برای استفاده از تحلیل خوشه بندی سلسله مراتبی روی پیکسل های بلاک های توموری تشخیص داده شده در مرحله قبل از رویه زیر استفاده شده است:

- ۱- تعداد خوشه های نهایی مورد نظر را برابر E قرارداد و هر کدام از نقاط موجود در بلاک های توموری را به عنوان مرکز خوشه های تکی اولیه در نظر می گیریم:
- ۲- شباهت یا فاصله بین تمام زوج خوشه های موجود (EC) با استفاده از معیار فاصله اقلیدسی بین مرکز خوشه های مورد نظر محاسبه می شود. (۲-۸)
$$EC = \{P_1, P_2, \dots, P_m\}$$
- ۳- زوج خوشه ای که دارای کمترین فاصله (یا بیشترین شباهت) هستند را انتخاب کرده (P_i, P_j) و آنها را به عنوان خوشه جدید P_{ij} ادغام کرده و هر دو خوشه قبلی را حذف می کنیم.
- ۴- اگر تعداد خوشه های موجود بیشتر از E باشد به مرحله ۲ رفته در غیر اینصورت الگوریتم پایان می پذیرد.

برای افزایش دقت روش تشخیص تومور ارائه شده، ابتدا ناحیه تشخیص داده شده برای بلاک های توموری در تمام جهات به اندازه یک بلاک گسترش داده شده و شدت روشنایی نقاط داخل این بلاک ها هموار می شود. سرانجام این نقاط همواره شده با توجه تفاوت بین شدت روشنایی نواحی توموری روشن نسبت به نواحی نرمال با استفاده از الگوریتم خوشه بندی سلسله مراتبی به دو دسته نرمال و توموری تقسیم خواهد شد. خروجی این مراحل در شکل ۲-۴ نشان داده شده است.



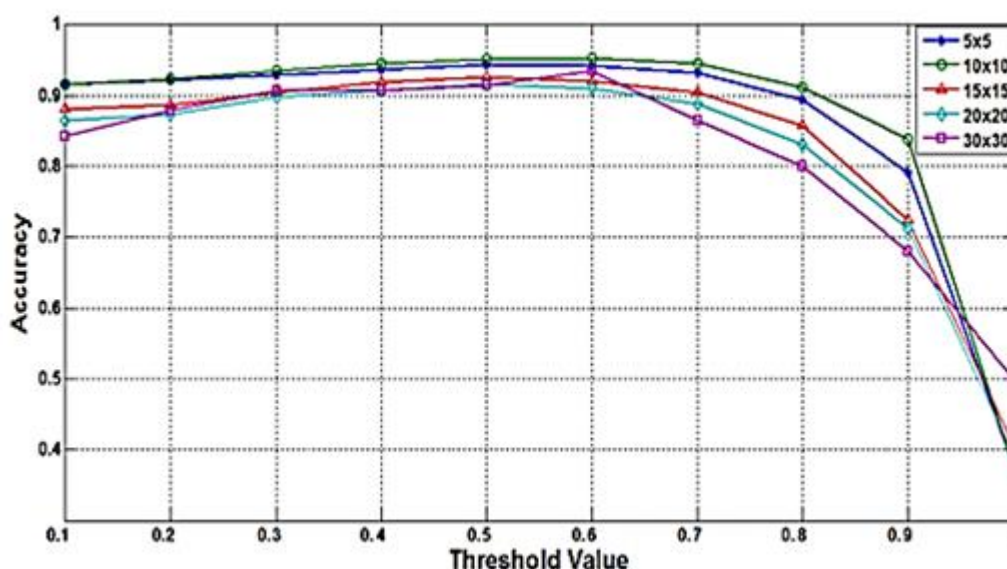
شکل ۲-۴ خروجی مراحل مختلف فاز تشخیص محدوده دقیق تومور. الف) محدوده مربوط به مجموعه سر در تصویر MRI ورودی. ب) تصویر هموار شده. ج) محدوده بلاک های توموری تشخیص داده شده. د) ناحیه نهایی تومور تشخیص داده شده.

برای تشخیص تومورهای نوع آستروسیتوما در تصاویر MRI نوع T1 روی ۳۶ تصویر مختلف از بانک Harvard تست شده است. این تصاویر دارای تومورهای مغزی با درجه ۱ تا ۵ بوده و ناحیه دقیق آنها توسط پزشک متخصص نیز برای ارزیابی کارایی روش و برای فاز تعلیم ANFIS مشخص شده است. برای تعلیم ANFIS از ۹ تصویر و برای ارزیابی کارایی از ۲۷ تصویر دیگر استفاده شده است.

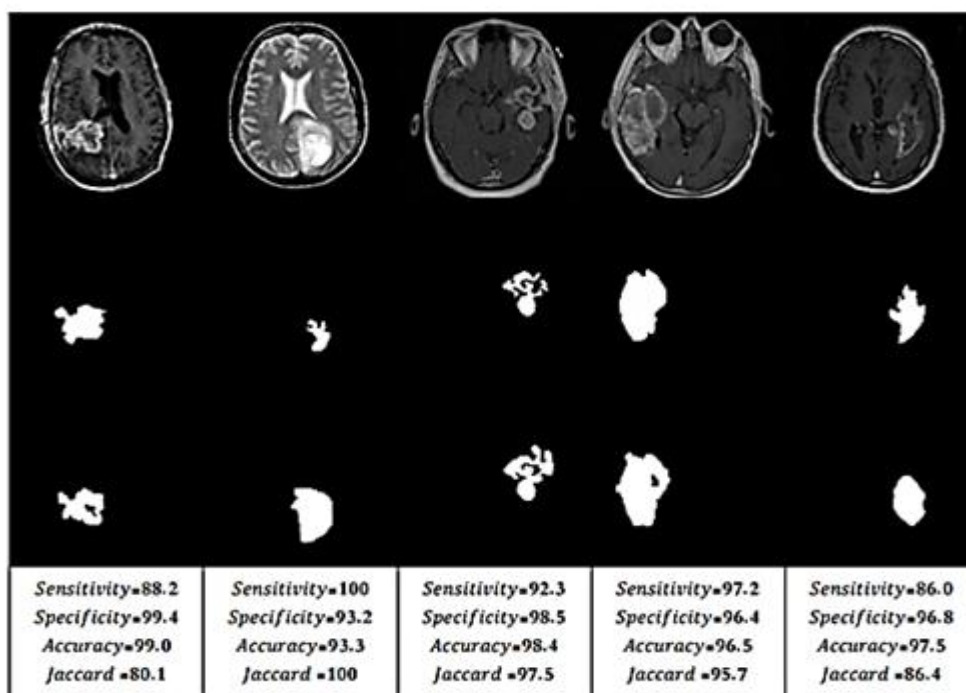
برای ارزیابی کارایی، ناحیه تشخیص داده شده توسط الگوریتم با ناحیه، تشخیص داده شده توسط پزشک مقایسه شده و چهار معیار FN ، FP ، TN ، TP برای هر تصویر محاسبه شده است. TP برابر و تعداد پیکسل های ناحیه توموری است که توسط روش ارائه شده نیز درست تشخیص داده شده است. FP برابر تعداد پیکسل های ناحیه غیر تومور در کل تصویر ورودی است که به اشتباه توسط الگوریتم به عنوان تومور تشخیص داده شده است. FN برابر تعداد پیکسل های ناحیه توموری است که توسط روش ارائه شده تشخیص داده نشده است. TN برابر تعداد پیکسل های ناحیه غیر توموری کل تصویر ورودی می باشد که توسط روش ارائه شده نیز درست تشخیص داده شده است. این نواحی در شکل ۲-۵ نیز نشان داده شده اند.

با توجه به نتایج بدست آمده کاملاً مشخص است که استفاده از ویژگی تقارن برای اندازه های مختلف بلاک ها چه بصورت مستقیم و چه بصورت تفاضلی باعث افزایش کارایی کلی ANFIS می شود. این افزایش بخصوص در استفاده مستقیم از ویژگی تقارن برای بلاک های با اندازه 30×30 بیشتر مشهود می باشد. البته استفاده مستقیم از ویژگی تقارن برای بلاک های با اندازه 10×10 بالاترین کارایی را نشان داده که در ادامه آزمایشات نیز از این حالت استفاده شده است.

همچنین کارایی کلی ANFIS برای بلاک های با اندازه های مختلف 5×5 ، 10×10 ، 15×15 ، 20×20 ، 30×30 و با مقادیر آستانه مختلف ارزیابی شده است. در این آزمایشات برای هر حالت مقدار آستانه از $0/1$ تا 1 تغییر داده شده و درمورد مقدار دقت کلی روش ارائه شده محاسبه و نتایج بدست آمده در شکل ۲-۷ نشان داده شده است. با توجه به نتایج بدست آمده کاملاً مشخص است که استفاده از بلاک های با اندازه 10×10 برای مقادیر آستانه مختلف باعث افزایش کارایی ANFIS شده است. برای منحنی مربوط به بلاک های با اندازه 10×10 نیز زمانیکه مقدار آستانه برابر $0/6$ انتخاب شده بیشترین مقدار کارایی حاصل شده است. در سیستم نهایی از این مقدار آستانه و اندازه بلاک استفاده شده است. برای ارزیابی روش نهایی ارائه شده نتایج مربوط به چند تصویر به همراه تشخیص پزشک در شکل ۲-۸ نشان داده شده است.



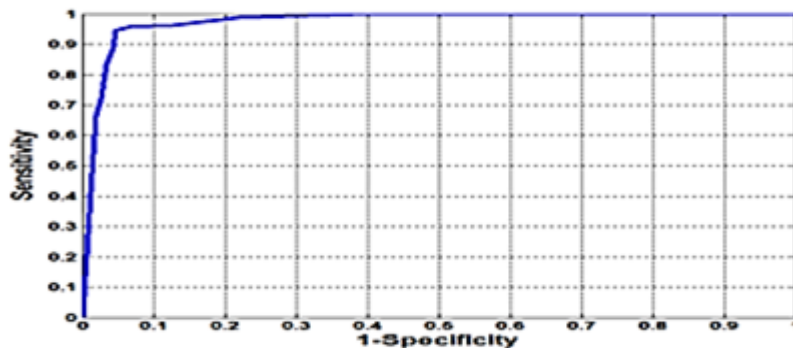
شکل ۲-۷ دقت روش ارائه برای اعمال آستانه های مختلف روی بلاک های با اندازه مختلف



شکل ۲-۸ نتایج خروجی روش ارائه شده برای تشخیص تومورهای مغزی. ردیف بالا) تصویر MRI ورودی. ردیف وسط) ناحیه توموری تشخیص داده شده توسط پزشک. ردیف پایین) ناحیه توموری تشخیص داده شده توسط الگوریتم ارائه شده.

در تصاویر شکل ۲-۸ نتایج سیستم ارائه شده در ستون اول از سمت راست دارای همپوشانی کمتری با ناحیه اصلی تومور بوده و به خاطر شدت روشنایی پایین و بافت ناحیه توموری، روش پیشنهادی نتوانسته با دقت بالا کل ناحیه توموری را تشخیص دهد. همچنین در تصویر ستون سوم از راست شکل ۲-۸ نیز ناحیه تشخیص داده شده بسیار بزرگتر از ناحیه اصلی تومور بوده و خطای FP سیستم زیاد می باشد. این خطا بیشتر بخاطر شدت روشنایی زیاد بافت اطراف ناحیه توموری بوده که سیستم به اشتباه آن را جزئی از تومور در نظر گرفته است. در سایر تصاویر درصد همپوشانی ناحیه تشخیص داده شده با ناحیه اصلی بسیار بالا می باشد. همچنین ارزیابی کامل کارایی روش ارائه شده با استفاده از منحنی ROC با تغییر مقدار آستانه T با بهره گیری مستقیم از ویژگی تقارن در بلاک های با اندازه 10×10 روی ۲۷ تصویر تست پیاده سازی و نتایج بدست آمده در منحنی شکل ۲-۹ نمایش داده شده است. با توجه به نتایج بدست آمده در حالتی که آستانه $T = 6.0$ بوده حساسیت روش ارائه شده در تشخیص نواحی توموری برابر $94/1\%$ با انحراف معیار $3/2\%$ ، خاصگی آن در تشخیص نواحی نرمال برابر $98/7\%$ با انحراف معیار $4/9\%$ و نیز دقت کلی $98/1\%$ با انحراف معیار $4/7\%$ می باشد. از طرفی در ارزیابی کامل کارایی روش ارائه شده با استفاده از منحنی ROC مساحت زیر منحنی (AUC) به عنوان کارایی کلی روش محاسبه شده که برابر $0/97/91$ می باشد. همچنین کارایی روش ارائه شده با چندین روش موجود نیز که از تصاویر بانک Harvard استفاده کرده اند مقایسه شده است. نتایج این مقایسه در جدول ۲-۱ آورده شده است.

با توجه به جدول ۱-۲، روش ارائه شده از نظر هر سه معیار حساسیت، خاصگی و دقت کلی با تمام روش ها قابل رقابت بوده و از نظر کارایی و دقت کلی برتر از سایر روش های موجود می باشد.



شکل ۲-۹ منحنی ROC روش ارائه شده

جدول ۱-۲ نتایج روش های مختلف روی تصاویر بانک Havard

روش	Jaccard	حساسیت	خاصگی	دقت
کارسو و همکاران [۵]	۸۲٪	۸۴/۲ %	۸۰/۱ %	۸۸/۹ %
سندآباد و همکاران [۱۵]	۹۰٪	۸۹/۹ %	۹۷/۵ %	۹۱/۲ %
کیکر و همکاران [۱۸]	-	۷۱/۵ %	-	-
دوبی و همکاران [۱۹]	-	-	-	۹۴٪
روش پیشنهادی	۹۴/۸٪	۹۴/۱٪	۹۸/۷ %	۹۸/۱ %

در مقاله [۲۶] نویسندگان از روش شبکه عصبی هاپفیلد (HNN, Network Neural Hopfield) برای تشخیص تومور مغزی و تقسیم بندی تصاویر تشدید مغناطیسی در تشخیص پزشکی بسیار مهم است زیرا داده های مربوط به ساختارهای آناتومیک و همچنین بافت غیرطبیعی بالقوه که برای برنامه ریزی درمان و پیگیری بیماری بسیار مفید هستند را فراهم می آورد. تقسیم بندی برش های تومور مغز نیز به طور کلی برای با وجود مدل سازی آسیب شناختی و ساختاری مغز بسیار مفید هست. تلاش های فراوان و نتایج امیدوارکننده ای کارهای انجام شده در جامعه تصویربرداری پزشکی، تقسیم بندی دقیق و تجدیدپذیر با توجه به ویژگی های متغیر عارضه ها، هنوز دشوار و چالش برانگیز است، چرا که تصاویر تومورهای مختلف دارای اشکال، مکان و شدت روشنایی متفاوتی نسبت به یکدیگر هستند. هدف کمک به این دامنه، با ارایه یک روش کاربردی که به اندازه کافی برای رسیدگی به کلاس بزرگی از انواع تومورها عمومیت داشته باشد، است.

تقسیم بندی ناحیه تومور به ما برای اندازه گیری حجم توده و واکنش آن به درمان اجازه می دهد؛ اما به طور معمول به صورت دستی انجام می شود، با وجود حجم بسیار زیاد داده ها در این زمینه و توجه به این نکته که در هر دوره درمان تصاویر زیادی برای آگاه شدن از واکنش تومور به درمان و وضعیت تومور در مواقع مختلف گرفته می شود، تقسیم بندی این حجم گسترده داده به صورت دستی کار بسیار وقت گیر و طاقت فرسا است. در این مطالعه یک روش تقسیم بندی تومور مغز برای آشکارسازی بخش توده تومور در تصاویر تشدید مغناطیسی با نتایج تکرارپذیر شده است. بسیاری از روش های آشکارسازی تومور موجود در مقالات، به طور کامل خودکار نیستند، برای مثال آنها نیاز به تعامل با کاربر برای تعیین که به صورت خودکار ۲ و ۳ جزیی در داخل تومور و یا منطقه تورم دارند ناحیه ی تومور را تعیین می کند.

شبکه عصبی هاپفیلد (HNN, Network Neural Hopfield) برای تقسیم بافت طبیعی مغز و سایر تصاویر پزشکی که به بخش های آنها یک نسخه آناتومیک مربوط می باشند، استفاده شده است. اصلاح شده از آن را با انتخاب برنده از میان کل، در پروسه یادگیری با نام شبکه های عصبی هاپفیلدی رقابتی Hopfield Competitive (CHNN, Network Neura) استفاده کردند. شبکه پیشنهادی در این مطالعه از عمل طاقت فرسا تعیین مقدار برای وزن شبکه در تابع انرژی جلوگیری می کند. روشی بر اساس خوشه بندی FCM (means-c Fuzzy) برای این روش با استفاده از تقسیم بندی تومور مغزی پیشنهاد شده است. خروجی کلاس تومور خوشه بندی فازی برای مقداردهی اولیه یک الگوریتم مبتنی بر ناحیه رویش استفاده می کند. روش های مبتنی بر مدل تنها برای تومورهای با شدت روشنایی بالا کار می کنند و عملکرد ضعیفی در تشخیص تومورهای غیر افزایش یافته از خود نشان می دهد.

بسیاری از پژوهشگران دیگر ایده استفاده از تقارن چپ و راست ذاتی مغز انسان برای کاربردهای مختلف را مورد مطالعه قرار ها نشان می دهد که تشخیص تومور یا تورم با پژوهش داده اند. استفاده از تقارن باعث سرعت بخشیدن به روند تشخیص توموری شود و این یک تشخیص قوی خواهد بود. به طور سریع بخشی از تومور را کشف می کند و آن را به عنوان ناحیه هدف قرار می دهد. در این مرحله با محاسبه ویژگی های آن ناحیه بررسی می کند که آیا ناحیه هدف بخشی از یک تومور است یا نه؟ در صورت مثبت بودن جواب، ابتدا تصویر خاکستری را تبدیل به تصویر نمایه ای کرده و سپس آن را به تصویر (Blue-Green-Red (RGB تبدیل و دوباره تبدیل به تصویر خاکستری می کند. این عمل اجازه استفاده از یک شبکه کوچکتر را به ما می دهد. سپس با استفاده از شبکه عصبی (Self- map organizing (SOM اقدام به رنگ آمیزی بخش های مختلف مغز می کند. سپس با تطابق ناحیه کشف شده در مرحله پیشین و تصویر رنگ آمیزی شده، رنگ تومور را کشف می کند و اجزای مستقلی که از آن این رنگ می تواند تشکیل شود را جدا می کند و در نهایت با تطابق ناحیه کشف شده این اجزا را آشکار می کند.

هدف از این پژوهش، ارایه یک روش کارآمد و ریزبینانه برای کشف تومور در تصاویر تشدید مغناطیسی مغز است، به طوری که بتوان با استفاده از آن هم از خطای انسانی در شناسایی تومور جلوگیری کرد و هم با مجزاسازی آن از این تصاویر، کار را برای اندازه گیری میزان واکنش تومور نسبت به داروهای مختلف را آسانتر نمود. پیش پردازش، کشف ناحیه مشکوک به تومور و محاسبه ویژگی، تبدیل تصویر خاکستری به رنگی و برعکس، تقسیم بندی با استفاده از شبکه عصبی و استخراج تومور. در این روش از تصاویر تشدید مغناطیسی وزن داده شده با T2 (T2- weighted images) استفاده شده است. در این نوع تصاویر تومور مغزی به صورت روشن ظاهر می شود و شدت روشنایی تورم مربوطه نسبت به تومور کمتر است. البته با تغییر ویژگی ها می توان این روش را برای انواع دیگر تصاویر تشدید مغناطیسی هم بکار برد.

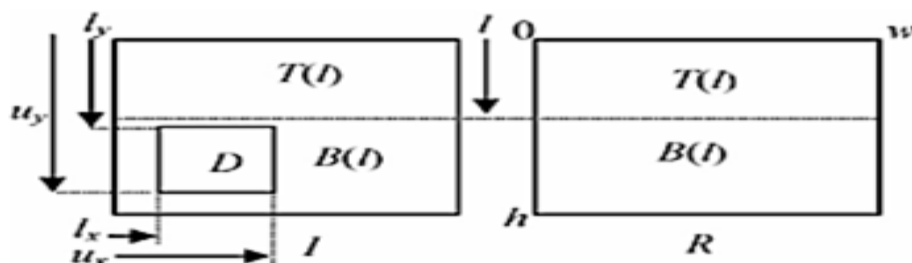
۲-۵ پیش پردازش

دو نیمکره مغز انسان در حالت عادی دارای درجه ی بالایی از تقارن دوطرفه است، هرچند که به طور کامل متقارن نیست. سطح تقارن مغز نسبت به صفحه (سطحی دویعدی) فرضی که تمام بدن را در تمام محور طولی به دو نیمه تقسیم می کند و به عنوان صفحه ای که جداکننده ی به نسبت مقبولی برای دو نیمکره است، شناخته می شود. محاسبه این صفحه تقارن کار مشکل و وقت گیر است. ما محور هندسی به دست آمده برای تقارن جمجمه، در مکان یابی تومور مغزی دقت کافی را دارد. با عنایت به این موضوع که یافتن محور هندسی جمجمه نسبت به یافتن محور واقعی تقارن جمجمه، آسانتر و سریعتر است.

ابتدا با استفاده از دستورات مورفولوژی (Morphology) بزرگترین حفره تصویر را پیدا کرده و آنرا به عنوان ماسک جمجمه در نظر می گیریم، پس از آن محور هندسی جمجمه را به دست آورده و توسط آن، جمجمه را در حالت متقارن قرار می دهیم. این عمل افزون بر قرار دادن جمجمه در حالت متقارن باعث حذف نویزهای اضافی اطراف جمجمه در تصاویر تشدید مغناطیسی و مشخص شدن محدوده آن می شود. سپس، جمجمه را در وسط تصویر قرار داده تا برای مرحله پس از آن که کشف ناحیه مشکوک به تومور است، از این تصویر استفاده کنیم. یکی دیگر از کارهای انجام شده در مرحله پیش پردازش، استخراج مغز از درون جمجمه است که به عنوان ورودی به شبکه عصبی داده می شود. در این مرحله با استفاده از دستور مورفولوژی، تصویر جمجمه را می ساییم، سپس با استفاده از روش آستانه گیری عمومی اتسو (Otsu's) از تصویر آستانه می گیریم و بزرگترین جز به هم پیوسته ی تصویر را که همان مغز سگمنت شده است، پیدا کرده و آنرا از سایر اجزا جدا می کنیم. سپس با استفاده از دستور بزرگ کردن تصویر، پیکسل های مرزی از دسترفته را دوباره بازیابی می کنیم.

۲-۶ کشف ناحیه مشکوک به تومور و محاسبه ویژگی

در این مرحله ابتدا نقاط مشکوک به تومور در مغز را پیدا می کنیم، سپس با توجه به ویژگی های تومور در تصاویر تشدید مغناطیسی وزن داده شده با T_2 ، تومور بودن یا نبودن این نواحی را بررسی می کنیم. بدیهی است که اگر نتیجه تمام نواحی مشکوک به تومور در مغز در بررسی های انجام شده این باشد که این نواحی نمی توانند تومور باشند، می توان نتیجه گرفت که تصویر ورودی دارای تومور نمی باشد. ناحیه تومور در تصاویر وزن داده شده با T_2 جز پیکسل های روشن در تصویر است و تورم مربوطه در صورت وجود با مقادیر کمتر روشتر نسبت به تومور نشان داده می شود و میانگین پیکسل های آن نسبت به همان ناحیه در نیمکره دیگر باید دارای یک اختلاف معنادار باشد. ما از این دو ویژگی در مرحله بررسی ناحیه های مشکوک به تومور استفاده می کنیم. در این روش ابتدا نواحی محتمل به تومور را در مرحله کشف ناحیه مشکوک به تومور پیدا می کنیم که ممکن است این نواحی مربوط به تومور یا بخش های غیر مشابه در ساختار طبیعی مغز انسان باشند. سپس این نواحی را با ویژگی های تومور در اینگونه تصاویر می سنجیم، اگر ناحیه ای همخوانی داشت آن را به عنوان بخشی از تومور در نظر می گیریم. چون ممکن است تومور در طرف دیگر هم رشد کرده باشد یا بخشی از آن به هر دلیلی کشف نشده باشد. برای اسکن مغز و کشف ناحیه مشکوک به تومور ما نیاز به یک سری تقسیم بندی ها بر روی تصویر و تعریف یک سری پارامتر داریم که می توانید آنها را در شکل ۲-۱۰ مشاهده کنید.



شکل ۲-۱۰ تقسیم بندی های انجام شده روی تصویر ورودی

مقادیر R و I نشان دهنده ی دو نیمکره چپ و راست مغز است که دارای ارتفاع یکسان h و عرض یکسان w هستند. ناحیه مستطیلی D نشان دهنده ناحیه مشکوک به تومور است.

در ابتدا الگوریتم پیشنهادی، مستطیل D را پیدا و سپس بررسی می کند که آیا این ناحیه کشف شده تومور است یا خیر؟ یعنی چهار پارامتر مجهول L_x ، U_x ، L_y و U_y را در دو اسکن خطی تصویر پیدا می کند. ابتدا مقادیری که می توانند L_y و U_y باشند را در یک حرکت عمودی پیدا و سپس برای دو مقدار اول، مقادیر L_x و U_x را در یک حرکتی افقی در بازه ی L_y و U_y در دو تصویر I و R پیدا می کند. بدین ترتیب ما یک یا چند ناحیه ی $R-CH$ را برای دو مقدار اول L_y و U_y به دست می آوریم.

در مرحله بعد ویژگی های هر ناحیه را محاسبه می کند و بررسی می کند که آیا این نواحی تومور هستند یا خیر؟ اگر نبودند، نواحی تغییر را برای مقادیر بعدی Ly و Uy به دست می آوریم. این روند تا زمانی که تومور کشف می شود یا زمانی که تمام مقادیر Ly و Uy بررسی می شود، ادامه می یابد. در این اسکن های خطی، الگوریتم پیشنهادی دو تابع هدف عمودی و افقی را محاسبه می کند. محاسبه این دو تابع به طور کلی شبیه به هم است. تابع هدف افقی مانند تابع هدف عمودی است و برای ترانزاده تصویرها به کار برده می شود؛ بنابراین اینجا تنها تابع هدف عمودی را توضیح می دهیم. $T(l)$ و $B(l)$ در شکل 1 دو ناحیه هستند که به ترتیب حاکی از مستطیل های بالا و پایین خط نقطه چین کشیده شده در این شکل هستند که در فاصله L از بالای تصویر است.

$$T(l)=[0, w] * [0, l] \text{ and } B(l)=[0, w] * [l, h] \quad (9-2)$$

ما از ضریب شباهت Bhattacharyya برای تابع هدف استفاده می کنیم، این تابع هدف به صورت زیر تعریف می شود:

$$E(l)=BC(P_l^{T(l)}, P_R^{T(l)}) - BC(P_l^{B(l)}, P_R^{B(l)}) \quad (10-2)$$

اینجا و مشخص کننده ی هیستوگرام شدت روشنایی تصویر I در داخل ناحیه $T(l)$ و $B(l)$ است. و نیز مشخص کننده ی هیستوگرام شدت روشنایی تصویر R در داخل ناحیه $T(l)$ و $B(l)$ است.

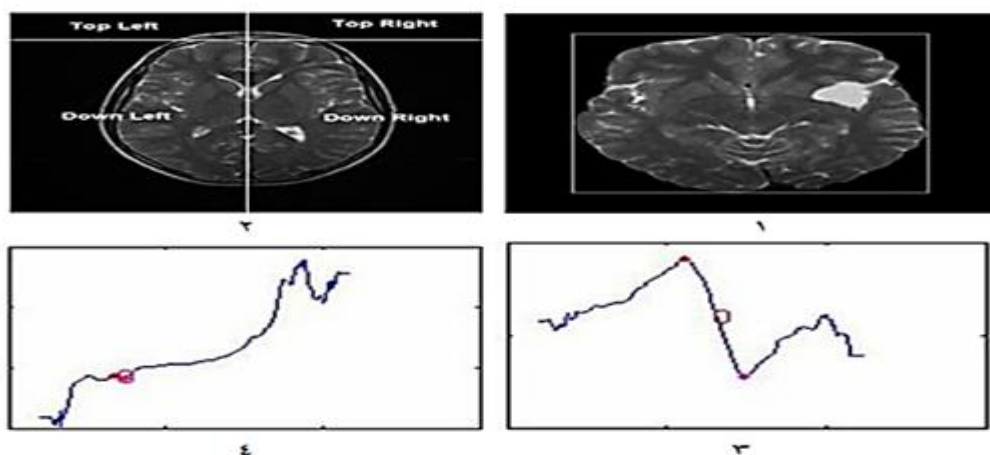
$$BC(a, b) = \sum_i \sqrt{a(i) b(i)} \in [0, 1] \quad (11-2)$$

BC مشخص کننده ضریب Bhattacharyya بین دو هیستوگرام نرمال شده $a(i)$ و $b(i)$ ، با i تعیین کننده ی بن هیستوگرام است. پارامتر BC شباهت بین دو هیستوگرام شدت روشنایی نرمال شده را اندازه می گیرد. حال با جایگزینی معادله (10-2) در معادله (11-2) داریم:

$$BC(P_l^{T(l)} P_R^{T(l)}) = \sum_i \sqrt{P_l^{T(l)}(i) P_R^{T(l)}(i)}, \text{ and } BC(P_l^{B(l)} P_R^{B(l)}) = \sum_i \sqrt{P_l^{B(l)}(i) P_R^{B(l)}(i)} \quad (12-2)$$

وقتی دو هیستوگرام نرمال شده یکسان باشند، BC بین آنها یک است. وقتی دو هیستوگرام نرمال شده به طور کامل بی شباهت باشند (با فرض گسستگی برای هیستوگرام ها)، مقدار BC به صفر متمایل می شود؛ بنابراین مقدار تابع هدف $L(E)$ از روی معادله 1 (بزرگ است، وقتی که ناحیه های بالای $L(T)$ در دو تصویر شبیه باشند و ناحیه پایین $L(B)$ غیر شبیه باشند). هر کجا مشاهده کنیم، تابع امتیاز هنگام افزایش L از صفر به h در ابتدا افزایش، سپس کاهش و دوباره افزایش قابل توجه ای یابد. افزایش و کاهش بخش ملاقات شده در Ly و

Uy، به ترتیب مرز پایینی و بالایی ناحیه D است که آن را ناحیه مشکوک به تومور می نامیم. مرز پایینی و بالای D می تواند از نمودار تابع هدف به صورت خیلی سریع شناسایی شوند، به همین نحو مرز چپ و راست D، به ترتیب Lx و Ux می تواند از نمودار تابع هدف افقی شناسایی شود. ماهیت این افزایش - کاهش - افزایش به این دلیل است که این تابع هدف برای تصاویر بدون تومور یک تابع در کل صعودی است. وجود تومور باعث می شود که مقدار تابع رو به کاهش بگذارد و پس از گذر از تومور باز هم به روند در کل صعودی خود برگردد. برای به دست آوردن تابع شباهت عمودی باید مغز را به صورت عمودی اسکن کنیم. بدین منظور هر نیمکره را در دو سمت، به وسیله خط مشترک L به دو قسمت تقسیم می کنیم (مانند شکل ۲-۱۰) و از اولین سطر شروع مغز که با استفاده از محاسبه جعبه ی مرزی مغز سگمنت شده که در شکل ۲-۱ نشان داده شده است، به دست می آید، اسکن مغز را شروع می کنیم. پس از محاسبه اختلاف ضرایب شباهت خط L را یک سطر به سمت پایین شیف می دهیم و دوباره اختلاف ضرایب شباهت را برای این چهار تصویر جدید به دست می آوریم. این شیف دادن خط L را تا آخرین سطر مغز که آن هم توسط جعبه مرزی مغز سگمنت شده، مشخص می شود، ادامه می دهیم تا کل مغز اسکن شود و تابع هدف برای کل مغز محاسبه شود.



شکل ۲-۱۱-۱ نمایش جعبه مرزی مغز سگمنت شده (۲) تقسیم بندی نواحی مغز (۳) نمودار تابع هدف یک تصویر توموردار (۴) نمودار تابع هدف یک تصویر فاقد تومور

روند کلی این تابع هدف در تصاویری که فاقد تومور است و ساختار به طور تقریبی متقارنی دارد یک روند در کل صعودی است. شکل ۲-۴ مقدار تابع هدف را در قالب نمودار برای یک تصویر فاقد تومور نشان می دهد و شکل ۲-۳ مقدار این تابع را برای یک تصویر توموردار نشان می دهد. در مرحله بعد، از روی نمودار تابع هدف به دست آمده می توان محدوده بالایی و پایینی نواحی مشکوک به تومور را مشخص کرد. در شکل ۲-۳ ناحیه تومور با یک دایره نشان داده شده است و نقاط ابتدایی و انتهایی با دو نقطه قرمز نشانه گذاری شده است. برای به دست آوردن محدوده چپ و راست تومور باید اسکن افقی انجام شود. بخش های محاسباتی و روند

انجام اسکن افقی به طور کامل شبیه به اسکن عمودی است، به همین دلیل از توضیح دادن آن صرف نظر می کنیم. قلعه های ریز و درشت در این نمودار در اثر تفاوت های ساختاری در دو نیمکره به وجود آمده است.

برای همین ما همه نقاط مشکوک به تومور را پیدا کرده و با بررسی ویژگی تومور در تصاویر تشدید مغناطیسی وزن داده شده با T2 به دنبال ناحیه تومور می گردیم و در صورت وجود آن را پیدا می کنیم. بدین صورت می توان تصاویر حاوی تومور و تصاویر فاقد تومور را از هم جدا کرد. در شکل ۳-۱ یک اسکن عمودی نشان داده شده است.

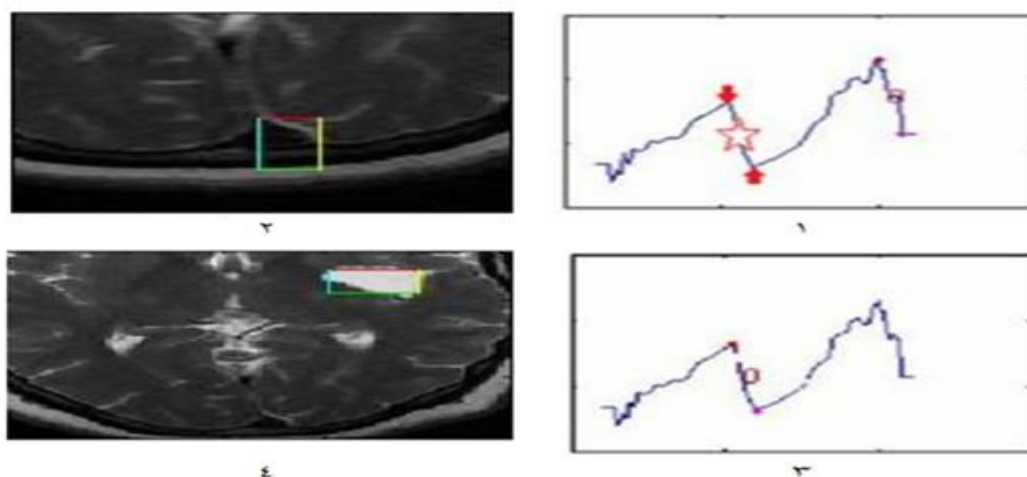
یکی از نقاط مشکوک به تومور که روش تا پیش از بررسی ویژگی ها آنها را نواحی احتمالی مشکوک به تومور در نظر گرفته است با دایره و یکی دیگر با ستاره مشخص شده است، ولی چون میزان تغییرات ناحیه ای که متعلق به ساختار طبیعی مغز است، نسبت به ناحیه تومور بیشتر است، روش ابتدا این ناحیه را به عنوان ناحیه مشکوک به تومور تعیین کرده است که در این شکل با دایره مشخص شده است. ناحیه مشکوک مربوطه در شکل ۳-۲ نمایش داده شده است. در حالیکه ناحیه تومور ناحیه ای است که با ستاره و فلش در شکل ۳-۱ مشخص شده است. روش پیشنهادی در مرحله بررسی ویژگی ها این خطا را اصلاح کرده و تومور را کشف می کند که نمودار آن در شکل ۳-۳ و ناحیه مربوطه در شکل ۳-۴ نمایش داده شده است.

۷-۲ تبدیل تصویر خاکستری به رنگی و بالعکس

پس از بررسی های انجام شده در تصاویر تشدید مغناطیسی متوجه شدیم کمتر کردن تنوع رنگی در این تصاویر امکان استفاده از یک شبکه عصبی کوچکتر را برای رنگ آمیزی آنها می دهد و چون زمان صرف شده در مرحله یادگیری شبکه عصبی بیشترین زمان صرف شده در روش پیشنهادی است با اعمال این مرحله توانستیم این زمان را با کوچک کردن تعداد نوروں های شبکه عصبی، کم کنیم. برای کم کردن تنوع رنگ از یک دور تبدیل تصویر تشدید مغناطیسی خاکستری به رنگی و بالعکس استفاده کردیم. ابتدا تصویر خاکستری مغز سگمنت شده را به تصویر نمایه ای تبدیل می کند و سپس این تصویر نمایه ای را به تصویر RGB تبدیل می کند و در نهایت دوباره آن را به تصویر خاکستری تبدیل می کند این عمل باعث کم شدن تنوع رنگی و یکی شدن مقدار پیکسل هایی که از نظر مقدار خیلی به هم نزدیک هستند، می شود.

۲-۸ شبکه عصبی خود سازمانده (SOM)

شبکه عصبی مصنوعی ابزاری جهت پردازش موازی و غیر الگوریتم یک است که با الگوبرداری شبکه عصبی مغز انسان عمل می کند. این شبکه ها در امور تشخیصی بسیار خوب عمل کرده و یکی از این اعمال تشخیصی شناسایی رنگ های نزدیک به هم در پیکسل های تصاویر مغز و رنگ آمیزی آنها می باشد. مدل SOM یکی از محبوبترین شبکه های عصبی است که به دسته شبکه های عصبی یادگیری رقابتی وابستگی دارد.



شکل ۲-۱۲ نمایش نمودار نواحی مشکوک به تومور ونواحی مربوطه

روش SOM مبتنی بر آموزش بدون نظارت است که بدین معنی است که بدون دخالت انسان در طول یادگیری عمل می کند و نیاز به دانش کمی در مورد ویژگی های داده های ورودی دارد. شبکه های عصبی SOM در سال این شبکه در کاربردهای ۱۹۹۵ به وسیله Kohonen طراحی شد. این شبکه دارای کاربردهای مختلفی مفید بوده است. این شبکه دارای خاصیت حفظ توپولوژی است بدان معنی که نگاشت فاصله نسبی بین نقاط را حفظ می کند. نقاطی که در فضای ورودی در نزدیکی یکدیگر هستند در SOM به واحدهای نقشه که در نزدیکی هم هستند، نگاشت می شوند. شبکه SOM که ما برای تقسیم بندی مغز طراحی کرده ایم یک شبکه عصبی ۳×۲ است. شبکه اولیه ۳×۳ بود ولی برای کاهش زمان یادگیری با اضافه کردن مرحله تبدیلات خاکستری رنگی توانستیم این شبکه را کوچک کنیم. در این شبکه هر کدام از این نورون های عصبی یک رنگ اختصاص داده می شود و پیکسل ها از نظر مقدار به هر کدام از نورون ها نزدیک باشند رنگ آن نورون به آنها داده می شود. ورودی شبکه تصویر مغز سگمنت شده است که در مرحله پیش پردازش آماده شد و خروجی یک تصویر مغز رنگ آمیزی شده است که در آن پیکسل که از نظر مقدار شدت روشنایی نزدیک به هم هستند در یک دسته قرار دارند.

۲-۹ استخراج تومور

در این مرحله با تطابق ناحیه کشف شده از تومور در مرحله کشف نواحی مشکوک به تومور با تصویر مغز رنگ آمیزی شده توسط شبکه عصبی رنگ ناحیه موردنظر را پیدا می کنیم. سپس این رنگ را از تصویر جدا کرده و همه اجزای مستقلی که با این رنگ می توانند به وجود آیند را پیدا می کنیم. سپس جزیی که با ناحیه کشف شده از تومور مطابقت دارد را پیدا کرده و آن را به عنوان ناحیه تومور از سایر نواحی جدا می کنیم.

اعتبار عملکرد پاک کردن مجموعه و روش تقسیم بندی تومور با استفاده از معیارهای اعتبارسنجی که بیشتر در مقالات استفاده می شود که شامل: شاخص تشابه جاکارد Similarity Jaccard Index, JSI نمره شباهت دایس (Dice Similarity Score, DSS) ویژگی و حساسیت به دست آوردیم. اعتبارسنجی به روش مقایسه خروجی ارایه شده و تقسیم بندی دستی به تولید شده توسط متخصصین مربوطه، انجام شد. برای ارزیابی اعتبار روش های ارایه شده مغز و تومور جدا شده به صورت دستی توسط متخصص را G_t و مغز و تومور به دست آمده از روش ارایه شده را O_m قرار دادیم و آنها را با هم مقایسه می کنیم.

نتیجه این مقایسه در مقابل می تواند چهار نتیجه ممکن داشته باشد. مثبت درست: (T_p) جایی که هم O_m و هم G_t به عنوان مغز و یا تومور به درستی دسته بندی شدند. منفی درست: (T_n) جایی که هم O_m و هم G_t به عنوان غیر مغز یا غیر تومور به درستی دسته بندی شدند. منفی نادرست: (F_n) جایی که G_t به عنوان مغز یا تومور دسته بندی شد ولی O_m به عنوان غیر مغز و یا غیر تومور دسته بندی شد. نادرست مثبت: (F_p) جایی که هم O_m به عنوان مغز یا تومور دسته بندی شد ولی G_t به عنوان غیر مغز و غیر تومور دسته بندی شد. بر اساس این نتایج شاخص تشابه جاکارد و نمره شباهت دایس به صورت زیر تعریف می شوند:

$$JSI = \frac{|G_T \cap O_M|}{|G_T \cup O_M|} = \frac{T_p}{(T_p + F_p + F_n)} \quad (13-2)$$

$$DSS = \frac{|G_T \cap O_M|}{\frac{1}{2}|G_T + O_M|} = \frac{T_p}{\frac{1}{2}(2T_p + F_n + F_p)} \quad (14-2)$$

مقدار شاخص تشابه جاکارد، وجود یک تشابه کامل بین دو مجموعه را نشان داد و مقدار 0 نشان داد که هیچ تشابه ی بین مجموعه ها وجود نداشت. دو معیار شاخص تشابه جاکارد و نمره شباهت دایس هر دو درجه همپوشانی بین O_m و G_t را نشان دادند. اندازه گیری حساسیت کسری از مثبت درست است که به درستی تشخیص داده شده است و اندازه گیری ویژگی کسری از منفی درست است که به درستی شناسایی شده است.

این دو معیار هم به صورت زیر تعریف می شوند:

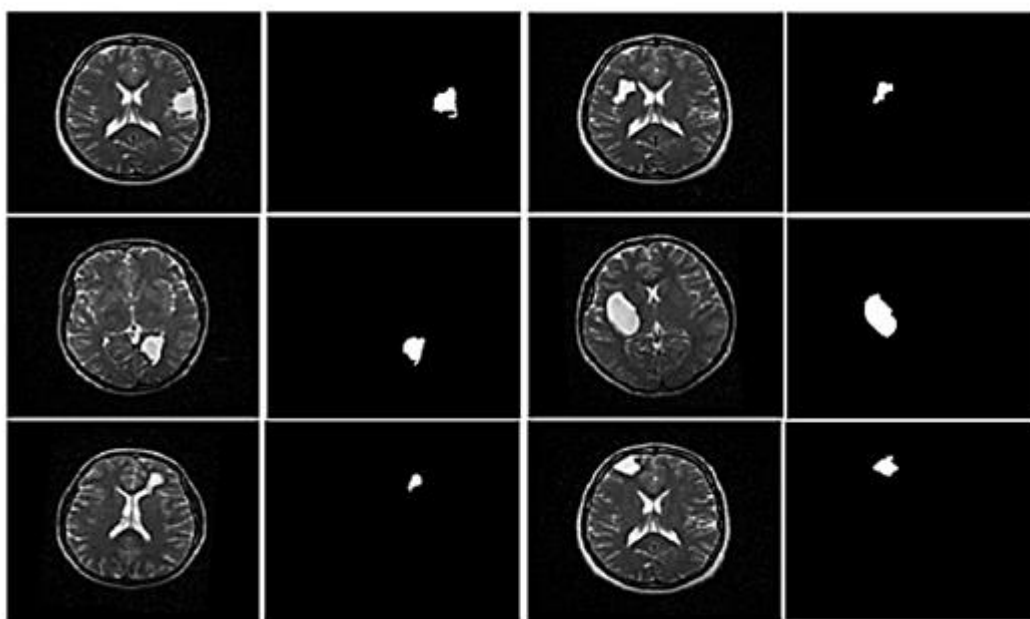
$$Sensitivity = \frac{TP}{TP+FN} \times 100 \quad (15-2)$$

$$Specificity = \frac{TN}{TN+FP} \times 100 \quad (16-2)$$

با بررسی نتایج حاصل از چهار معیار اعتبارسنجی، می توان میزان کارآمدی روش ارایه شده در مرحله پاک کردن مجموعه و تشخیص تومور مغز را با مقایسه با روش دستی به دست آورد . جدول ۲-۲ نتایج به دست آمده برای این چهار معیار را نشان می دهد . در شکل ۲-۱۳ چند تصویر تومور سگمنت شده را نمایش می دهد.

جدول ۲-۲ نتایج ارزیابی معیارها

شماره بیمار	JSI	DSS	حسابت	ریزگی
۱	۰/۹۴۸۵	۰/۹۱۳۵	۰/۹۹۹۱	۰/۹۹۹۱
۲	۰/۹۱۶۰	۰/۹۵۶۲	۰/۹۴۵۸	۰/۹۹۹۳
۳	۰/۹۵۶۱	۰/۹۸۶۱	۰/۹۸۱۷	۰/۹۹۹۵
۴	۰/۹۷۲۰	۰/۹۸۵۸	۰/۹۷۴۹	۰/۹۹۹۸
۵	۰/۹۳۰۹	۰/۹۶۴۲	۰/۹۵۷۹	۰/۹۹۹۸
۶	۰/۹۴۲۷	۰/۹۷۰۵	۰/۹۶۹۹	۰/۹۹۹۸
۷	۰/۹۲۰۲	۰/۹۵۸۴	۰/۹۶۵۳	۰/۹۹۹۸
۸	۰/۹۶۶۴	۰/۹۸۰۳	۰/۹۴۵۶	۰/۹۹۹۴
۹	۰/۹۴۲۳	۰/۹۷۰۳	۰/۹۸۸۲	۰/۹۹۹۲
۱۰	۰/۹۴۶۶	۰/۹۷۶۶	۰/۹۷۵۵	۰/۹۹۹۷
۱۱	۰/۹۵۷۵	۰/۹۷۸۳	۰/۹۹۲۱	۰/۹۹۹۷
۱۲	۰/۹۳۶۶	۰/۹۶۶۲	۰/۹۶۶۷	۰/۹۹۹۷
۱۳	۰/۹۳۲۳	۰/۹۶۶۵	۰/۹۶۴۲	۰/۹۹۹۱
۱۴	۰/۹۶۶۴	۰/۹۸۶۹	۰/۹۷۴۹	۰/۹۹۹۳
۱۵	۰/۹۶۶۴	۰/۹۸۰۳	۰/۹۶۸۲	۰/۹۹۹۴
میانگین	۰/۹۴۶۰	۰/۹۷۴۹	۰/۹۷۵۲	۰/۹۹۹۶



شکل ۲-۱۳ چند تومور سگمنت شده

معیارهای جاکارد و دایس هر دو میزان همپوشانی را نشان داد. همچنین معیار ویژگی مربوط به توانایی روش برای شناسایی نتایج منفی است و معیار حساسیت مربوط به توانایی روش پیشنهادی برای شناسایی نتایج مثبت است. نتایج به دست آمده نشان داد که روش پیشنهادی در این معیارها نتایج پذیرفتنی دارد و با توجه به ارزیابی نتایج آن می توان نتیجه گرفت که این سیستم برای کاربردهای عملی هم تا حدود زیادی قابل اطمینان است. برای مقایسه نتایج به دست آمده از این روش با روش های دیگر، نتایج حاصل از روش با روش هایی چون Li ، Wang و همکارانشان این مقایسه با پیاده سازی این روش ها و اعمال آنها بر ۲ و ۳ مقایسه شد. روی داده های مشترک انجام شده است که نتایج آن را می توان در جدول ۲-۲ مشاهده کرد. این مقایسه با استفاده از تصاویر تشدید مغناطیسی ۳۰ بیماری که در اختیار داشتیم انجام شد.

با محاسبه میانگین زمان لازم برای کشف تومور، مشاهده شد که روش پیشنهادی زمانی در حدود ۲۱ ثانیه برای کشف و تقسیم بندی تومور نیاز دارد. البته این زمان در زمانی که شبکه عصبی به کار رفته ۳×۳ بود، ۳۵ ثانیه بود. زمان لازم برای تقسیم بندی تومور توسط چون Li و همکاران نزدیک به ۱۵ دقیقه دلیل این اختلاف ۲ و ۳ و برای Wang و همکاران حدود ۱۰ دقیقه بود. زمانی در این است که این روش ها مبتنی بر روش های ناحیه رویشی هستند که دارای مشکل پیچیدگی زمانی هستند. در روش ما از شبکه عصبی که بسیار سریعتر است استفاده شده است که بسیار سریعتر از روش مبتنی بر ناحیه رویش است. البته یک تفاوت عمده بین روش پیشنهادی و روش ارایه شده توسط آنها این بود که روش پیشنهادی به طور کامل خودکار بود ولی روش های آنها نیاز به انتخاب ناحیه شروع توسط کاربر داشت.

جدول ۲-۳ مقایسه مرحله تقسیم بندی تومور

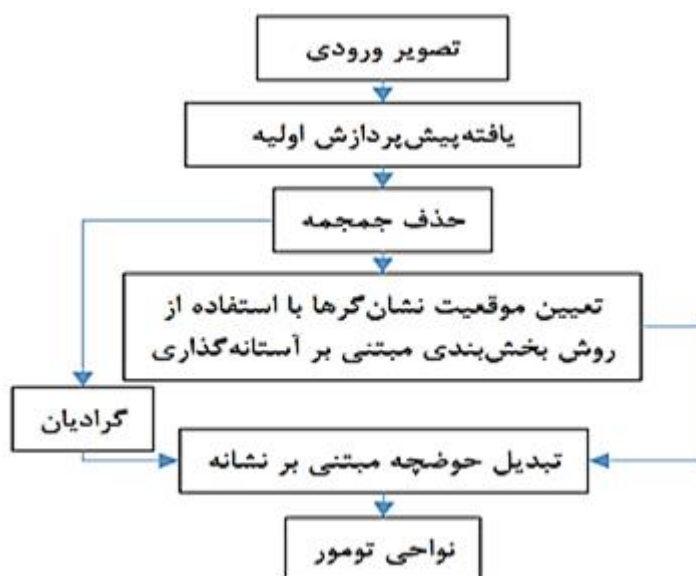
ویژگی	حساسیت	DSS	JSI	
٪۹۸	٪۸۹	٪۹۲	٪۸۸	Li Wang و همکاران
٪۹۸	٪۹۵	٪۹۵	٪۹۲	Li chung و همکاران
٪۹۹	٪۹۷	٪۹۷	٪۹۵	روش پیشنهادی

میانگین عملکرد در مرحله پاک کردن مجمله در شاخص تشابه جاکارد برابر ۹۵/۴۵٪ و در نمره شباهت دایس برابر ۹۷/۹۴٪ بود. همچنین برای معیار حساسیت ۹۸٪ و برای معیار ویژگی ۹۹٪ بود که می توان از آنها قابلیت بالای مرحله پیش پردازش برای سگمنت کردن مغز و تولید یک خروجی مناسب برای مراحل بعد را نتیجه گرفت. تصاویری که در آزمایش استفاده شده است، ۵۰٪ حاوی تومور با تورم کم، ۳۰٪ حاوی تومور با تورم متوسط و ۲۰٪ حاوی تومور با تورم زیاد بود و همچنین این روش در مرحله کشف تومور با روش Saha و همکاران که با استفاده از تقارن مغز اقدام به کشف تومور می کند، با استفاده از تصاویری که در اختیار داشتیم مقایسه شد.

نتایج این مقایسه نشان داد که روش پیشنهادی ما در مرحله کشف تومور ۹۵٪ موفقیت از خودش نشان داد و روش Saha و همکاران ۸۷٪ از خود نشان داد. یکی از مهمترین دلایل این میزان بهبود نتایج در مرحله کشف تومور در روش پیشنهادی استفاده از ضریب شباهت هلینگر (Hellinger) نسبت به ضریب شباهت Bhattacharyya است. چرا که ضریب شباهت Bhattacharyya نسبت به کوچکترین تغییری از خود حساسیت نشان می دهد. در این مقاله اقدام به طراحی سیستمی برای آشکارسازی و تقسیم بندی تومور مغز در تصاویر MRI شد. نتایج به دست آمده نشان می دهد که استفاده از شبکه عصبی SOM برای تقسیم بندی تصاویر MRI مغز بسیار مفید بوده و عملکرد خوبی از خود نشان می دهد. همچنین در بخش کشف تومور در این تصاویر، بررسی شباهت دو نیمکره توسط ضریب شباهت هلینگر به طور کامل مناسب می باشد و دلیل آن واکنش کم این ضریب به اختلافات ذاتی بافت های طبیعی مغز و واکنش زیاد آن به وقوع تومور در مغز می باشد.

۲-۱۰ مجموعه داده

اولین مجموعه مورد استفاده، مجموعه تصاویر T1C-MRI مغزی با ابعاد 96×96 انتخاب شده از فضای اینترنت برای بیست بیمار مختلف است. مجموعه تصاویر انتخاب شده به گونه ای است که پراکندگی خوبی در داده ها از نظر نوع تصویر، نوع تومور، موقعیت تومور و زاویه قرارگیری مغز ایجاد شود. دومین مجموعه داده تصاویر MRI- T1C مغزی است که به صورت اختصاصی از بیمارستان سجاد مشهد تهیه شده است. تعداد این تصاویر پنج عدد و با ابعاد 256×256 است. عملکرد روش روی مجموعه داده نیز مورد آزمایش قرار گرفته است. استاندارد BRATS2012 این مجموعه داده دارای تصاویر T1، T2، FLAIR و T1C برای برای ارزیابی نتایج ۲ هر بیمار و همچنین دارای تصاویر مرجع الگوریتم است. این دیتابیس شامل تصاویر MRI از ۸۰ بیمار است.



شکل ۲-۱۴ روند نمای عملکرد روش برای آشکار سازی ناحیه تومور مغزی

۲-۱۱ اولیه پیش پردازش

مرحله پیش پردازش اولیه شامل بهنجارسازی تصویر از نظر اندازه و مقادیر شدت روشنایی، حذف نویز و تیز کردن تصویر می باشد. در این مرحله تصویر MRI ورودی ابتدا به تصویر سطح خاکستری تبدیل شده، مقادیر شدت روشنایی بین صفر و یک نرمالیزه شده و ابعاد تصویر به 250×250 تغییر می کند. حذف نویز با استفاده از فیلتر میانه انجام می شود. برای ترمیم جزئیات از بین رفته در مرحله حذف نویز و تیز شدن تصویر مغز، جزئیات تصویر با استفاده از یک فیلتر بالاگذر استخراج و به تصویر اصلی اضافه می شود.

۱۲-۲ حذف حجمه

جمعده، پوست و دیگر بافت های غیر مغزی در بعضی از روش ها به علت شدت شباهت با ساختار مغز ممکن است باعث بخش بندی اشتباه شوند و یا حداقل زمان پردازش را افزایش دهند، بنابراین لازم است که حذف شوند. در این سیستم حذف جمعده به وسیله روشی مبتنی بر اندازه گیری خصوصیات مناطق تصویر انجام شده است. این روش بدین گونه عمل میکند که در ابتدا میانگین شدت روشنایی تصویر محاسبه شده و یک سیستم فازی مقدار آستانه را برای تصویر مشخص می کند. با اعمال این مقدار آستانه روی تصویر، بافت تومور و جمعده (به صورت دو مؤلفه متصل) مشخص می شوند. سپس مجموعه ای از خصوصیات مختلف برای هر مؤلفه متصل (شیء) در تصویر باینری شده محاسبه می شود و براساس این خصوصیات، یک مؤلفه متصل به عنوان مؤلفه ی جمعده انتخاب می شود. به عبارت دیگر هر مؤلفه ی متصل در تصویر که دارای خصوصیات مشخصی باشد به عنوان جمعده شناخته شده و حذف می شود. به عنوان نمونه تعداد پیکسل های هر که درصد توپر بودن یک منطقه را مؤلفه، خصوصیت "صلبی" نشان می دهد، برای مؤلفه ی جمعده مقدار کمی خواهد داشت. بنابراین می توان بزرگترین ناحیه ای را که دارای صلیت پایین است به عنوان مؤلفه ی جمعده در نظر گرفت.

۱۳-۲ بخش بندی مبتنی بر آستانه گذاری

آستانه گذاری یک تکنیک ساده ولی موثر برای تقسیم بندی تصویر است. تکنیک آستانه گذاری بر اساس تقسیم بندی تصویر به مناطقی مجزا (شیء و پس زمینه) به گونه ای است که یک بخش، شامل پیکسل هایی با مقدار شدت بیشتر و یا برابر با مقدار آستانه تعیین شده و بخش دیگر شامل پیکسل هایی با مقدار شدت کمتر از آن مقدار خواهد بود. پیدا کردن یک مقدار آستانه مناسب برای تفکیک شیء دلخواه از پس زمینه، یک گام مهم در پردازش تصویر و بینایی ماشین است. اگر T مقدار آستانه و $f(y, x)$ شدت روشنایی نقطه (x, y) در تصویر خاکستری باشد، تصویر آستانه گذاری شده به این صورت محاسبه می شود.

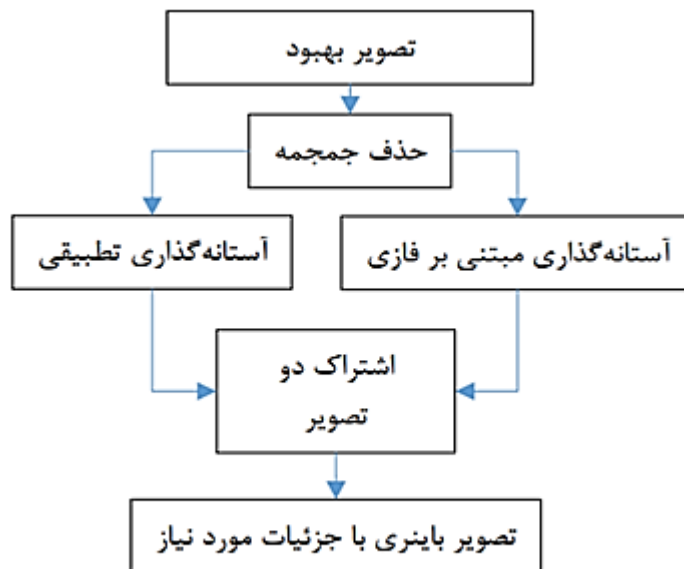
$$g(x, y) = \begin{cases} 1 & f(x, y) \geq T \\ 0 & f(x, y) < T \end{cases} \quad (17-2)$$

به منظور انجام یک آستانه گذاری دقیق و به دست آوردن تصویر باینری که شامل جزئیات مورد نظر باشد از یک آستانه گذاری موازی استفاده شده است. این تکنیک از دو روش آستانه گذاری فازی و آستانه گذاری تطبیقی به صورت موازی استفاده می کند. در روش اول مقدار آستانه از طریق یک سیستم فازی، متناسب با شدت تصویر انتخاب می شود، در روش بعد و به موازات آن آستانه گیری تطبیقی روی تصویر اعمال می شود و در نهایت اشتراک این دو روش به عنوان خروجی در نظر گرفته می شود.

در روش آستانه گذاری فازی، یک سیستم فازی با سه تابع عضویت دوزنقه ای برای حالت های کم، متوسط و زیاد، مقدار میانگین شدت روشنایی تصویر را به عنوان ورودی دریافت کرده و مقدار آستانه را به عنوان خروجی می دهد. قوانین فازی مورد استفاده به گونه ای است که مقدار آستانه بسته به مقدار متوسط تصویر که کم، متوسط و یا زیاد باشد، به ترتیب از مقادیر کم، متوسط و زیاد در نظر گرفته شده برای مقدار آستانه انتخاب می شود. آستانه گذاری تطبیقی نیز بر اساس مقدار متوسط و نیز واریانس تصویر مطابق معادله (۱۸-۲) روی تصویر اعمال می شود.

$$f_{Th}(x, y) = \frac{1}{\frac{(f(x,y) - \text{Mean}(f(x,y)))}{\text{Var}(f(x,y))}} \quad (18-2)$$

در نهایت اشتراک این دو روش به عنوان خروجی در نظر گرفته می شود (شکل ۲-۱۵ را ببینید).



شکل ۲-۱۵ بلوک دیاگرام روش آستانه گیری موازی

در دو روش گفته شده مقدار آستانه به صورت خودکار تعیین شده و از دل تصویر به دست می آید. یک مزیت استفاده از تکنیک آستانه گذاری موازی این است که در صورت تعیین نادرست مقدار آستانه و در نتیجه نامناسب بودن تصویر بخش بندی شده، روش دیگر با استفاده از اشتراک گیری، تصویر نهایی را اصلاح می کند. اما خود این اصلاح شامل دو حالت است: حالت اول زمانی رخ می دهد که به عنوان مثال روش اول در تعیین مقدار آستانه مناسب ناتوان عمل کرده و ناحیه تومور را بزرگتر از اندازه واقعی آن بخش بندی کرده است، در این حالت با فرض اینکه روش دوم به درستی عمل کرده، با اشتراک گیری دو تصویر، تصویر خروجی اصلاح می شود.

اما در حالت دوم اگر ناحیه تومور کوچکتر از اندازه واقعی آن بخش بندی شده باشد، در تصویر خروجی نیز اندازه تومور کوچکتر خواهد بود، در این حالت بدلیل استفاده از الگوریتم تبدیل حوضچه و تعیین این تصویر خروجی به عنوان نشانگر برای این الگوریتم، خللی در جواب نهایی ایجاد نخواهد شد. چراکه خروجی مرحله آستانه گذاری موازی به عنوان نشانگر برای الگوریتم تبدیل حوضچه در مرحله آخر مورد استفاده قرار می گیرد. در واقع عامل ایجاد اشتباه در این مرحله، بخش بندی ناحیه تومور بزرگتر از اندازه واقعی است زیرا موجب اشتباه الگوریتم تبدیل حوضچه خواهد شد و بخش بندی کوچکتر ناحیه تومور مشکلی در خروجی نهایی ایجاد نمی کند. به عبارت دیگر پیاده سازی این مرحله با هدف کاهش وابستگی الگوریتم به انتخاب پارامترهای ورودی (از جمله مقدار آستانه) انجام شده و دقت در این مرحله در اولویت قرار ندارد. استفاده از روش بخش بندی حوضچه مبتنی بر نشانگر در مرحله بعد، آشکارسازی دقیق ناحیه تومور را به همراه خواهد داشت.

۲-۱۴ تبدیل حوضچه مبتنی بر نشانگر

الگوریتم تبدیل حوضچه یک روش بخش بندی مبتنی بر ناحیه است که براساس یکنواختی شدت تصویر عمل بخش بندی انجام می دهد. ایده بصری این روش از جغرافیا گرفته شده است و از طریق تصور کردن یک تصویر به صورت یک نقشه سه بعدی و غرق کردن این نقشه در دریاچه ای از آب به صورتی که در مینیمم های محلی این نقشه سوراخ هایی تعبیه شده باشد، پیاده سازی می شود. آب در حوضچه های مختلف با نرخ افزایش یکسان بالا آمده و در نقاطی به هم می رسند. برای جلوگیری از به هم پیوستن آب حوضچه ها در این نقاط سدهای عمودی قرار می گیرند. بعد از غرق شدن مرتفع ترین نقطه ی نقشه در آب، سدها نقشه را به نواحی مجزا تقسیم می کنند. این سدها در حقیقت همان خطوط حوضچه هستند. برای ناحیه بندی تصویر با استفاده از تبدیل حوضچه ابتدا مقدار گرادیان شدت روشنایی تصویر محاسبه شده و سپس تبدیل حوضچه روی آن اعمال می شود. در تصویر گرادیان شدت روشنایی، مقادیر مربوط به نقاط لبه نسبت به مقادیر مربوط به سایر نقاط بیشتر است. بنابراین خطوط حوضچه در محل لبه ها قرار می گیرند. این امر برای ناحیه بندی تصویر مناسب است. الگوریتم تبدیل حوضچه علاوه بر تمام مزیت هایی که دارد از یک رنج می برد که بدلیل مشکل اساسی نواحی اضافی بخش بندی وجود تعداد زیاد مینیمم های محلی رخ می دهد و باعث می شود تعداد نواحی تشخیص داده شده از تعداد اشیای موجود در تصویر بسیار بیشتر باشد. در سیستم پیشنهادی جهت حذف اثر بیش ناحیه بندی، روش بخش بندی تبدیل حوضچه مبتنی بر نشانگر پیشنهاد شده است.

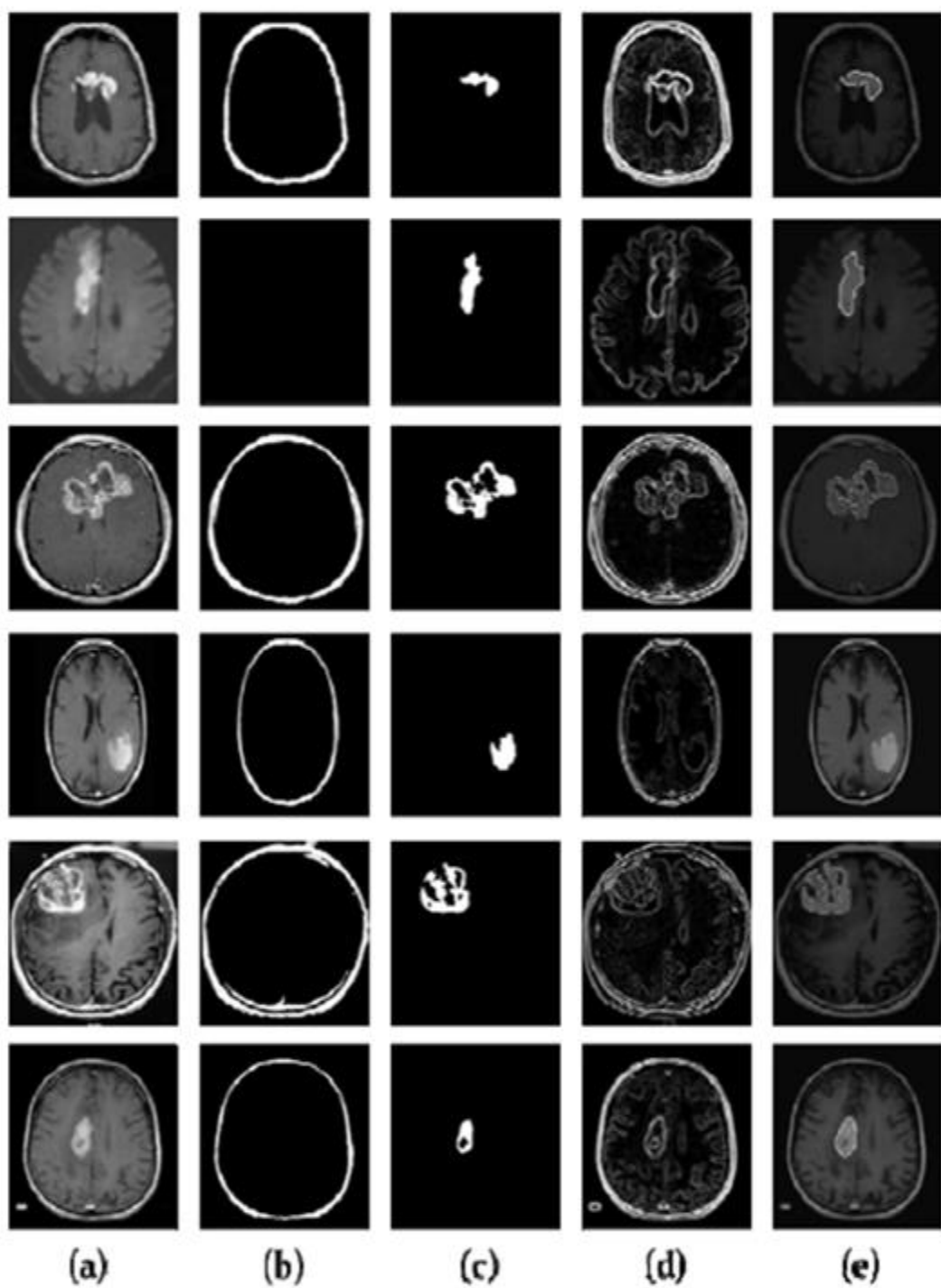
ناحیه ی تومور مکان یابی شده در مرحله آستانه گذاری موازی با اعمال یک سری عملیات کوچک سازی به عنوان نشانگرهای داخلی (تومور) تعیین می شود. مناطق سیاه نیز به عنوان پس زمینه در نظر گرفته می شود، اما در حالت ایده آل نمی خواهیم نشانگرهای پس زمینه به لبه های اشیایی که در تلاش برای بخش بندی آنها هستیم (نشانگرهای داخلی) خیلی نزدیک شود. این کار با نازک سازی پس زمینه به وسیله محاسبه SKIZ از پیش زمینه تصویر باینری انجام خواهد شد.

۲-۱۵ نتایج پیاده سازی

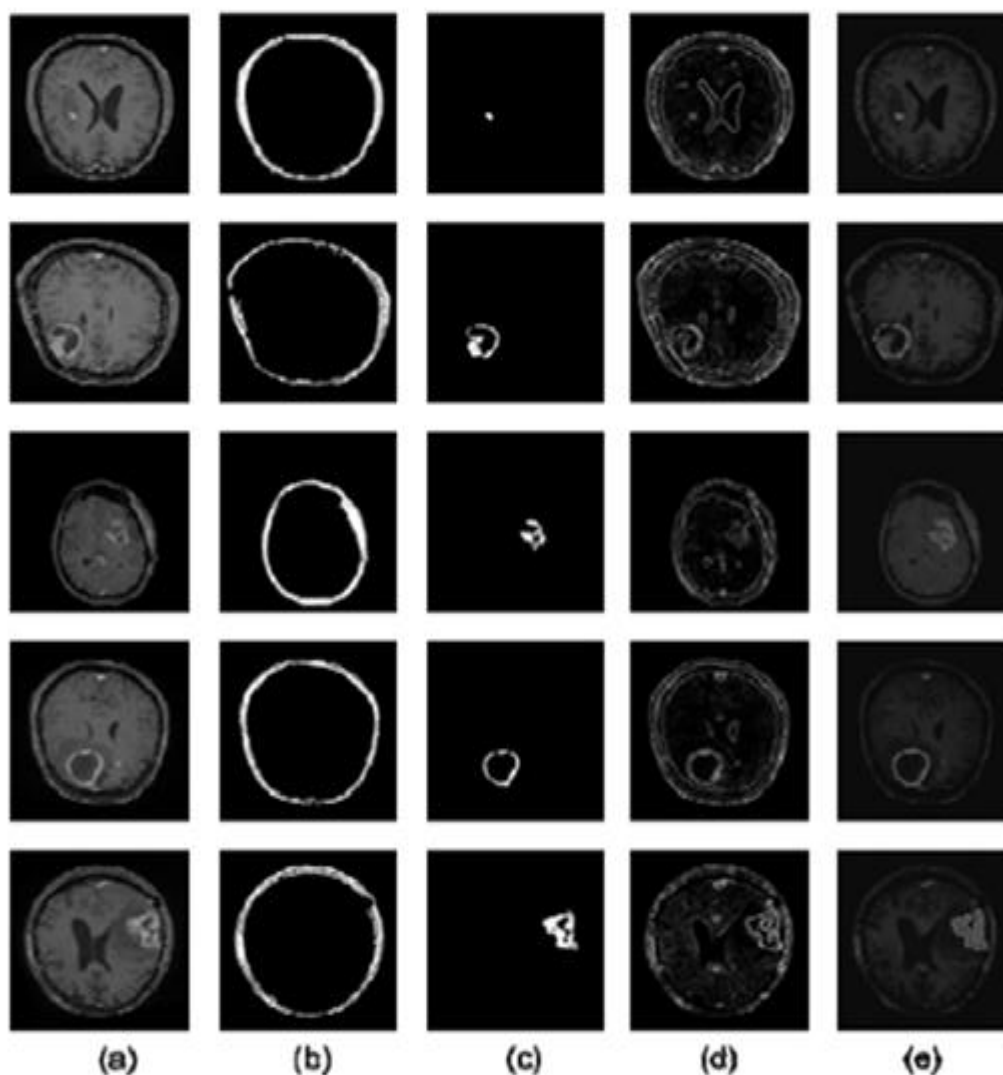
در ابتدا یک ارزیابی دیداری از عملکرد الگوریتم با استفاده از مجموعه تصاویر MRI مغزی انتخاب شده از فضای اینترنت برای بیست بیمار مختلف انجام شده است. در ادامه برای اطمینان از عملکرد الگوریتم روی تصاویر خروجی دستگاه تصویربرداری تشدید مغناطیسی که پس پردازشی روی آنها انجام نشده، بروی مجموعه تصاویر MRI مغزی از بیمارستان سجاد مشهد پیاده سازی شد. در انتها بروی مجموعه داده BRATS2012 پیاده سازی شد و مورد ارزیابی کمی قرار گرفت.

۲-۱۶ ارزیابی کیفی

در ابتدا جهت بررسی کارایی الگوریتم روی انواع مختلف تومورها و تصاویر از مجموعه تصاویر MRI مغزی بیست بیمار که در فضای اینترنت موجود بود، استفاده گردید. شکل 3 نتایج حاصل از اعمال روش پیشنهادی بروی تعدادی از تصاویر این مجموعه را نشان می دهد. در مرحله بعد برای اطمینان از عملکرد مناسب الگوریتم روی تصاویر خروجی دستگاه تصویربرداری تشدید مغناطیسی مغز که پس پردازشی روی آنها انجام نشده، روی مجموعه تصاویر MRI مغزی شامل پنج بیمار از بیمارستان سجاد مشهد نیز پیاده سازی شد. مقدار آستانه و مقدار σ در مرحله محاسبه گرادیان به عنوان پارامترهای ورودی در نظر گرفته شده اند و تاثیر تغییرات این پارامترها بروی نتایج خروجی بررسی شده است. نتایج با اعمال مقادیر آستانه متفاوت است. در این سیستم، انتخاب مقدار آستانه در مرحله گذاری موازی به صورت کاملاً خودکار بوده اما برای ارزیابی سیستم و بررسی حساسیت نتایج الگوریتم به پارامترهای ورودی، مقدار آستانه در مرحله گذاری موازی به صورت دستی و در یک بازه نسبتاً بزرگ بین $0/3$ تا $0/9$ انتخاب شده است. همانطور که مشاهده می شود با تغییر این پارامتر در یک بازه نسبتاً بزرگ و خروجی نامناسب مرحله گذاری موازی، خروجی الگوریتم کمترین تغییر را داشته و همچنان به صورت دقیق عمل بخش بندی ناحیه ی تومور را انجام می دهد.



شکل ۲-۱۶ نتایج پیاده سازی روش ارائه شده بر روی مجموعه تصاویر موجود در اینترنت (a) تصویر اصلی (b) حذف مجموعه (c) خروجی آستانه گذاری موازی به همراه پردازش مورفولوژیکی (d) گرادیان تصویر اصلی (e) ناحیه مربوط به تومور



شکل ۲-۱۷ نتایج پیاده سازی روش ارائه شده بر روی مجموعه تصاویر اختصاصی بیمارستان سجاد مشهد (a) تصویر اصلی (b) حذف جمععه (c) خروجی آستانه گذاری موازی به همراه پردازش مورفولوژیکی (d) گرادیان تصویر اصلی (e) ناحیه مربوط به تومور.

همچنین برای تقریب گرادیان تصویر، از کانولوشن تصویر به یک فیلتر مشتق گوسی استفاده شده است. در این فیلتر دو بعدی متقارن، پارامتر σ انحراف معیار تابع گوسی است. σ عرض گوسی را تعیین می کند و افزایش آن باعث حذف جزئیات بیشتر تصویر می شود. بطور مشابه تاثیر تغییرات این پارامتر نیز روی نتایج خروجی بررسی شده است. نتایج الگوریتم با اعمال مقادیر σ مختلف در شکل ۲-۱۷ نشان داده شده است. بطور مشابه مقدار پارامتر σ در مرحله محاسبه گرادیان تصویر، در بازه ۰/۵ تا ۳ که بازه بزرگی از مقادیر برای پارامتر σ می باشد، تغییر داده شده است تا اثر تغییرات این پارامتر روی نتایج خروجی بررسی شود. مشاهده می شود که با تغییرات σ نتایج خروجی الگوریتم کمترین تغییر را داشته و همچنان بخش بندی ناحیه ی تومور به نحو مناسبی انجام شد است.

۱۷-۲ ارزیابی کمی

برای اطمینان بیشتر از کارایی مناسب الگوریتم، ارزیابی کمی روی نتایج حاصل از الگوریتم بری مجموعه داده استاندارد نیز انجام شده است. به منظور ارزیابی کمی عملکرد از تصاویر T1C مجموعه داده BRATS2012 و تصاویر مرجع آن استفاده شده است. برای مقایسه کمی موقعیت تومور استخراج شده و موقعیت آن در تصاویر مرجع که بصورت دودویی ذخیره شده اند، از پنج معیار زیر استفاده شد.

$$Sensitivity = \frac{TP}{TP+FN} \times 100 \quad (۱۹-۲)$$

$$Specificity = \frac{TN}{TN+FP} \times 100$$

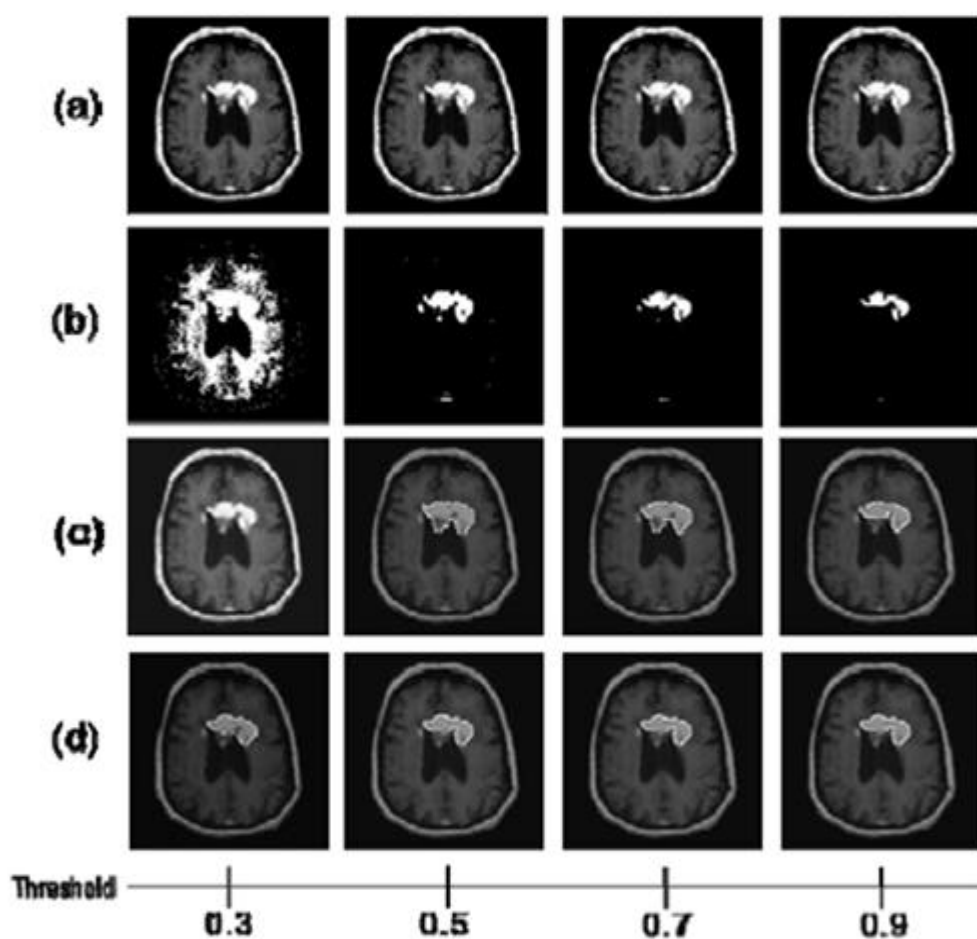
$$Accuracy = \frac{TP+TN}{TP+TN+FN+FP} \times 100$$

$$Dice \text{ Similarity Score} = \frac{2(TP)}{2(TP)+FN+FP} \times 100$$

$$Jaccard \text{ Similarity Index} = \frac{TP}{TP+FN+FP} \times 100$$

در معادله بالا TP، TN، FP، FN به ترتیب نشان دهنده تعداد پیکسل هایی که به درستی به عنوان بخشی از تومور شناسایی شده اند، تعداد پیکسل هایی که به اشتباه به عنوان بخشی از تومور شناسایی شده اند و تعداد پیکسل هایی که به اشتباه به عنوان بافت سالم شناسایی شده اند می باشند. نمره شباهت دایس در واقع نسبت نواحی توموری که به درستی بخش بندی شده اند به مساحت کل نواحی تومور در هر دو تصویر مرجع و بخش بندی شده را اندازگیری می کند.

مقادیر DSS در بازه صفر تا یک قرار می گیرند و نزدیکی این مقدار به یک نشان دهنده بخش بندی دقیق تر است. همچنین مقدار یک برای شاخص تشابه جاکارد وجود تشابه کامل بین دو مجموعه را نشان می دهد و مقدار صفر نشان دهنده عدم تشابه جاکارد، هر دو درجه همپوشانی بین تومور واقعی و تومور استخراج شده را نشان می دهند. شکل ۱۸-۲ نتایج این پیاده سازی را نشان می دهد. عملکرد الگوریتم در بخش بندی تومور مغزی بروی مجموعه داده BRATS2012 در جدول ۲-۴ نشان داده شده است.



شکل ۲-۱۸ نتایج الگوریتم تبدیل حوضچه با اعمال مقادیر آستانه متفاوت. (a) تصویر اصلی (b) خروجی مرحله آستانه گذاری
(c) نتایج الگوریتم تبدیل حوضچه مبتنی بر نشانگر تنها (d) نتایج الگوریتم تبدیل حوضچه

جدول ۲-۴ نتایج بخش بندی تومور به وسیله الگوریتم تبدیل حوضچه بروی تصاویر نشان داده شده در شکل ۲-۱۸ مربوط به

مجموعه داده BRATS2012

شماره تصویر	Accuracy	Specificity	Sensitivity	DSS	JSI
۱	۹۹/۷۰	۹۹/۸۹	۹۴/۸۵	۹۵/۸۳	۹۲/۰۰
۲	۹۹/۷۹	۹۹/۸۲	۹۸/۹۱	۹۶/۲۲	۹۲/۷۲
۳	۹۹/۸۹	۹۹/۹۱	۹۶/۷۷	۹۰/۶۸	۹۱/۰۸
۴	۹۹/۸۹	۹۹/۹۲	۹۶/۸۲	۹۴/۵۳	۸۹/۶۳
۵	۹۹/۷۸	۹۹/۸۱	۹۸/۰۰	۹۳/۸۹	۸۸/۴۸
۶	۹۹/۸۴	۹۹/۸۸	۹۷/۵۳	۹۵/۲۲	۹۰/۸۸

در مقاله [۲۷] نویسندگان از روش شبکه عصبی کانولوشن به دلیل محل رشد تومورهای مغزی در سر انسان، معمولاً احتمال مرگ بر اثر این تومورها، شش برابر بیشتر از تومورهای دیگر است. سیستم های کامپیوتری را می توان برای کاهش تجویز درمان های نامناسب و کمک به متخصصان در تشخیص این بیماری استفاده کرد. در این مقاله از یک الگوریتم جدید به منظور تشخیص تومورها در ۹۰۰ تصویر ام آر آی استفاده شده است. این الگوریتم مشتمل بر چهار فاز اصلی است که در فاز اول بعد از ورود داده ها عملیات پیش پردازش بر روی تصاویر با استفاده از روش یکسان سازی هیستوگرام انجام می شود.

در فاز دوم با استفاده از دو مدل پیش آموزش دیده شبکه عصبی کانولوشن، استخراج ویژگی انجام می شود. استفاده از مدل های پیش آموزش دیده شبکه عصبی کانولوشن باعث می شود که ویژگی ها با کیفیت بالاتر، نسبت به روش های سنتی از تصاویر استخراج شود. به علت ایجاد ویژگی های فراوان توسط مدل های شبکه عصبی کانولوشن، در فاز سوم از روش تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی به منظور کاهش ابعاد و وابستگی استفاده می شود که در نهایت ۱۰۰ ویژگی اصلی از هر مدل استخراج می شود. در فاز چهارم طبقه بندی با استفاده از الگوریتم ماشین بردار پشتیبان انجام می شود. به منظور مقایسه نتایج، از سه شاخص ویژگی، حساسیت، و دقت استفاده شده است. نتایج مقایسه ای نشان می دهد که الگوریتم پیشنهادی عملکرد مناسبی در اکثر داده ها دارد.

در سال های اخیر به دلیل رشد چشمگیر داده ها، ضرورت گسترش سیستم های کشف دانش از بین داده ها بسیار ضروری می باشد. در همین راستا چندین سیستم کمک پزشکی در زمینه تشخیص تومورهای مغزی ارائه شده است که با استفاده از کشف دانش از درون تصاویر تومورهای مغزی، می توانند به تشخیص این تومورها کمک نمایند. تومورهای مغزی حدود دو درصد تومورهای انسان را تشکیل می دهند، ولی به علت محل قرارگیری آنها، مرگ و میر در این زمینه شش برابر بیشتر از تومورهای دیگر است. به منظور شناسایی تومورهای مغزی روش های مختلفی وجود دارد. در میان این روش ها، تشخیص به کمک سیستم های کامپیوتری در سالهای اخیر گسترش یافته است. یکی از روش های معمول در شناسایی تومورهای مغزی، تصویربرداری پزشکی است. پرکاربردترین آنها شامل تصاویر ام آر آی و تصاویر سی تی است. معمولاً تصاویر ام آر آی از لحاظ کارایی بالاتر و ارزیابی آسانتر، بیشتر استفاده می شود. تصاویر ام آر آی معمولاً به صورت تراکم پروتون فلیر و T2-Weighted، T1-Weighted استفاده می شود. فراوانی اطلاعات موجود در تصاویر ام آر آی، بسیار بیشتر از حوزه دید انسان است، زیرا سیستم های ام آر آی امروزی می تواند تصاویری برابر با سطح خاکستری را ایجاد کند. با توجه به حجم بالای داده ها، از کامپیوتر در پردازش تصاویر ام آر آی و کشف دانش در چارچوب های ریاضی استفاده می شود. الگوریتم های مربوط در زمینه پردازش تصاویر پزشکی معمولاً شامل پنج مرحله اصلی است. این پنج مرحله شامل پیش پردازش، قطعه بندی، استخراج ویژگی، کاهش ابعاد و طبقه بندی است.

پیش پردازش شامل مراحل از جمله حذف نویز و اصلاح مقادیر شدت است. تکنیک های قطعه بندی، پیکسل های مشابه را در کلاس های مختلف به وجود می آورد. با استفاده از تکنیک های استخراج ویژگی، تعدادی ویژگی از تصاویر استخراج می شود و با استفاده از تکنیک های کاهش ابعاد، میزان ابعاد و وابستگی در ویژگی ها کاهش می یابد. انتخاب تکنیک های مناسب در استخراج ویژگی و استفاده از طبقه بندی های مناسب، بیشترین تأثیر را در دقت الگوریتم های طبقه بندی در تصاویر پزشکی دارند. همچنین استفاده از یک روش مناسب در زمینه قطعه بندی می تواند باعث ایجاد ویژگی های مناسب تری گردد.

یک الگوریتم ترکیبی جدید به منظور طبقه بندی تومورهای مغزی در تصاویر ام آر آی معرفی می شود. این الگوریتم از چهار گام اصلی (بدون استفاده از قطعه بندی) مشتمل بر پیش پردازش، استخراج ویژگی ها، کاهش ابعاد، و طبقه بندی تشکیل شده است. از روش یکسان سازی هیستوگرام به منظور پیش پردازش استفاده می شود. از مدل های پیش آموزش دیده شبکه عصبی و گوگلنت شامل مدل های الکسنت کانولوشن به منظور استخراج ویژگی، و از تکنیک تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی به منظور کاهش ابعاد بر روی ویژگی ها استفاده می شود. در نهایت به منظور طبقه بندی، الگوریتم ماشین بردار پشتیبان استفاده می شود. در بخش دوم، مرور مبانی نظری موضوع بررسی می شود و در بخش سوم، الگوریتم شرح داده می شود. در بخش چهارم، نتایج به کارگیری روش ارائه شده و در بخش پنجم درباره نتایج به دست آمده بحث و نتیجه گیری می شود. روش های مختلفی به منظور پیش پردازش داده ها در تصاویر ام آر آی وجود دارد. یکی از فیلدهایی که کاربر زیادی در پیش پردازش تصاویر ام آر آی دارد فیلد نرمالایز شدت روشنایی نام دارد که در تجزیه و تحلیل بافت های کمی و بهبود کنتراست تصاویر ضروری هستند. شش روش شامل، نرمال سازی کشش کنتراست مقیاس شدت، نرمال سازی هیستوگرام، کشش هیستوگرام، یکسان سازی هیستوگرام و نرمال سازی کرنل گوسی، در فیلد نرمالایز شدت روشنایی معرفی شده است. بر اساس نتایج حاصل روش یکسان سازی هیستوگرام در تصاویر پزشکی نسبت به سایر روش ها، کارایی بهتری را داشته است. استخراج ویژگی، فرایند تبدیل تصویر به گروهی از ویژگی ها اطلاق می شود.

در زمینه استخراج ویژگی می توان الگوریتم های موجود در این حوزه را به دو دسته الگوریتم های سنتی و الگوریتم های یادگیری عمیق تقسیم کرد. در زمینه الگوریتم های سنتی استخراج ویژگی می توان به الگوریتم های ماتریس همربخداد و تبدیل موجک گسسته اشاره کرد. استخراج ویژگی با استفاده از الگوریتم های ماتریس همربخداد اولین بار توسط هارالیک و شانموگام مطرح گردید. آنها تکنیک آماری از جمله میزان وابستگی، آنتروپی، مجموع واریانس، همگنی، مجموع مربعات خطا و غیره را به منظور طبقه بندی معرفی کردند. تبدیل موجک گسسته به منظور استخراج ویژگی در تصاویر ام آر آی استفاده می شود که یک ابزار قدرتمند بر پایه ریاضیات است.

در زمینه الگوریتم های استخراج ویژگی در حوزه یادگیری عمیق می توان از مدل های پیش آموزش دیده ی شبکه عصبی کانولوشن استفاده نمود. معروفترین این الگوریتم ها مدل الکس نت و گوگلنت می باشند که در سال های اخیر به عنوان روش های کارآمد استخراج ویژگی مورد استفاده قرار می گیرند. با توجه به ایجاد ویژگی های با ابعاد بالا توسط روش های استخراج ویژگی، معمولاً از روش های مختلف کاهش ویژگی بدون از دست دادن اطلاعات مهم، به منظور کاهش این ویژگی ها استفاده می شود. روش های مختلفی به منظور کاهش ویژگی توسط زولنر و همکاران معرفی شده است. این روش ها شامل ضریب همبستگی پیرسون، تحلیل مولفه ی اصلی، تجزیه و تحلیل مولفه ی مستقل می شوند. این روش ها تاثیر بسیار اندکی بر روی دقت طبقه بندی می گذارند. روش های طبقه بندی شامل روش های نظارت شده و روش های غیر نظارت شده است. برخی از روش های نظارت شده شامل ماشین بردار پشتیبان K ، نزدیکترین همسایگی، تحلیل تفکیک کننده ی خطی، بیز ساده، درخت تصمیم، ماشین بردار پشتیبان بر اساس تابع کرنل شعاعی، و رگرسیون لجستیک می باشند. این روش ها به عنوان ابزارهای طبقه بندی در مقالات بسیاری مورد استفاده قرار گرفته اند. در جدول ۲-۵، الگوریتم های مختلفی به منظور طبقه بندی به همراه دقت آنها در طبقه بندی نشان داده شده است. در این جدول روش های استخراج ویژگی به دو دسته الگوریتم های سنتی استخراج ویژگی از جمله ماتریس هم رخداد و تبدیل موجک گسسته و استخراج ویژگی با استفاده از مدل های یادگیری عمیق از جمله مدل های پیش آموزش دیده شبکه عصبی کانولوشن تقسیم شده است.

جدول ۲-۵ مرور برخی از الگوریتم های طبقه بندی با استفاده از روش های سنتی استخراج ویژگی

روش	الگوریتم	دقت (درصد)	سال
روش های سنتی استخراج ویژگی	ماتریس هم رخداد + الگوریتم ژنتیک + انفیس [۱۳]	۹۷	۱۹۹۰
	تبدیل موجک گسسته + ماشین بردار پشتیبان با کرنل خطی [۱۴]	۹۷/۱۶	۲۰۰۶
	تبدیل موجک گسسته + ماشین بردار پشتیبان با کرنل چندجمله ای [۱۴]	۹۸	۲۰۰۶
	تبدیل موجک گسسته + ماشین بردار پشتیبان با کرنل شعاعی [۱۴]	۹۸	۲۰۰۶
	تبدیل موجک گسسته + تحلیل مؤلفه های اصلی + K نزدیک ترین همسایه [۱۵]	۹۷/۶	۲۰۱۰
	ماتریس هم رخداد + تحلیل مؤلفه های اصلی + ماشین بردار پشتیبان [۱۶]	۸۸/۸۸	۲۰۱۱
	ماتریس هم رخداد + شبکه عصبی احتمالی - شبکه عصبی شعاعی [۱۷]	۱۰۰	۲۰۱۴
	تبدیل موجک گسسته + تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی + الگوریتم ادابوست با جنگل تصادفی [۱۸]	۱۰۰	۲۰۱۵
استخراج ویژگی با استفاده از روش های پیش آموزش دیده	(الکس نت، گوگلنت، $Vgg-f$ + gain ratio + ماشین بردار پشتیبان [۱۹])	۹۹/۷۶	۲۰۱۸

منجر به تشخیص تومورهای مغزی در تصاویر ام آر آی می شود. الگوریتم موردنظر شامل چهار مرحله پیش پردازش، استخراج ویژگی، کاهش ابعاد و طبقه بندی است. استفاده از مدل های پیش آموزش دیده ی شبکه عصبی کانولوشن به منظور طبقه بندی تومورهای مغزی در تصاویر ام آر آی، ایده ی اصلی این است و این مطالعه را از سایر مطالعات در حوزه طبقه بندی تصاویر ام آر آی متمایز می سازد. در اینجا از روش یکسان سازی هیستوگرام به منظور پیش پردازش، از شبکه عصبی کانولوشن به منظور استخراج ویژگی، از روش تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی به منظور کاهش ابعاد، و از الگوریتم ماشین بردار پشتیبان به منظور طبقه بندی در کلاس های مختلف استفاده می شود. در ادامه این بخش و در ابتدا، روش یکسان سازی هیستوگرام معرفی می گردد؛ در ادامه مدل های پیش آموزش دیده شبکه عصبی کانولوشن بررسی می شود؛ سپس الگوریتم تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی تشریح و در نهایت الگوریتم ماشین بردار پشتیبان به منظور طبقه بندی چند کلاسه شرح داده می شود.

۲-۱۸ یکسان سازی هیستوگرام

فرآیند تعدیل مقادیر شدت می تواند به صورت خودکار توسط یکسان سازی هیستوگرام انجام شود. در این روش هیستوگرام تصویر خروجی یکنواخت می گردد و باعث می شود یکنواختی تصویر تا حد ممکن افزایش یابد. یکسان سازی هیستوگرام بر اساس رابطه (۱)، به ازای هر پیکسل محاسبه می شود:

$$h(v) = \text{round} \left(\frac{cdf(v) - cdf_{min}}{(w \times h) - 1} \right) \times (L - 1) \quad (20-2)$$

در رابطه (۲۰-۲)، $h(v)$ مقدار هیستوگرام، $cdf(v)$ مقدار تابع توزیع تجمعی cdf کمترین مقدار تابع توزیع تجمعی، w عرض تصویر، min مربوط به پیکسل v ، h ارتفاع تصویر و L تعداد سطوح خاکستری استفاده شده که در بیشتر مواقع مقدار 256 را دارد.

۲-۱۹ شبکه عصبی کانولوشن

در حال حاضر محققانی که با هوش مصنوعی کار می کنند، مدل های یادگیری عمیق را به منظور ایجاد سیستم های محاسباتی قوی استفاده می کنند. در میان این مدل ها، شبکه های عصبی مصنوعی یکی از بهترین ابزارها می باشند. شبکه عصبی مصنوعی از یک مجموعه گره های غیرخطی که به صورت موازی در ارتباط با یکدیگر هستند، تشکیل شده است. در میان شبکه های عصبی، شبکه های عصبی کانولوشن، به منظور استخراج ویژگی و طبقه بندی در زمینه یادگیری عمیق استفاده می شوند.

هدف از طراحی شبکه های عصبی کانولوشن، مدلسازی دقیق از نحوه عملکرد سیستم بینایی انسان و ارتباط آن با ناحیه بینایی مغز است که وظیفه استخراج خودکار ویژگی های کلیدی، یادگیری تصاویر در یک سیستم عصبی و همچنین حذف افزونگی های احتمالی را بر عهده دارد. شبکه عصبی کانولوشن نوعی از یادگیری عمیق است که چندین لایه و پولینگ کانولوشن دارد. لایه ورودی شبکه عصبی کانولوشن معمولاً یک تصویر با ابعاد دلخواه، و خروجی آن یک بردار ویژگی با تفکیک پذیری بالا و متناظر با کلاس های مختلف است. لایه های پنهان در این شبکه لایه کانولوشن، لایه پولینگ، و لایه اتصال کامل است. ساختار ساده شبکه عصبی کانولوشن در شکل (۲-۲۰) نشان داده شده است. لایه کانولوشن شامل وزن ها و بایاس های قابل آموزش است که به صورت فیلتر با ابعاد و اعماق مختلف بر روی لایه های ورودی اعمال می شوند و یک نقشه ویژگی به ازای هر نمونه و هر فیلتر تولید می شود. با اتصال این نقشه های ویژگی به یکدیگر یک لایه کانولوشن تشکیل می شود. لایه پولینگ یک تابع نمونه برداری غیرخطی به همراه کاهش مقیاس است که می تواند توابعی مانند ماکزیمم گیری، میانگین گیری و حتی نرم کمترین مربعات باشد. اعمال این لایه به لایه ورودی باعث می شود که ابعاد لایه ورودی به تدریج کاهش یابد.

لایه اتصال کامل، لایه نهایی دارای ویژگی های سطح بالا است و هر نورون در این لایه به یکی از نقشه های ویژگی در لایه قبلی متصل است. دو روش برای استفاده از شبکه عصبی کانولوشن وجود دارد. روش اول فرآیند آموزش با استفاده از یک مجموعه بزرگ داده انجام می شود و در روش دوم از روش های پیش آموزش دیده به منظور استخراج ویژگی استفاده می شود. در این مطالعه از روش دوم استفاده می شود که در آن با استفاده از مدل های پیش آموزش دیده، فرایند استخراج ویژگی انجام می شود. مدل های پیش آموزش دیده استفاده شده در این مقاله شامل مدل الکسنت و گوگل نت است. ساختار کلی این مدل ها شبیه به هم است و تفاوت آنها در سایز فیلترهای استفاده شده در لایه کانولوشن و تعداد عصب در لایه اتصال کامل است.

مدل الکسنت:

این مدل در سال ۲۰۱۲ به منظور آموزش و طبقه بندی داده های Image Net در اینجا معرفی شد. Image Net شامل ۲,۱ میلیون تصویر ۲۵۶*۲۵۶ است که در ۱۰۰۰ زیرمجموعه تقسیم شده است. بر اساس شکل (۲-۲۱) این مدل شامل پنج لایه کانولوشن، سه لایه پولینگ و دو لایه اتصال کامل است.

مدل گوگلنت:

مدل گوگلنت معرفی شد و نسبت به مدل الکسنت عمیق تر و پیچیده تر است. در این مدل یک مفهوم جدید به اسم اینسپشن معرفی شد. هر اینسپشن شامل شش لایه کانولوشن و یک لایه پولینگ است. بر اساس شکل (۲-۲۲)، مدل گوگلنت شامل دو لایه کانولوشن، سه لایه پولینگ و نه لایه اینسپشن است.

۲-۲۰ کاهش ابعاد

کاملاً مشخص است بردار استخراج شده از روش های الکس نت و گوگل نت به عنوان ویژگی دارای ابعاد زیادی است و منجر به افزایش میزان پیچیدگی محاسباتی و زمان محاسباتی در طبقه بندی می شود. عموماً تمام این ویژگی ها در طبقه بندی استفاده نمی شوند و استفاده از روش های کاهش ابعاد، باعث می شود که از میان ویژگی های به دست آمده، ویژگی های بهینه ی مؤثر که باعث دستیابی به بیشترین درصد صحت در تشخیص نمونه ها شده اند، انتخاب گردند. این روش ها تأثیر بسیار اندکی بر روی طبقه بندی می گذارند. در میان این روش ها، روش تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی به دلیل نمایش داده ها با حجم کم با فرم توزیع احتمالی از داده های حجیم، در این مطالعه مورد استفاده قرار می گیرد. این روش یک فرمول احتمالی از روش تحلیل مؤلفه های اصلی بر اساس یک مدل متغیر پنهان گاوسی است که اولین بار توسط تپینگ و بیشاپ معرفی شد. یکی از مزیت های روش تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی نسبت به روش تحلیل مؤلفه های اصلی این است که در مواردی که تعداد نمونه ها از ابعاد داده ها کمتر است، پیچیدگی محاسباتی در یافتن بردار ویژه را کاهش می دهد.

۲-۲۱ روش تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی

تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی مبتنی بر یک مدل خطای ایزوتروپیک است. این مدل به دنبال یافتن ارتباط بین بردار مشاهدات (y) با p بعد، و بردار k بعدی متغیرهای لیتنت (x) است. متغیر (x) دارای توزیع حاشی های نرمال با میانگین صفر و واریانس یک است. این مدل بر اساس رابطه $(2-21)$ تعریف می شود:

$$Y^t = W * X^t + \mu + \varepsilon \quad (21-2)$$

جایی که y بردار مشاهدات سطری، x بردار متغیرهای لیتنت، ε یک متغیر سطری است که نشانده ی خطاهای تصادفی است. بردار مشاهدات y ، با توجه به مقادیر متغیرهای لیتنت x ، به صورت شرطی مستقل هستند. بنابراین متغیرهای لیتنت، رابطه بین بردار مشاهدات و متغیرهای خطا را توضیح می دهند که تغییرات منحصر به یک y خاص است. ماتریس W یک ماتریس p در k است که متغیرهای لیتنت و مشاهدات را در برمی گیرد و متغیر μ یک بردار سطری است که شامل میانگین هر متغیر است. تحت این مدل،

$$y \sim N(\mu, W * + W^T + v * I(K)) \quad (22-2)$$

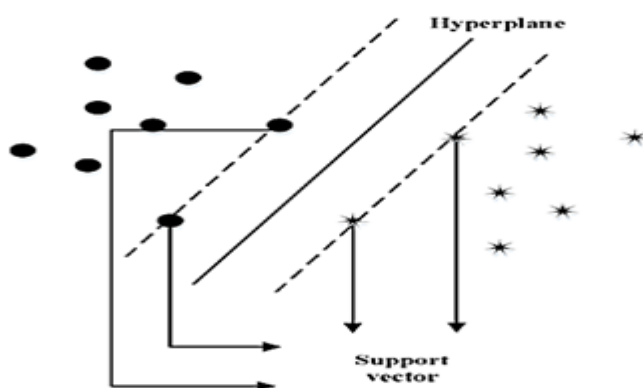
با توجه به رابطه $(2-22)$ هیچ راه حل تحلیلی برای تخمین v و W وجود ندارد، EM بنابراین آنها با استفاده از روش حداکثر درست نمایی با استفاده از الگوریتم تعیین می شوند که جزئیات این الگوریتم توضیح داده شده است.

در همگرایی این الگوریتم، ستون های W یک سری بردارهای زیرمجموعه را تشکیل می دهند که یک ماتریس متعامد است. تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی ضرایب متعامد را با استفاده از فرایند یافتن زیرمجموعه بردارهای متعامد از W که در یک زیر فضای خاص قرار دارند، به دست می آورد.

۲-۲۲ ماشین بردار پشتیبان برای طبقه بندی چند کلاس متفاوت

ایده اساسی ماشین بردار پشتیبان بر مبنای ساختار یک ابر صفحه بهینه می باشد که حداکثر جداسازی برای دو کلاس را ایجاد می کند. در مسائل طبقه بندی باینری، i مجموعه داده های آموزش عضو اعداد حقیقی $X_i \in \mathbb{R}$ بردار وابستگی دارای مقادیر $y - \hat{I} - i$ است. ایده ی اصلی یک طبقه بندی با ماشین بردار پشتیبان، در شکل (۲-۲۳) مشخص شده است. این شکل ساده ترین حالت را نشان می دهد که در آن بردارهای داده که با علامت ستاره و دایره نشان داده شده اند را می توان توسط یک فوق صفحه از هم جدا کرد.

در چنین حالتی می توان فوق صفحه های بسیاری برای جداسازی دو کلاس تعیین نمود. در بین تمام این فوق صفحه ها، طبقه بند ماشین بردار پشتیبان، فوق صفحه هایی را تعیین می کند که بیشترین حاشیه را داشته باشند. در حالت کلی تر زمانی که داده ها به صورت خطی قابل تفکیک نباشند از یک تبدیل غیرخطی برای نگاشت کردن بردار داده به یک فضای با ابعاد بالاتر (فضای ویژگی) استفاده می شود. برای اینکه انتقال به فضای با ابعاد بالاتر باعث خطای بیش پرازش نشود، ماشین بردار پشتیبان از تابع کرنل استفاده می کند. کرنل های متداول و کاربرد شامل کرنل های چند جمله ای و تابع پایه ای شعاعی می باشد که در جدول (۲-۶) نمایش داده شده است.



شکل ۲-۲۳ ساختار ساده ماشین بردار پشتیبان در طبقه بندی باینری

جدول ۲-۶ انواع کرنل در ماشین بردار پشتیبان

فرمول	کرنل
$G(x_1, x_2) = e^{-x_1 - x_2^2}$	تابع پایه‌ای شعاعی (RBF)
$G(x_1, x_2) = x_1^T x_2$	خطی
$G(x_1, x_2) = (1 + x_1^T x_2)^p$	چندجمله‌ای

برای گسترش کاربرد ماشین بردار پشتیبان به منظور طبقه بندی چند کلاس مختلف، سه روش اصلی پیشنهاد شده است. که این روش ها به سه دسته کلی روش OAA (One-Against-All)، روش OAO (One-Against-One)، روش AAO (All-At-Once) تقسیم بندی می شوند. در اینجا از روش OAO استفاده می شود. در روش OAO، یک ماشین بردار پشتیبان به منظور طبقه بندی، کلاس ها را به کلاس باینری تقسیم می کند. بنابراین برای ساختن یک ماشین بردار پشتیبان برای طبقه بندی کلاس kth و lth مسئله زیر حل می شود:

$$\min Q_p(W^{kl}, b^{kl}, \xi^{kl}) = \frac{1}{2} (W^{kl})^T (W^{kl}) + C \sum_{i=1}^m \xi_i^{kl} \quad (2-23)$$

Subject to:

$$\begin{aligned} (W^{kl})^T \cdot \phi(X_i) + b^{kl} &\geq \xi_i^{kl}, \text{ if } y_i = k, \\ (W^{kl})^T \cdot \phi(X_i) + b^{kl} &\geq -1 + \xi_i^{kl}, \text{ if } y_i = 1, \\ \xi_i^{kl} &\geq 0, i = 1, \dots, m \text{ and } k, l = 1, \dots, n. \end{aligned}$$

بر اساس رابطه (۲-۲۳)، W برابر با ماتریس وزن ها با n بعد، b به عنوان بایاس می باشد که W و b شکل و موقعیت ابر صفحه را تعیین می کنند. $1 = \frac{1}{4} \{ x \cdot x \}$ متغیرهای کمکی می باشند و C ضریب پنالتی است که تعادل بین پیچیدگی مدل و خطای طبقه بندی را برقرار می کند. مقدار بالای C باعث ایجاد بیش X یک تبدیل غیرخطی است که نمونه را به یک فضای i برازش خواهد شد. نقطه ای با ابعاد بزرگتر به نام فضای ویژگی تبدیل می کند. $1/4 m \leq i \leq 1$ تعداد از کوردهای داده های تست و n نشانده ی تعداد ابعاد داده می باشد. y به عنوان برچسب داده های آموزش در نظر گرفته می شود.

۲۳-۲ تجزیه و تحلیل نتایج

در این بخش به منظور ارزیابی نتایج، در ابتدا تصاویر ام آرآی و ویژگی های آنها شرح داده می شود. در ادامه دقت طبقه بندی الگوریتم ماشین بردار پشتیبان با استفاده از ویژگی های الکسنت و گوگل نت به صورت تکی مقایسه می شود.

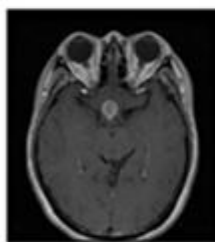
در نهایت ویژگی های الکسنت و گوگلنت با هم ترکیب شده و دقت طبقه بندی محاسبه و با ویژگی های تکی مقایسه می شود. پارامترهای الگوریتم طبقه بندی ماشین بردار پشتیبان بر اساس جدول (۷-۲) تنظیم شده است.

جدول ۷-۲ تنظیم شاخص الگوریتم های طبقه بند

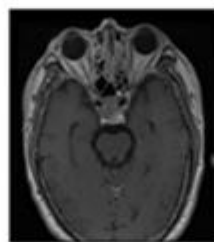
الگوریتم	تنظیمات شاخص ها
ماشین بردار پشتیبان	ضریب تابع پناستی = 1.0 نوع کرنل = خطی اپسیلون = 1.0E-12

۲-۲۴ تصاویر ام آر آی

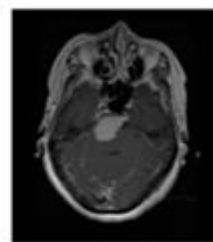
به منظور ایجاد یک پایگاه داده معتبر، تعدادی تصاویر ام آر آی از وبسایت دانشگاه پزشکی جنوبی گوانگژو چین جمع آوری شده است. این گروه تصاویر شامل ۳۰۶۴ تصویر weighted-T1 است که از ۲۳۳ بیمار جمع آوری شده است. در این تصاویر سه نوع تومور شامل مننژیوم، گلیوم، و تومور هیپوفیز شناسایی شده است. با توجه به پیچیدگی محاسباتی بالا، از هر گروه از تصاویر، ۳۰۰ تصویر انتخاب شده است. همچنین به منظور تقسیم بندی تصاویر به داده های آموزش و تست، از روش اعتبار سنجی متقاطع استفاده شده است که در این روش تعداد فولدها برابر سه در نظر گرفته می شود. بر اساس این روش، داده ها به سه زیرمجموعه مجزا تقسیم بندی می شوند که در هر تکرار یک زیرمجموعه از داده ها به عنوان داده های تست، دو زیرمجموعه به عنوان داده آموزش و در نهایت میانگین خطای هر سه فولد به عنوان خطای نهایی طبقه بندی در نظر گرفته می شود. در شکل (۲-۲۴) نمونه ای از تصاویر ام آر آی و همچنین نوع تومور به همراه کلاس آن مشخص شده است. اندازه تمامی تصاویر ۲۲۷*۲۲۷ است.



کلاس ۲: هیپوفیز



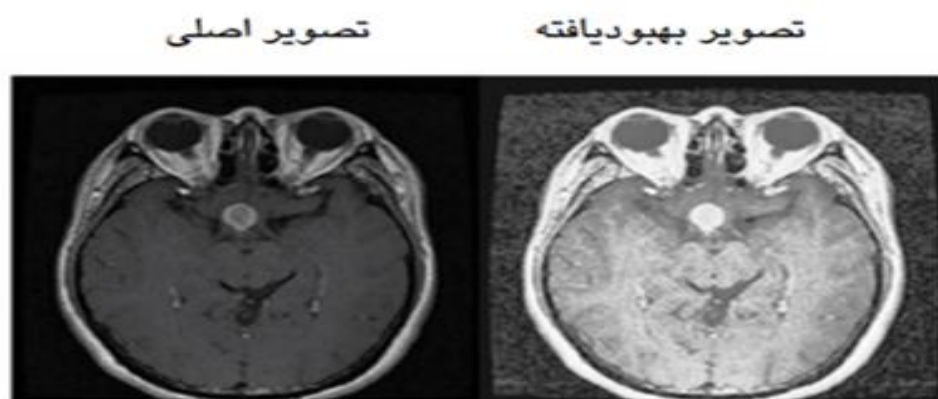
کلاس ۲: گلیوم



کلاس ۱: مننژیوم

۲-۲۵ یکسان سازی هیستوگرام

در شکل (۲-۲۵)، تصویر سمت چپ نشانده ی تصویر اصلی، و تصویر سمت راست بعد از به کارگیری روش یکسان سازی هیستوگرام ایجاد شده است. در این مرحله، عملیات پیش پردازش با استفاده از روش یکسان سازی هیستوگرام بر روی کلیه تصاویر ام آرآی انجام می شود.



شکل ۲-۲۵ پیش پردازش تصویر با استفاده از روش یکسان سازی هیستوگرام

۲-۲۶ مجموعه داده گان (الکسنت)

در این بخش کارایی طبقه بندی در ماشین بردار پشتیبان در داده های مختلف، بر مبنای سه شاخص دقت طبقه بندی، حساسیت، و ویژگی، بر اساس نتایج حاصل از ماتریس کانفیوژن اندازه گیری می شود. فرمول ها برای محاسبه اندازه کارایی در روابط (۲-۲۴)، (۲-۲۵)، و (۲-۲۶) ارائه شده است.

$$Sensitivity = \frac{TP}{TP+FN} \quad (2-24)$$

$$Specificity = \frac{TN}{TN+FP} \quad (2-25)$$

$$CA = \frac{TN+TP}{TP+TN+FP+FN} \quad (2-26)$$

TP نشانده ی تعداد پیش بینی های صحیح مربوط به همان کلاس، TN نشانده ی پیش بینی های صحیح مربوط به غیر از کلاس فعلی، FP نشان دهنده ی تعداد پیشبینی نادرست مربوط به همان کلاس، و FN نشانده ی تعداد پیش بینی نادرست مربوط به کلاس های دیگر است. ویژگی های الکسنت شامل ۴۰۹۶ ویژگی استخراج شده است که در سه کلاس طبقه بندی شده اند.

با توجه به اینکه در مجموع، ۴۰۹۶ ویژگی از مدل الکس نت از ۹۰۰ تصویر ام آر آی استخراج شده است، در نهایت ۱۰۰ ویژگی اصلی با استفاده از روش تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی انتخاب می شود و یک پایگاه داده با ۹۰۰ سطر و ۱۰۰ ستون به دست می آید که سطرها نشان دهنده تعداد تصاویر و ستون ها نشانه تعداد ویژگی ها است که به عنوان اطلاعات ورودی به ابزارهای طبقه بندی محسوب می شوند. نتایج مربوط به شاخص های ویژگی، حساسیت و دقت، که از عملکرد الگوریتم ماشین بردار پشتیبان در هر سه فولد بدست آمده است، در جدول (۲-۸) نمایش داده شده است. نتایج جدول (۲-۸) بر اساس نتایج مربوط به ماتریس کانفیوژن مربوط به شکل (۲-۲۵) می باشد که نتایج حاصل در این ماتریس کانفیوژن بر اساس داده های الکسنت به علاوه الگوریتم تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی بدست آمده است. نتایج مقایسه ای بر اساس میانگین شاخص ها در جدول (۲-۸) نشان می دهد که در هر سه فولد، در شاخص ویژگی ۷۵ درصد، در شاخص حساسیت مقدار ۶۱ درصد، و در شاخص دقت مقدار ۷۰ درصد بدست آمده است.

جدول ۲-۸ نتایج شاخص های ویژگی، حساسیت و دقت در داده الکسنت + تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی بر اساس ماتریس کانفیوژن

فولد	مجموع داده	ویژگی (درصد)	حساسیت (درصد)	دقت (درصد)
۱	الکسنت + تحلیل مؤلفه‌های اصلی احتمالی	۷۳	۵۷	۶۷
۲		۷۶	۵۸	۷۰
۳		۷۶	۶۸	۷۳
میانگین		۷۵	۶۱	۷۰

۲-۲۷ مجموعه داده گان (گوگلنت)

این داده ها شامل ۱۰۰۰ ویژگی استخراج شده از مدل گوگل نت است که شامل یک پایگاه داده با ۹۰۰ سطر و ۱۰۰۰ ستون است که سطرها نشانه تعداد تصاویر و ستون ها نشانه تعداد ویژگی ها است. این ویژگی ها با استفاده از روش تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی به ۱۰۰ ستون کاهش یافته است که باعث کاهش پیچیدگی محاسباتی و افزایش سرعت طبقه بندی می شود.

جدول ۹-۲ نتایج شاخص های ویژگی ، حساسیت و دقت در داده گوگل نت + تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی بر اساس ماتریس کانفیوژن

فولد	مجموع داده	ویژگی (درصد)	حساسیت (درصد)	دقت (درصد)
۱	گوگل نت +تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی	۹۰	۹۶	۹۲
۲		۹۸	۹۵	۹۷
۳		۹۵	۹۴	۹۴/۶۷
میانگین		۹۴	۹۵	۹۵

جدول (۹-۲) نشانده ی عملکرد طبقه بندی در الگوریتم ماشین بردار پشتیبان است . در این جدول شاخص های ویژگی، حساسیت و دقت به ترتیب مقادیر ۹۴ درصد، ۹۵ درصد، و ۹۵ درصد را نشان می دهد. این مقادیر بر اساس ماتریس های کانفیوژن مربوط به شکل (۹-۲) محاسبه شده اند. در این شکل عملکرد طبقه بندی الگوریتم ماشین بردار پشتیبان در قالب ماتریس های کانفیوژن در هر سه فولد بر اساس داده های گوگلنت به علاوه تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی، نشان داده شده است.

۲۸-۲ داده های ترکیبی

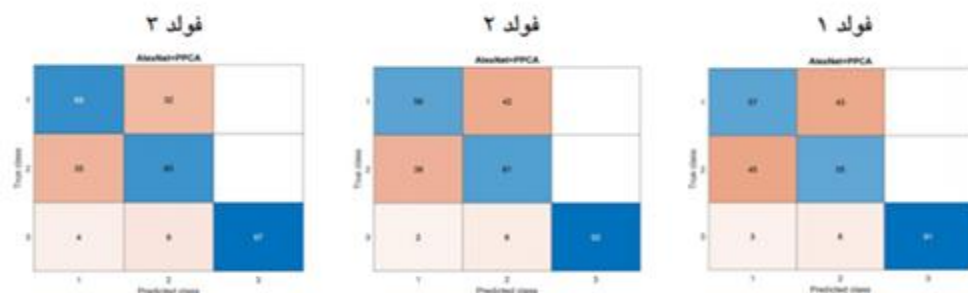
این داده ها شامل ۵۰۹۶ ویژگی است که ترکیبی از مدل الکسنت و گوگلنت است. این پایگاه داده شامل ۹۰۰ سطر و ۵۰۹۶ ستون است که با استفاده از روش تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی، تعداد ۱۰۰ ویژگی اصلی از این ویژگی ها شناسایی شده است که سطرها نشانده تعداد تصاویر و ستون ها نشانده ی تعداد ویژگی ها است.

جدول ۱۰-۲ نتایج شاخص های ویژگی ، حساسیت و دقت در داده گوگل نت + تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی بر اساس ماتریس کانفیوژن

فولد	مجموع داده	ویژگی (درصد)	حساسیت (درصد)	دقت (درصد)
۱	ترکیبی + تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی	۹۲/۵	۹۳	۹۲/۶۷
۲		۹۷	۹۸	۹۸
۳		۹۸	۹۷	۹۷
میانگین		۹۵/۸۳	۹۶	۹۵/۸۹

جدول (۱۰-۲) ، نشانده ی عملکرد طبقه بندی در الگوریتم ماشین بردار پشتیبان است . بر اساس این جدول، شاخص های ویژگی، حساسیت، و دقت به ترتیب مقادیر ۹۵/۸۳ درصد، ۹۶ درصد، و ۹۵/۸۹ درصد را نشان می دهد. مقادیر این شاخص ها بر اساس ماتریس های کانفیوژن مربوط به شکل (۲۸-۲) محاسبه شده اند.

در شکل (۲-۲۸)، عملکرد داده های ترکیبی در قالب ماتریس های کانفیوژن در هر سه فولد نشان داده شده است. شکل (۲-۲۹) میانگین خطای طبقه بندی در ماشین بردار پشتیبان در کلیه داده ها را نشان می دهد. رنگ خاکستری نشانده ی میانگین ویژگی طبقه بند، رنگ نارنجی نشانده ی میانگین مقادیر حساسیت، و رنگ آبی میانگین دقت را نشان می دهد. ستون سمت راست در این شکل عملکرد طبقه بندی در ویژگی های الکسنت به علاوه تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی، ستون میانی، میانگین خطای طبقه بندی با استفاده از ویژگی های گوگلنت به علاوه تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی، و ستون سمت چپ میانگین خطای طبقه بندی با استفاده از ویژگی های ترکیبی به علاوه تحلیل مؤلفه ها یا اصلی احتمالی را نشان می دهد. با توجه به نتایج به دست آمده در مجموع می توان گفت که ویژگی های ترکیبی عملکرد بهتری را در طبقه بندی نسبت به ویژگی های گوگلنت و الکسنت در هر سه شاخص داشته است.



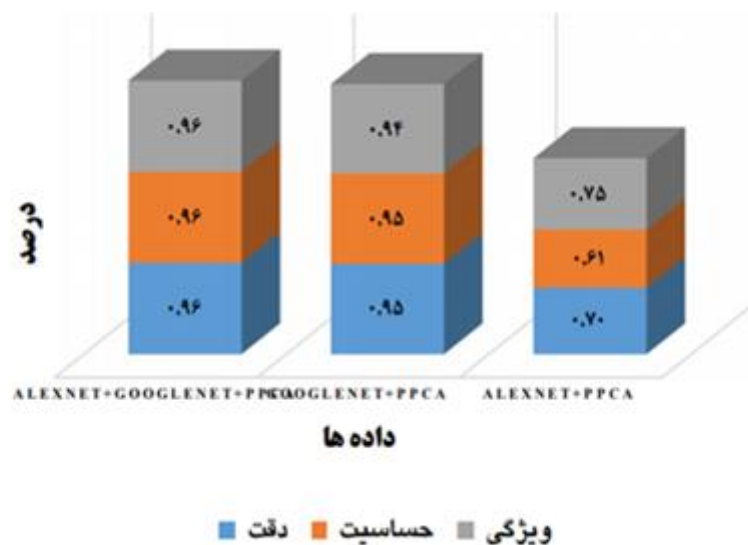
شکل ۲-۲۶ نتایج ماتریس های کانفیوژن در سه فولد مربوط به داده های الکسنت + تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی



شکل ۲-۲۷ نتایج ماتریس های کانفیوژن در سه فولد مربوط به داده های گوگلنت + تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی



شکل ۲-۲۸ نتایج ماتریس های کانفیوژن در سه فولد مربوط به داده های الکسنت+گوگلنت + تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی



شکل ۲۹-۲ مقایسه عملکرد طبقه بند ماشین بردار پشتیبان در سه شاخص ویژگی ، حساسیت ودقت در داده های مختلف

در مقاله [۲۸] نویسندگان از روش الگوریتم بهینه سازی ازدحام ذرات (GA) والگوریتم ژنتیک (PSO) پارامترهای الگوریتم BCFCM ، 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 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. بنابراین هدف قطعه بندی تصاویر پزشکی، بهبود 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 کاربردهایی 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 ینش 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 تصاویر برداری، روش تصاویر سازی تشدید مغناطیسی (MRI) می باشد که برای به تصویر کشیدن بخش های داخلی بدن برای اهداف پزشکی یا علوم پزشکی مورد استفاده قرار می گیرد. ام آر آی یک روش غیر مخرب در تصاویر برداری تشخیص پزشکی است که از خاصیت مغناطیسی بافتها 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 بر می 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 مدم وجود دارد که تمایز آن در تصاویر ام آر آی ماد نظر عصب شناسان و متخصصان مغز و اعصاب است.

این سه بافت عبارتند از بافت خاکستری، بافت سفید و مایع مغزی - نخاعی. 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) و عمده ترین عامل تخریب در تصویربرداری ام آر آی، غیر یکنواختی (INU)، که به میدان بایاسی نیز معروف است، قرار دارند. 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 کامل با یکدیگر متفاوت باشند.

در عین حال ممکن است که پیکسل های نماینده بافت های 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. کارهای زیادی در زمینه تشخیص و قطعه بندی تصاویر ام آر آی صورت گرفته که می توان به مقاله N.M Ahmed و همکارانش اشاره نمود که از خوشه بندی فازی و تاثیر همسایگی BCFCM هر پیکسل، برای قطعه بندی استفاده نموده و آن را نامیده اند. آقای جمال قاسمی و همکارانشان در کار خود با استفاده از خوشه بندی فازی و تئوری شواهد روش جدیدی در قطعه بندی تصاویر به نام FCMDs ارائه نمودند.

Al-Taie Ahmed و همکارانش در مقاله ای به بهبود روش BCFCM پرداخته و روش خود را BCFCM_WA نامیدند. در روش پیشنهادی Ahmed 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 نا امید کننده 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 نیز به طور قطع پارامترها را صحیح ندانسته و با احتمالی آن پارامترها را برای کسب بدترین جواب برگزیده است.

هدف این است تا با استفاده از دو الگوریتم بهینه سازی ازدحام ذرات (GA) و الگوریتم ژنتیک (PSO) پارامترهای الگوریتم BCFCM به نحوی بهینه گردد که نتیجه نهایی بدترین جواب ممکن باشد. به عبارت دیگر بدون آنکه پارامترهای الگوریتم مشخص باشد، کار را با مجموعه تصادفی از پارامترها شروع کرده و الگوریتم، سیستم را به سمت پاسخ بهینه برد. پس از بیان موضوع در بخش اول، در بخش دوم، مفاهیم اولیه، شامل خوشه بندی فازی، الگوریتم BCFCM، الگوریتم ازدحام ذرات و الگوریتم ژنتیک بیان می شوند.

۲۹-۲ خوشه بندی فازی BCFCM

تصویر ام آر آی را می توان به صورت حاصل ضرب سیگنال ناشی از آناتومی بدن و میدان بایاسی ناشی از دستگاه تصویر برداری به صورت زیر مدل کرد.

$$Y_K = X_K G_K \quad \forall K \in \{1, 2, \dots, N\} \quad (27-2)$$

که شدت روشنایی پیکسل K ام و میدان بایاسی پیکسل K ام و N تعداد کل پیکسل های تصویر می باشد . معادله (۲۷-۲) در حالت لگاریتمی به صورت مجموع شدت روشنایی و میدان بایاسی در می آید.

$$y_k = x_k + \beta_k \quad \forall K \in \{1, 2, \dots, N\} \quad (28-2)$$

که مقادیر لگاریتمی شدت روشنایی پیکسل K ام و مقدار لگاریتمی میدان بایاسی پیکسل K ام و N تعداد کل پیکسل های تصویر می باشد. 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. 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. تابع هدف در FCM استاندارد، که $\{X_K\}$ را به C کلاس تقسیم می کند به صورت زیر تعریف می شود.

$$J = \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^N u_{ik}^p \|x_k - v_i\|^2 \quad (29-2)$$

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

بطوریکه $X = (X_1, X_2, \dots, X_N)$ بین 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. $\{V_i\} = i = 1$ نوع کلاس ها و به عبارتی مرکز i امین خوشه فازی است و آرایه $U = [U_{ik}]$ 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 بدترین 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 به دست می آید.

$$u_{ik} = (\sum_{j=1}^c (\frac{d(x_k, v_i)}{d(x_k, v_j)})^{2/p-1})^{-1} \quad (30-2)$$

$$v_i = \frac{\sum_{k=1}^n u_{ik}^p x_k}{\sum_{k=1}^n u_{ik}^s} \quad (31-2)$$

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

طبق رابطه (۳۰-۲) همه نمونه های ورودی به همه خوشه ها تخصیص داده شده و عضویت آنها محاسبه می شود. سپس با توجه به رابطه (۳۱-۲) و با توجه به تقسیم بندی صورت گرفته، مراکز جدید خوشه ها محاسبه می شوند. این فرآیند تکراری تا تحقق $v(t)-v(t-1) < \varepsilon$ شرط 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 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 برجسب همسایگی شان نفوذ کنند به وجود می آید. تابع تبدیل تغییر یافته به صورت زیر می باشد.

$$j_m \quad (32-2)$$

$$= \sum_{i=1}^C \sum_{K=1}^N u_{ik}^p \|x_k - v_i\|^2 + \frac{\alpha}{N_R} \sum_{i=1}^C \sum_{K=1}^N u_{ik}^p \left(\sum_{x_r \in N_K} \|x_k - v_i\|^2 \right)$$

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 سائز ماتریس مربعی است. با قراردادن معادله (۲۸-۲) در معادله (۳۲-۲) خواهیم داشت:

$$= \sum_{i=1}^C \sum_{K=1}^N u_{ik}^p \|y_k - \beta_k - v_i\|^2 + \frac{\alpha}{N_R} \sum_{i=1}^C \sum_{K=1}^N u_{ik}^p \left(\sum_{x_r \in N_K} \|y_r - \beta_r - v_i\|^2 \right)$$

شرایط مینیمم نمودن تابع هدف الگوریتم BCFCM با مشتق گیری از معادله (۳۳-۲) نسبت به v , u محقق می شود.

۳۰-۲ الگوریتم ازدحام ذرات (PSO)

الگوریتم اجتماع ذرات یک الگوریتم بدینه سازی تقلیدی از رفتارهای 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 بدترین محلی که قبلاً در آن بوده است و همچنین اطلاعات یک یا چند ذره از بدترین ذرات موجود در جمع، جهتی را برای حرکت انتخاب می کند. الگوریتم PSO با تعدادی پاسخ اولیه (ذرات) شروع به کار می کند و با حرکت دادن این پاسخ ها در طی تکرارهای 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.

$$V_{n+1} = wV_n + c_1r_1(p_{best,n} - p_n) + c_2r_2(g_{best,n} - p_n) \quad (۳۴-۲)$$

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. w میزان تمایل ذره برای ادامه تمایل ذره برای ادامه مسیر قبلی خود می باشد. پارامتر v بیانگر سرعت ذره در هر لحظه می باشد. در رابطه فوق p_{best} ، بیانگر مکان بهترین مقدار شایستگی در طول حرکت هر ذره و p_{best} ، بیانگر میان بهترین ذره در جمعیت فعلی است. V_{n+1} و V_n 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.

$$P_{n+1} = p_n + V_{n+1} \quad (۳۵-۲)$$

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.

۲-۳۱ 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 سازگار ی بیشتری دارند، شانس بقای بیشتری دارند. در طبیعت از ترکیب کروموزوم های بهتر، نسل های بهتر پدید می آیند و در این بین گاهی جهش 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 نیاز بهترین های والدین، نسل بعدی را به وجود می آورند. در صورت عدم تحقق شرط پایان، مراحل مجدد تکرار شده و تا حصول بهترین پاسخ ادامه می یابد. جهت انتخاب والدین از روش چرخ رولت RWS استفاده شده است. در روش چرخ رولت، ابتدا برای هر کدام از کروموزوم ها، مقدار احتمال از روش بولتزمن طبق رابطه زیر محاسبه می شود.

$$P_i = \frac{e^{-\beta C_i}}{\sum_j e^{-\beta C_j}} \quad (2-36)$$

در رابطه (۲-۳۶)، P_i احتمال هر کدام از اعضای جمعیت، C_i مقدار تابع هزینه مربوط به عضو i ام جمعیت و β پارامتر فشار انتخاب می باشد. فشار انتخاب، میزان احتمال برای مقادیر مختلف تابع هزینه را کنترل می کند.

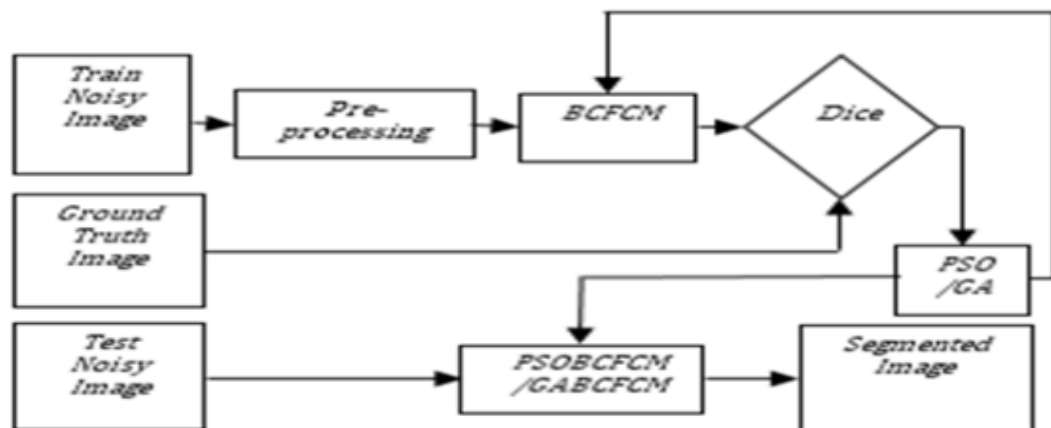
به عبارت دیگر، با تنظیم مناسب این پارامتر، آن دسته از جمعیت که مقادیر بهتری از تابع هزینه را دارند، احتمال حضور بیشتری برای تولید نسل بعد پیدا می کنند. پس از تعیین مقدار احتمال برای هر یک از اعضای جمعیت، کلیه مقادیر در چرخ رولت قرار گرفته و به طور تصادفی اشاره گر بخشی از محیط چرخ رولت را که توسط احتمال یک کروموزوم خاص احاطه شده، نشان می دهد، که همان انتخاب الواد 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 از محیط دایره را اشغال کرده اند، احتمال انتخاب عضوی که احتمال P_i آن بزرگتر است، نسبت به سایر کروموزوم ها بیشتر است.

۳۲-۲ ساختار الگوریتم BCFCM

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 آنها بسنده نموده است [۱]. بنابراین به نظر می رسد که تعیین دقیق این مقادیر می تواند نتایج مطلوبی به همراه داشته باشد. جهت تنظیم پارامترها، ابتدا تصاویر نویزی تحت عملیات پردازشی قرار گرفته و پس از قطعه بندی توسط الگوریتم BCFCM با بررسی و مقایسه توسط الگوریتم های تکاملی PSO, GA، پارامترهای آن تنظیم می شوند. مراحل و نحوه عملکرد ساختار در بلوک دیاگرام شکل ۳۰-۲ آمده است.

مطابق بلوک دیاگرام شکل ۳۰-۲، 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 مقدار تصادفی از پارامترهای تعیین شده و پس از تعداد تکرار معین، پارامترهای حاصل جهت قطعه بندی تصویر استفاده می گردد.



شکل ۳۰-۲ بلوک دیاگرام مراحل و نحوه عملکرد ساختار الگوریتم BCFCM

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.

$$P_{n+1} = p_n + V_{n+1} \quad (۳۷-۲)$$

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.

۲-۳۳ ساختار روش اول

طبق رابطه (۲-۳۳) 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 اعمال می کند. در این الگوریتم، با استفاده از گروهی از ذرات شامل پارامترهای تصادفی، تصاویر ورودی توسط الگوریتم BCFCM قطعه بندی می شود.

سپس تصویر قطعه بندی شده مربوط به هر ذره و تصاویر قطعه بندی شده استاندارد، بر اساس معیار دایس مقایسه شده و هر ذره با توجه به بهترین خاطره شخصی و گروهی، به روز رسانی می شود. تصویر با ذرات بروز شده قطعه بندی و مجدداً با تصاویر قطعه بندی شده استاندارد مقایسه می شوند.

این عمل در هر مرحله تکرار و تصویر قطعه بندی شده، مقایسه و بر اساس بهترین پاسخ ها پارامترها به روز رسانی می شوند. در ساختار روش 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 باهم مقایسه و بهترین موقعیت ذرات به عنوان بهترین جواب گروه تعیین می گردد. این عمل ۳۰ بار تکرار و در هر مرحله بهترین جواب گروه به روز 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 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 به وجود آمده بازه به صورت صعودی قرار داده شد. به این ترتیب محدودیت حد بالا و پایین به مقادیر متفاوت ختم می گردید.

همچنین به دلیل خارج شدن نمونه ها از محدوده، از خاصیت آینه 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.

۳۴-۲ ساختار روش 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 BCFCM, GA ساختار پیشنهادی GA, BCFCM نامیده شده است. اطلاعات لازم از تصویر آغشته به نویز که در آن بخش هایی از مجموعه 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 به روز رسانی شده و مقادیر نهایی، به عنوان مقادیر بهینه برای الگوریتم BCFCM در نظر گرفته می شوند و در نهایت تصویر نویزی اولیه توسط مقادیر جدید قطعه بندی شده و نتایج ثبت می گردد. جهت به روز رسانی مقادیر و کسب بهترین جواب ممکن، الگوریتم ارائه شده با مجموعه ای تصادفی از کروموزوم ها شروع به کار می کند. تصویر ورودی پس از پردازش های اولیه شامل جداسازی مغز از مجموعه و پس زمینه، توسط الگوریتم BCFCM و با استفاده از پارامترهای 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 Crossover Arithmetic استفاده شده است.

$$y_1 = a * x_1 + (1 - a)x_2 \quad (38-2)$$

$$y_2 = a * x_2 + (1 - a)x_{11}$$

در رابطه (۳۸-۲)، y_1, y_2 فرزندان حاصل از ترکیب دو والد x_1, 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.

$$Y = x + \sigma * N(0,1) \quad (39-2)$$

در رابطه (۳۹-۲)، x کروموزوم (والد) است که عمل جهش روی آن اعمال می شود و y فرزند حاصل از اعمال جهش است. مقدار σ عددی بین حد بالا و پایین متغیرها می باشد که در اینجا مقدار آن برابر ۰/۱ در نظر گرفته شده است و $N(1,0)$ مقداری تصادفی و نرمال بین صفر و یک است. تعداد عملیات ترکیب و جهش با دو پارامتر کنترل می شود که به ترتیب برابر $P_m = 8.0$ ، $P_c = 3.0$ قرار داده شده است، همچنین نرخ جهش $\mu = 0.1$ می باشد. مقادیر P_m, P_c درصد اعمال عملیات مربوطه را نشان می دهند و بدان معنای 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 هرچه میزان نرخ جهش بالاتر باشد، میزان تغییرات در والد مورد نظر در اثر اعمال جهش، بیشتر می باشد.

۲-۳۵ شبیه سازی و اجرا

برای مقایسه خروجی های تصویر معیارهای شباهت دایس و شباهت تانیموتو استفاده شده است. این دو معیار از پرکاربردترین مالک های ارزیابی در پژوهش ها به شمار می رود.

$$Dice = \frac{2|A_i \cap B_i|}{|A_i| + |B_i|} = \frac{2 \times TP}{2 \times TP + FP + FN} \quad (2-40)$$

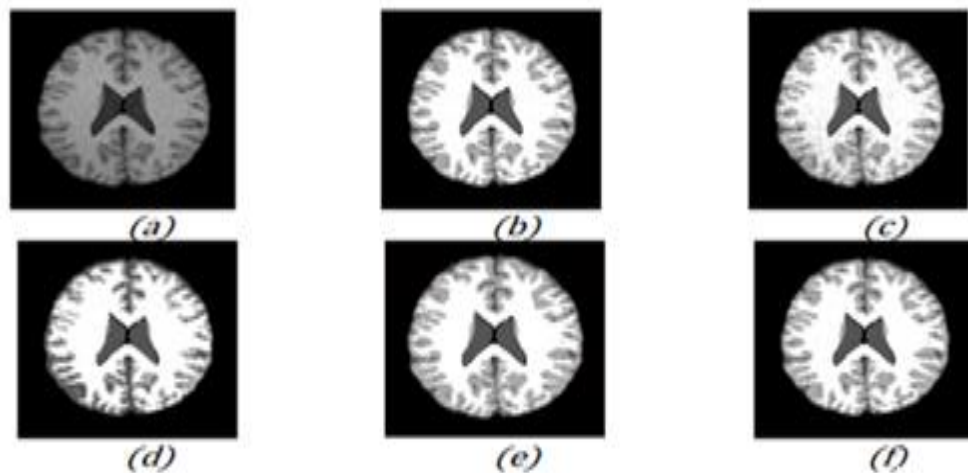
$$Tanimoto = \frac{|A_i \cap B_i|}{|A_i \cap B_i|} = \frac{TP}{TP + FP + FN} \quad (2-41)$$

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

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 به دست می آید. در محاسبه معیار تانیموتو نیک از همان تکنیک استفاده شده است. 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. تصاویر شبیه سازی شده از Brainweb جهت بررسی و مقایسه با سایر الگوریتم ها و مشاهده خروجی استفاده شده است.

این پایگاه داده که توسط دانشگاه مک گیل در دسترس قرار گرفته است دارای سطح نویز با انتخاب از ارقام قابل ۰٪، ۱۰٪، ۳۰٪، ۵۰٪، ۷۰٪، ۹۰٪، غیر یکنواختی ۰٪، ۲۰٪، ۴۰٪ انتخاب است. الگوریتم های بالا الگوریتم FCM و BCFCM مقایسه گردید. برای شبیه سازی از تصاویر با وزن T1 و ضخامت ۱ میلی متر و سائز ۱۸۱×۱۸۱×۲۱۷ استفاده شده است. در ابتدا، ساختارهای GABCFM, PSOBCFCM با دو الگوریتم FCM و BCFCM در بارش ۹۶ با نویز ۹ درصد و غیر یکنواختی ۴۰ درصد مقایسه گردید که نتایج آن در شکل ۳۱-۲ و جدول ۲-۱۱ آورده شده است. همچنین الگوریتم ها برای نویز و غیر یکنواختی کمتر نیز مقایسه و نتایج برای نوی ۵ درصد و غیر یکنواختی ۲۰ درصد در جدول ۱۲-۲ آورده شده است.

شکل ۲-۳۱ مقایسه نتیجه قطعه بندی تصویر شبیه سازی (a) تصویر اصلی با ۹ درصد نویز و ۴۰ INU درصد، (b) تصویر معیار (c) GA BCFCM (f) PSO BCFCM (e) BCFCM (d) FCM



جدول ۲-۱۱ مقایسه معیار دایس و تانموتو برای نویز ۹ درصد، غیر یکنواختی ۴۰ درصد

	CSF		GM		WM	
	Dice	Tanimoto	Dice	Tanimoto	Dice	Tanimoto
FCM	۸۹٫۷۱	۸۱٫۳	۸۷٫۶۲	۷۰٫۴	۸۹٫۷۰	۸۱٫۲۲
BCFCM	۷۷٫۲۲	۶۲٫۵۱	۷۲٫۱۴	۵۶٫۷	۹۱٫۸۳	۸۴٫۹۱
PSOBCFCM	۹۱٫۷۱	۸۴٫۳۸	۸۷٫۵۸	۷۸٫۰۳	۹۳٫۳۲	۸۷٫۷۲
GABCFM	۹۱٫۵۲	۸۴٫۳۷	۸۷٫۶۶	۷۸٫۰۷	۹۳٫۱۴	۸۷٫۷۵

جدول ۲-۱۲ مقایسه معیار دایس و تانموتو برای نویز ۵ درصد، غیر یکنواختی ۲۰ درصد

	CSF		GM		WM	
	Dice	Tanimoto	Dice	Tanimoto	Dice	Tanimoto
FCM	۹۵٫۷۵	۹۰٫۳۲	۹۳٫۱۱	۸۶٫۶۲	۹۶٫۲۱	۹۲٫۷۱
BCFCM	۸۹٫۵۲	۸۱٫۱۲	۹۱٫۱۵	۸۴٫۲۱	۹۶٫۲۱	۹۲٫۷
PSOBCFCM	۹۶٫۰۱	۹۲٫۲۸	۹۳٫۲۸	۸۷٫۸۳	۹۶٫۲۵	۹۲٫۰۳
GABCFM	۹۵٫۸۵	۹۰٫۶۸	۹۳٫۱۶	۸۷٫۳۴	۹۶٫۲۱	۹۲٫۱۱

با توجه به مقادیر جدول (۲-۱۱)، برای نویز ۹ درصد و غیر یکنواختی ۴۰ درصد، مقادیر دایس و تانموتو

ساختارهای پیشنهادی به میزان زیادی با دو الگوریتم BCFCM, FCM فاصله دارد.

این امر با توجه به فاصله کمتر معیارهای 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 (۲-۱۱) بیان می کند، با افزایش نویز و غیر یکنواختی الگوریتم های پیشنهادی پاسخ بدتری 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 به دست آمده از اجرای الگوریتم برای قطعه بندی سایر برش ها نیز استفاده شده است. در جدول (۲-۱۱) و (۲-۱۲) 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 پارامترها در یک برش خاص، می توان 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 تصاویر قطعه بندی شده استاندارد است. با مشاهده تصاویر، آنچه که خود را نشان می دهد، عدم قطعه بندی مناسب بافت خاکستری توسط الگوریتم BCFCM می باشد که علت آن عادم 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 دم 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 ۲-۱۳ نتایج سه برش مغز با روش PSO BCFCM

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 ۲-۱۴ نتایج سه برش مغز با روش GA BCFCM

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

جدول ۲-۱۵ مروری بر کارهای پیشین و نتایج بدست آمده با ذکر مراجع

ردیف	عنوان مقاله	سال چاپ - نویسندگان	روش استفاده شده	توضیحات
1	Systematic Image Processing For Diagnosing brain Tumors: A Type-II Fuzzy Expert System Approach. Applied Soft Computing ,11(1),285-294,2011.	ژنگ و همکاران 2011	PCM به همراه مباحث فازی 2	برای مشخص کردن ناهموازی تصویر از مباحث فازی استفاده شده است.
2	A Hybrid Metheod For MRI Brain Image Classification. Expert System With Applications,38(8).10049-10053.	ژنگ و همکارانش 2011	ماشین بردار پشتیبان SVM	بصورت خودکار ناحیه تومور بخش بندی شده و سپس مرز تومور قابل اصلاح می باشد.
3	Generalized Rough Fuzzy C-Means Algorithm For Brain MR Image Segmentation. Computer Methods And Programs in Biomedicine ,108 (2),644-655.	جکسون و همکارانش 2012	استفاده از الگوریتم SVM بصورت راف	الگوریتم پیشنهاد شده باعث کاهش نویز و باعث ایجاد ناحیه بندی می شود.
4	An Intelligent Modified Fuzzy C- Means Besed Algorithm For Bias Estmation And Segmentation Of Brain MRI. Pattern Recognition letters , 26(13),2052-2062.	سیال و همکاران 2005	الگوریتم FCM اصلاح شده برای تخمین بایاس و ناحیه بندی MRI	ناحیه بندی تومور مغزی از تصاویر MRI با الگوریتم FCM اصلاح شده

11	Automated Segmentation of Brain Tumor Using Optimal Texture Features and Support Vector Machine Classifier ; Image Analysis and Recognition. Lecture Notes in Computer Science , 7325,230-239.	جعفرپور وهمکاران 2012	استخراج ویژگی با الگوریتم GLCM به همراه LDA و برای طبقه بندی از الگوریتم از ANN استفاده شده است.	در این پایان نامه از دیتاست Hard ward LONi& استفاده شده است و به دقت 100٪ رسیدند.
12	A Robust Brain MRI Classification With GLCM Features . International Journal of Computer Application , 37(12)(0975-8887).	ژنگ وهمکاران 2011	برای استخراج ویژگی از DWT به همراه PCA استفاده شده است برای طبقه بندی از BPNN استفاده شده است.	در این پایان نامه از دیتاست Hard ward استفاده شده و به دقت 100٪ رسیدند.
13	Kernel Feature Selection To Fuse Multi-Spectral MRI Images for Brain Tumor Segmentation. Computer Vision and Image Understanding , 115(2),256-269.	شوبانا وبلک ریشنان 2015	استفاده از الگوریتم DWT و DCT بطور جداگانه و طبقه بندی با شبکه عصبی احتمالی PNN	آنها همچنین از آنتروپی و انرژی تصویر نیز به عنوان ویژگی بهره جسته اند و به دقت بالایی دست یافتند.
14	Tumor Diagnosis Form MRI Feature Analysis Omparative Study ,Innovations in Information dded and Communication System (ICIIECS)International Conference on .IEEE,2015.	شانموگا پریا وراما کریشنان 2014	استفاده از ماشین بردار پشتیبان برای طبقه بندی تصاویر CT	آنها به این نتیجه رسیده اند که RBF-SVM به نتیجه بهتری می رسد آنها دو عامل "محل" و "شدت" را به عنوان ویژگی در پایان نامه در نظر گرفته اند.
15	Segmentation of Brain Tumors in Computed Tomography Images Using SVM Classifier , Electronics and Communication Systems (ICECS),2014 International Conference on , IEEE , 2014.	ساراتهی وهمکاران 2013	ایده جدیدی با استفاده از انتخاب برخی نقاط "بذری" در تصویر MRI T1 که قبلاً کنتراست آن بهبود داده شده ارائه داده اند.	در این پژوهش نقاط مربوط به ناحیه تومور یا سایر نسوج با استفاده از ترکیبی از روش های تبدیل موجک و نقشه های لبه تصویر و همچنین روش های شکل شناسی انتخاب می شوند.

16	Automated Brain Tumor Segmentation Using Novel Feature Point Detector and Seeded Region Growing , Telecommunications and Signal Processing (TSP), 2013 36 Th International Conference On , IEEE , 2013	ساراسوائی و همکاران 2014	جهت طبقه بندی تصاویر از الگوریتم WSFTA استفاده شده است.	نتایج پژوهش نشان می دهد استفاده از این روش در مقابل الگوریتم هارالیک دارای نتایج بهتری می باشد.
17	An Automated Diagnosis System Using Wavelet Based SFTA Texture Features , Information Communication and Embedded Systems (ICICES) , 2014 International Conference On , IEEE , 2014 .	سوباشینی و ساهو 2012	استفاده از شبکه عصبی PCNN برای تشخیص تومور مغزی از تصاویر MRI	در این پژوهش آنها از شبکه عصبی PCNN برای بخش بندی تصاویر MRI استفاده کرده اند.
18	Brain Tumor Detection using Pulse Coupled Neural Network (PCNN) and back Propagation NetWork , Sustainable Energy and Intelligent Systems (SEISCON 3rd 2012), IET Chennai International on , IEEE, 2012.	سوباشینی و ساهو 2012	استفاده از شبکه عصبی PCNN برای تشخیص تومور مغزی از تصاویر MRI	در این پژوهش آنها از شبکه عصبی PCNN برای بخش بندی تصاویر MRI استفاده کرده اند.
19	Modified Support Vector Machines For MR Brain Images Recognition “ , IEEE , CODIT, 13 , 2013 .	کتان ماشالا و همکاران 2015	استفاده از الگوریتم SVM و KNN بصورت هایبرید	در این پایان نامه آنها از این الگوریتم هایبرید استفاده کرده و به دقت 98٪ رسیده اند.
20	MRI Brain Cancer Classification Using Hybrid Classifier (SVM-KN)”, Interational Conference on Industrial Instrumentation and Control (ICIC) , 2015 .	ناند پارو و همکاران 2014	استفاده از الگوریتم SVM به همراه کرنل Quadratic	در این پایان نامه آنها از این الگوریتم استفاده کرده و به دقت 84٪ رسیده اند.
21	MRI Brain Cancer Classification Using Suppot Vector Machine “ . IEEE Students , Conference on Electical , Electronics and Computer Science , 2014 .	پروین آمیرپاتا و همکاران 2015	استفاده از الگوریتم FCM جهت ناحیه بندی و SVM جهت طبقه بندی	در این پایان نامه آنها از الگوریتم SVM با کرنل Linear استفاده کرده و به دقت 66.91٪ رسیده اند.
22	Detection of Brain Tumor in MRI Images , Using Combination of Fuzzy C-Means and SVM “ , 2 nd international Conference on Signal Processing and Integrated Networks (SPIN) , 2015 .	ا. عبدالله و همکاران 2012	استفاده از شبکه های عصبی سلولی جهت استخراج ویژگی از روش گابور و برای طبقه بندی از الگوریتم BPN	نتایج آزمایش دقت طبقه بندی در این پایان نامه 9.89 ارائه شده است . از مزیت های این سیستم این است که می تواند تصاویر مختلف تست.

23	Brain Tumour Detection Using Pulse Coupled Neural Network (PCNN) and Back Propagation Network International Conference on, Sustainable Energy and Intelligent System, 27-29 December, 2012.	مونیکا سوباشینی و همکاران 2012	استفاده از شبکه عصبی زوج پالسی (PSNN)	در این مقاله برای ناحیه بندی از الگوریتم PSNN استفاده شده است که دارای نتایجی عالی می باشد.
24	Implementation of an Improved Cellular Neural Network, Algorithm For Tumor Detection , Biomedical Conference on , IEEE , 2012 .	ا. عبدالله و همکاران 2012	استفاده از شبکه های عصبی سلولی جهت استخراج ویژگی از روش گابور و برای طبقه بندی از الگوریتم BPN.	نتایج آزمایش دقت طبقه بندی در این مقاله 89.9 ارائه شده است. از مزیت های این سیستم این است که می تواند با تصاویر مختلف تست شود.
25	Brain Tumour Detection Using Unsupervised Learning Based Neural Network “ , International Conference on Communication Systems and Network Technologies , 2013.	سوکیثا گوسوانی و همکاران 2013	تشخیص و طبقه بندی تومور مغزی با استفاده از شبکه عصبی SOM	در این پایان نامه طبقه بندی بر روی 70 تصویر انجام شده است که دقت آن 6.98 درصد است.

۳۶-۲ برنامه های کاربردی تصویر برداری پزشکی

امروزه در زمینه های پزشکی، تصویر برداری پزشکی یک جزء حیاتی در بسیاری از برنامه های کاربردی است. مانند برنامه های کاربردی که در سراسر مسیر بالینی وقایع ؛ نه تنها در تنظیمات تشخیص ، بلکه در ناحیه آماده سازی ، انجام و ارزیابی قبل از عمل جراحی نیز قرار می گیرند. فرآیند قطعه بندی خود کار برای غلبه بر مشکل قطعه بندی دستی است. قطعه بندی بسیار دقیقی برای معرفی بافت های غیر طبیعی مانند ضایعات و اختلالات ، در صورت وجود، مورد نیاز است و می تواند در سطح خرد دسته بندی شود. یکی از اهداف اصلی ، که قطعه بندی تصاویر پزشکی دنبال می کند ، قطعه بندی آن به ساختار های آناتومی متفاوتی می باشد، که به موجب آن بتوان مولفه های مد نظر اعم از رگ های خونی و یا تومورها را از تصویر کلی ، مجزا ساخت [۱] .

در اینجا، حالت های تصویر برداری مانند CT (تومورگرافی محاسبه شده)، MRI (تصویر برداری تشدید مغناطیسی)، PET (تومورگرافی گسیل پزیترون) و غیره تعداد بسیار زیادی اطلاعات تصویر تولید می کنند. نه تنها اندازه قدرت تفکیک تصاویر با رشد تکنولوژی بهبود می یابد ، بلکه تعداد ابعاد نیز افزایش می یابد. در گذشته، کارمندان پزشکی تصاویر دو بعدی تولید شده توسط اشعه ایکس را مطالعه می کردند. حتی داده های چهار بعدی (تغییر تصاویر سه بعدی با گذر زمان مانند فیلم) نیز اغلب استفاده می شوند .

این افزایش در اندازه وبعد، چالش های فنی عمده و همچنین شناختی ایجاد می کنند. چگونه ما همه این داده ها را ذخیره کرده و انتقال می دهیم و چگونه می توانیم آنها را دیده و اطلاعات مناسبی را پیدا کنیم؟ این جایی است که الگوریتم های اتوماتیک یا نیمه اتوماتیک مورد نظر می باشند. ایده آل این است که الگوریتم هایی داشته باشیم که بتوانند بطور اتوماتیک بیماری ها، زخم ها و تومور ها (غده ها) را تشخیص داده و مکان آنها را در تصاویر بزرگتری برجسته کنند. اما پیچیدگی دیگری به وجود خواهد آمد و این مساله خصوصاً در برنامه های کاربردی پزشکی حائز اهمیت است ما نمی خواهیم الگوریتم اخطارهای اشتباهی بدهند.

بنابر این، تولید الگوریتم هایی برای تحلیل تصاویر پزشکی نیاز به تایید اعتبار دارد تا در عمل نیز نتایج موثری داشته باشد. این امر بعد دیگری به فرآیند تحقیق اضافه می کند که شامل ارتباط بین دو دنیای متفاوت، دنیای پزشکی با مرکزیت بیمار و دنیای فنی با مرکزیت کامپیوتر می شود. همزیستی بین این دو به سختی ایجاد می شود و نیاز به تلاش های بسیاری از هر دو قسمت برای پیوستن به هدفی مشترک دارد.

قطعه بندی تصویر، به معنی تقسیم بندی یک تصویر به قسمت های همگن، یکی از مسائل بنیادی در کاربردهای مختلف شامل نه فقط سنجش از راه دور بلکه تصویر برداری اپتیکی و تحلیل تصویر پزشکی می باشد. اگرچه گام های بزرگی در طرح کلی تقسیم بندی تصویر برداشته شده است، همچنان چالش های دشوار بسیاری برای این مساله مخصوصاً برای تصاویر پزشکی وجود دارد. در اینجا قصد ارائه روشی جدید مبتنی بر کانتورهای فعال داریم این روش با استفاده از پروسه ای مبنی بر فیلتر حوزه فرکانس از روش هاست مجموعه سطح می باشد، برای استفاده از این روش ابتدا با استفاده از حوزه فرکانس تصویر را رگولار می کنیم.

۲- ۳۷ مزایای این روش

- ۱- ابتدا یک روش جدید بر اساس کانتور فعال که قادر خواهد بود فرآیند را در لبه های ضعیف و تیره (مات) متوقف کند.
- ۲- با استفاده از روش پیشنهادی قادر خواهیم بود که کانتورهای داخلی و خارجی را با بصورت خورد کار بدست آوریم.
- ۳- این روش ترکیبی از روش محلی و سراسری است.

۳۸-۲ تشریح محدوده تحقیق و موارد مورد شمول تحقیق

روش های موافقی ارائه شده که از حساسیت انتخاب مراحل اولیه بذر رنج قطعه بندی تصاویر پزشکی کامپیوتری شده ، یکی از چالش های بزرگ است که پیش رو داریم، چرا که رزولوشن تصاویر بسیار پایین بوده و همچنین تضاد رنگ مناسب نیست. علاوه بر این ، در صورتی که عواملی نظیر نویز در تصویر وجود داشته باشد ، این کار سخت تر خواهد شد. هنوز هیچ الگوریتم کل برای قطعه بندی تصاویر پزشکی ارائه نشده است. باتوجه به مسئله ای که در این زمینه مورد بررسی قرار می گیرد ، مزایا و معایب یک الگوریتم متغیر می باشد[۱].

تصویر طبیعی مغز سه نوع بافت مانند ماده سفید (WM)، ماده خاکستری و مایع نخاعی مغز (CDF) را نشان می دهد. تعیین خاصیت سه بعدی و تجسم تصویر مغز شامل بسیاری از مشکلات قطعه بندی دستی می شود. دقت و صحت قطعه بندی بستگی به کارشناسان واجد شرایط دارد. خطاهای ناشی از کنتراست پایین بافت ، مرز نامشخص ، هماهنگی ضعیف دست با چشم و بیان اپراتور در قطعه بندی دستی رخ می دهد[۳].

بسیاری از الگوریتم های قطعه بندی [۶-۳]، در عمل نیازمند رادیولوژیست می باشند، تا بتوان از دانش و تجربه ی آنها برای تنظیم دقیق پارامترهای قطعه بندی استفاده کرد، که در نهایت به یک کارایی مطلوب برسیم. به دلیل پیچیدگی قطعه بندی تصاویر پزشکی بسیاری از سیستم های کامپیوتری ، بصورت تعاملاتی و نیمه اتوماتیک عمل می کنند[۴]. رادیولوژیست ها، قطعه بندی را آغاز می کنند، و در واقع ضروری و نیاز آن را معلق می سازند و در نهایت الگوریتم را خاتمه می دهند. بطور آشکار ، چنین پروسه ای ، کاملاً طاقت فرسا می باشد. در نتیجه ، آسانی دستکاری ، معمولاً پذیرش الگوریتم های قطعه بندی را در مراکز کلینیکی مشخص می سازد[۲-۱].

متدهای تعیین سطح ، که بروی واسط های پویا و معادلات دیفرانسیل جزئی ایجاد شده اند، بهره وری خود را در قطعه بندی تصاویر نشان داده اند[۱-۳-۴].

اگرچه برای استفاده از این متدها ، رادیولوژیست ها و حتی مهندسين ، غرق در نیازمندی های محاسباتی و تنظیم پیچیده ی پارامترهای کنترل کننده می شوند. بنابراین ، پژوهش های مدرن جدید ، در عین بهبود کیفیت قطعه بندی ، رو به سمت تسهیل در دست کاری می روند[۱].

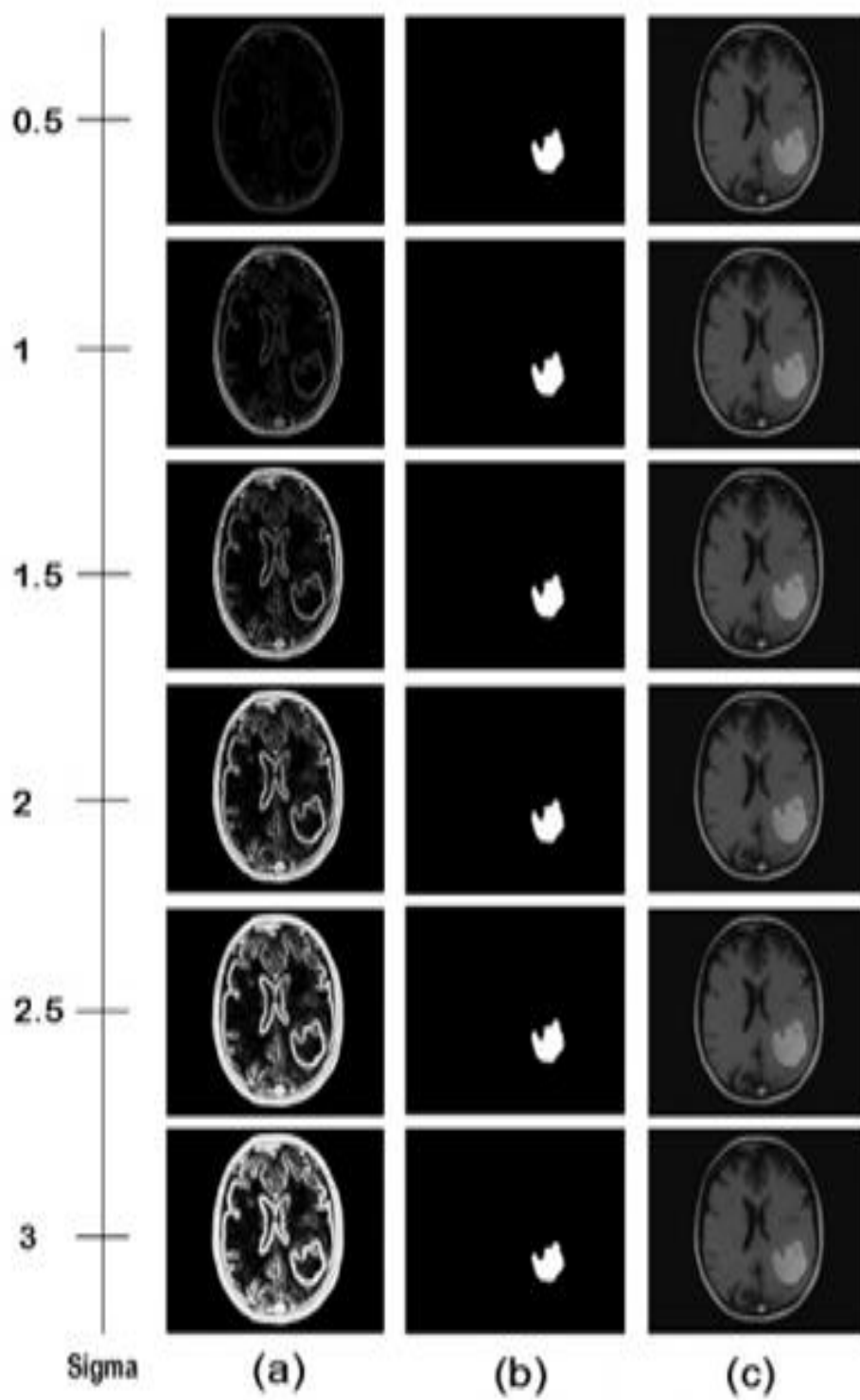
یک مولفه کلیدی در تجزیه و تحلیل تصویر ، در مورد سنجش و اندازه گیری آناتومی مغز ، بدست آوردن قطعه بندی دقیق تصویر مغز از ساختارهای آناتومیک مختلف ویا انواع بافت ، به خصوص ماده خاکستری ، ماده سفید و مایع مغزی نخاعی است . بنابراین ، قطعه بندی دقیق تصویر مغز تبدیل به یکی از مهمترین مسائل در برنامه های کاربردی MRI شده است. قطعه بندی می تواند مبتنی بر ویژگی های و کسل تصویر ، اطلاعات همسایگی ، یا ویژگی های هندسی باشد.

مشکلات برای بدست آوردن قطعه بندی دقیق تصویر از ، نویز ، ناهمگونی ، اثر حجم با مشتقات جزئی و هندسه بسیار پیچیده پوسته ناشی می شود [۱]. توزیع شدت روشنایی در تصاویر پزشکی بسیار پیچیده است زیرا تعیین مقدار آستانه مشکل می شود. بنابراین خود روش های آستانه گیری نیز مناسب نیستند ، و با روش های دیگر ترکیب می شوند. با استفاده از معیارهای شباهت از پیش تعیین شده ، روش ناحیه در حال رشد ، پیکسل ها یا زیر نواحی را می برند.

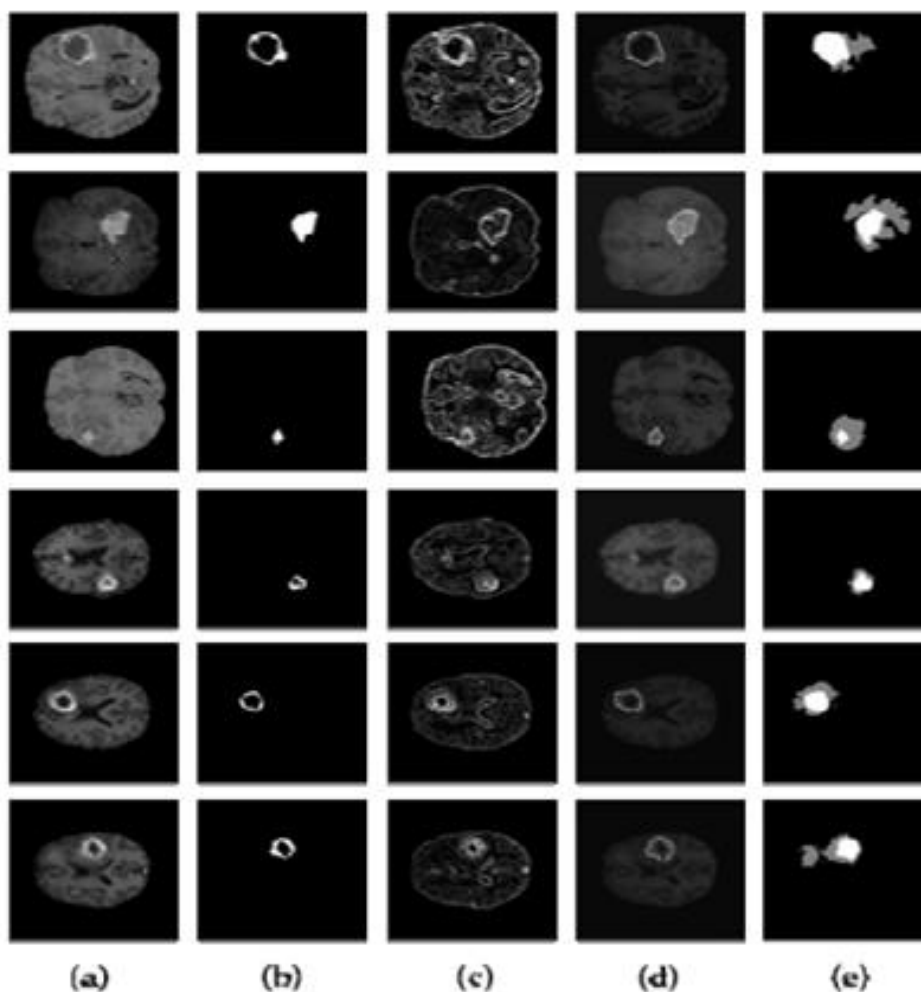
۲-۳۹ نتیجه گیری فصل ۲

یکی از نتایج پیچیدگی و تنوع تصاویر پزشکی این است که استفاده از تنها یکی از روش های استخراج صحیح و دقیق لبه بسیار دشوار است. بنابراین ما باید تعدادی از روش ها را برای یادگیری و استفاده از روش های مختلف برای قطعه بندی دقیقتر تصاویر پزشکی ترکیب شوند. در حال حاضر ، برخی از روش های جدید که ترکیبی از روش های سنتی هستند با ارزیابی مزایا و معایب بررسی می شوند. در روش سیستم استنتاج فازی-عصبی و فقی (ANFIS) به همراه خوشه بندی سلسله مراتبی ، یک روش مناسب برای تشخیص موقعیت و محدوده تومورهای مغزی در تصاویر MRI نوع T1 با بهره گیری از سیستم استنتاج فازی-عصبی و فقی (ANFIS) به همراه خوشه بندی سلسله مراتبی ارائه شده است. برای این منظور ابتدا جهت چرخش ناحیه سر و خط مرکزی آن در تصویر ورودی تشخیص داده شده، سپس ناحیه دو نیمکره مغز به بلاک های غیرهمپوشانی بخش بندی شده و ویژگی های شدت روشنایی، آنтроپی و بافت هر بلاک استخراج شده است. آنگاه ویژگی های هر بلاک به همراه بلاک متناظر با آن نسبت به خط مرکزی بین دو نیمکره مغز به عنوان ورودی جهت تفکیک بلاک های نرمال از بلاک های توموری به ANFIS اعمال شده است.

در نهایت محدوده دقیق ناحیه توموری با استفاده از الگوریتم خوشه بندی سلسله مراتبی تشخیص داده شده است. روش ارائه شده روی تصاویر پایگاه اطلاعاتی Harvard اعمال و کارایی آن ارزیابی شده است . حساسیت روش ارائه شده در تشخیص نواحی توموری برابر ۹۴/۱٪ با انحراف معیار ۳/۲٪ ، خاصگی آن در تشخیص نواحی نرمال برابر ۹۸/۷٪ با انحراف معیار ۴/۹٪ و نیز دقت کلی ۹۸/۱٪ با انحراف معیار ۴/۷٪ می باشد. میزان کارایی کلی روش ارائه شده با استفاده از AUC منحنی ROC نیز برابر ۰/۹۷/۹۱ بدست آمده که قابل رقابت با بسیاری از بهترین روش های موجود می باشد. در روش شبکه عصبی هاپفیلد (HNN, Network Neural Hopfield) الگوریتم بخش بندی دو مرحله ای ، ترکیبی از دو روش بخش بندی مبتنی بر آستانه و روش بخش بندی حوضچه مبتنی بر نشان گر است. هر کدام از این روش ها به تنهایی از یک نقطه ضعف برخوردار هستند.



شکل ۳۲-۲ نتایج الگوریتم با اعمال مقادیر σ متفاوت. (a) گرادیان تصویر (b) تصویر خروجی مرحله آستانه گذاری (c) نتایج الگوریتم

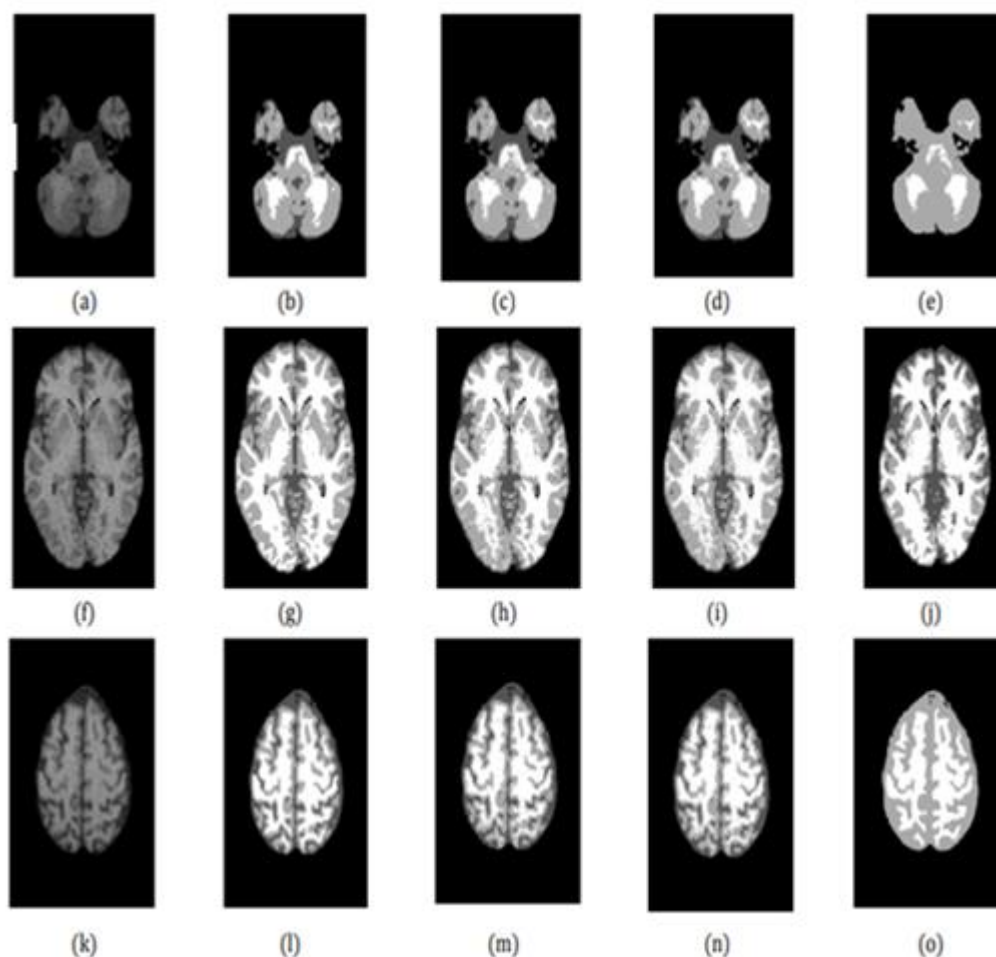


شکل ۲-۳۳ نتایج پیاده سازی روش ارائه شده بر روی مجموعه داده BRATS2012 (a) تصویر اصلی (b) خروجی آستانه گذاری موازی به همراه پردازش مورفولوژیکی (c) گرادینان تصویر اصلی (d) ناحیه مربوط به تومور (e) تصویر مرجع

نتایج حاصل از روش بخش بندی مبتنی بر آستانه به میزان زیادی به انتخاب پارامترهای ورودی وابسته است و برای هر تصویر به یک مقدار آستانه متفاوت از تصویر دیگر نیاز است و به عبارتی روش خودکار نیست. بخش بندی حوضچه نیز مشکل ایجاد نواحی اضافی را دارد. با این حال دلیل انتخاب این دو روش این است که قادرند ضعف یکدیگر را پوشش دهند. بخش بندی مبتنی بر آستانه مشکل نواحی اضافی بخش بندی حوضچه و بخش بندی حوضچه مشکل دقت پایین بخش بندی بر آستانه را پوشش می دهند.

علاوه بر این، چون در روش بخش بندی مبتنی بر آستانه هدف مکان یابی ناحیه تومور است و نه آشکارسازی دقیق آن، پارامترهای ورودی این مرحله را می توان در بازه بزرگی از مقادیر انتخاب کرد. همچنین این الگوریتم قادر بوده برای تومورهای دارای شکل، اندازه و ظاهر متفاوت موجود در تصاویر متنوع خروجی دقیق بدهد. این در حالی است که پارامترهای ورودی الگوریتم برای تمامی تصاویر مقدار ثابتی بوده است. پیاده سازی ها نشان می دهد که الگوریتم ترکیبی علاوه بر خودکار بودن، روی طیف وسیعی از تصاویر به نتایج دقیقی منجر شده است.

در روش با استفاده از ترکیب دو الگوریتم GA, PSO 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 بدلیل عدم قطعیت در مقادیر آن ها، نمی توان بدترین 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 بدترین جواب ممکن دانست. نتایج مقایسه الگوریتم بخش بندی دو مرحله ای با سایر الگوریتم ها، نشان از بهبود نتایج قطعه بندی و به صورت محسوس، بهبود در نویزهای بالا دارد.



شکل ۲-۳۴ مقایسه تصاویر قطعه بندی شده بر روی تصاویر شبیه سازی شده با استفاده از الگوریتم BCFCM, PSO BCFCM (به ترتیب) (a,f,k) 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 BCFCM, PSO (d,i,n)، نتایج الگوریتم BCFCM, GA (e,j,o)، نتایج قطعه بندی الگوریتم BCFCM

در روش شبکه عصبی کانولوشن یک الگوریتم جدید به منظور طبقه بندی تومورهای مغزی در تصاویر ام آر آی معرفی شد که شامل ۹۰۰ تصویر ام آر آی بود. این الگوریتم در چهار فاز اصلی اجرا می شد. در فاز اول به منظور پیش پردازش، از یکسان سازی هیستوگرام استفاده شد.

در فاز دوم به منظور استخراج ویژگی از تصاویر، از مدل های پیش آموزش دیده شبکه عصبی کانولوشن شامل الکسنت، گوگلنت و ترکیب الکسنت و گوگلنت استفاده شد. با توجه به ایجاد ویژگی های فراوان توسط روش های استخراج ویژگی، از تکنیک تحلیل مؤلفه های اصلی احتمالی، به منظور کاهش ابعاد در ویژگی ها استفاده شد که در نهایت ۱۰۰ ویژگی اصلی از هر روش شناسایی شد.

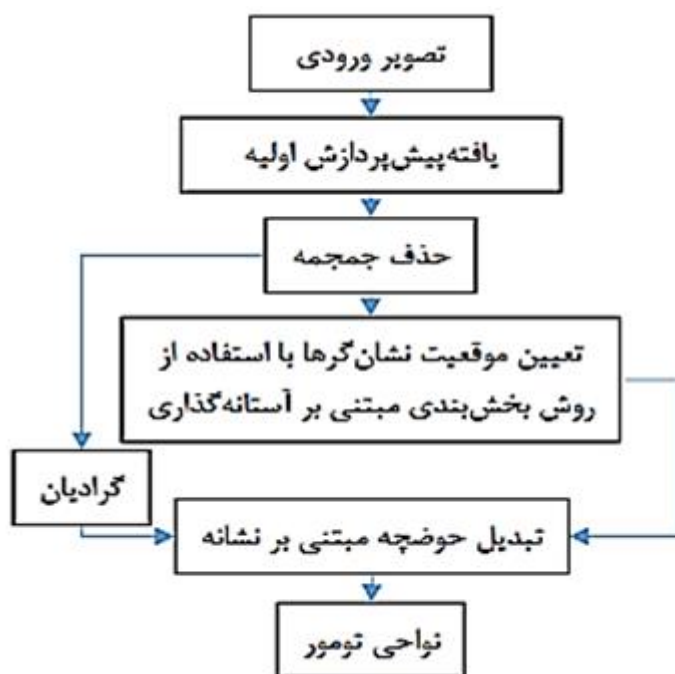
به منظور طبقه بندی، از الگوریتم ماشین بردار پشتیبان استفاده شد. به منظور تقسیم داده ها به داده های آموزش و تست، از روش اعتبار سنجی متقاطع استفاده شد که در آن تعداد فولد برابر سه در نظر گرفته شد. برای تجزیه و تحلیل نتایج از میانگین سه شاخص ویژگی، حساسیت و دقت در هر سه فولد استفاده شد. این نتایج با استفاده از ماتریس های کانفیوژن مربوط به هر فولد محاسبه شدند.

نتایج به دست آمده نشان داد که طبقه بند ماشین بردار پشتیبان در مجموع دقت ۷۰٪ در داده های الکسنت به همراه تحلیل مؤلفه های احتمالی، دقت ۹۵٪ در داده های گوگلنت به همراه تحلیل مؤلفه های احتمالی، و دقت ۹۶٪ در داده های ترکیبی به همراه تحلیل مؤلفه های احتمالی، فراهم نمود که مقایسه بین شاخص ها نشان داد که ویژگی های ترکیبی، عملکرد بهتری در طبقه بندی در هر سه شاخص نسبت به سایر ویژگی ها داشت.

فصل ۳ ساختار الگوریتم

۱-۳ پیش پردازش

ابتدا تصویر خام رادیولوژی MRI را از ورودی گرفته و تبدیل فوریه تصویر را بدست می آوریم. با استفاده از روش بالا گذر تابع فیلتر را تعریف کرده و تبدیل فوریه تصویر را در فیلتر ضرب می کنیم، سپس از حاصل این ضرب عکس تبدیل فوریه گرفته و تصویر فیلتر شده را بدست می آوریم. به این ترتیب اطاعات اضافی (مانند بافت ماهیچه) را تا حد زیادی حذف می کنیم. بخاطر پالایش اطاعات فرکانسی، الگوریتم های قطعه بندی، با تمرکز بیشتری روی بافت سخت، به قطعه بندی تصاویر می پردازند. دو نیمکره مغز انسان در حالت عادی دارای درجه ی بالایی از تقارن دوطرفه است، هرچند که به طور کامل متقارن نیست. سطح تقارن مغز نسبت به صفحه (سطحی دویعدی) فرضی که تمام بدن را در تمام محور طولی به دو نیمه تقسیم می کند و به عنوان صفحه ای که جداکننده ی به نسبت مقبولی برای دو نیمکره است، شناخته می شود. محاسبه این صفحه تقارن کار مشکل و وقت گیر است.

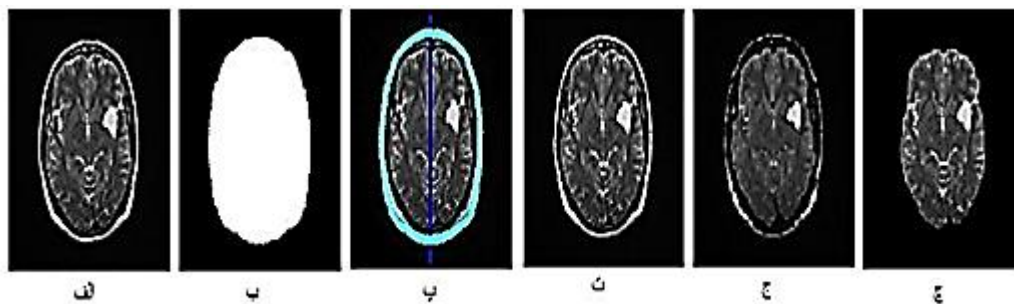


شکل ۱-۳ روند نمای روش تبدیل حوضچه برای آشکار سازی ناحیه تومور مغزی

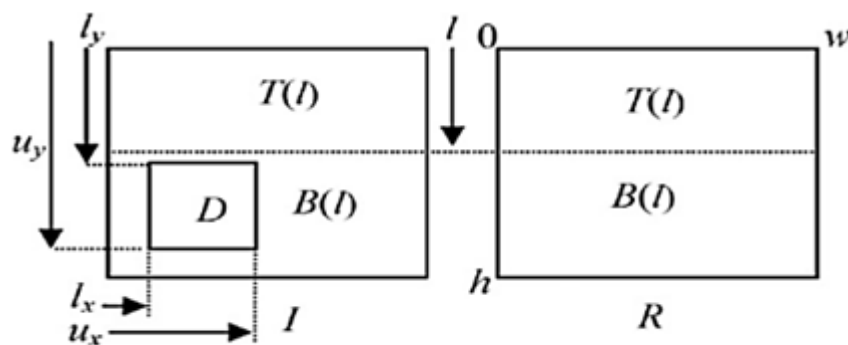
ما محور هندسی به دست آمده برای تقارن حجمه، در مکان یابی تومور مغزی دقت کافی را دارد. با عنایت به این موضوع که یافتن محور هندسی حجمه نسبت به یافتن محور واقعی تقارن حجمه، آسانتر و سریعتر است. در این روش ابتدا با استفاده از دستورات مورفولوژی (Morphology) بزرگترین حفره تصویر را پیدا کرده و آن را به عنوان ماسک حجمه در نظر می گیریم، پس از آن محور هندسی حجمه را به دست آورده و توسط آن، حجمه را در حالت متقارن قرار می دهیم. این عمل افزون بر قرار دادن حجمه در حالت متقارن باعث حذف نویزهای اضافی اطراف حجمه در تصاویر تشدید مغناطیسی و مشخص شدن محدوده آن می شود. سپس، حجمه را در وسط تصویر قرار داده تا برای مرحله پس از آنکه کشف ناحیه مشکوک به تومور است، از این تصویر استفاده کنیم.

۲-۳ کشف ناحیه مشکوک به تومور و محاسبه ویژگی

در این مرحله ابتدا نقاط مشکوک به تومور در مغز را پیدا می کنیم، سپس با توجه به ویژگی های تومور در تصاویر تشدید مغناطیسی وزن داده شده با T2، تومور بودن یا نبودن این نواحی را بررسی می کنیم. بدیهی است که اگر نتیجه تمام نواحی مشکوک به تومور در مغز در بررسی های انجام شده این باشد که این نواحی نمی توانند تومور باشند، می توان نتیجه گرفت که تصویر ورودی دارای تومور نمی باشد. ناحیه تومور در تصاویر وزن داده شده با T2 جز پیکسل های روشن در تصویر است و تورم مربوطه در صورت وجود با مقادیر کمتر روشن تر نسبت به تومور نشان داده می شود و میانگین پیکسل های آن نسبت به همان ناحیه در نیمکره دیگر باید دارای یک اختلاف معنادار باشد. ما از این دو ویژگی در مرحله بررسی ناحیه های مشکوک به تومور استفاده می کنیم.



شکل ۲-۳ (الف) تصویر اصلی (ب) ماسک حجمه (پ) خط تقارن هندسی حجمه (ت) تصویر متقارن شده (ج) تصویر ساییده شده (چ) مغز استخراج شده



شکل ۳-۴ تقسیم بندی های انجام شده روی تصویر ورودی

ابتدا مستطیل D را پیدا می کنند، یعنی l_x ، l_y ، u_x و u_y را در دو اسکن خطی تصویر پیدا می کنند. اول l_y و u_y در یک حرکت عمودی و سپس l_x و u_x را در یک حرکت افقی در دو تصویر آزمایشی و مرجع پیدا می کنند. در این اسکن های خطی، دو تابع هدف عمودی و افقی را محاسبه می کنند. محاسبه ی این دو تابع به طور کلی شبیه به هم است: تابع هدف افقی مانند تابع هدف عمودی است و برای ترانزاده تصویرها بکار برده می شود. بنابراین ما اینجا تنها تابع امتیاز عمودی را توضیح می دهیم $T(l)$ و $B(l)$ در شکل (۳-۴) دو ناحیه هستند، که بترتیب حاکی از مستطیل های بالا و پایین خط نقطه چین کشیده شده در شکل (۳-۴) هستند که در فاصله ی I از بالای تصویر است.

$$T(1) = [0, W] * [0, 1] \text{ and } B(1) = [0, W] * [1, h] \quad (1-3)$$

برای تعیین تابع هدف ما توابع زیادی را بر روی تصاویر تشدید مغناطیسی بررسی کردیم. از جمله توابع شباهت فایدلتی، هلینگر، بهاچارایا، ماتوسیت، وتر مربع و غیره که در نهایت به این نتیجه رسیدیم که ضریب شباهت هلینگر یا فاصله هلینگر بهتر از بقیه عمل می کند. در ضریب شباهت بهاچارایا بر روی تصاویر مغز مورد استفاده قرار گرفته است ولی به دلیل در نظر نگرفتن بعضی حالات مثل نواحی غیر مشابه ساختار طبیعی مغز که گاهی در بعضی مغزها وجود دارد و موجب گمراه شدن الگوریتم می شوند و تقسیم بندی تقریبی ارائه شده، نمی توان کاملاً درباره ی نتایج آن به قطعیت رسید. تابع هدفی که در نهایت برای کشف ناحیه ی مشکوک به تومور بکار رفت با استفاده از ضریب شباهت هلینگر تعریف می شود که به صورت زیر تعریف می شود:

$$E(I) = H(P_I^{T(1)}, P_R^{T(1)}) - H(P_I^{B(1)}, P_R^{B(1)}) \quad (2-3)$$

اینجا مشخص $P_I^{T(1)}$ کننده ی هیستوگرام شدت روشنایی تصویر I در داخل ناحیه ی $T(l)$ است.

$P_I^{B(1)}$ و $P_R^{B(1)}$ و $P_R^{T(1)}$ نیز بر طبق آن تعریف شده اند.

$$H = \sqrt{\sqrt{2 \sum i (\sqrt{b(i)} - \sqrt{b(i)})^2}} \quad (3-3)$$

$$H(a, b) \in [0, 2]$$

H مشخص کننده ی ضریب هلینگر بین دو هیستوگرام نرمال شده $a(i)$ و $b(i)$ ، با i تعیین کننده ی بین هیستوگرام است. ضریب هلینگر (H) شباهت بین دو هیستوگرام شدت روشنایی نرمال شده را اندازه می گیرد. حال با جایگزینی معادله (3-2) در معادله ی (3-3) داریم:

$$H(P_I^{T(1)}, P_R^{T(1)}) = \sqrt{2 \sum i (\sqrt{P_I^{T(1)}} - \sqrt{P_R^{T(1)}(i)})^2} \quad (3-4)$$

and

$$H(P_I^{B(I)}, P_R^{B(I)}) = \sqrt{2 \sum i (\sqrt{P_I^{B(1)}} - \sqrt{P_R^{B(1)}(i)})^2}$$

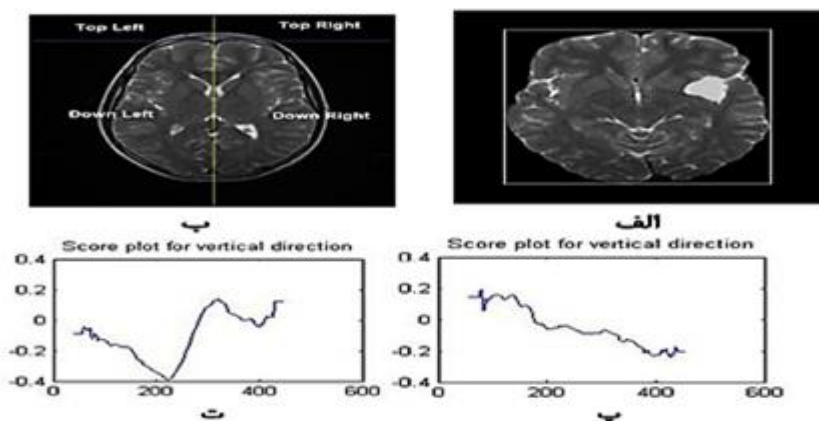
وقتی دو هیستوگرام نرمال شده یکسان باشند، H بین آنها 2 است. وقتی دو هیستوگرام نرمال شده کاملاً بی شباهت باشند (یعنی با فرض گسستگی برای هیستوگرام ها)، مقدار H به 0 متمایل می شود. بنابراین مقدار تابع هدف ($E(1)$) از روی معادله ی 1) وقتی که ناحیه های بالای $T(L)$ در دو تصویر شبیه باشند و ناحیه ی پایین $B(L)$ غیر شبیه باشند، بزرگ است. مطابق اصول فنی هر کجا ما مشاهده کنیم که تابع هدف هنگام افزایش L از 0 به h در ابتدا کاهش، سپس افزایش و دوباره کاهش یابد. افزایش و کاهش بخش ملاقات شده در L_y و U_y ، به ترتیب مرز پایینی و بالایی ناحیه ی D را تشکیل می دهند که ما آن را ناحیه ی مشکوک به تومور می نامیم. مرز پایینی و بالای D را نیز میتوان از نمودار تابع هدف به صورت خیلی سریع شناسایی کرد. به همین نحو میتوان مرز چپ و راست D را که به ترتیب L_x و U_x می باشند از نمودار تابع هدف افقی شناسایی کرد. ذات این کاهش - افزایش - کاهش به این دلیل است که این تابع هدف برای تصاویر بدون تومور یک تابع در کل نزولی است. وجود تومور باعث می شود که مقدار ضریب رو به افزایش بگذارد و پس از گذر از تومور باز هم به روند در کل نزولی خود برگردد.

برای بدست آوردن تابع شباهت عمودی باید مغز را به صورت عمودی اسکن کنیم. بدین منظور هر نیمکره را در دو سمت به وسیله ی خط مشترک 1 به دو قسمت تقسیم می کنیم و از اولین سطر شروع مغز که با استفاده از محاسبه جعبه ی مرزی مغز سگمنت شده که در شکل (4-الف) نشان داده شده است، بدست می آید، اسکن مغز را شروع می کنیم. در گام اول مطابق شکل (4-ب) خط 1 در مرز بالایی مغز قرار داده می شود و تصویر به چهار قسمت تقسیم می شود.

هیستوگرام دو تصویر بالا و دو تصویر پایین را به دست می آوریم و با قرار دادن در فرمول (۳-۴) ضریب شباهت را برای دو تصویر بالایی و دو تصویر پایینی بدست می آوریم. سپس اختلاف ضریب شباهت تصاویر بالایی و پایینی را با هم محاسبه می کنیم که به عنوان تابع هدف ما در نظر گرفته شده است. پس از محاسبه اختلاف ضرایب شباهت خط 1 را یک سطر به سمت پایین شیف می دهیم و دوباره اختلاف تابع هدف را برای این چهار تصویر جدید بدست می آوریم. این شیف دادن خط 1 را تا آخرین سطر مغز که آن هم با جعبه ی مرزی مغز مشخص می شود، ادامه می دهیم تا کل مغز اسکن شود.

روند کلی این تابع هدف در تصاویری که فاقد تومور می باشد و ساختار تقریباً متقارنی دارد یک روند در کل نزولی است. شکل (۴-پ) مقدار تابع هدف را در قالب نمودار برای یک تصویر فاقد تومور نشان می دهد و شکل (۴-ت) مقدار این تابع را برای یک تصویر توموردار نشان می دهد. در مرحله ی بعد از روی نمودار تابع هدف بدست آمده می توان محدوددهی بالایی و پایینی نواحی مشکوک به تومور را مشخص کرد.

در شکل (۵-ت) ناحیه ی تومور با یک دایره نشان داده شده است برای بدست آوردن محدوددهی چپ و راست تومور باید اسکن افقی انجام شود. بخش های محاسباتی و روند انجام اسکن افقی کاملاً شبیه به اسکن عمودی است، به همین دلیل از توضیح دادن آن صرف نظر می کنیم. قلعه های ریز و درشت در این نمودار در اثر تفاوت های ساختاری در دو نیمکره به وجود آمده است. برای همین تمامی نقاط مشکوک به تومور را پیدا کرده سپس با بررسی ویژگی تومور در تصاویر تشدید مغناطیسی وزن داده شده با T2 به دنبال ناحیه ی تومور می گردیم و در صورت وجود آن را پیدا می کنیم.



شکل ۳-۵ (الف) نمایش جعبه مرزی مغز سگمنت شده (ب) تقسیم بندی نواحی مغز (پ) نمودار تابع هدف یک تصویر فاقد تومور

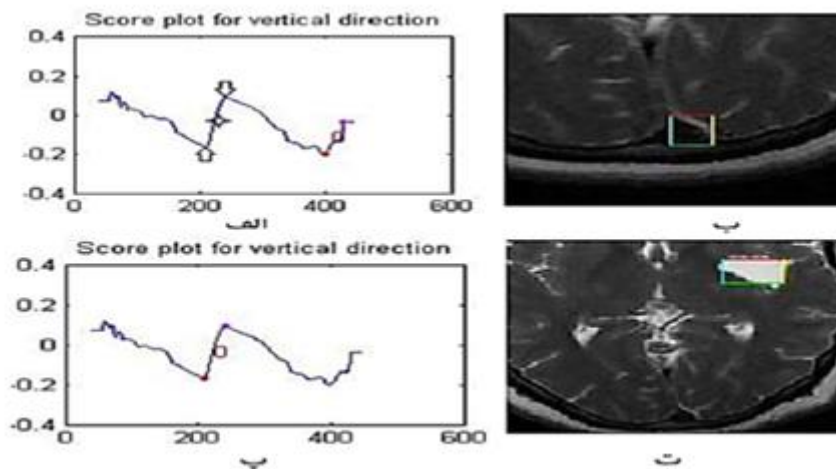
(ت) نمودار تابع هدف یک تصویر توموردار

تصویر اگر دارای تومور نباشد هیچ یک از نواحی مشکوک به تومور به عنوان تومور شناخته نمی شود و بدین صورت می توان تصاویر حاوی تومور و تصاویر فاقد تومور را از هم جدا کرد. در شکل (۳-۵-الف) یک اسکن عمودی نشان داده شده است.

یکی از نقاط مشکوک به تومور که سیستم تا قبل از بررسی ویژگی ها آنها را نواحی احتمالی مشکوک به تومور در نظر گرفته است، با دایره و یکی با ستاره مشخص شده است ولی چون میزان تغییرات ناحیه ای که متعلق به ساختار طبیعی مغز است، نسبت به ناحیه تومور بیشتر است سیستم ابتدا این ناحیه را به عنوان ناحیه ی مشکوک به تومور تعیین کرده است که در شکل (۳-۵-الف) با نقطه مشخص شده است و خود ناحیه تومور در شکل (۳-۵-ب) نمایش داده شده است. در حالیکه ناحیه ی تومور ناحیه ای است که با ستاره و فلش در شکل (۳-۵-الف) مشخص شده است. سیستم در مرحله ی بررسی ویژگی ها این خطا را اصلاح کرده و تومور را کشف می کند که نمودار آن در شکل (۳-۵-ت) و ناحیه مربوطه در شکل (۳-۵-پ) نمایش داده شده است.

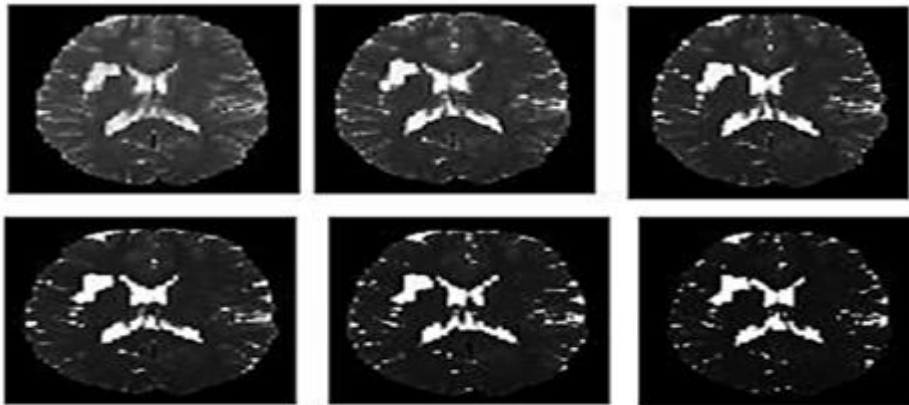
۳-۳ یک دست کردن رنگ بخش تومور

در این مرحله رنگ هر بخش در تصویر تشدید مغناطیسی مغز را در یک دسته قرار گیرد. بدیهی است که ممکن است دو بخش که رنگی شبیه به هم دارند در یک دسته ی رنگی قرار بگیرند. ابتدا تصویر خاکستری مغز را به تصویر ایندکس تبدیل می کنیم، سپس این تصویر را تبدیل به یک تصویر رنگی RGB تقسیم می کنیم.



شکل ۳-۶ یک دست کردن رنگ بخش تومور

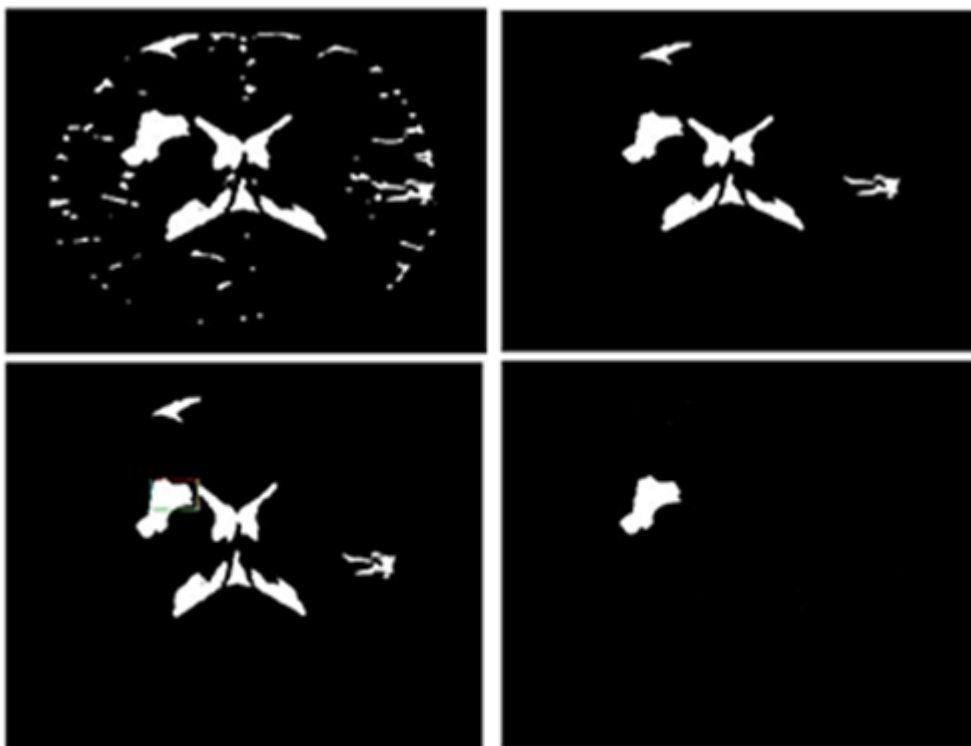
در مرحله بعد تصویر RGB را به تصویر خاکستری تبدیل می کنیم. این عمل را چندین بار تکرار می کنیم. در هر بار تکرار این عملیات رنگ بخش های تصویر به سمت یکی شدن پیش می رود. در شکل (۳-۷) می توان چند مرحله از تکرار این عمل را مشاهده کرد. سپس با استفاده از روش Otsu's آستانه گیری می کنیم. این عمل منجر به سگمنت تومور و سایر بخش های روشن تصویر می شود. بعد با دستورات مرفولوی باز کردن نویزهای تصویر را حذف می کنیم. منظور از نویز نواحی است که مساحت کمتر از ۶۰ پیکسل دارند.



شکل ۳-۷ چند مرحله تکرار عملیات رنگ بخش های تصویر

۳-۴ استخراج تومور

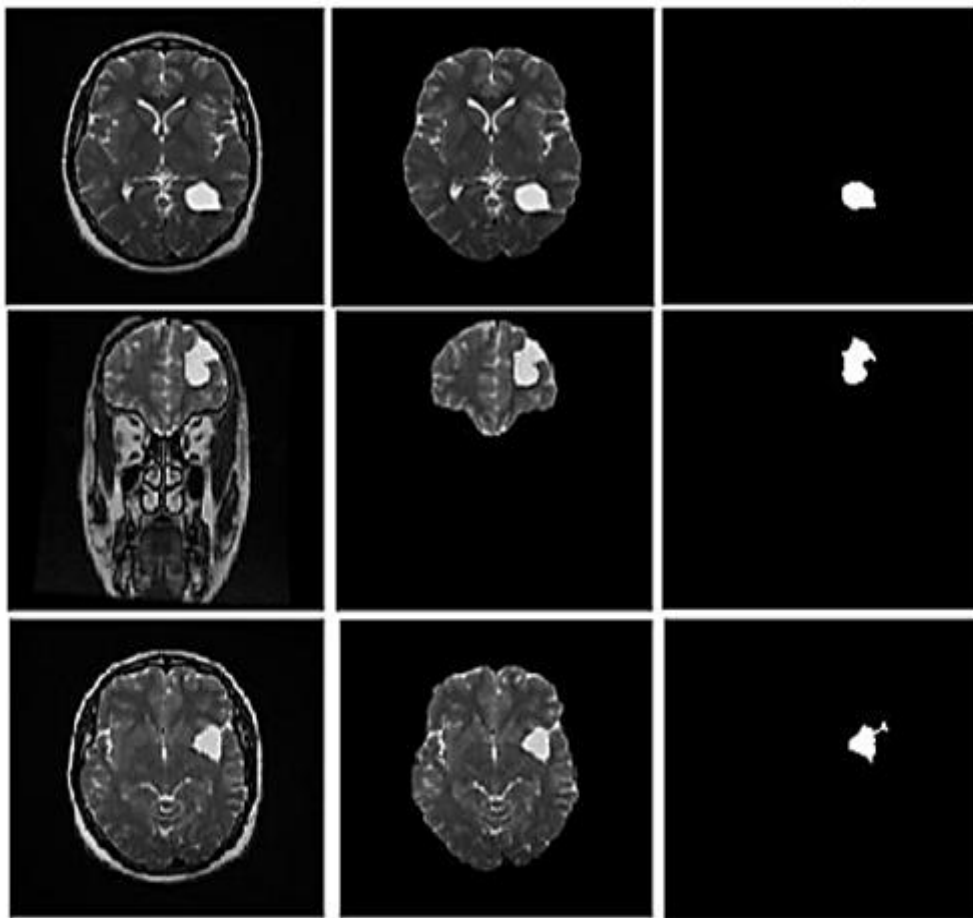
در این مرحله تمام اشیاء مستقلی که در تصویر مرحله قبل وجود دارد، را پیدا می کنیم و آنها را با ناحیه کشف شده از تومور تطابق می دهیم و شیء تومور را کشف می کنیم. شکل (۳-۸) روند انجام این مرحله را در قالب تصویر نشان می دهد.



شکل ۳-۸ روند کلی مرحله آستانه گیری ، حذف نویز و استخراج

۳-۵ نتیجه و بحث

به طور کلی از تقارن نسبی مغز استفاده می کنند. این روش با نتایج تقسیم بندی دستی متخصصین مربوطه مقایسه شده است و در کل دقتی بیش از ۳۳٪ را از خود نشان داد. ویژگی بسیار خوب این روش سرعت بسیار بالای آن در پیدا کردن تومور می باشد. به طوری که پس از گذشت زمانی بین ۲ تا ۴ ثانیه تومور را سگمنت می نماید. در شکل (۳-۹) تعدادی از تصاویر اصلی و سگمنت شده را می توان مشاهده نمود.



شکل ۳-۹ چند نمونه از نتایج

زمان استفاده شده برای کشف تومور اولی ۲.۳۱۷، دومی ۲.۰۴۹، سومی ۳.۴۴۵ بوده است. دلیل افزایش زمان در سومی وجود اختلافات ذاتی در ساختار طبیعی این مغز است که سیستم را مجبور به جستجوی بیشتری برای یافتن تومور کرده است.

۳-۶ الگوریتم SVM و PCA و LDA

در اینجا چهار روش تبدیلی کاهش بعد ویژگی ها برای سیستم تشخیص نفوذ مبتنی بر SVM مقایسه و ارزیابی می شود. این چهار روش شامل تحلیل مولفه های اساسی یا PCA، تحلیل مولفه های مستقل یا ICA، تحلیل الگوی متمایز خطی یا LDA و نهایتاً شبکه عصبی MLP می باشد. ما از داده های برنامه ارزیابی تشخیص نفوذ DARPA استفاده می کنیم که هر یک از رکوردهای این پایگاه داده شامل ۴۱ ویژگی می باشد. روش کار به این صورت است که ابتدا با استفاده از هر چهار روش، بعد ویژگی های رکوردها را به ۱۰ کاهش می دهیم و سپس مدت زمان آموزش، آزمایش و درصد شناسایی حملات توسط سیستم تشخیص نفوذ مبتنی بر SVM برای ویژگی های مربوط به هر یک از چهار روش و نیز حالت ۴۱ ویژگی را بدست آورده و با هم مقایسه می کنیم.

مقایسه نتایج نشان داد که تکنیک LDA زمان آموزش کمتری دارد و نسبت به حالت ۴۱ مولفه ای زمان آزمایش با روش مذکور حدود ۲۱٪ کمتر می باشد ضمناً با LDA سیستم تشخیص نفوذ به درصدهای بالاتری در شناسایی حملات دست یافت. بنابراین ۱۰ ویژگی که به روش LDA بدست آمده از روش های دیگر دارای اطلاعات مفید بیشتری می باشند و میزان اطلاعات مفیدی که در این روش کاهش بعد از دست می رود کمتر از سه روش دیگر است.

ما چهار روش کاهش بعد تبدیلی شامل تحلیل مولفه های اساسی یا PCA، تحلیل مولفه های مستقل یا ICA، تحلیل الگوی متمایز خطی یا LDA و نهایتاً MLP را مورد بررسی قرار می دهیم. انتخاب ویژگی ها یکی از موضوعات مهم در تشخیص نفوذ می باشد. از میان انبوه ویژگی هایی که می توان برای تشخیص نفوذ در نظر گرفت باید مشخص کرد که کدام یک از آنها واقعاً مفید هستند. حذف ویژگی های بی فایده در تشخیص نفوذ که عملاً منجر به کاهش بعد آنها می شود باعث بالا رفتن سرعت محاسبات و نهایتاً کارایی سیستم تشخیص نفوذ می شود. بطور کلی می توان روش های کاهش بعد ویژگی را به دو گروه روش های انتخابی و روش های تبدیلی تقسیم بندی کرد.

در روش های انتخابی، ویژگی هایی از یک بردار انتخاب می شود که در شناسایی یک حمله یا دستهای از حملات موثرتر باشند و از اعمال همه ویژگی های بردار مذکور برای شناسایی آن حمله اجتناب می شود. در روش های تبدیلی سعی می شود با روشهای ریاضی اطلاعات مفید بردار ویژگی برای شناسایی حمله مورد نظر استخراج شود. با اعمال داده های کاهش بعد داده شده با هر یک از چهار روش مذکور به یک سیستم تشخیص نفوذ مبتنی بر ماشین بردار پشتیبان میزان دقت و سرعت سیستم مذکور را در شناسایی انواع مختلف نفوذ با حالتی که داده ها کاهش بعد داده نشده اند مقایسه می کنیم و در نهایت بهترین روش تبدیلی کاهش بعد را از بین این چهار روش انتخاب کرده و با روش کاهش بعد انتخابی

ارائه شده در مرجع مقایسه می کنیم. به منظور بررسی و ارزیابی اثر روش های کاهش بعد بر روی سیستم تشخیص نفوذ مبتنی بر SVM نیاز به داده هایی است که بخشی از آن برای آموزش و بخش دیگر برای آزمایش بکار رود، بدین منظور از پایگاه داده KDDCUP99 استفاده شده که عملاً نسخه ای از پایگاه داده تهیه شده بوسیله برنامه ارزیابی تشخیص نفوذ DARPA می باشد. در بخش دوم به معرفی چهار تکنیک تبدیلی کاهش بعد می پردازیم. در بخش سوم اقدام به پیاده سازی چهار روش کاهش بعد و مقایسه آنها با یکدیگر می کنیم و در بخش چهارم به مقایسه تکنیک های کاهش بعد انتخابی و تبدیلی می پردازیم.

۷-۳ روش های کاهش بعد

در این بخش به توضیح مختصری در مورد چهار نوع از روشهای کاهش بعد داده ها می پردازیم که این چهار روش عبارتند از: LDA، PCA، ICA و MLP

۸-۳ PCA یا تحلیل مولفه های اساسی

بردار X را در نظر می گیریم بدون اینکه مشکلی به طور عام ایجاد شود می توان فرض کرد که مولفه های آن دارای میانگین صفر هستند و اگر نباشد به راحتی میانگین را حساب و از آنها کم می کنیم. حال اگر فرض کنیم Y ماتریس کوواریانس X است و A ماتریس بردارهای ویژه و B ماتریس مقادیر ویژه محاسبه شده از ماتریس کوواریانس Y باشد و هر عضو A را با f و هر عضو B را با λ نمایش می دهیم آنگاه ماتریس مولفه های اصلی P شامل بردارهای ویژه متناظر با m مقدار ویژه بزرگتر می باشد.

$$\lambda_1 > \lambda_2 > \dots > \lambda_m > \dots > \lambda_n \quad (5-3)$$

$$P = [\phi_1, \phi_2, \dots, \phi_m]$$

بردارهای ویژگی جدید به کمک رابطه زیر بدست می آیند:

$$C = P \cdot x \quad (6-3)$$

۳-۹ ICA یا تحلیل مولفه های مستقل

فرض کنیم که x_1, \dots, x_n ترکیب خطی از n مولفه مستقل را داریم.

$$X_j = a_{j1}s_1 + a_{j2}s_2 + \dots + a_{jn}s_n \quad (۷-۳)$$

که همه متغیر با زمان t هستند. فرض کنیم که X_j و S_k متغیرهای تصادفی باشند. در نتیجه $X_j(t)$ یک نمونه از این متغیر تصادفی است. بدون اینکه مشکلی به طور عام ایجاد شود می توانیم فرض کنیم که هر دو دارای میانگین صفر هستند و اگر نباشد به راحتی میانگین را حساب و از آنها کم می کنیم. فرض کنید X برداری شامل x_1, \dots, x_n و s_1, \dots, s_n بردار شامل S_1, \dots, S_n و A ماتریس ضرائب a_{ij} می باشد. فرض بر این است که ماتریس ها ستونی هستند از این رو ترانهاده X ، یک ماتریس سطری است.

بنابراین عبارت بالا را می توان به این صورت نشان داد:

$$X=As \quad (۸-۳)$$

اگر ستون ماتریس A را بخواهیم، a_j به عنوان یک ستون ماتریس A خواهد بود که داریم:

$$X = \sum_{i=1}^n a_i s_i \quad (۹-۳)$$

مدل آماری معادله (۹-۳) مدل آنالیز مولفه های مستقل یا ICA خوانده می شود که بیان کننده این است که چگونه داده های بدست آمده از روی مولفه های مستقل به صورت ترکیبی ساخته می شوند. مولفه های مستقل به عنوان متغیرهای پنهان هستند، یعنی اینکه بطور مستقیم دیده نمی شوند. همچنین ماتریس ترکیب معلوم نیست و تنها چیزی که ما در دست داریم مقادیر مشاهده X می باشد که مقادیر A و s از روی X تخمین زده می شوند. نقطه شروع برای تخمین A و s این فرض ساده i است که مولفه های s از لحاظ آماری مستقل هستند. هنگامی که ماتریس A تخمین زده شد معکوس آن محاسبه می شود و با استفاده از آن مولفه های مستقل به صورت زیر محاسبه می شود.

$$S=Wx \quad (۱۰-۳)$$

که W معکوس A است. حال می توان ماتریس W را به گونه ای انتخاب کرد تا کاهش بعد نیز داشته باشیم.

۳-۱۰ مقدمه ای بر طرح MLP به عنوان یک روش کاهش بعد

یک شبکه MLP را در نظر بگیرید که دارای $R1$ ورودی، $S1$ نرون در لایه اول، $S2$ نرون در لایه دوم و $S3$ نرون در خروجی می باشد. حال اگر از الگوریتم پس انتشار خطا استفاده $R1$ کنیم و داده های ورودی و خروجی را یکسان و برابر قرار دهیم و خروجی لایه دوم نیز دارای بعد کمتری از ورودی باشد در این صورت می توانیم خروجی لایه دوم شبکه آموزش دیده مفروض را با فرض های مذکور به عنوان ویژگی کاهش بعد داده شده در نظر بگیریم و به این ترتیب از MLP برای کاهش بعد استفاده کنیم.

۳-۱۱ LDA یا تحلیل الگوی متمایز خطی

فرض کنید که S_b ماتریس پراکندگی بین کلاس ها و S_w ماتریس پراکندگی درون کلاسی برای مساله شناسایی الگو M کلاسه باشد. در اینصورت S_b بیانگر تغییرات بردارهای امید برای هر زوج کلاس می باشد در حالیکه S_w پراکندگی نمونه ها حول بردار امید کلاس آنها می باشد. در روش LDA سعی می شود بطور همزمان $Det(S_w)$ حداقل و $Det(S_b)$ حداکثر گردد.

$$\text{Max} \frac{|S_b|}{|S_w|} = \text{Max} |S_w^{-1} S_b| \quad (11-3)$$

یکی از مناسبترین معیارها جهت بیان تفکیک پذیری کلاس ها استفاده از تریس ماتریس تمایز $S_w^{-1} S_b$ می باشد که بصورت زیر تعریف می شود:

$$T(n) = tr(S_w^{-1} S_b) \quad (12-3)$$

هدف در آنالیز LDA کاهش بعد بردارهای ویژگی از بعد اولیه (n) به بعد جدید (m) به کمک ماتریس انتقال $m \times n$ بعدی A می باشد. برای دستیابی به ماتریس A بعد جدید به گونه ای تعیین می شود که $T(M)$ حداکثر گردد. می توان نشان داد که این مطلب معادل بدست آوردن m بردار ویژه اول ماتریس تمایزدهندگی $S_w^{-1} S_b$ می باشد. جهت دستیابی به این بردارها کفایت مقادیر ویژه $S_w^{-1} S_b$ را به ترتیب نزولی مرتب نمود. بردارهای ویژه متناظر با m مقدار ویژه اول بردارهای مدنظر می باشند.

$$\lambda_1 > \lambda_2 > \dots > \lambda_m > \lambda_n \quad (13-3)$$

$$A = [\phi_1, \phi_2, \dots, \phi_m]$$

بردارهای ویژگی جدید به کمک رابطه زیر بدست می آیند:

$$Y=A.X \quad (3-14)$$

ماتریس پراکندگی نمونه های جدید \tilde{S}_b, \tilde{S}_w هر دو قطری می باشند و بیانگر آن می باشند که ضرایب جدید غیرهمبسته می باشند.

۱۲-۳ پیاده سازی و مقایسه تکنیک های کاهش بعد

در این بخش با پیاده سازی چهار الگوریتم PCA، ICA، LDA و MLP بعد داده ها را کاهش می دهیم و داده های حاصل را به یک سیستم تشخیص نفوذ مبتنی بر SVM اعمال می کنیم و نتایج را با هم مقایسه می کنیم. برای سهولت کار ابتدا داده های آموزشی و آزمایشی را طبق جدول ۳-۱ از مجموعه داده های آموزشی و آزمایشی پایگاه داده KDDCUP99 بصورت اتفاقی انتخاب می کنیم. همانطور که در جدول نیز نشان داده شده است در این پایگاه داده حملات به چهار دسته حملات از کار انداختن سرویس (Denial of Service: DOS)، حملاتی که برای شناسائی نقاط آسیب پذیر هدف انجام می شود و به آن حملات پویش (Probe) می گویند، حملات دسترسی غیر مجاز از ماشین دور (Remote To Local: R2L) و نهایتاً دسترسی غیر مجاز به اختیارات ویژه (User To Root) تقسیم می شوند. ضمناً بخشی از داده ها نیز مربوط به رفتارهای عادی می باشند. هر رکورد شامل ۴۱ ویژگی مربوط به یک ارتباط می باشد. از جمله این ویژگی ها می توان به طول زمان ارتباط، نوع پروتکل مورد استفاده، تعداد بایت های منتقل شده، پرچم نشان دهنده وضعیت عادی یا غیر عادی ارتباط، تعداد ارتباط به یک میزبان توسط اتصال جاری در طی ۲ ثانیه گذشته و مانند این ها اشاره کرد.

جدول ۳-۱ تعداد رکوردهای آزمایشی و آموزشی

داده های آموزشی	داده های آزمایشی	
۲۰۰	۲۰۰	Normal
۲۰۰	۲۰۰	Probe
۲۰۰	۲۰۰	DOS
۲۰۰	۲۰۰	R2L
۲۰۰	۵۲	U2R
۱۰۰۰	۸۵۲	جمع

با استفاده از مجموعه آموزش و آزمایش جدید طبقه بندی کننده های بهینه SVM مربوط به هر دسته را با تمام ۴۱ ویژگی مربوط به هر رکورد پیدا می کنیم سپس با کاهش بعد داده ها بوسیله هر یک از چهار الگوریتم فوق الذکر طبقه بندی کننده بهینه SVM را برای داده های کاهش بعد داده شده نیز پیدا کرده و اقدام به مقایسه نتایج آنها می کنیم. هدف ما از مقایسه چهار روش کاهش بعد مورد نظر تعیین میزان اطلاعات مفیدی است که بعد از کاهش بعد برای شناسائی نفوذ وجود دارد و این مقدار بر اساس نرخ شناسائی نفوذ اندازه گیری می شود. بنابراین با چهار روش فوق الذکر بعد بردارهای ویژگی را از ۴۱ به ۱۰ کاهش می دهیم کاهش بعد یکسان برای چهار روش کار مقایسه میزان اطلاعات مفید در ویژگی های مربوط به هر روش کاهش بعد، را ساده تر می کند. علت کاهش بعد به ۱۰ این است که در حقیقت مرتبط با کاهش بعد انتخابی بطور متوسط بعد به ۱۳ مولفه کاهش پیدا کرده است بنابراین و با توجه به تئوری حاکم بر روش های تبدیلی کاهش بعد می توانیم بگوئیم که کاهش بعد با روشهای تبدیلی نیز نباید با این مقدار تفاوت چندانی داشته باشد بر این اساس کاهش بعد تا ۱۰ مولفه را مورد توجه قرار دادیم. البته نتایج آزمایشات انجام شده نیز صحت این ایده را تأیید می کند. با استفاده از داده های با بعد کمتر نرخ شناسائی پنج دسته (Normal, DOS, R2L, U2R, Probe) و نیز زمان آموزش و آزمایش SVM مربوطه را بدست می آوریم.

۳-۱۳ شرح پیاده سازی

سیستم تشخیص نفوذ ما مبتنی بر SVM است که بدین منظور OSU SVM Classifier (ver3.00) استفاده کردیم. جعبه ابزار از ضمناً با استفاده از تابع Scale جعبه ابزار مذکور ویژگی های مشابه بردارهای ویژگی را در بازه (۱،۰) نرمال کردیم. در ابتدا ۸۵۲ رکورد آموزش و ۱۰۰۰ رکورد آزمایش با ۴۱ ویژگی مربوط به هر رکورد در آموزش و آزمایش پنج SVM مربوط به پنج دسته مختلف مورد استفاده قرار گرفت. مثلاً SVM مربوط به دسته DOS دو دسته DOS و غیر آن را طبقه بندی می کند و عملاً یک طبقه بندی کننده دو کلاسه است چهار SVM مربوط به چهار دسته دیگر نیز به همین ترتیب است.

جدول ۳-۲ نتایج حاصل از طبقه بندی کننده های SVM با ورودی های شامل ۴۱ ویژگی

دسته	شناسائی دسته (%)	شناسائی غیر دسته (%)	نرخ شناسائی (%)	مدت زمان آموزش (ثانیه)	مدت زمان آزمایش (ثانیه)
Normal	۷۳	۹۲/۵	۸۸/۶	۰/۱۴	۰/۰۹
Probe	۸۷/۵	۹۹/۶۲	۹۷/۱۹	۰/۱۲	۰/۱۳
DOS	۹۶	۹۹/۳۸	۹۸/۷	۰/۱۲	۰/۱۳
R2L	۳/۵	۹۹/۲۵	۸۰/۱	۰/۰۹	۰/۰۶
U2R	۱۹/۵	۹۸/۵	۸۲/۷	۰/۰۷	۰/۰۵

جدول ۲-۳ نتایج مربوط به طبقه بندی کننده SVM را با ۴۱ ویژگی نشان می دهد ضمناً زمان ها میانگین ۱۰ بار اجرا می باشند. با توجه به جدول، میانگین زمان آموزش برابر است با ۰/۱۰۸ ثانیه و میانگین زمان آزمایش برابر است با ۰/۰۹۲ ثانیه است. ضمناً صحت تشخیص دسته عبارتست از تعداد حملات مربوط به دسته که درست شناسائی شده تقسیم بر کل حملات مربوط به آن دسته، خطای مثبت عبارتست از رفتارهای نرمال که حمله شناسائی شده اند تقسیم بر کل رکوردهای نرمال. نرخ آشکارسازی نیز برابر است با حملات مربوط به دسته و غیر دسته که درست شناسائی شده تقسیم بر کل حملات دسته و غیر دسته . برای پیاده سازی PCA از جعبه ابزار Netlab استفاده کردیم.

روش کار به این صورت است که ماتریس کوواریانس بردارهای آموزشی یک دسته از حملات مثلاً DOS را بدست آوردیم که یک ماتریس 41×41 شد و سپس بردارهای ویژه متناظر با ۱۰ مقدار ویژه بزرگتر مربوط به مقادیر ویژه ماتریس کوواریانس فوق را انتخاب کردیم که نتیجه آن یک ماتریس 41×10 شد و عملاً ماتریس مولفه های اصلی ما بدست آمد و سپس ترانهاده آن را در ترانهاده کل دادههای آموزشی که یک ماتریس 41×852 است ضرب کردیم و داده های کاهش بعد داده شده آموزشی که یک ماتریس 852×10 بود را به SVM آموزش دادیم.

در فاز آزمایش نیز همان ماتریس مولفه های اصلی را به همان ترتیب فاز آموزش در مجموعه آزمایش ضرب کردیم و داده های کاهش بعد داده شده را با SVM آزمایش کردیم. در ادامه این کار را برای چهار دسته دیگر نرمال، Probe، R2L، U2R تکرار کردیم. جدول ۳-۳ شامل نتایج حاصل از طبقه بندی کننده های SVM با ورودی های شامل PCA با ۱۰ ویژگی می باشد . میانگین زمان آموزش برابر است با ۰/۱۰۲ ثانیه و میانگین زمان آزمایش برابر است با ۰/۰۷۴ ثانیه است.

جدول ۳-۳ نتایج حاصل از طبقه بندی کننده های SVM با ورودی های شامل ۱۰ ویژگی با PCA

دسته	شناسائی دسته (%)	شناسائی غیر دسته (%)	نرخ شناسائی (%)	مدت زمان آموزش (ثانیه)	مدت زمان آزمایش (ثانیه)
Normal	۸۶	۷۷/۵	۷۹/۲	۰/۱۱	۰/۰۸
Probe	۸۱	۹۹/۶۲	۹۵/۸۹	۰/۱۲	۰/۰۸
DOS	۹۷	۹۸/۸۷	۹۸/۴۹	۰/۰۸	۰/۰۴
R2L	۳	۹۹/۸۷	۸۰/۴۹	۰/۱۴	۰/۱۳
U2R	۹/۵	۱۰۰	۸۱/۹	۰/۰۶	۰/۰۴

برای پیاده سازی ICA از جعبه ابزار Fastica استفاده کردیم. بدین منظور برای هر یک از پنج دسته نرمال، Probe، DOS، R2L، U2R ماتریس ویژگی های مستقل را بدست آوردیم که پنج ماتریس به ازاء هر دسته حاصل شد و چون تعداد ویژگی های مستقل را ۱۰ ویژگی تعیین کردیم این ماتریس ها ۱۰*۴۱ می باشد که با استفاده از آنها اقدام به کاهش بعد داده های آموزشی و آزمایشی شبیه عملیاتی که در مورد PCA شرح داده شده کردیم. جدول (۳-۴) شامل نتایج حاصل از طبقه بندی کننده های SVM با ورودی های شامل ICA با ۱۰ منبع مستقل می باشد. همانطور که ملاحظه می شود میانگین زمان آموزش برابر است با ۰/۸۱۴ ثانیه و میانگین زمان آزمایش برابر است با ۰/۰۷۴ ثانیه است.

جدول ۳-۴ نتایج حاصل از طبقه بندی کننده های SVM با ورودی های شامل ۱۰ ویژگی با ICA

دسته	شناسائی دسته (%)	شناسائی غیر دسته (%)	نرخ شناسائی (%)	مدت زمان آموزش (ثانیه)	مدت زمان آزمایش (ثانیه)
Normal	۸۵/۵	۸۰/۶۲	۸۱/۵۹	۰/۴۴	۰/۰۸
Probe	۸۲/۵	۹۹/۶۲	۹۶/۱۹	۰/۷	۰/۰۸
DOS	۹۶	۹۸/۱۲	۹۷/۶۹	۱/۸۵	۰/۰۷
R2L	۶	۹۹	۸۰/۴	۰/۲	۰/۱
U2R	۱۰	۹۹/۸۷	۸۱/۸۹	۰/۸۸	۰/۰۴

برای بدست آوردن ماتریس کاهش بعد با استفاده از MLP یک شبکه پرسپترون با سه لایه طرح شد که ۴۱ نرون در لایه ورودی و خروجی و ۱۰ نرون در لایه پنهان آن بود. با استفاده از الگوریتم پس انتشار خطا اقدام به آموزش شبکه عصبی مذکور کردیم که داده های آموزشی و هدف مشابه و متعلق به هر یک از پنج دسته نرمال، Probe، DOS، R2L، U2R از مجموعه آموزش بودند.

پس از آموزش شبکه عصبی حاصل ضرب ترانهاد ماتریس اوزان ورودی که یک ماتریس ۴۱*۴۱ بود در ترانهاد ماتریس اوزان لایه پنهان که یک ماتریس ۴۱*۱۰ بود را بدست آوردیم که این کار را برای هر یک از پنج دسته بطور جداگانه انجام دادیم که منتج به پنج ماتریس ۴۱*۱۰ کاهش بعد مربوط به هر یک از پنج دسته شد. در ادامه با ضرب ماتریس کاهش بعد مربوط به هر دسته در داده های آموزشی و آزمایشی بعد داده های مذکور را کاهش دادیم و داده های جدید را برای آموزش و آزمایش ماشین بردار پشتیبان مورد استفاده قرار دادیم. جدول (۳-۵) شامل نتایج حاصل از طبقه بندی کننده های SVM با ورودی های کاهش بعد داده شده به ۱۰ ویژگی با MLP می باشد. میانگین زمان آموزش برابر است با ۴/۳۸ ثانیه و میانگین زمان آزمایش برابر است با ۰/۰۷۶ ثانیه است.

جدول ۳-۵ نتایج حاصل از طبقه بندی کننده های SVM با ورودی های شامل ۱۰ ویژگی با MLP

دسته	شناسائی دسته (%)	شناسائی غیر دسته (%)	نرخ شناسائی (%)	مدت زمان آموزش (ثانیه)	مدت زمان آزمایش (ثانیه)
Normal	۸۴	۷۷/۳۷	۷۸/۶۹	۴/۶	۰/۱۷
Probe	۸۳/۵	۹۷/۵	۹۴/۷	۴/۴	۰/۰۴
DOS	۹۴	۹۹/۶۲	۹۸/۴۹	۴/۴	۰/۰۹
R2L	۱/۵	۹۸/۳۷	۷۸/۹۹	۴/۲	۰/۰۴
U2R	۲۲	۹۷/۶۲	۸۲/۴۹	۴/۳	۰/۰۴

برای پیاده سازی LDA از تابع ldatrace جعبه ابزار Voicebox استفاده کردیم به این ترتیب که ماتریس کوواریانس کل داده های آموزشی را به عنوان ماتریس کوواریانس بین کلاس ها به تابع ldatrace دادیم و برای آرگومان های دیگر از مقادیر پیش فرض تابع مذکور استفاده کردیم و چون ماتریس کوواریانس درون کلاس ها در مقادیر پیش فرض این تابع یک ماتریس همانی است بنابراین در آزمایشات انجام شده عملاً از تکنیک PCA به یک طریق دیگر استفاده کرده ایم. خروجی تابع شامل ماتریس بردارهای ویژه است که با توجه به مقادیر ویژه آنها مرتب شده اند که ما ۱۰ ستون اول این ماتریس را انتخاب کردیم.

در ادامه ترانهاده ماتریس کاهش بعد بدست آمده را در ترانهاده ماتریس داده های آزمایشی و آموزشی ضرب کردیم و مجموعه های آموزش و آزمایش کاهش بعد داده شده حاصل شد. در مرحله بعد با داده های بدست آمده پنج SVM مربوط به پنج دسته نرمال، Probe، DOS، R2L، U2R را آموزش داده و سپس آزمایش کردیم که در جدول ۶ نتایج حاصل از طبقه بندی کننده های SVM با ورودی های شامل LDA با ۱۰ ویژگی می باشد.

نکته ای که در مورد LDA قابل ذکر است. این است که عمل کاهش بعد داده ها برای هر پنج دسته تنها یک بار و روی کل داده های آموزشی انجام می شود و نه تک تک بر روی داده های مربوط به هر دسته که زمان آن ۰/۰۴ ثانیه است. بنابراین برای بدست آوردن میانگین زمان آموزش جمع زمان های آموزش در جدول (۳-۶) با این مقدار ۰/۰۴ ثانیه را تقسیم بر ۵ می کنیم که برابر با ۰/۱ ثانیه می شود و میانگین زمان آزمایش برابر با ۰/۰۷۲ ثانیه است.

جدول ۳-۶ نتایج حاصل از طبقه بندی کننده های SVM با ورودی های شامل ۱۰ ویژگی با LDA

دسته	شناسائی دسته (%)	شناسائی غیر دسته (%)	نرخ شناسائی (%)	مدت زمان آموزش (ثانیه)	مدت زمان آزمایش (ثانیه)
Normal	۸۳/۵	۸۱/۲۵	۸۱/۷	۰/۱۴	۰/۰۸
Probe	۹۰/۵	۹۹/۶۲	۹۷/۸	۰/۰۷	۰/۰۸
DOS	۹۵	۹۹/۵	۹۸/۶	۰/۱	۰/۰۸
R2L	۲	۹۹/۸۷	۸۰/۳	۰/۰۹	۰/۰۸
U2R	۵۲/۵	۹۹/۳۷	۹۰	۰/۰۶	۰/۰۴

۳-۱۴ مقایسه روش های کاهش بعد تبدیلی

در جدول (۳-۷) نرخ آشکارسازی SVM با ورودی هائی که از روش های مختلف کاهش بعد بدست آمده آورده شده است.

جدول ۳-۷ مقایسه نرخ آشکار سازی SVM با هریک از روش های کاهش بعد بر حسب درصد

	نرخ شناسائی با ۴۱ ویژگی اصلی	نرخ شناسائی با ICA	نرخ شناسائی با PCA	نرخ شناسائی با MLP	نرخ شناسائی با LDA
Normal	۸۸/۶	۸۱/۵۹	۷۹/۲	۷۸/۶۹	۸۱/۷
Probe	۹۷/۱۹	۹۶/۱۹	۹۵/۸۹	۹۴/۷	۹۷/۸
DOS	۹۸/۷	۹۷/۶۹	۹۸/۴۹	۹۸/۴۹	۹۸/۶
R2L	۸۰/۱	۸۰/۴	۸۰/۴۹	۷۸/۹۹	۸۰/۳
U2R	۸۲/۷	۸۱/۸۹	۸۱/۹	۸۲/۴۹	۹۰
میانگین	۸۹/۴۶	۸۷/۵۵	۸۷/۱۹	۸۶/۶۸	۸۹/۶۸

همانطور که ملاحظه می شود SVM با ۴۱ ویژگی بالاترین نرخ شناسائی را برای دسته نرمال و DOS دارد و بعد از آن بهترین نرخ شناسائی برای این دو دسته با ویژگی های حاصل از LDA بدست آمده. در شناسائی دسته Probe و U2R بالاترین نرخ شناسائی با ویژگی های حاصل از LDA حاصل شده است. در شناسائی R2L بهترین نتیجه با ویژگی های حاصل از PCA بدست آمده. در مجموع ویژگی های حاصل از تکنیک LDA در شناسائی چهار دسته نرمال، Probe، DOS، U2R موثرتر از ویژگی های سه روش کاهش بعد دیگر است و در شناسائی R2L ویژگی های حاصل از PCA

موثرتر می باشد. در جدول (۳-۸) میانگین زمان آموزش و آزمایش SVM با استفاده از پنج دسته ویژگی مذکور ارائه شده است. همانطور که ملاحظه می شود بهترین زمان آموزش و آزمایش برای LDA می باشد. بطور کلی با توجه به دو جدول (۳-۷) و (۳-۸) می توان نتیجه گیری کرد که تکنیک LDA از روش های دیگر کاهش بعد مناسبتر است. نکته ای که به خوبی از جدول (۳-۸) حاصل می شود این است که زمان آزمایش برای هر چهار روش کاهش بعد تبدیلی تقریباً یکسان است و آن به این دلیل است که سیستم تشخیص نفوذ با رکوردهای با ۱۰ مولفه در هر چهار مورد کار آزمایش را انجام داده است. بنابراین منطقی است که زمان آزمایش هر چهار روش تقریباً یکسان باشد. ولی چون الگوریتم استخراج ۱۰ مولفه از میان ۴۱ مولفه مربوط به هر یک از چهار روش با هم از نظر حجم محاسباتی متفاوت میباشد بنابراین مدت زمان آموزش برای آنها نیز متفاوت شده است.

جدول ۳-۸ مقایسه زمان آموزش و آزمایش SVM با هریک از روش های کاهش بعد

نرخ شناسایی بروش LDA (%)	نرخ شناسایی بروش MLP (%)	نرخ شناسایی بروش PCA (%)	نرخ شناسایی بروش ICA (%)	نرخ شناسایی با ۴۱ ویژگی اصلی (%)	
۰/۱	۴/۳۸	۰/۱۰۲	۰/۸۱۴	۰/۱۰۸	میانگین زمان آموزش (ثانیه)
۰/۰۷۲	۰/۰۷۶	۰/۰۷۴	۰/۰۷۴	۰/۰۹۲	میانگین زمان آزمایش (ثانیه)

۳-۱۵ تعداد بهینه ویژگی های LDA

با آزمایشات بالا روشن شد که تکنیک LDA از سه روش دیگر کاهش بعد تبدیلی بهتر عمل می کند. در ادامه سیستم تشخیص نفوذ مبتنی بر SVM را برای هر پنج دسته نرمال، R2L، DOS، Probe و U2R مجدداً با داده های کاهش بعد داده شده LDA مورد آزمایش قرار دادیم با این تفاوت که به جای ۱۰ ویژگی سعی کردیم تعداد بهینه را برای هر دسته پیدا کنیم که نتایج در جدول (۳-۹) ارائه شده است.

با توجه به جدول (۳-۹) میانگین زمان آموزش ۰/۱ ثانیه است که حاصل جمع زمان های آموزش جدول (۳-۹) و مدت زمان تبدیل دادهها به ضرائب LDA که ۰/۰۴ ثانیه است تقسیم بر ۵ می باشد. میانگین زمان آزمایش نیز ۰/۰۷۲ ثانیه می باشد. نهایتاً از جدول (۳-۸) و (۳-۹) می توان نتیجه گرفت که LDA باعث کاهش زمان آموزش به میزان ۷/۴٪ و کاهش زمان آزمایش به میزان ۲۱/۷۳٪ می شود و نرخ شناسائی با داده های مربوط به LDA در دسته های مربوط به Probe ، U2R ، R2L بهتر از ویژگیهای با ۴۱ مولفه است. ضمناً تعداد ویژگیها نیز بطور متوسط به ۹ مولفه کاهش یافته است.

جدول ۳-۹ تعداد بهینه ویژگی های LDA

دسته	تعداد ویژگی	نرخ شناسائی (%)	مدت زمان آموزش (ثانیه)	مدت زمان آزمایش (ثانیه)
Normal	۱۲	۸۲/۷	۰/۱۴	۰/۰۷
Probe	۱۰	۹۷/۸	۰/۰۷	۰/۰۸
DOS	۷	۹۸/۷	۰/۱	۰/۰۹
U2R	۷	۸۰/۳	۰/۰۹	۰/۰۸
R2L	۱۰	۹۰	۰/۰۶	۰/۰۴

۳-۱۶ مقایسه دو روش کاهش بعد تبدیلی و انتخابی

در جدول (۳-۱۰) نتایج بدست آمده از روش کاهش بعد انتخابی که در مرجع ۲ پیاده سازی شده و روش کاهش بعد تبدیلی با LDA که در این مقاله پیاده سازی شده ارائه شده است. با مقایسه نتایج حاصل از دو روش تبدیلی و انتخابی کاهش بعد ملاحظه می کنیم که در روش تبدیلی میزان کاهش بعد و زمان آزمایش بهتر از روش انتخابی است ولی زمان آموزش بدتر است که علت آن مدت زمانی است که سیستم عملیات محاسباتی برای تبدیل ۴۱ ویژگی به ۱۰ ویژگی کاهش بعد به روش LDA را انجام می دهد. ضمناً در روش تبدیلی، نرخ شناسائی و میزان کاهش بعد در مجموع بهتر است.

جدول ۳-۱۰ مقایسه کاهش بعد انتخابی در مرجع ۲ و LDA پیاده سازی شده

روش کاهش بعد	تعداد ویژگیها بطور متوسط	دسته هائی که نسبت به ۴۱ ویژگی بهتر شناسائی می شوند	کاهش مدت زمان آموزش (%)	کاهش مدت زمان آزمایش (%)
LDA پیاده سازی شده در این تحقیق به عنوان روش تبدیلی	۹	Probe, U2R, R2L	۷/۴	۲۱/۷۳
روش انتخابی مرجع ۲	۱۳	Normal	۱۴/۱۶	۱۳/۴۶

۳-۱۷ نتیجه گیری

از آنجائیکه بهترین درصدهای شناسائی نفوذ بوسیله سیستم تشخیص نفوذ با ویژگیهای LDA حاصل شده است، بنابراین می توان نتیجه گیری کرد که اطلاعات مفید بیشتری در ویژگیهای بدست آمده از LDA نسبت به سه روش دیگر وجود دارد. ضمناً با LDA زمان آموزش و آزمایش مناسبتری از سه روش تبدیلی دیگر حاصل می گردد.

بنابراین می توان نتیجه گرفت که A مناسبتر از سه روش دیگر می باشد. ضمناً با مقایسه دو روش کاهش بعد انتخابی و تبدیلی ملاحظه کردیم که در روش های کاهش بعد تبدیلی می توانیم به نرخ آشکارسازی و زمان آزمایش بهتری نسبت به حالتی که از روشهای انتخابی استفاده می کنیم دست یابیم، ولی زمان آموزش ما به دلیل محاسبات مربوط به تبدیل بردارهای ویژگی بیشتر می شود. کاهش مدت زمان این تبدیل می تواند باعث بهبود زمان آموزش گردد.

فصل ۴ روند پیاده سازی

پیاده سازی روند فوق در محیط نرم افزاری Matlab پیاده سازی و پس از امتحان آن بر روی تصاویر معمولی و برطرف کردن عیوب آن بر روی تصاویر پزشکی بکار گرفته شد. ابتدا مراکز تصاویر روی هم قرار داده شده و سپس محورهای اسکن مناسب دو تصویر در جهت مطلوب، منطبق شدند. واضح است که وقتی دو تصویر روی هم قرار گیرند، اطلاعات متقابل (MI (Mutual Information) حداکثر خواهد شد. در عمل روشی جامع و کامل، به علت زیاد بودن تعداد نقاط جستجو، وجود ندارد. بطور مثال برای تبدیل در مختصات دوبعدی، سه پارامتر تبدیل وجود دارد. اگر هر پارامتر را فقط به ۲۰ نقطه ی منفصل تقسیم بندی نماییم، تعداد کل نقاط مورد بررسی $20 \times 20 \times 20$ خواهد شد که بسیار زیاد خواهد بود. بنابراین بجای این روش از روشی استفاده می کنیم که در تابع اطلاعات متقابل MI از تغییرات هموار و یکنواختی برخوردار باشد.

بستگی به فضای مقادیر شدت تصویر، عامل مهمی است که اگر برآورد نشود، وجود بیشتر حداکثر مکانی، مقادیر تابع MI را به فرآیند پیدا کردن حداکثرهای محلی سوق می دهد. در الگوریتم از یک نقطه ی تصادفی در فضای پارامتری شروع نمودیم و آن را برای مقدار 2×3 اجرا کردیم. (عدد ۳، تعداد پارامترها و عدد ۲، تعیین جهت هر پارامتر در جهت کاهش و یا افزایش بود). در صورتی که بهبودی MI در تمامی جهات مطلوب نباشد، روش مورد استفاده را متوقف کردیم. جهتی که دارای بیشترین افزایش تغییرات باشد را انتخاب نمودیم و پارامترها را در آن جهت دسته بندی کردیم و در جهت مورد نظر به دنبال مقدار حداکثر گشتیم.

بیشتر همسایگی هایی که استفاده شد، در الگوریتم دقت خوبی داشتند، اما تعداد زیادی از همسایگی ها به محاسبات زیادی برای هر وضعیت نیاز داشتند. اولین وضعیت حداکثر این بود که نقاطی در فضای پارامتری همسایه ها انتخاب نماییم که در عمل روشی بسیار سخت است. وضعیت حداکثر دیگر آن بود که نقطه ی شروع خود را بطور تصادفی انتخاب کنیم و در انتها نقاط بدست آمده ی خود را در نبود همسایگی ها، دسته بندی نماییم. تصاویر CT Scan و MRI مغز مورد استفاده در این پایان نامه شامل دو تصویر CT و چهار تصویر MRI بودند. تصاویر CT1 و MRI1 از یک مقطع یکسان از سر یک شخص بود و تصاویر CT2 و MRI2 نیز از یک مقطع یکسان بود. پس از تکمیل برنامه کامپیوتری با استفاده از یک تصویر معمولی به ازای مقادیر انتقال $Y=15$ ، $X=10$ و $th=0.5$ برنامه آزمایش شد که به درستی کار می کرد. شکل های ۱ تا ۶ را تحت مقادیر معلوم انتقال Y, X و th در برنامه ی کامپیوتری قرار دادیم. در مرحله ی بعد تصویر شناور و تصویر مرجع را جهت حداکثر کردن اطلاعات متقابل بین دو تصویر در برنامه ی کامپیوتری دیگر اجرا کردیم.

این برنامه مقادیر Y, X و th تصویر شناور و مرجع را در حالتی که اطلاعات متقابل حداکثر باشد، مشخص نمود. حداقل ۳۰ بار برای هر تصویر، برنامه ی کامپیوتری را اجرا کردیم. در بخش آخر از تصاویر جفتی (CT1 و MRI1) و نیز (CT2 و MRI2) جهت حداکثر کردن اطلاعات متقابل استفاده کردیم و مقادیر Y, X و th را در دو تصویر بدست آوردیم. لازم به ذکر است تصویر شناور و مرجع پس از ۱۰ مرتبه جابجایی و اجرای برنامه بدست آمده است.

۴-۱ یافته ها

بستگی فضایی مقادیر شدت تصویر، در تغییرات خطی مقادیر MI حاصل خواهد شد، بدین معنی که در همسایگی نقطه ی پارامتری تبدیلات واقعی، مکان های حداکثر وجود ندارد که ما را از صحیح بودن روش به کار گرفته شده مطمئن کند.

جدول ۴-۱ نتایج آمار تطابق تصاویر همگن (FLOAT تغییر یافته REF بر حسب مقادیر Y, X و th می باشد).

$\sigma \pm \bar{L}$		FLOAT	th	y	x	REF
$1/40 \pm 8/53$	x					
$1/44 \pm 8/42$	y	CT11	$0/52$	۱۱	۱۱	CT1
$0/04 \pm 0/40$	th					
$1/95 \pm 7/92$	x					
$1/50 \pm 8/50$	y	CT22	$0/52$	۱۱	۱۱	CT2
$0/09 \pm 0/40$	th					
$2/55 \pm 6/85$	x					
$1/25 \pm 9/03$	y	MR11	$0/52$	۱۱	۱۱	MR1
$0/02 \pm 0/38$	th					
$1/45 \pm 9/23$	x					
$1/28 \pm 9/38$	y	MR22	$0/52$	۱۱	۱۱	MR2
$0/04 \pm 0/38$	th					
$1/35 \pm 9/03$	x					
$1/17 \pm 8/47$	y	MR33	$0/52$	۱۱	۱۱	MR3
$0/07 \pm 0/36$	th					
$1/30 \pm 8/57$	x					
$1/58 \pm 8/90$	y	MR44	$0/52$	۱۱	۱۱	MR4
$0/04 \pm 0/42$	th					

با استفاده از دو تصویر که از یک دستگاه اخذ شدند و انتقال یکی از آن ها توسط برنامه کامپیوتری ، به ازای مقادیر ۱۱ میلی متر ، ۱۱ میلی متر و ۳۰ درجه به ترتیب برای x ، y و th اعمال گردید و از تصاویر CT1، CT2، MRI1، MRI2، MRI3 و MRI4 به ترتیب تصاویر شش‌ناور MR44 و MR33، MR22، MR11، CT22، CT11 بدست آمد. سپس بیشینه کردن اطلاعات مقابل انجام گرفت. x ، y و th اولیه در ۳۰ مرحله بدست آمد.

۴-۲ نتایج آزمایشات

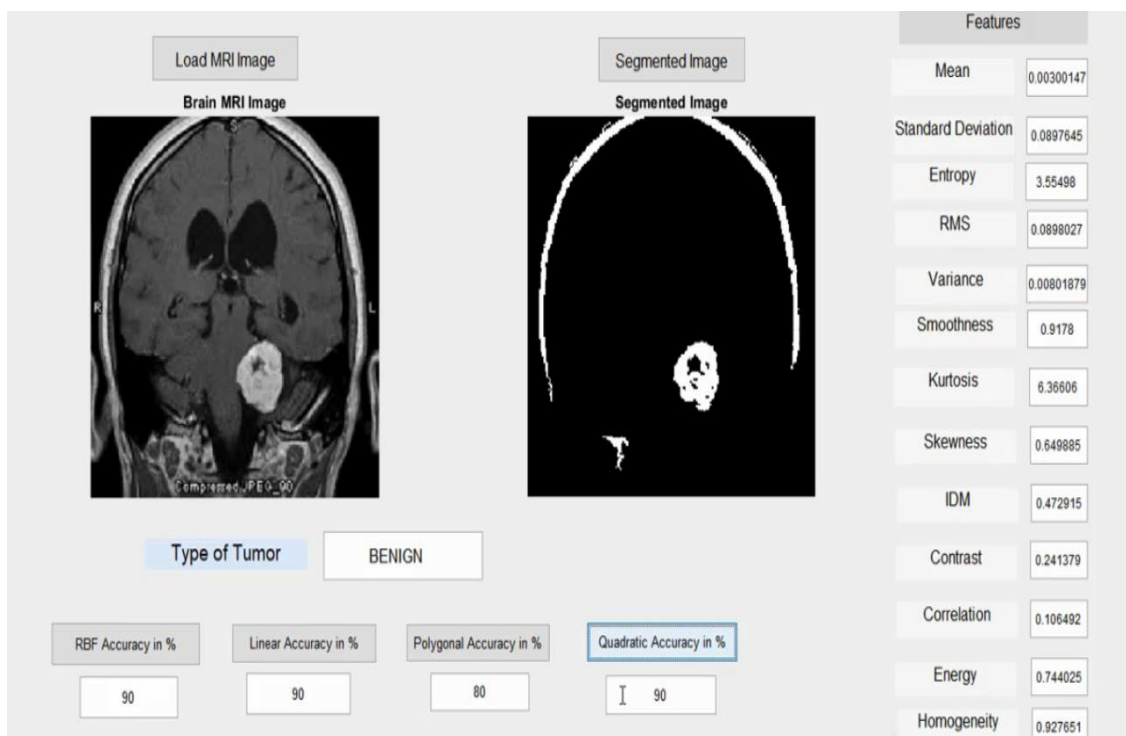
نتایج این جدول نشان دهنده ی این است که برنامه ی نوشته شده در مورد تصاویر همگون از دقت به نسبت خوبی برخوردار بود . برای هر تصویر همگون با ۳۰ بار تلاش جداگانه سعی شد که با حداکثر سازی اطلاعات متقابل به جابجایی لازم در جهت های x ، y و th دست می یابیم که با توجه به کثرت ای بودن روش ، در شروع هر بار به جوابی متفاوت از جواب قبل و بعد می رسیدیم. جواب های بدست آمده ، متفاوت از مقادیر انتقال و چرخش اعمال شده بودند که بین تطابق و حداکثر شدن اطلاعات متقابل در موقعیت های محلی به جای موقعیت واقعی بودند. مقادیر متوسط جابجایی جهت حداکثر سازی اطلاعات متقابل در جهت های مختلف برای ۶ تصویر موجود و ۳۰ بار برای هر کدام بین ۸/۲ تا ۹/۱ میلی متر و مقادیر انحراف معیارها هم بین ۱ تا ۲/۶ میلی متر بود . در رابطه با چرخش لازم جهت حداکثر شدن اطلاعات متقابل هم ۰/۳۶ تا ۰/۴۲ گرادیان بود.

در مورد تصاویر غیر همگون هم برای بارها سعی شد که بین تصاویر CT Scan و MRI تطابق برقرار شود ، ولی نتایج همانند تصاویر همگون نبود . در این قسمت با استفاده از تصاویر مقاطع مشابه در CT1، CT2، MR1 و MR2 در چهار حالت مختلف و برای هر کدام ۱۰ بار مقادیر بدست آمده ی جابجایی و چرخش برای بیشینه ی اطلاعات متقابل ، مقادیر متوسط و انحراف معیار آنها محاسبه گردید. در این موارد میانگین جابجایی ها از گستردگی بیشتر بین ۴/۴ تا ۱۱/۳ میلی متر برخوردار بود و انحراف معیار بیشتری هم داشت. (۴ تا ۶/۷ میلی متر) در نتیجه ، آسانی دستکاری ، معمولاً پذیرش الگوریتم های قطعه بندی را در مراکز کلینیکی مشخص می سازد [۱-۲]. متدهای تعیین سطح ، که بروی واسط های پویا و معادلات دیفرانسیل جزئی ایجاد شده اند، بهره وری خود را در قطعه بندی تصاویر نشان داده اند [۱-۳-۴].

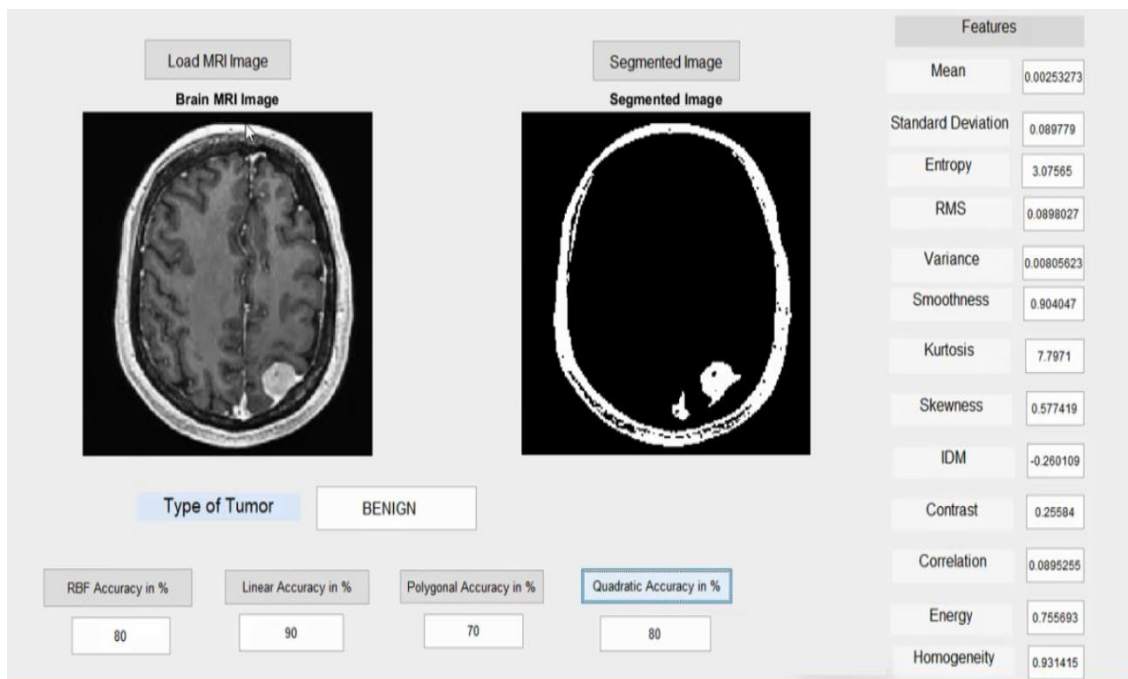
اگرچه برای استفاده از این متدها ، رادیولوژیست ها و حتی مهندسين ، غرق در نیازمندی های محاسباتی و تنظیم پیچیده ی پارامترهای کنترل کننده می شوند. بنابراین ، پژوهش های مدرن جدید ، در عین بهبود کیفیت قطعه بندی ، رو به سمت تسهیل در دستکاری می روند [۱].

یک مولفه کلیدی در تجزیه و تحلیل تصویر، در مورد سنجش و اندازه گیری آناتومی مغز، بدست آوردن قطعه بندی دقیق تصویر مغز از ساختارهای آناتومیک مختلف و یا انواع بافت، به خصوص ماده خاکستری، ماده سفید و مایع مغزی نخاعی است. بنابراین، قطعه بندی دقیق تصویر مغز تبدیل به یکی از مهمترین مسائل در برنامه های کاربردی MRI شده است. قطعه بندی می تواند مبتنی بر ویژگی های تصویر، اطلاعات همسایگی، یا ویژگی های هندسی باشد. مشکلات برای بدست آوردن قطعه بندی دقیق تصویر از، نویز، ناهمگونی، اثر حجم با مشتقات جزئی و هندسه بسیار پیچیده پوسته ناشی می شود [۱].

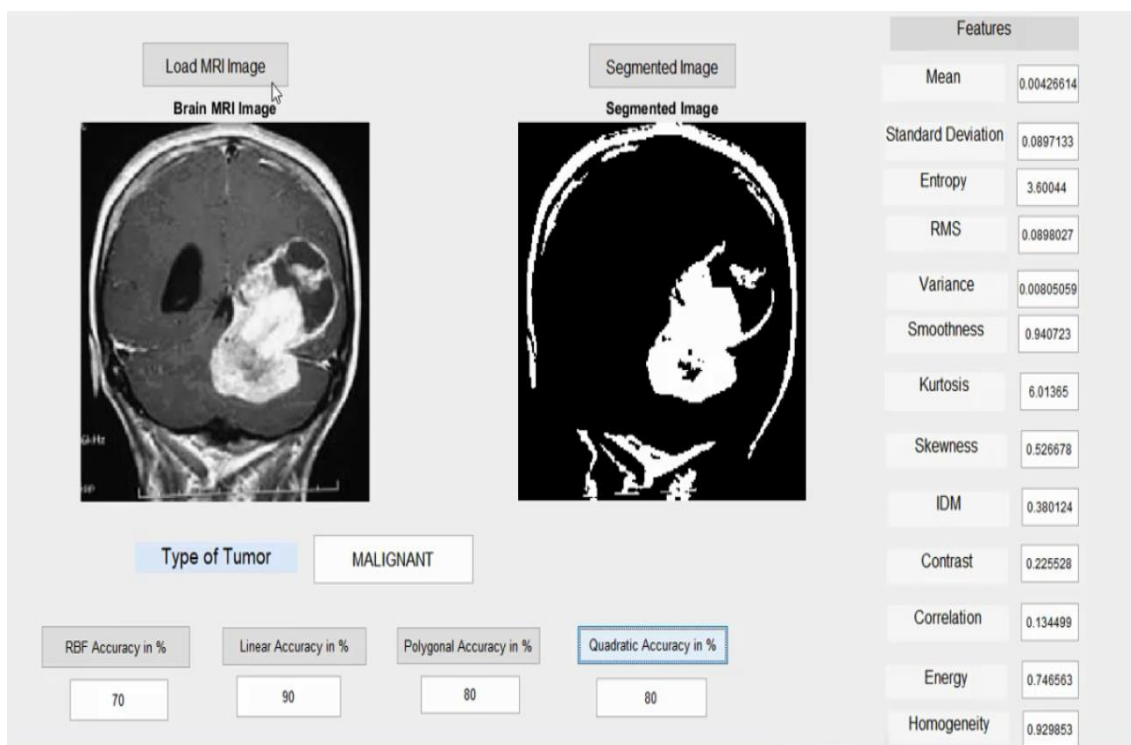
توزیع شدت روشنایی در تصاویر پزشکی بسیار پیچیده است زیرا تعیین مقدار آستانه مشکل می شود. بنابراین خود روش های آستانه گیری نیز مناسب نیستند، و با روش های دیگر ترکیب می شوند. با استفاده از معیارهای شباهت از پیش تعیین شده، روش ناحیه در حال رشد، پیکسل ها یا زیر نواحی را می برند. یکی از نتایج پیچیدگی و تنوع تصاویر پزشکی این است که استفاده از تنها یکی از روش های استخراج صحیح و دقیق لبه بسیار دشوار است. بنابراین ما باید تعدادی از روش ها را برای یادگیری و استفاده از روش های مختلف برای قطعه بندی دقیقتر تصاویر پزشکی ترکیب شوند. در حال حاضر، برخی از روش های جدید که ترکیبی از روش های سنتی هستند با ارزیابی مزایا و معایب بررسی می شوند.



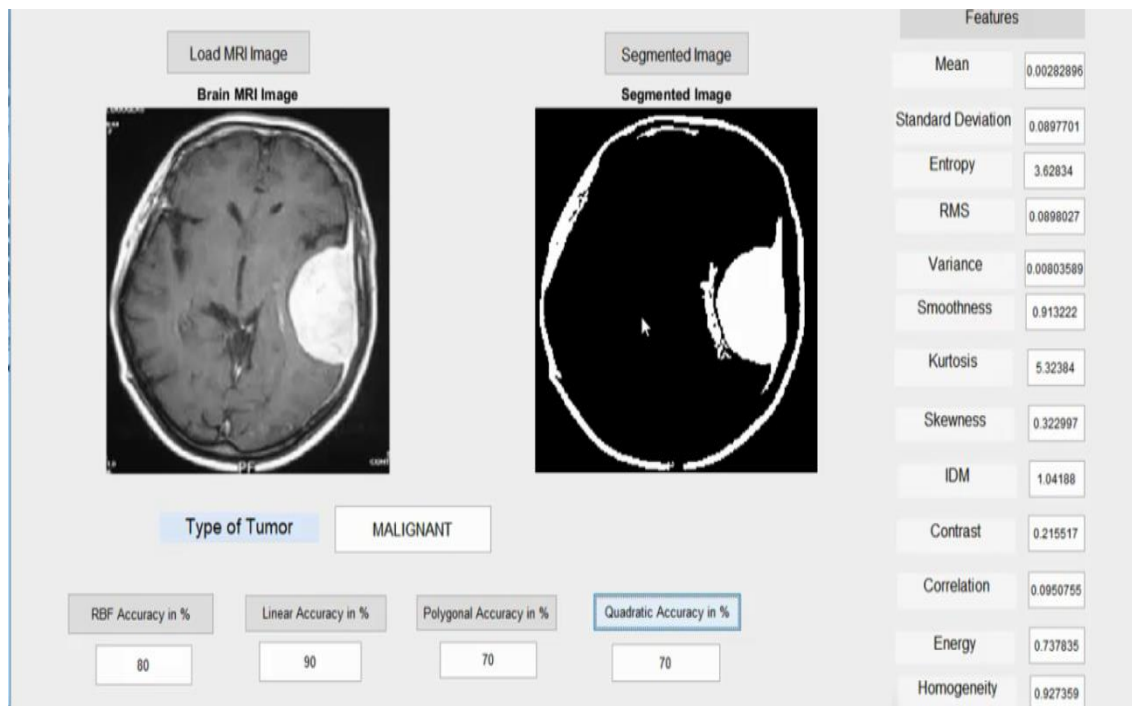
شکل ۴-۱ خروجی تصاویر MRI به روش قطعه بندی تصاویر



شکل ۴-۲ خروجی تصاویر MRI به روش قطعه بندی تصاویر



شکل ۴-۳ خروجی تصاویر MRI به روش قطعه بندی تصاویر



شکل ۴-۴ خروجی تصاویر MRI به روش قطعه بندی تصاویر

شماره تصویر	Sensitivity حساسیت	Accuracy دقت	Specificity ویژگی	Jaccard جاکارد	Dise دایس
۱	۹۸/۸۲	۹۹/۷۰	۹۹/۸۹	۹۲/۰۰	۹۵/۸۳
۲	۹۸/۹۱	۹۹/۷۹	۹۹/۸۲	۹۱/۰۵	۹۶/۲۵
۳	۹۶/۷۵	۹۹/۸۹	۹۹/۹۱	۹۰/۸۶	۹۴/۶۱
۴	۹۸/۸۰	۹۹/۸۷	۹۹/۹۶	۸۹/۷۲	۹۵/۳۴

جدول ۴-۲ نتایج خروجی روش پیشنهادی جهت تشخیص ناحیه تومور مغزی

فصل ۵ نتیجه گیری

در پزشکی تصمیم گیری در رابطه با پیش گیری، تشخیص و درمان یک از موارد کلیدی است و به سادگی انجام پذیر نمی باشد و نیاز به روش های آزمایشگاهی و ابزارهای قابل اطمینان دارد. در صورتی که این آزمایش ها و ابزار ها موید یکدیگر باشند، تصمیم گیری از قابلیت اطمینان بیشتری برخوردار خواهد بود. در تشخیص تومورها، ورم ها و خونریزی های عمقی در بافت هایی مانند مغز انسان فقط تصویر برداری هایی مانند MRI راهگشا خواهند بود.

از آنجا که این روش ها بر اساس حداقل خطای تخمینی از روی سیگنال های دریافتی باز سازی می شوند، از جنبه ی کیفی برخوردار هستند و از نظر کمی دارای ضعف می باشند. جهت تقویت تصمیم گیری در تشخیص توسط این روش ها پیشنهاد می شود این گونه تصاویر را با استفاده از به حداکثر رساندن اطلاعات متقابل بر هم منطبق نمود و سپس به تفسیر و عیب یابی در آنها پردازیم.

در این پایان نامه با استفاده از الگوریتم ماشین بردار پشتیبان (SVM) و با تحلیل مولفه اصلی (PCA) برای استخراج ویژگی و طبقه بندی ناحیه تومور مغزی پرداختیم. در روش ما از شبکه عصبی که بسیار سریعتر است استفاده شده است که بسیار سریعتر از روش مبتنی بر ناحیه رویش است. البته یک تفاوت عمده بین روش پیشنهادی و روش ارایه شده توسط آنها این بود که روش پیشنهادی به طور کامل خود کار بود ولی روش های آنها نیاز به انتخاب ناحیه شروع توسط کاربر داشت. میانگین عملکرد روش پیشنهادی در مرحله پاک کردن جمجمه در شاخص تشابه جاکارد برابر ۹۵/۴۵٪ و در نمره شباهت دایس برابر ۹۷/۹۴٪ بود. همچنین برای معیار حساسیت ۹۸٪ و برای معیار ویژگی ۹۹٪ بود که می توان از آنها قابلیت بالای مرحله پیش پردازش برای سگمنت کردن مغز و تولید یک خروجی مناسب برای مراحل بعد را نتیجه گرفت.

تصاویری که در آزمایش های روش پیشنهادی استفاده شده است، ۵۰٪ حاوی تومور با تورم کم، ۳۰٪ حاوی تومور با تورم متوسط و ۲۰٪ حاوی تومور با تورم زیاد بود و همچنین این روش در مرحله کشف تومور با روش ساهو همکاران که با استفاده از تقارن مغز اقدام به کشف تومور می کند، با استفاده از تصاویری که در اختیار داشتیم مقایسه شد. نتایج این مقایسه نشان داد که روش پیشنهادی ما در مرحله کشف تومور ۹۵٪ از خود نشان داد. روش ساهو همکاران ۸۷٪ موفقیت از خودش نشان داد.

فهرست منابع

1. Shobana ,G., Balakishnan ,r., Brain Tumor Diagnosis Form MRI Feature Analysis-A comparative Study,Innovations in Information ,Embedded And Communication System (ICIIECS) , 2015 International Conference on .IEEE , 2015.
2. Shanmugapriya , B.; Ramakrishnan , T. , segmentation of brain Tumors In Computed Tomography Images using SVM Classifier, Electronics and Communication Systems(ICECS), 2014 International conference on, IEEE, 2014.
3. Sarathi , M.P. ;Ansari ,M.A.; Uher ,v.; Burget , R. ;Dutta ,M.K. ,Automated Brain Tumor Segmentation Using Novel Feature Point Detector And Seeded region Growing ,Telecommunications And Signal Processing (TSP), 2016 36thInternational conference on , IEEE, 2013.
4. Saraswathi , D. ; Sharmila , G.; Srinivasan , E . , An Automated Diagnosis System Using Wavelet Based SFTA Texture Features, Information Communication and System (ICICES) ,2014 International Conference on ,IEEE , 2014 .
5. Subashini , M.M.; Sahoo , S. k. , Brain Tumor Detection Using Pulse Coupled Neural Network (PCNN) and Back Propagation Network , Sustainable Energy and Intelligent Systems (SEISCON 2012) , IET Chennai 3rd International on IEEE ,2012 .
6. Anis LADGHAM , Ghada TORKHANI , Anis SAKLY , Abdellatif MTIBAA , “Modified Support Vector Machines for MR Brain Images Recognition “ , IEEE , C0DIT , 13 , 2013 .
7. Ketan Machale , Hari Babu Nandpuru , Vivek Kapur , Laxi Kosta,“ MRI Brain Cancer Classifcation Using Hybrid Classifer (SVM – KN)’ , International Conference on Industrial Instrumentation and control (ICIC) , 2015 .
8. Hari Babu Nandpuru , S. S. Salankar , V .R . Bora , “ MRI Brain Cancer Classifcation Using Support Vector Machine” , IEEE Student’s Conference on Electical , Electronics and Computer Science , 2014 .
9. Parveen , Amritpa , “ Detection of Brain Tumor in MRI Images , Using Combination of Fuzzy C- Means and SVM “ , 2nd International Conference on Signal Processing and Integrated Network (SPIN) ,2015 .
10. M. Monica Subashini , Sara Kumar Sahoo , “ Brain Tumor Detection Using Pulse Coupled Neural Network (PCNN) AND Back Propagation network “ , Chennai and Vivekanandha College of technology For Women , Hird International Conference on Sustainable Energy and Intelligent System , 27-29 December , 2012 .
11. Abdullah , A. A.; Chize, B.S.; Nishio , y . , Implementation of an Improved Cellular Neural Network Algorithm For Tumor Detection , Biomedical Engineering (IC0BE) , 2012 International Conference on , IEEE , 2012 .

12. Suchita Goswami , Laiit Kumar P . Bhaiya , “ Brain Tumour Detection Using Unsupervised Learning Based Neural Network “ , International Conference on Communication System and Network Technologies , 2013.
13. Chandra, S., Bhat, R., Singh, H (2009): "A PSO based method for detection of brain tumors from MRI", Proceedings of the World Congress on Nature & Biologically Inspired Computing, Coimbatore, pp: 666 - 671.
14. Qurat-ul Ain., Irfan Mehmood., Naqi, M. Syed., Arfan Jaffar, M (2010): "Bayesian Classification Using DCT Features for Brain Tumor Detection", Lecture Notes in Computer Science, Vol:6276, pp: 340-349.
15. Koley, S., Majumder, A (2011): "Brain MRI segmentation for tumor detection using cohesion based self merging algorithm", Proceedings of the IEEE 3rd International Conference on Communication Software and Networks (ICCSN), Xi'an, pp: 781 - 785.
16. Badran, E.F., Mahmoud, E.G., Hamdy, N (2010): "An algorithm for detecting brain tumors in MRI images", Proceedings of the International Conference on Computer Engineering and Systems (ICCES), Cairo, pp: 368 - 373.
17. Hassan Khotanlou, Olivier Colliot, Jamal Atif, Isabelle Bloch, (2009): "3D brain tumor segmentation in MRI using fuzzy classification, symmetry analysis and spatially constrained deformable models", Fuzzy Sets and Systems, Vol: 160, No: 10, pp: 1457-1473.
18. Yan Li., Zheru Chi (2005): "MR Brain Image Segmentation Based on Self-Organizing Map Network", International Journal of Information Technology, vol. 11, No. 8.
19. Mishra, R (2010): "MRI based brain tumor detection using wavelet packet feature and artificial neural networks", Proceedings of the International Conference and Workshop on Emerging Trends in Technology.
20. Wen-Feng Kuo., Chi-Yuan Lin., Yung-Nien Sun., (2008): "Brain MR images segmentation using statistical ratio: Mapping between watershed and competitive Hopfield clustering network algorithms", Computer Methods and Programs in Biomedicine, Vol: 91, No: 3, pp: 191-198.
21. Bhattacharyya, D., Tai-hoon Kim, (2011): "Brain Tumor Detection Using MRI Image Analysis", Communications in Computer and Information Science, Vol: 151, pp: 307-314.
22. Badran, E.F., Mahmoud, E.G., Hamdy, N (2010): "An algorithm for detecting brain tumors in MRI images", Proceedings of the International Conference on Computer Engineering and Systems (ICCES), Cairo, pp: 368 - 373.

24. S. Sandabad, Y.S. Tahri, A. Benba, A. Hammouch, "Novel automatic tumor extraction method based on decision tree classifier," *International Journal of Engineering and Technology*, 8(1)(2016) 75-82.
25. P. Thirumurugan, P. Shanthakumar, "Brain tumor detection and diagnosis using ANFIS classifier," *International Journal of Imaging Systems and Technology*, 26 (2) (2016) 157-162.
26. Saha, B.N., Ray, N., Greiner, R., Murtha, A., Zhang, H., "Quick detection of brain tumors and edemas: A bounding box method using Symmetry", 36, pp. 95– 107, 2012.
27. 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.
28. A. Al-Taie, et al. (2014). "Improved Bias-corrected Fuzzy CMean Segmentation of Brain MRI Data." *International Journal of Hybrid Information Technology* 7: 65-94.

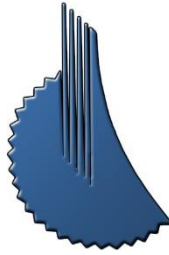
Abstract

Radiology and MRI images (magnetic resonance imaging) are the most widely used medical images to diagnose the disease. MRI imaging is known as one of the most powerful diagnostic imaging techniques. Radiology imaging is faster than MRI imaging and is especially important in diagnosing trauma patients. Trauma means an injury caused by a blow to the body. The lack of separation of hard and soft tissues in medical images, especially radiological images, is a major challenge to a correct diagnosis.

This dissertation aims to improve widely used medical images (radiology and MRI) and preprocessing has been used as a basic strategy for segmentation to improve images. The aim of this dissertation is to provide a good and comprehensive solution for a medical decision support system for classifying tumors from MRI images for the diagnosis of brain tumors and also works. It can be said that they are still open as a problem.

The active contour model, also called the snake model, is a framework in computer vision introduced by Michael Kass, Andrew Witkin, and Demetrius Terzopoulos, defined for drawing the outline of an object from a potentially noisy two-dimensional image. The snake model is popular with the computer view, and is widely used in applications such as object tracking, shape recognition, segmentation, edge detection, and stereo matching. The snake model is a minimizing energy and modifiable spline that is influenced by the constraints and forces of the image, which connects it to contours and internal forces that are resistant to deformation. The snake model may be understood as a specific case of the general method of adapting an unstable model to an image using energy minimization. In two dimensions, the active shape model represents a discrete version of this approach, using a point distribution model to limit the shape range to an explicit domain of a training set. Snakes do not solve the whole problem of finding lines in images, because this method requires prior knowledge of the shape of the designed contours. Instead, they depend on other mechanisms, such as interacting with a user, interacting with some higher-level visual perception processes, or information from adjacent image data in time or space.

Key Words: Brain Medicine Images, CT Scan Image and MRI Brain, Diagnosis of Brain Tumor.



Mazandaran Institute of Technology

Department of Computer

**M.Sc./M.A. Thesis
On Computer Software Tendency**

**Title of the Thesis
Brain MRI imaging using active contouring contours**

Supervisor
Dr. Mehdi Baboli
Dr. Mohsen Nikpour

By:
Ali Jahanian Bahnamiri

June 2020

