



ΕΘΝΙΚΟ ΜΕΤΣΟΒΙΟ ΠΟΛΥΤΕΧΝΕΙΟ
ΣΧΟΛΗ ΗΛΕΚΤΡΟΛΟΓΩΝ ΜΗΧΑΝΙΚΩΝ ΚΑΙ ΜΗΧΑΝΙΚΩΝ
ΥΠΟΛΟΓΙΣΤΩΝ
ΕΡΓΑΣΤΗΡΙΟ ΒΙΟΪΑΤΡΙΚΩΝ ΠΡΟΣΟΜΟΙΩΣΕΩΝ ΚΑΙ
ΑΠΕΙΚΟΝΙΣΤΙΚΗΣ(BIOSIM)

5η Εργαστηριακή Αναφορά στο μάθημα
**“ΠΡΟΣΟΜΟΙΩΣΗ ΦΥΣΙΟΛΟΓΙΚΩΝ
ΣΥΣΤΗΜΑΤΩΝ ”** του 9ου Εξαμήνου

του Εμμανουήλ Αναστάσιου Σερλή, Α.Μ. 03118125

2.2 Πρακτικό Μέρος

2.2.1 Παράμετροι μοντέλου αμφιβληστροειδούς

1. Όσον αφορά τα γενικά χαρακτηριστικά της προσομοίωσης, αυτά βρίσκονται στην κλάση retina (πριν ξεκινήσουν τα layers). Πρώτο χαρακτηριστικό είναι το **“temporal-step__sec”** το οποίο αντιστοιχεί στο χρονικό διάστημα το οποίο απαιτείται για να λάβουμε λύσεις από τον προσομοιωτή. Επόμενο χαρακτηριστικό είναι το **“input-luminosity-range”** που αφορά την μέγιστη τιμή φωτεινότητας του λευκού φωτός και επηρεάζει άμεσα τον βαθμό διαφοροποίησης των γειτονικών φασμάτων κάθε χρώματος. Τέλος, η παράμετρος που σχετίζεται με την αντιστοίχιση μεγεθών της εικόνας σε μεγέθη ειδώλων στον αμφιβληστροειδή είναι η **“pixels-per-degree”**, η οποία έχει τον αριθμό επιθυμητών pixels ανά μονάδα οπτικής γωνίας (visual angle). Συγκεκριμένα, ως οπτική γωνία ορίζεται η γωνία με την οποία ένα αντικείμενο απεικονίζεται στο μάτι. Όταν ένα αντικείμενο βρίσκεται κοντά στο μάτι, τότε η οπτική γωνία είναι υψηλή, με αποτέλεσμα το αντικείμενο να προβάλλεται σε μεγάλη περιοχή του αμφιβληστροειδούς. Απεναντίας, όταν ένα αντικείμενο βρίσκεται μακριά, τότε η εν λόγω γωνία και-κατ’έκταση- η περιοχή προβολής στον αμφιβληστροειδή μειώνονται.
2. Στο xml file ορίζονται 3 διαφορετικά layers: το πρώτο είναι το **“outer-plexiform-layer”** το οποίο περιέχει τις συναπτικές συνδέσεις μεταξύ των φωτουποδοχέων(PR) και των τοπικών νευρώνων. Το 2^ο είναι το **“contrast-gain-control”** το οποίο προσομοιώνει την λειτουργία του inner-plexiform-layer (μέσω χωροχρονικών φίλτρων), ενώ παράλληλα ενισχύει το οπτικό σήμα, πρωτού μεταβεί στο επόμενο στάδιο. Το 3^ο και τελευταίο layer είναι το **“ganglion-layer”** το οποίο αποτελεί το τελικό στάδιο επεξεργασίας της οπτικής πληροφορίας, η οποία μεταφέρεται με την μορφή νευρωνικών spikes στο οπτικό νεύρο και μετ’έπειτα προς τον εγκέφαλο.
3. Όσον αφορά τα χωρικά (Γκαουσιανά) φίλτρα, αυτά έχουν ως χαρακτηριστική παράμετρο την διασπορά τους σ , ενώ οι μεταβλητές τους στο xml αρχείο έχουν την χαρακτηριστική ονομασία **“XXX-sigma__deg”**. Αρχικά, παρατηρούνται στο outer-plexiform-layer, μέσω των παραμέτρων **center-sigma__deg** και **surround-sigma__deg**. Επιπλέον, παρατηρείται χωρικό φίλτρο και στο contrast-gain-control που προσδιορίζεται μέσω της παραμέτρου **adaptation-sigma__deg**.

Εφόσον έχουμε pixels-per-degree=2.0, μπορούμε να υπολογίσουμε το μέγεθος κάθε χωρικού φίλτρου σε pixels, με τα αποτελέσματα να αναγράφονται στον κάτωθι πίνακα:

| Φίλτρο | Μέγεθος(μοίρες) | Μέγεθος(Pixels) |
|-----------------------|-----------------|-----------------|
| center-sigma__deg | 0.5 | 1 |
| surround-sigma__deg | 1.5 | 3 |
| adaptation-sigma__deg | 1.5 | 3 |

Όσον αφορά τα χρονικά (εκθετικά) φίλτρα, αυτά χαρακτηρίζονται από την παράμετρο χρονικής καθυστέρησης τ και οι μεταβλητές τους στο xml αρχείο έχουν την χαρακτηριστική ονομασία “XXX-tau__sec”. Στα επιμέρους layers, έχουμε 2 τέτοια φίλτρα στο outer-plexiform-layer (τα center-tau__sec και surround-tau__sec), 1 φίλτρο στο contrast-gain-control (το adaptation-tau__sec) και 1 φίλτρο στο ganglion-layer (το transient-tau__sec)

4. Μία λειτουργία του προσομοιωτή που δεν εξηγήθηκε κατά την παρουσίασή του αφορά την λειτουργία του domain contrast-gain-control, το οποίο αντιστοιχεί ιεραρχικά στο inner-plexiform-layer. Συγκεκριμένα, παρατηρούμε ότι υπάρχουν 2 διαφορετικές συχνότητες ενίσχυσης, μία για το open και μία για το feedback loop. Παρατηρούμε ότι $f_{open} > f_{closed}$, πράγμα εύλογο μιας και η απόκριση των open-loop συστημάτων είναι αισθητά πιο γρήγορη από αυτή των closed-loop. Παρόλα αυτά, το τελικό σήμα που καταφθάνει στα bipolar cells είναι από τον ενισχυτή με ανάδραση, ο οποίος προτιμάται λόγω της ευστάθειας που παρουσιάζει ακόμα και σε υψηλότερες συχνότητες λειτουργίας (παρά το μειωμένο του κέρδος).

2.2.2 Δεδομένα προσομοίωσης

1. Ο αριθμός κυττάρων στην έξοδο του μοντέλου μπορεί να βρεθεί μέσω του path Data -> Data.VRetinaInfo -> PositionCells. Το αρχείο position cells αποτελεί έναν πίνακα μεγέθους 35x3, που αντιστοιχεί στις 3 διαφορετικές συντεταγμένες στο καρτεσιανό επίπεδο για κάθε ένα από τα **35 κύτταρα**, τα οποία αποτελούν την έξοδο του προσομοιωτή.
2. Γνωρίζουμε, και θεωρητικά, ότι ο αμφιβληστροειδής στέλνει μέσω των γαγγλιακών κυττάρων(GCs) spikes τα οποία αντιστοιχούν σε διακριτές τιμές των δυναμικών ενέργειας των κυττάρων. Στην περίπτωση του προσομοιωτή, έχουμε 35 output cells και συνολικά 56 frames (Data -> InputSequence -> nframes). Έτσι, κάθε GC δίνει 56

outputs (ένα ανά frame), με τον συνολικό αριθμό εξόδων του μοντέλου να ανέρχεται στα **3472 spikes**. Αυτά βρίσκονται στο αρχείο *Spikest*, το οποίο μπορεί να βρεθεί μέσω του path *Data -> FeatIn -> Spikest*.

3. Η ακολουθία εισόδου που διεγείρει τον αμφιβληστροειδή πρακτικά αντιστοιχεί στα 56 frames/εικόνες εισόδου, οι οποίες είναι αποθηκευμένες στο αρχείο *Data.InputSequence.Frame*. Συγκεκριμένα, κάθε frame έχει μέγεθος 128x160 και έχει αποθηκευμένες τις τιμές έντασης κάθε pixel. Για την επισκόπηση της ακολουθίας εισόδου γίνεται χρήση της εντολής **imshow(Data.InputSequence.Frame(1,m))** για την απεικόνιση του m frame (με $1 \leq m \leq 56$). Ακολουθούν ενδεικτικά αποτελέσματα από την κλήση της παραπάνω εντολής.



Απεικόνιση των frames εισόδου 20, 37 και 52

Για την αναπαράσταση των frames σε μορφή video/gif, μπορεί να γίνει η χρήση της εντολής *implay()*, μέσω των κάτωθι εντολών:

```
input3=cell2mat(Data.InputSequence.Frames)
input3=reshape(input4,128,160,56)
implay(input3)
```

4. Για την εύρεση του RF κάθε GC, πρέπει να ανατρέξουμε στο αρχείο *Data.InputSequence.ConcatCellsRFs* όπου παρατηρούμε έναν πίνακα 1x56, με κάθε στοιχείο να αποτελεί έναν υποπίνακα 18x630, όπου 18 είναι η 1D-διάσταση των τετραγώνων που ορίζουν την περιοχή διέγερσης κάθε κυττάρου. Επιπλέον, έχουμε 35 κύτταρα εξόδου γεγονός που σχηματίζει 35 διαφορετικές περιοχές διέγερσης, η καθεμία με διαστάσεις 18x18. Έτσι, στο προαναφερθέν αρχείο, και τα 35 επιμέρους «τετράγωνα» διέγερσης τοποθετούνται οριζόντια το ένα δίπλα στο άλλο σχηματίζοντας τον συνολικό πίνακα. Μέσω της εντολής

`imshow(Data.InputSequence.ConcatCellsRFs{1,m})` (με $1 \leq m \leq 56$) απεικονίζονται όλα τα τετράγωνα διέγερσης για ένα μεμονωμένο frame. Ακολουθούν ενδεικτικά αποτελέσματα από την κλήση της παραπάνω εντολής.



Περιοχές διέγερσης των frames 20, 37 και 52

Για την αναπαράσταση των RFs σε μορφή video/gif, μπορεί να γίνει η χρήση της εντολής `implay()`, μέσω των κάτωθι εντολών:

```
input4=cell2mat(Data.InputSequence.ConcatCellsRFs)
input4=reshape(input4,18,630,56)
implay(input4)
```

5. Για τον προσδιορισμό της θέσης των κυττάρων πάνω στην εικόνα, αρχικά αναπαριστούμε το frame ενδιαφέροντος με την βοήθεια της εντολής `imshow()`. Στην συνέχεια, πάνω στο εν λόγω frame, αναπαριστούμε τις θέσεις των κυττάρων σε μορφή κουκίδων με την βοήθεια της εντολής `scatter`. Σημειώνεται ότι οι ζητούμενες θέσεις βρίσκονται στο αρχείο `Data.VRetinaInfo.PositionCells` (στην 2^η και στην 3^η στήλη).

Παρακάτω μπορούμε να δούμε το αποτέλεσμα της άνωθι διαδικασίας για το 17^ο frame.



Ο κώδικας που χρησιμοποιήθηκε για το εν λόγω ερώτημα:

```
imshow(Data.InputSequence.Frame{1,17})
```

```
hold
```

```
scatter(Data.VRetinaInfo.PositionCells(:,2),Data.VRetinaInfo.PositionCells(:,3))
```

```
hold
```