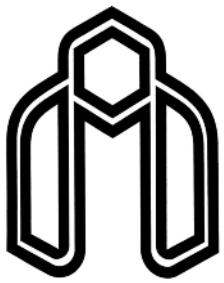


لَكَ الْمُحْمَدُ



دانشگاه صنعتی شهرود

دانشکده : مهندسی کامپیوتر و فناوری اطلاعات
گروه : هوش مصنوعی

ناحیه‌بندی تومور در تصاویر MR

سحر یوسفی

استاد راهنما :
جناب دکتر مرتضی زاهدی

استاد مشاور :
جناب دکتر رضا عزمی

پایان نامه ارشد جهت اخذ درجه کارشناسی ارشد

بهمن ۱۳۸۹

دانشگاه صنعتی شاهرود

دانشکده : مهندسی کامپیوتر و فناوری اطلاعات گروه: هوش مصنوعی

پایان نامه کارشناسی ارشد آقای / خانم ... سحر یوسفی....

تحت عنوان: ناحیه‌بندی تومور در تصاویر MR

در تاریخ توسط کمیته تخصصی زیر جهت اخذ مدرک کارشناسی ارشد
مورد ارزیابی و با درجه مورد پذیرش قرار گرفت.

امضاء	اساتید مشاور	امضاء	اساتید راهنما
	نام و نام خانوادگی : آقای دکتر رضا عزمی		نام و نام خانوادگی : آقای دکتر مرتضی زاهدی
	نام و نام خانوادگی :		نام و نام خانوادگی :

امضاء	نماینده تحصیلات تکمیلی	امضاء	اساتید داور
	نام و نام خانوادگی :		نام و نام خانوادگی :
			نام و نام خانوادگی :
			نام و نام خانوادگی :
			نام و نام خانوادگی :

تعدیم به پرو مادر

وبرادرم

مشکر و قرداشی

نخست بر خود می دانم که پروردگار خود را مشکر کویم به پاس لبخند های محبت بار، دستان یاری رسان، عشق و محبت و همه آنچه را که از رحمت او دریافت کرده ام و از اوصی خواهم که لیاقت مشکر از استاد را برم ارزانی کند که

قدراستاد نکو دانستن، حیف! استاد ب من یاد نماید، ...

از استاد فریخته جناب آقای دکتر مرتضی زاده‌ی بـ خاطر راهنمایی های بـی مـیـشـانـ کـالـ مشـکـرـ رـاـ دـارـمـ، بـخـسـینـ

از استاد فرزانه ام آقای دکتر رضا عزمنی بـ خاطر راهنمایی های بـی دـیـغـشـانـ قـرـدـانـیـ مـیـ کـنـمـ،

وبرای هردوی این عزیزان آرزوی سر بلندی و روزگاری سبزدارم، ...

دانشجو تأیید می نماید که مطالب مندرج در این پایان نامه نتیجه تحقیقات خودش می باشد و در صورت استفاده از نتایج دیگران مرجع آن را ذکر نموده است.

کلیه حقوق مادی مترتب از نتایج مطالعات ، آزمایشات و نوآوری ناشی از تحقیق موضوع این پایان نامه متعلق به دانشگاه صنعتی شاهروд می باشد .

ماه و سال

چکیده

ناحیه‌بندی تصاویر MR مغز نقش پر اهمیتی را در سیستم‌های تشخیص نایهنجاری‌ها مانند تومور بازی می‌کند. در این پایان‌نامه از مدل آماری میدان تصادفی مارکوف به منظور ناحیه‌بندی بدون ناظر تصاویر MR استفاده شده است. این مدل یک مدل آماری است که مساله‌ی ناحیه‌بندی تصویر را به مساله‌ی برچسب‌گذاری تبدیل می‌کند و هدف آن یافتن یک میدان تصادفی برچسب‌گذاری شده با انرژی بهینه می‌باشد. به منظور بهبود کارایی روش و افزایش سرعت همگرایی الگوریتم در یافتن جواب بهینه، دو الگوریتم بهینه‌سازی پیشنهاد می‌شود. در روش اول از ترکیب الگوریتم تبرید فلزات و الگوریتم ژنتیک اصلاح شده استفاده شده است. الگوریتم تبرید فلزات یک الگوریتم بهینه‌سازی قوی با سرعت محاسباتی پایین به منظور یافتن جواب بهینه است و الگوریتم ژنتیک یک جستجوی سریع است که ضمانتی در یافتن جواب بهینه ندارد. در ترکیب این دو روش با بهره گرفتن از مزایای هر الگوریتم سعی در پوشاندن کاستی‌های الگوریتم دیگر هست. به این طریق به روشی دست خواهیم یافت که از لحاظ سرعت و دقت محاسباتی به خوبی عمل می‌کند. در روش دوم از ترکیب الگوریتم‌های اجتماعی شامل بهینه‌سازی اجتماع مورچگان و الگوریتم شایعه‌پراکنی کمک گرفته شده است. الگوریتم‌های اجتماع مورچگان یک الگوریتم هدایت شده چند عامله برای بهینه‌سازی است که از رفتار مورچگان در پیدا کردن مسیر بهینه میان لانه و غذا ایده گرفته شده است و ترکیب الگوریتم شایعه‌پراکنی با آن باعث تصمیم‌گیری هدفمندانه و بهبود عملکرد هر یک از عامل‌ها در الگوریتم می‌شود. در نتیجه سرعت و دقت محاسباتی الگوریتم بهبود می‌یابد.

در این تحقیق به منظور آزمون روش‌های پیشنهادی از سه نوع مجموعه داده و مقایسه نتایج با الگوریتم استاندارد مدل تصادفی مارکوف استفاده شده است. در رویکرد اول از روش‌های مطرح شده به منظور ناحیه‌بندی بافت‌های سالم مغز شامل ماده سفید، ماده خاکستری، مایع نخاعی در تصاویر واقعی MR استفاده شده است. در روش استاندارد نتایج نشان دهنده میانگین درصد ضریب $Dice = 1/22\%$ است. در مقابل همین معیار برای روش ترکیبی الگوریتم تبرید فلزات و الگوریتم ژنتیک برابر با $1/23\%$ و برای روش ترکیبی الگوریتم‌های اجتماع مورچگان و شایعه‌پراکنی برابر با $1/27\%$ می‌باشد. همچنین میانگین درصد کاهش زمان محاسبات روش پیشنهادی اول نسبت به الگوریتم استاندارد برابر با $49/89\%$ و برای روش پیشنهادی دوم نسبت به الگوریتم استاندارد برابر با $2/05\%$ می‌باشد.

در رویکرد دوم از روش‌ها به منظور ناحیه‌بندی تومور در تصاویر واقعی مغز استفاده شده است. میانگین درصد ضریب $Dice$ در ناحیه‌بندی تومور در روش استاندارد برابر با $1/23\%$ ، در روش پیشنهادی اول $2/76\%$ و برای روش

پیشنهادی دوم معادل با ۷۰/۸٪ می‌باشد. همچنین میانگین درصد کاهش زمان محاسباتی روش پیشنهادی اول نسبت به روش استاندارد ۹۱/۳۳٪ و روش پیشنهادی دوم ۷۱/۲۱٪ می‌باشد.

در رویکرد سوم روش‌های مطرح شده به منظور ناحیه‌بندی تصاویر شبیه‌سازی شده چند-طیفی مغز استفاده شده است. در روش استاندارد، نتایج نشان دهنده میانگین درصد ضریب Dice برابر با ۸۲/۱٪ می‌باشد. این معیار برای روش پیشنهادی اول برابر با ۸۳/۲٪ و برای پیشنهادی دوم برابر با ۸۲/۷٪ می‌باشد. همچنین میانگین درصد کاهش زمان محاسباتی روش پیشنهادی اول نسبت به روش استاندارد ۷۷/۰۸٪ و روش پیشنهادی دوم نسبت به روش استاندارد ۶۷/۰۸٪ می‌باشد.

کلمات کلیدی: ناحیه‌بندی تصاویر MR، مدل میدان تصادفی مارکوف، الگوریتم تبرید فلزات، الگوریتم ژنتیک، الگوریتم بهینه‌سازی اجتماع مورچگان، الگوریتم شایعه‌پراکنی

لیست مقالات مستخرج از پایان نامه

1. “**3D MRI Brain Segmentation based on MRF and Hybrid of SA and IGA**”, In: The 17th Iranian Conference of Biomedical Engineering (ICBME2010), November 3-4, 2010, Esfahan, Iran.
 2. “**Brain Tumor Segmentation in 3D MRIs Using an Improved Markov Random Field Model**”, International Conference on Signal and Information Processing ICSIP 2010, December 14 - 15, 2010, Changsha, China.
 3. “**Automatic Tissue Classification in Multispectral MRIs via an Unsupervised Model**”, Pattern Recognition Letters, Submitted.
 4. “**Comparison Evaluation of Three Brain Tumour Segmentation Methods Based on MRF**”, World Applied Sciences Journal, Submitted.
۵. "ترکیب اجتماع مورچگان و الگوریتم شایعهپراکنی محلی در مدل میدان تصادفی مارکوف به منظور قطعه‌بندی تصاویر سه‌بعدی مغز"، شانزدهمین کنفرانس ملی سالانه انجمن کامپیوتر ایران ، تهران، ایران.

فهرست

۱	فصل اول - مقدمه.....
۲	۱- ناحیه‌بندی تصاویر MR.....
۳	۲- تصویربرداری MR.....
۵	۳- برتری‌های تصاویر MR.....
۷	۴- مشکلات ناحیه‌بندی.....
۸	۵- ویژگی‌های یک روش ناحیه‌بندی مناسب.....
۸	۶- مروری بر تاریخچه ناحیه‌بندی تصاویر MR.....
۹	۷- ۱- ناحیه‌بندی تک تصویر.....
۹	۷- ۱- ۱- روش ناحیه‌بندی بر پایه حد آستانه.....
۱۰	۷- ۱- ۲- روش ناحیه‌بندی بر پایه لبه.....
۱۰	۷- ۱- ۳- روش ناحیه‌بندی رشد هسته ناحیه.....
۱۱	۷- ۱- ۴- سایر روش‌های ناحیه‌بندی تک تصویر.....
۱۱	۷- ۲- ناحیه‌بندی تصاویر چند طیفی.....
۱۲	۷- ۲- ۱- روش‌های ناحیه‌بندی با ناظر.....
۱۳	۷- ۲- ۲- روش‌های ناحیه‌بندی بدون ناظر.....
۱۳	۷- ۳- ساختار پایان نامه.....
۱۵	فصل دوم - مدل میدان تصادفی مارکوف.....
۱۶	۱- ۱- مقدمه.....
۱۷	۱- ۲- تعاریف اولیه.....
۱۸	۱- ۳- ناحیه‌بندی با مدل ترکیب گوسی.....
۲۰	۱- ۳- ۱- روش تخمین احتمال بیشینه.....
۲۱	۱- ۳- ۲- روش EM.....

۲۷	۴-۲- ناحیه‌بندی با مدل میدان تصادفی مارکوف
۲۷	۴-۲- ۱- مفهوم مکان و برچسب
۲۹	۴-۲- ۲- مساله برچسب‌گذاری
۳۱	۴-۲- ۳- برچسب‌گذاری با توجه به قیود بافتی
۳۳	۴-۲- ۴- سیستم همسایگی و دسته
۳۴	۴-۲- ۵- میدان تصادفی مارکوف
۳۵	۴-۲- ۶- مدل میدان تصادفی گیبس
۳۶	۴-۲- ۷- تئوری هامرسلی-کلیفورد
۳۷	۴-۲- ۸- طرح مدل مارکوف برای حل مساله ناحیه‌بندی
۳۹	فصل سوم- بررسی پژوهش‌های مرتبط
۴۰	۱-۳- مقدمه
۴۰	۲-۳- بررسی روش‌های ناحیه‌بندی تومور
۴۲	۳-۳- بررسی مدل تصادفی مارکوف در ناحیه‌بندی تصاویر MR
۴۳	۴-۳- بررسی روش‌های بهینه‌سازی
۴۴	۴-۳- ۱- بهینه‌سازی محلی
۴۴	۴-۳- ۱-۱- بهینه‌سازی با روش ICM
۴۴	۴-۳- ۲- سایر روش‌های بهینه‌سازی محلی
۴۵	۴-۳- ۲-۲- بهینه‌سازی عمومی
۴۵	۴-۳- ۲-۲-۱- بهینه‌سازی با روش تبرید فلزات
۴۶	۴-۳- ۲-۲-۴- بهینه‌سازی با روش Gibbs Sampler
۴۷	۴-۳- ۲-۲-۳- بهینه‌سازی با الگوریتم ژنتیک
۵۰	۴-۳- ۴-۲- بهینه‌سازی با الگوریتم بهینه‌سازی اجتماع مورچگان
۵۲	فصل چهارم- الگوریتم‌های پیشنهادی
۵۳	۴- ۱- مقدمه

۵۴	- تابع انرژی.....	۴-۲
۵۶	- ترکیب الگوریتم تبرید فلزات و الگوریتم ژنتیک	۴-۳
۵۷	- الگوریتم ژنتیک	۴-۳-۱
۵۷	- کد کردن افراد.....	۴-۳-۱-۱
۵۷	- تابع Fitness افراد.....	۴-۳-۱-۲
۵۸	- عملگر انتخاب.....	۴-۳-۱-۳
۵۹	- عملگر تقاطع.....	۴-۳-۱-۴
۶۰	- عملگر جهش.....	۴-۳-۱-۵
۶۱	- روش ترکیبی.....	۴-۳-۲
۶۲	- ترکیب اجتماع مورچگان و الگوریتم شایعه پراکنی.....	۴-۴
۶۳	- الگوریتم شایعه پراکنی.....	۴-۴-۱
۶۳	- مدل های انتقال اطلاعات.....	۴-۴-۱-۱
۶۴	- شایعه پراکنی.....	۴-۴-۲-۱
۶۵	- روش ترکیبی.....	۴-۴-۲-۲
۶۶	- به روز رسانی محلی ماتریس فرمون.....	۴-۴-۲-۱-۱
۶۶	- به روز رسانی عمومی ماتریس فرمون.....	۴-۴-۲-۲-۱
۶۶	- به روز رسانی با الگوریتم شایعه پراکنی.....	۴-۴-۲-۲-۳
۷۰	فصل پنجم - مجموعه دادگان و آزمون الگوریتم های ناحیه بندی	
۷۱	- مقدمه	۵-۱
۷۱	- مجموعه تصاویر	۵-۲
۷۱	- ۱-۲-۵ - مجموعه تصاویر سه بعدی MR	
۷۳	- ۲-۲-۵ - مجموعه تصاویر چند طیفی	
۷۳	- ۳-۵ - معیار شباهت	
۷۴	- ۴-۵ - ناحیه بندی تصاویر MR	

۷۴	۱-۴-۵- ناحیه‌بندی تصاویر سه بعدی MR مغز سالم.....
۸۶	۲-۴-۵- ناحیه‌بندی تومور مغز در تصاویر سه بعدی MR
۹۷	۳-۵- ناحیه‌بندی تصاویر چند طیفی.....
۱۰۳	۴-۵- نتیجه‌گیری.....
۱۰۶	فصل ششم- جمع‌بندی و پیشنهادات
۱۰۷	۱-۶- جمع‌بندی.....
۱۰۹	۲-۶- پیشنهادات.....
۱۱۱	مراجع

فهرست اشکال

..... ۴	شکل ۱-۱- اتم‌های هیدروژن بدن در میدان مغناطیسی
..... ۵ شکل ۲-۱- تصویربرداری MR
..... ۶ شکل ۳-۱- تصویربرداری سه‌بعدی MR از مغز
..... ۷ شکل ۴-۱- تصاویر چند طیفی
..... ۹ شکل ۵-۱- روش‌های مختلف ناحیه‌بندی تصاویر MR
..... ۱۲ شکل ۶-۱- ناحیه‌بندی با ناظر
..... ۱۲ شکل ۷-۱- ناحیه‌بندی بدون ناظر
..... ۲۶ شکل ۸-۱- ناحیه‌بندی با مدل ترکیب گوسی
..... ۳۰ شکل ۸-۲- مساله برچسب‌گذاری به صورت نگاشت مجموعه مکان‌ها به مجموعه برچسب‌ها
..... ۳۴ شکل ۹-۲- سیستم همسایگی
..... ۳۴ شکل ۹-۲- سیستم همسایگی برای مشبکه‌های بی‌نظم
..... ۴۷ شکل ۱۰-۱- فلوچارت مدل میدان تصادفی مارکوف با تبرید فلزات
..... ۵۶ شکل ۱۰-۲- سیستم همسایگی و گروه‌های سه بعدی
..... ۵۷ شکل ۱۰-۳- کدکردن افراد
..... ۵۹ شکل ۱۰-۴- عملگر تقاطع
..... ۶۱ شکل ۱۰-۵- عملگر جهش
..... ۶۲ شکل ۱۱-۴- فلوچارت الگوریتم روش ترکیبی میدان تصادفی مارکوف
..... ۶۷ شکل ۱۱-۴- همسایگی محلی در به روز رسانی با الگوریتم شایعه‌پراکنی
..... ۶۹ شکل ۱۱-۵- فلوچارت الگوریتم روش ترکیبی میدان تصادفی مارکوف
..... ۷۶ شکل ۱۲-۱- تعریف پارامتر شباهت
..... ۷۶ شکل ۱۲-۵- نتیجه ناحیه‌بندی برای برش ۵-۸/۲۰
..... ۷۵ شکل ۱۳-۵- نتیجه ناحیه‌بندی برای برش ۵-۸/۳۵
..... ۸۶ شکل ۱۴-۵- نمودار میله‌ای مقایسه ضریب Dice در مجموعه تصاویر مغز سالم

شکل ۱۰-۵	- نمودار میله‌ای مقایسه زمان محاسباتی در تصاویر چند-طیفی.....	۹۹
شکل ۹-۵	- نمودار میله‌ای مقایسه ضریب Dice در مجموعه تصاویر چند-طیفی.....	۹۹
شکل ۸-۵	- نمودار میله‌ای مقایسه زمان محاسباتی در مجموعه تصاویر گزینه توموردار.....	۹۰
شکل ۷-۵	- نمودار میله‌ای مقایسه ضریب Dice در مجموعه تصاویر گزینه توموردار.....	۹۰
شکل ۶-۵	- نتیجه ناحیه‌بندی برای برش ۲۷i/۸۸.....	۸۶
شکل ۵-۵	- نمودار میله‌ای مقایسه زمان محاسباتی در مجموعه تصاویر مغز سالم.....	۸۶

فهرست جداول

جدول ۱-۵ - مشخصات تصاویر استفاده شده از IBSR	۷۳
جدول ۲-۵ - نتایج ضریب Dice و زمان محاسباتی حاصل از ناحیه‌بندی تصاویر مغز سالم	۷۸
جدول ۳-۵ - نتایج ناحیه‌بندی روش‌های مختلف بر روی تصاویر MR مغز سالم	۸۱
جدول ۴-۵ - نتایج ضریب Dice و زمان محاسباتی حاصل از ناحیه‌بندی تصاویر مغز توموردار	۸۹
جدول ۵-۵ - نتایج ناحیه‌بندی روش‌های مختلف بر روی تصاویر MR حاوی تومور	۹۱
جدول ۶-۵ - نتایج ضریب Dice و زمان محاسباتی حاصل از ناحیه‌بندی تصاویر چند-طیفی	۹۸
جدول ۷-۵ - نتایج ناحیه‌بندی تصاویر چند-طیفی	۱۰۰
جدول ۸-۵ - نتیجه‌گیری	۱۰۳

فصل اول - مقدمه

۱-۱- ناحیه‌بندی^۱ تصاویر MR

ناحیه‌بندی درست و دقیق بافت‌ها در تصاویر مغز پروسه‌ی مهمی در برنامه‌های کاربردی آنالیز تصاویر پزشکی، برای مطالعات دقیق، تشخیص و بررسی بیماری‌ها و طراحی پارادایم‌های درمان و عمل جراحی می‌باشد [۱]. هدف از ناحیه‌بندی تصاویر مغز، کلاس‌بندی^۲ و کسل^۳‌های مربوط به بافت‌های مختلف است. به گونه‌ای که هر وکسل متعلق به یک کلاس باشد و کلاس‌ها دو به دو ناسازگار باشند. منظور از وکسل پیکسل‌های سه بعدی تصویر پزشکی می‌باشد. این کلاس‌ها می‌توانند شامل بافت‌های سالم (مانند ماده سفید^۴، ماده خاکستری^۵، مایع نخاعی^۶) و بافت‌های غیر سالم (مانند توده تومور، بافت ورم^۷، بافت مرده^۸ اطراف تومور و حد فاصل بین بافت‌های زنده، جای زخم^۹ و...) باشند [۲].

تشخیص نابهنجاری‌ها شامل تشخیص آسیب‌دیدگی‌های مغزی و توده‌های تومور، آنالیز و تخمین کیفی پروسه‌ی رشد تومور و بررسی تاثیر رفتار داروها در بهبود آن، تشخیص بی‌نظمی‌های دستگاه عصبی مانند بیماری آزاریمیر یا ام-اس و بی‌نظمی‌های حرکتی مانند بیماری پارکینسون مثال‌هایی از کاربرد ناحیه‌بندی است [۲].

در مورد پرتو درمانی^{۱۰} تومور، تعیین حدود آن و ورم اطرافش یکی از مراحل بسیار مهم و ضروری محسوب می‌شود. هدف از پرتو درمانی، پرتوفکنی به قسمت تومور و ورم اطراف آن برای از بین بردن تومور می‌باشد. این پرتوفکنی باید به گونه‌ای باشد که اثرات منفی در بافت‌های سالم احاطه کننده‌ی

¹ Segmentation

² Classification

³ Voxel

⁴ White Matter

⁵ Gray Matter

⁶ Cerebrospinal Fluid

⁷ Edema

⁸ Necrotic

⁹ Scar

¹⁰ Radio Therapy

تومور، به حداقل ممکن برسد. برای دستیابی به این هدف، یافتن موقعیت و ناحیه‌بندی توده‌ی تومور از سایر بافت‌ها الزامی است. اگرچه ناحیه‌بندی دستی با ردیابی و علامت‌گذاری قطعه به قطعه‌ی نواحی مورد نظر، توسط متخصصان پزشک یا رادیوپرایسیت‌ها، قابل انجام است ولی به علت پیچیدگی تصاویر مغز و شباهت زیاد بافت‌ها و احتمال وجود نویز در تصویر حاصل این کار نواحی دندانه‌دندانه‌ای بوده و با خطا همراه می‌باشد. بنابراین جهت رسیدن به نتیجه‌ای مطلوب و به دور از هر گونه اشتباه ناشی از نویز موجود در تصویر یا خطای ناشی از خستگی فرد، نیاز به اتوماتیک یا نیمه اتوماتیک کردن این فرایند احساس می‌شود.

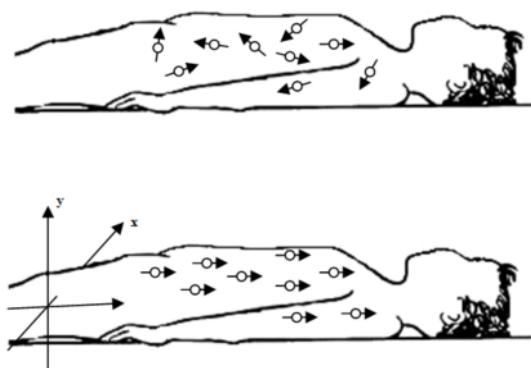
پیشرفت‌های اخیر در طراحی سیستم‌های تصویربرداری مهندسی پزشکی، سهم عمده‌ای در بهبود زمینه‌های تشریحی و عملیاتی و پردازش تصویر به صورت پویا داشته‌اند. برای بررسی بافت‌های مغز تکنیک‌های تصویربرداری گوناگونی ارائه شده‌اند. روش‌های تصویربرداری چند-کیفی^{۱۱} شامل تصاویر PET، X-ray CT، MRA، MR و SPEC می‌باشند. این روش‌ها، ابزاری برای تشریح و تعريف پارامترهای عملیاتی مرتبط به مغز را فراهم می‌آورند. از این میان تکنیک تصویربرداری MR یا MRI پر اهمیتی در تصویربرداری مغز محسوب می‌شود. واژه MRI مخفف کلمات Magnetic Resonance Imaging به معنی تصویربرداری تشید مغناطیسی می‌باشد. از آنجایی که می‌توان با کمک تصاویر MR اطلاعات بسیاری از بافت‌های مغز و نتایج تحریکات مغز بدست آورد، ابزار قدرتمندی برای تشخیص بیماری‌های مغزی و تصمیم‌گیری در فرایند درمان به شمار می‌آید.

۲-۱- تصویربرداری MR

هسته هر اتم به عنوان یک ذره مثبت دارای حرکت وضعی (چرخش به دور خود) و دو قطب است. از طرفی ذرات باردار متحرک در اطراف خود میدان مغناطیسی تولید می‌کنند از این خاصیت هسته‌ی

^{۱۱} Multi-modality

اتم‌های بدن برای تصویرسازی به شیوه MR استفاده می‌شود. هفتاد درصد وزن بدن انسان را آب تشکیل می‌دهد و آب نیز از دو اتم هیدروژن و یک اتم اکسیژن تشکیل شده است. از آن جایی که هسته اتم هیدروژن به مقدار زیاد در بافت‌های بدن وجود دارد برای تصویرسازی مناسب می‌باشد. چنانچه اتم‌های هیدروژن مشابه شکل (۱-۱) در یک میدان مغناطیسی خارجی بسیار قوی قرار داده شوند، تعدادی از این هسته‌ها با نظم خاص در محور مغناطیسی جدید قرار گرفته و از حالت تصادفی اولیه خود خارج می‌شوند و در همان جهت به چرخش خود ادامه خواهند داد [۳].

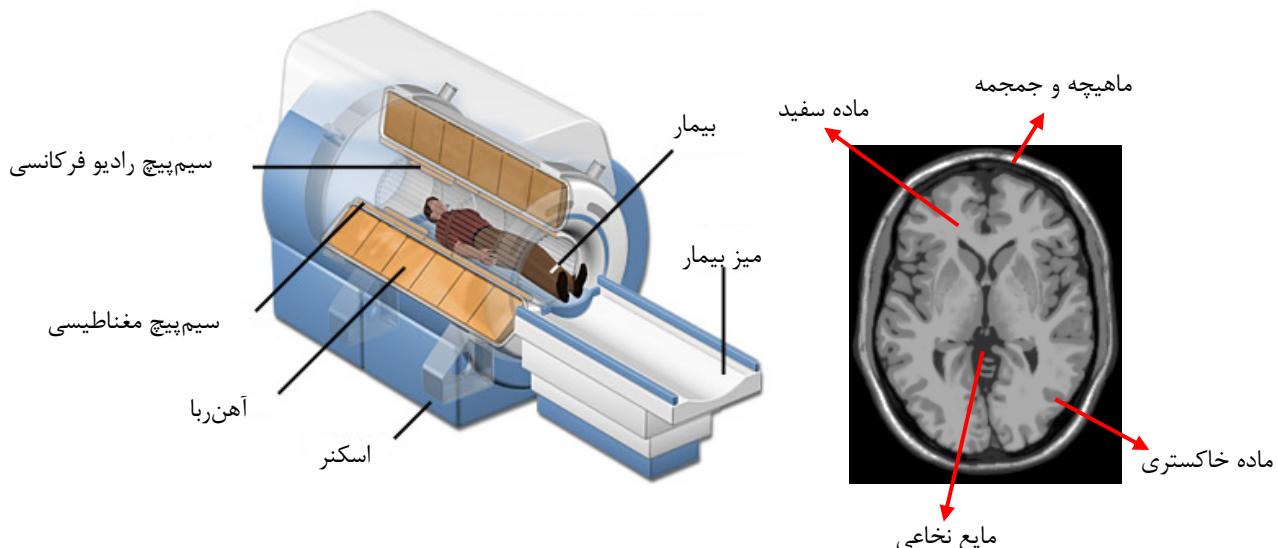


شکل ۱-۱ - اتم‌های هیدروژن بدن در میدان مغناطیسی، بالا: اتم‌های هیدروژن بدن خارج از میدان مغناطیسی غیر همسو هستند، پایین: اتم‌های هیدروژن بدن در میدان مغناطیسی همسو می‌شوند

حال اگر یک سیمپیج القائی بدور این اتم‌های هیدروژن چرخان قرار دهیم و در همین حال یک موج رادیویی با طول موج معین به اتم‌های مذکور طوری برخورد کند که موجب انحراف محور اتم‌های هیدروژن به میزان 90° درجه گردد، پروتون‌ها یک نیروی الکترو موتوری کوچک را تولید می‌کنند که بوسیله سیمپیج القائی قابل اندازه‌گیری می‌باشد. پس از تقویت این جریان ضعیف می‌توان آن را بوسیله اسیلوسکوپ نمایان کرد که این جریان به صورت نزولی کم می‌شود تا صفر شود. مدت زمانی که طول می‌کشد تا این جریان به صفر برسد را زمان استراحت عرضی یا T_2 می‌نامند. حال اگر یک موج رادیویی با طول موجی دو برابر طول موج اولی به پروتون‌هایی که در همان جهت مغناطیسی می‌چرخد وارد کنیم، محور مغناطیسی آن‌ها این بار 180° درجه تغییر جهت خواهد داد. در این حالت

مدت زمانی که طول می‌کشد تا پروتون‌ها به حالت اولیه بازگردند نسبت به حالت قبلی افزایش می‌یابد. این زمان استراحت شبکه چرخشی یا T_1 نامیده می‌شود [۳].

زمان‌های T_1 و T_2 برای بافت‌های مختلف بدن، متفاوت می‌باشد. این زمان‌ها پس از ورود به کامپیوتر مورد سنجش قرار گرفته و نوع بافت و عضو مربوط در کامپیوتر مشخص می‌شود. این اطلاعات به نقاط سیاه و سفید یا رنگی تبدیل و بر روی صفحه نمایشگر نشان داده می‌شود که در واقع تصویر یک مقطع از عضو مورد نظر می‌باشد. هر چه تعداد اتم‌های هیدروژن در یک عضو بیشتر باشد، زمان‌های T_1 و T_2 بیشتر و جزئیات یک تصویر مشهودتر می‌باشد. شکل (۲-۱) تصویر یک دستگاه تصویربرداری MR و یک تصویر MR از یک برش مغز با جزئیاتش را نمایش می‌دهد [۳].

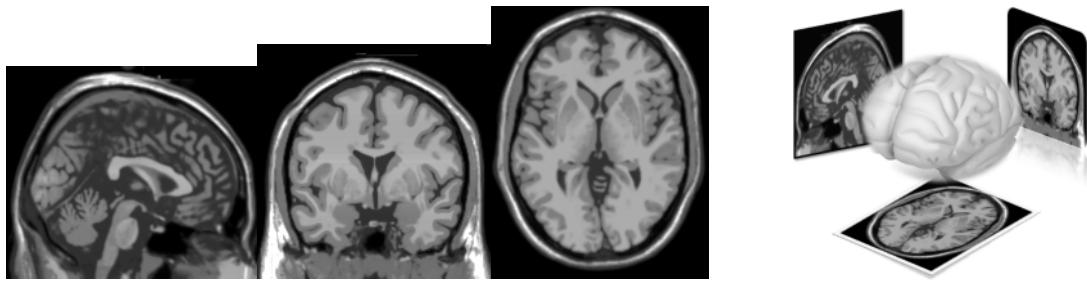


شکل ۲-۱- تصویربرداری MR، راست: تصویر MR از یک برش مغز با جزئیاتش، چپ: دستگاه تصویربرداری MR [۳]

۳-۱- برتری‌های تصاویر MR

از مزایای تصویربرداری MR آن است که می‌توان از سه جهت محوری^{۱۲}، حلقوی^{۱۳}، سهموی^{۱۴} از یک عضو تصویربرداری کرد. شکل (۳-۱) تصاویر MR از یکی از برش‌های مغز را در هر سه جهت نمایش می‌دهد.

¹² Axial



شکل ۳-۱- تصویربرداری سه بعدی MR از مغز، از راست به چپ: تصویربرداری سه بعدی مغز، تصویر محوری، تصویر حلقوی و تصویر سهموی

از طرفی جهت تمایز بین بافت‌های مشابه روش‌های تصویربرداری چند-طیفی^{۱۵} ایجاد شده‌اند. این تصاویر به کمک دنباله تحريكات خاصی در عضو بدست می‌آید. با کمک این تصاویر می‌توان اطلاعات مختلفی را از یک قسمت بدست آورد. برای مثال از آن جایی که تومور از هم زیستی چند نوع بافت تشکیل شده است یک نوع تصویر MR نمی‌تواند اطلاعات کاملی از تومور بدهد. بنابراین برای آن که متخصصان رادیولوژی یا رادیوتراپیست‌ها بتوانند به درستی تصمیم‌گیری کنند، اطلاعات بدست آمده از چند نوع تصویر MR یک بیمار را با هم ترکیب می‌کنند. برای این کار حداقل به سه نوع از تصاویر MR نیاز است که عموماً از تصاویر وزن دار T₁^{۱۶}، تصاویر وزن دار T₂^{۱۷} و تصاویر وزن دار PD^{۱۸} در بیمارستان‌ها استفاده می‌شود [۲]. شکل (۴-۱) هر کدام از این تصاویر چند-طیفی نام بردۀ را برای یکی از برش‌های مغز نمایش می‌دهد. همان‌طور که مشاهده می‌شود اجزای تصویرهای چند-طیفی متعلق به یک برش از مغز روشنایی‌های متفاوتی دارند.

از دیگر مزایای تصویربرداری MR می‌توان موارد زیر را برشمرد:

- سرعت انجام تصویربرداری نسبت به سایر روش‌ها بالا است. برای مثال تصویربرداری از مغز در زمانی کمتر از ۱۵ دقیقه انجام می‌شود.

¹³ Coronal

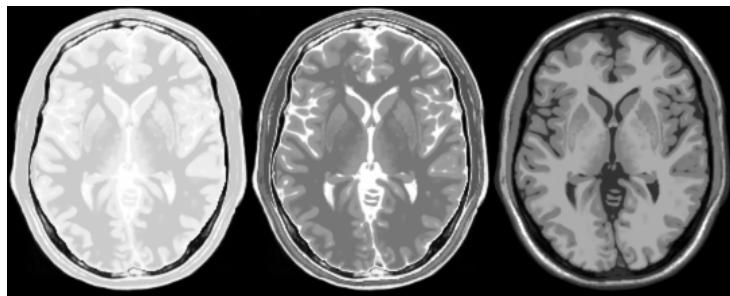
¹⁴ Sagittal

¹⁵ Multi-spectral

¹⁶ T1-weighted

¹⁷ T2-weighted

¹⁸ Proton density-weighted



شکل ۴-۱- تصاویر چند طیفی، از چپ به راست: تصاویر وزن دار T1، T2، PD.

- تصویر نتیجه دارای ^{۱۹}وضوح بالایی می باشد.

روش تصویربرداری MR فاقد اشعه X و سایر تشعشعات خطرزا بوده، لذا انجام آن کاملاً

بی خطر است و تاکنون اثرات سوئی برای آن شناخته نشده است.

Gadolinium داروی مورد استفاده در تصویربرداری است که حساسیت زایی کمتری در

مقایسه با داروهای مورد استفاده در سایر تصویربرداری ها دارد.

۴-۱- مشکلات ناحیه بندی

به طور کلی ناحیه بندی بافت های مغز به دلایل اساسی زیر کار دشواری است:

روشنایی بافت های مختلف قابل تمییز نیست و ممکن است دو بافت مختلف مغز دارای

روشنایی یکسانی باشد یا دو بافت یکسان روشنایی های متفاوتی داشته باشند.

ساختار های مختلف مغز افراد مختلف دارای توپولوژی های متفاوتی می باشد.

تصاویر MR ممکن است با نویز همراه باشد. این نویز می تواند ناشی از حرکت بیمار در

طی تصویربرداری یا شرایط محیطی باشد.

تعداد بسیاری از انواع تومور وجود دارد که از نظر اندازه، شکل هندسی، مکان، ترکیبات

بافتی و همگنی متفاوت هستند و ممکن است با ورم همراه باشد. در نتیجه در بسیاری از

موارد مرز تومور از بافت سالم را نمی توان به درستی تعیین نمود [۲].

^{۱۹} Contrast

• تومورها ماهیت تهاجمی دارند و اثرات مختلفی بر روی بافت‌های اطرافشان می‌گذارند.

• تومورها دارای مرزهای نامشخص هستند [۲].

۱-۵- ویژگی‌های یک روش ناحیه‌بندی مناسب

به طور کلی یک روش ناحیه‌بندی مناسب بایستی ویژگی‌های زیر را داشته باشد [۴].

• اتوماتیک یا نیمه اتوماتیک بودن روش برای کاهش خطاهای احتمالی.

• وفق‌پذیری در مقابل تغییرات شدت روشنایی و ناهمگنی‌ها.

• وفق‌پذیری در مقابل تغییرات شکل و توپولوژی‌های مختلف ساختارهای مغز.

۱-۶- مرواری بر تاریخچه ناحیه‌بندی تصاویر MR

از یک دیدگاه می‌توان روش‌های پیشنهاد شده برای ناحیه‌بندی تصاویر MR را بسته به اینکه هدف، تشخیص لبه (مثلاً استخراج یک مرز برای ماده خاکستری مغز در تصویر) یا ناحیه (مثلاً ایزوله کردن مغز از سایر اجزا مانند ماهیچه‌ها و جمجمه) است یا اینکه روش صرفاً بر مبنای شدت روشنایی پیکسل‌ها (اطلاعات سطح پایین) است یا با کمک دانش کلی از ساختار مغز (اطلاعات سطح بالا) عمل می‌کند، تقسیم‌بندی کرد. از دیدگاهی دیگر ناحیه‌بندی‌های انجام شده بر روی تصاویر MR را طبق شکل (۱-۵) می‌توان به دو دسته کلی تقسیم نمود [۵]:

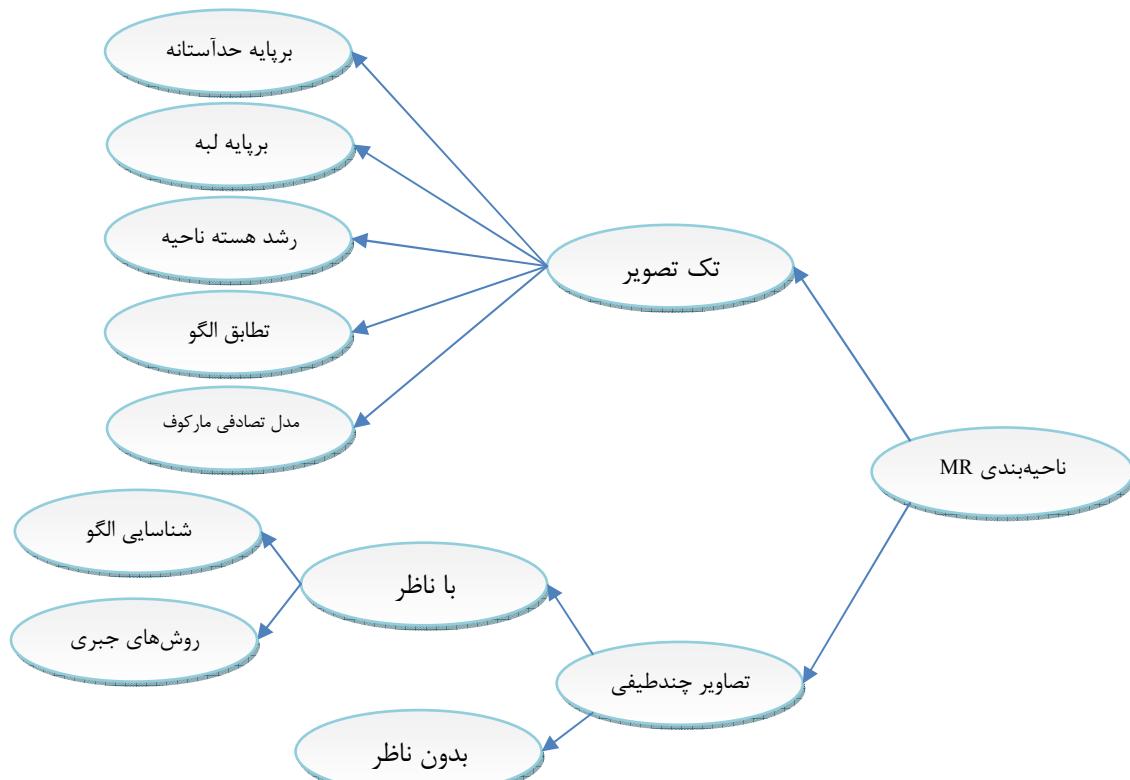
▪ ناحیه‌بندی تک تصویر با سطوح خاکستری

▪ ناحیه‌بندی تصاویر چند-طیفی

در بخش‌های بعدی به تعریف هر کدام از این روش‌ها می‌پردازیم.

۱-۶-۱- ناحیه‌بندی تک تصویر

در روش‌های ناحیه‌بندی تک تصویر با سطوح خاکستری، تنها از یک تصویر دو یا سه بعدی استفاده می‌شود. تعدادی از این روش‌ها در ادامه آورده شده است.



شکل ۱-۵- روش‌های مختلف ناحیه‌بندی تصاویر MR [۴]

۱-۶-۱-۱- روش ناحیه‌بندی بر پایه حد آستانه^{۲۰}

این روش به دو صورت استفاده از حد آستانه عمومی^{۲۱} و حد آستانه ناحیه‌ای^{۲۲} پیاده‌سازی شده است. به طور کلی مساله مهم در این روش تعیین مقدار آستانه است [۷، ۶]. به طور کلی این روش ناحیه‌بندی به علت متغیر بودن داده‌های MR و وجود نویز در تصاویر، موفق عمل نمی‌کند.

²⁰ Thresholding-based

²¹ Global threshold

²² Local threshold

۱-۶-۲- روش ناحیه‌بندی بر پایه لبه^{۲۳}

یکی از تکنیک‌های ارائه شده برای این روش استفاده از فیلتر ریخت شناسی^{۲۴} برای تشخیص لبه می‌باشد که در مرجع [۸] از آن استفاده شده است. این مرجع در انتها به ویرایش دستی نواحی برای نمایش صحیح سه بعدی پرداخته است. تکنیک مشابه دیگر ردیابی لبه‌ها می‌باشد [۹]. در این روش یک اپراتور، پیکسل یک ناحیه را مشخص می‌کند. سپس الگوریتم، یک نقطه از لبه آن ناحیه را مشخص می‌کند و آن را دنبال می‌نماید. به علت وجود نویز در تصویر و تغییرات حد آستانه در لبه‌های تصویر احتمال خطا در روش‌های تشخیص لبه بالا است.

۱-۶-۳- روش ناحیه‌بندی رشد هسته ناحیه^{۲۵}

این روش به اپراتوری نیاز دارد که به صورت تجربی یک هسته و یک حد آستانه انتخاب نماید [۱۰]. پیکسل‌های اطراف هسته امتحان می‌شوند و اگر در شرط حد آستانه صدق کنند، به ناحیه متعلق هستند. همچنین پیکسل‌هایی به ناحیه اضافه می‌شوند که با پیکسل‌های قبلی اضافه شده به ناحیه، مشابه باشند. هر پیکسل اضافه شده یک هسته جدید است که همسایه‌های آن برای تعلق به ناحیه بازرسی می‌شوند. در بعضی مقالات از این روش به عنوان یک مرحله پس-پردازش^{۲۶} بر روی داده‌های ناحیه‌بندی شده به منظور کاهش نویز استفاده کردند [۱۱]. نتایج بدست آمده از این روش شدیداً به مقداردهی اپراتورها وابسته است.

²³ Edge-based

²⁴ Morphological

²⁵ Seed growing

²⁶ Post-processing

۱-۶-۴- سایر روش‌های ناحیه‌بندی تک تصویر

روش‌های دیگر استفاده شده برای ناحیه‌بندی، مدل میدان تصادفی مارکوف^{۲۷} است که شامل تبرید فلزات^{۲۸} و ICM^{۲۹} می‌باشد [۱۲]. این روش‌ها روش‌های مبتنی بر آمار هستند. در این پایان‌نامه اساس کار بر روی این روش می‌باشد. در فصل‌های ۴ و ۵ این تحقیق به این روش پرداخته شده است.

۱-۶-۲- ناحیه‌بندی تصاویر چند طیفی

در ناحیه‌بندی تصاویر چند طیفی، از چند تصویر MR با وضوح متفاوت (مانند تصاویر وزن دار T1 و T2 و PD) از یک برش استفاده می‌شود. این تکنیک‌ها به دو دسته روش‌های با ناظر^{۳۰} و بدون ناظر^{۳۱} تقسیم می‌شوند مطابق شکل (۱-۶) و (۱-۷). در روش‌های ناحیه‌بندی با ناظر برای ناحیه‌بندی نیازمند پارامترهای هر ناحیه هستند که می‌توان آن‌ها را با انتخاب پیکسل‌های نواحی آموختش در تصویر با کمک یک معلم یا اپراتور بدست آورد. در حالی که روش‌های بدون ناظر به طور اتوماتیک و بدون مداخله اپراتور رفتار می‌کنند و بایستی پارامترهای نواحی اتوماتیک محاسبه شود. در عمل روش‌های بدون ناظر کاربردی‌تر هستند [۵]. هدف از این تحقیق ارائه یک روش بدون ناظر برای ناحیه‌بندی تصاویر MR اعم از تک تصویر و چند-طیفی است که در فصول آتی در مورد آن شرح خواهیم داد.

²⁷ Markov Random Field Model

²⁸ Simulated Annealing (SA)

²⁹ Iterative Conditional Mode

³⁰ Supervised

³¹ Unsupervised



شکل ۱-۶- ناحیه‌بندی با ناظر



شکل ۱-۷- ناحیه‌بندی بدون ناظر

۱-۲-۱- روش‌های ناحیه‌بندی با ناظر

روش‌های تشخیص الگو^{۳۲}: روش‌های تشخیص الگو خود به دو دسته پارامتریک و غیر پارامتریک تقسیم می‌شوند. در بسیاری از روش‌های تشخیص الگو فرض می‌شود توزیع از ویژگی‌ها^{۳۳} را دارند. به این علت به این روش‌ها، روش‌های پارامتریک می‌گویند. مثلاً روش احتمال بیشینه، توزیع گوسی چند متغیره را فرض می‌کند [۱۴، ۱۳]. بدین صورت که میانگین و واریانس برای هر بافت با انتخاب یک ناحیه مورد نظر^{۳۴} در یک مجموعه آموزش تخمین زده می‌شود. پیکسل‌های باقی مانده با محاسبه احتمال تعلق به هر کلاس، کلاس‌بندی می‌شود. روش‌های پارامتریک زمانی سودمند هستند که توزیع ویژگی‌ها خوش تعریف باشند [۱۵]. روش‌های غیر پارامتریک مانند K-نزدیک‌ترین همسایه^{۳۵} است که

³² Pattern recognition

³³ Features

³⁴ Region of interest (ROI)

³⁵ K-nearest neighbor (KNN)

بر پایه توزیع ویژگی‌ها نیست. این روش در [۱۶، ۱۷] با ترکیب شبکه عصبی و درخت تصمیم‌گیری پیاده‌سازی شده است.

روش‌های جبری^{۳۶}: این روش در پیچیدگی‌های زیاد غیر عملی می‌باشد. همچنین تنها برای بردارهای متعامد بهینه عمل می‌کند [۱۸-۲۰].

۱-۶-۲-۲- روش‌های ناحیه‌بندی بدون ناظر

تکنیک‌های بدون ناظر خوش‌بندی^{۳۷} نامیده می‌شود. این روش‌ها ساختار داده و پارامترها را به طور اتوماتیک محاسبه می‌کنند. یک خوشه^{۳۸} یک ناحیه از فضای ویژگی با تراکم بالا می‌باشد. این روش‌ها شامل K-means و معادلات فازی و Fuzzy C-means می‌باشد [۲۱، ۲۲]. روش‌های بدون ناظر برای تشخیص توده تومور به خوبی عمل می‌کنند. اما زمان محاسبه زیادی نیاز دارند.

۱-۷- ساختار پایان‌نامه

در این پایان‌نامه از مدل میدان تصادفی مارکوف به منظور ناحیه‌بندی تصاویر MR استفاده شده است. این پایان‌نامه به این صورت سازمان‌دهی شده است:

در فصل دوم به معرفی مدل‌های ترکیب گوسی و میدان تصادفی مارکوف پرداخته می‌شود و مساله ناحیه‌بندی تصویر به صورت یک مساله بهینه‌سازی مطرح می‌گردد. در فصل سوم به بررسی پژوهش‌های مرتبط انجام شده برای ناحیه‌بندی تومور در تصاویر MR، ناحیه‌بندی تصاویر MR با کمک مدل تصادفی مارکوف و روش‌های ارائه شده برای بهینه‌سازی مساله پرداخته می‌شود. در فصل چهارم دو روش جدید بر پایه مدل میدان تصادفی مارکوف به منظور ناحیه‌بندی ارائه می‌گردد:

³⁶ Algebraic

³⁷ Clustering

³⁸ Cluster

- ناحیه‌بندی تصاویر MR مغز بر پایه مدل میدان تصادفی مارکوف و ترکیب الگوریتم ژنتیک^{۳۹} و تبرید فلزات به منظور یافتن میدان برچسب‌گذاری شده با انرژی بهینه.
- ناحیه‌بندی تصاویر MR مغز بر پایه مدل میدان تصادفی مارکوف و ترکیب الگوریتم بهینه‌سازی اجتماع مورچگان^{۴۰} و الگوریتم شایعه‌پراکنی^{۴۱} در شبکه‌های توزیع شده^{۴۲} به منظور یافتن میدان بهینه.

فصل پنجم به مقایسه روش‌های ناحیه‌بندی جدید ارائه شده و روش استاندارد می‌پردازد. در این فصل، الگوریتم‌ها برای ناحیه‌بندی سه دسته از تصاویر طراحی و آزمایش می‌شود:

- تصاویر سه بعدی مغز سالم: ناحیه‌بندی ماده سفید، ماده خاکستری و مایع نخاعی در تصاویر سه بعدی مغز درگیر توده تومور: ناحیه‌بندی تومور و بافت‌های سالم مغز در تصاویر سه بعدی
- تصاویر چند-طیفی مغز: ناحیه‌بندی تصاویر چند-طیفی شامل تصاویر وزن‌دار T1، T2 و .PD

در نهایت در فصل آخر این تحقیق جمع‌بندی، نتیجه‌گیری و پیشنهادات ارائه می‌شود.

³⁹ Genetic Algorithm

⁴⁰ Ant Colony Optimization (ACO)

⁴¹ Gossiping Protocol

⁴² Distributed System

فصل دوم- مدل میدان تصادفی مارکوف

۱-۲ - مقدمه

اصول تئوری مدل میدان تصادفی مارکوف را پریستون^۱ در سال ۱۹۷۴ یا اسپیتزر^۲ در سال ۱۹۷۱ مطرح کرده‌اند [۲۳،۲۴]. این مدل زیر شاخه‌ای از تئوری احتمال است. اساس این مدل بر پایه توصیف قیود وابستگی‌های فضایی^۳ و توزیع احتمال ویژگی‌ها می‌باشد [۲۵،۲۶]. با ترکیب این مدل با تئوری تخمین و روش‌هایی به منظور تصمیم‌گیری، مدل میدان تصادفی مارکوف، یک مساله بهینه‌سازی بر پایه مفاهیم معیار بیشترین احتمال پسین^۴ ارائه می‌دهد. تئوری میدان تصادفی مارکوف یک راه مناسب برای مدل کردن بافت‌ها با کمک پیکسل‌های همسایه تصویر یا ویژگی‌های همبسته ارائه می‌دهد. در عمل استفاده از مدل میدان تصادفی مارکوف شدیداً به تئوری‌ای وابسته است که تساوی میان میدان تصادفی مارکوف و توزیع گیبس^۵ را مطرح می‌کند. این تئوری توسط هامرسلی و کلیفورد^۶ در ۱۹۷۱ مطرح شد [۲۷] و بعدها توسعه داده شد [۲۸]. این تئوری به این علت مطرح شده است که توزیع به دست آمده از مدل میدان تصادفی مارکوف، توزیع احتمال توام^۷ است، اما به دست آوردن حاصل تابع توزیع احتمال توام از طریق توزیع‌های شرطی بسیار مشکل است. تئوری تساوی میدان تصادفی مارکوف-گیبس بیان می‌کند که توزیع توام میدان تصادفی مارکوف یک توزیع گیبس می‌باشد [۲۹]. این مدل برای بسیاری از مسائل بینایی مورد استفاده قرار می‌گیرد. کاربردهای این مدل را می‌توان به دو دسته پردازش‌های سطح پایین و پردازش‌های سطح بالا تقسیم‌بندی نمود. برای دسته پردازش‌های سطح پایین می‌توان به مواردی

¹ Preston

² Spitzer

³ Spatial Coherence Constraints

⁴ Maximum a Posterior (MAP)

⁵ Gibbs Distribution

⁶ Hammersley and Clifford

⁷ Besag

⁸ Joint

همچون ارتقا تصویر^۹، ناحیه‌بندی، تشخیص لبه^{۱۰}، آنالیز بافت، الگوهای دگردیس‌پذیر^{۱۱}، ترکیب داده^{۱۲}، Optical Flow و غیره اشاره کرد. در مقابل برای دسته پردازش‌های سطح بالا کاربردهایی مانند تطبیق اشیا^{۱۳} و تشخیص اشیا^{۱۴} در سال‌های اخیر پدید آمده‌اند. از آنجایی که در این تحقیق از این مدل به منظور ناحیه‌بندی استفاده شده است، در این فصل به مفاهیم اولیه، تعاریف و اصول مدل تصادفی مارکوف پرداخته می‌شود و در نهایت این مدل را برای ناحیه‌بندی تصویر معرفی می‌گردد.

۲-۲- تعاریف اولیه

در این پایان‌نامه تصویر به صورت زیر تعریف می‌شود:

$$X = \{x_i \in G \mid i = 1, \dots, N\} \quad (1-2)$$

که در آن $N = row \times col$ تعداد وکسل‌های تصویر فرض می‌شود. منظور از G مقادیر سطوح خاکستری برای هر وکسل می‌باشد که مقداری بین $[0, 255]$ می‌باشد. هدف از ناحیه‌بندی تصویر، برچسب‌گذاری یا لیبل‌گذاری^{۱۵} وکسل‌های تصویر به صورت زیر است.

$$Y = \{y_i \in \Gamma \mid i = 1, \dots, N\} \quad (2-2)$$

که $\{\}$ $\Gamma = \{\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_M\}$ مجموعه برچسب‌ها و M تعداد کلاس مربوط به بافت‌ها می‌باشد. اگر $y_i = \lambda$ یعنی برچسب وکسل i ام برابر λ می‌باشد یا به عبارت بهتر وکسل i ام به کلاس λ متعلق است، $\exists Y \in \Xi$ یک میدان تصادفی برچسب‌گذاری شده^{۱۶} یا یک پیکربندی^{۱۷} می‌باشد که منظور از Ξ

⁹ Image Restoration

¹⁰ Edge Detection

¹¹ Deformable Template

¹² Data Fusion

¹³ Object Matching

¹⁴ Object Recognition

¹⁵ Labelling

¹⁶ Random Label Field

مجموعه تمام میدان‌های برچسب‌گذاری شده یا پیکربندی‌های ممکن است. یک روش معمول برای ناحیه‌بندی تصویر، استفاده از مدل ترکیب گوسی^{۱۸} می‌باشد. این روش برای مدل‌سازی تابع توزیع داده‌ای که ترکیبی از چند تابع خطی باشد، کاربرد دارد [۳۰]. این مدل می‌تواند هر توزیع داده‌ای را با استفاده از تعداد کافی توزیع گوسی مدل‌سازی کند [۳۱].

۳-۲-ناحیه‌بندی با مدل ترکیب گوسی

در این مدل، تابع مدل احتمال داده‌ها به صورت رابطه (۳-۲) فرض می‌شود [۳۲].

$$P(X | \theta) = \sum_{\lambda \in \Gamma} \alpha_\lambda P_\lambda(X | \theta_\lambda), \quad \sum_{\lambda \in \Gamma} \alpha_\lambda = I \quad (3-2)$$

به عبارت بهتر مدل احتمال روشنایی تصویر، مجموع M جز است که با ضریب α_λ ترکیب شده‌اند و مجموع α_λ ‌ها برابر با یک می‌باشد. در رابطه (۳-۲)، $P_\lambda(X | \theta_\lambda)$ تابع چگالی روشنایی هر کلاس بافت با پارامترهای $(\mu_\lambda, \sigma_\lambda)$ می‌باشد که در آن μ_λ میانگین کلاس λ و σ_λ واریانس کلاس λ می‌باشد، همچنین θ^g (مجموعه تمامی پارامترهای توزیع‌ها) به صورت رابطه (۴-۲) تعریف می‌شود.

$$\theta^g = [\alpha_1, \dots, \alpha_M, \theta_1, \dots, \theta_M] \quad (4-2)$$

که در آن منظور از $\alpha_\lambda, \lambda \in \Gamma$ ضریب هر جز λ و $(\mu_\lambda, \sigma_\lambda)$ مجموعه میانگین و واریانس هر جز می‌باشد. در مدل ترکیب گوسی، تابع مدل احتمال داده‌ها را به صورت مجموع تعداد متناهی از توابع گوسی با پارامترهای θ ، مطابق رابطه (۵-۲)، در نظر می‌گیرند.

¹⁷ Configuration

¹⁸ Gaussian Mixture Model

$$P_\lambda(X | \theta_\lambda) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_\lambda^2}} e^{-\frac{(X-\mu_\lambda)^2}{2\sigma_\lambda^2}}, \quad \lambda \in \Gamma \quad (5-2)$$

این تابع برای داده‌های p بعدی (X تعداد بعدهایش، p تا است)، بصورت زیر در می‌آید:

$$P_\lambda(X | \theta_\lambda) = \frac{1}{\sqrt{(2\pi)^p |\Sigma_\lambda|}} e^{-\frac{1}{2}(X-\mu_\lambda)^T \Sigma_\lambda^{-1} (X-\mu_\lambda)}, \quad \lambda \in \Gamma \quad (6-2)$$

که در آن μ_λ امید ریاضی یا میانگین کلاس λ و یک بردار p بعدی است و Σ_λ ماتریس کوواریانس‌ها می‌باشد که ابعاد آن $p \times p$ است. برای بدست آوردن برچسب‌گذاری مناسب کافی است برچسب‌های مربوط به هر وکسل تصویر را به دست آورده شود. بدین منظور از قاعده بیز^{۱۹} استفاده شده است. طبق قاعده بیز:

$$\begin{aligned} P(y_i = \lambda | x_i, \theta^g) &= \frac{p(y_i = \lambda, x_i | \theta^g)}{p(x_i | \theta^g)} \\ &= \frac{P(y_i = \lambda | \theta_i) P(x_i | y_i = \lambda, \theta^g)}{P(x_i | \theta^g)} \\ &= \frac{\alpha_{y_i}^g P_{y_i}(x_i | \theta^g)}{\sum_{k=1}^M \alpha_\lambda^g P_\lambda(x_i | \theta_\lambda^g)} \end{aligned} \quad (7-2)$$

که $i \in \{1, \dots, N\}$ و $\lambda \in \Gamma$ و در آن: $P(x_i | y_i = \lambda, \theta^g)$ تابع چگالی احتمال^{۲۰} مربوط به کلاس λ ، $P(y_i = \lambda | \theta_i)$ احتمال کلاس λ و $P(x_i | \theta^g)$ ثابت نرمال‌سازی. از طرفی برای سادگی فرض می‌شود مجموعه داده Y مستقل و دارای توزیع یکنواخت^{۲۱} هستند. بنابراین با کمک این فرض:

¹⁹ Bayesian

²⁰ Probability Density Function (PDF)

²¹ Identical Independent Distributed (IID)

$$P(Y | X, \theta^g) = \prod_{i=1}^N P(y_i | x_i, \theta^g) \quad (8-2)$$

مشکلی که در مدل ترکیب گوسی وجود دارد آن است که مقادیر پارامترهای θ نامعلوم هستند. از این رو از روش تخمین احتمال بیشینه²² برای تخمین این پارامترها استفاده می‌شود.

۱-۳-۲- روش تخمین احتمال بیشینه

همان‌طور که قبلاً ذکر شد، مشکلی که مدل ترکیب گوسی با آن مواجه می‌شود نامعلوم بودن مقادیر θ^g است. برای این منظور از روش تخمین احتمال بیشینه استفاده شده است. روش آماری تخمین احتمال بیشینه یک مدل آماری را به داده‌ها فیت می‌نماید و پارامترهای مربوط به مدل را به دست می‌آورد. برای مثال اگر داده‌ها $X = \{x_1, x_2, \dots, x_N\}$ باشد تابع چگالی احتمال برای این داده‌ها عبارت است از:

$$P(X | \theta) = P(x_1, \dots, x_N | \theta) = \prod_{i=1}^N P(x_i | \theta) = L(\theta | X) \quad (9-2)$$

هدف از مساله تخمین احتمال بیشینه پیدا کردن θ به منظور ماکزیمم کردن ($L(\theta | X)$ می‌باشد.

$$\begin{aligned} \theta^* &= \arg \max_{\theta} L(\theta | X) \Rightarrow P(X | \theta) = \prod_{i=1}^N P(x_i | \theta) = L(\theta | X) \Rightarrow \\ &\Rightarrow \log(P(X | \theta)) = \log\left(\prod_{i=1}^N P(x_i | \theta)\right) = \sum_{i=1}^N \log(P(x_i | \theta)) \end{aligned} \quad (10-2)$$

²² Maximum Likelihood

۲۳ EM - ۲-۳-۲

روش EM در واقع حالت کلی از روش تخمین احتمال بیشینه به منظور یافتن پارامترهای مدل می‌باشد. این روش در دو حالت استفاده می‌شود [۳۲]:

- ۱- داده‌ها ناقص باشند.
- ۲- داده‌ها از دست رفته^{۲۴} باشد که در اثر قیود در مشاهده پروسه به وجود می‌آید.

فرض می‌شود داده‌های مشاهده شده X داده‌های ناقص باشند. آنگاه مجموعه داده Z وجود دارد که

داده Z و $Z = (X, Y)$ داده کامل است. در اینصورت تابع چگالی عبارت است از:

$$P(Z | \theta) = P(X, Y | \theta) = P(Y | X, \theta)P(X, \theta) \quad (11-2)$$

در این صورت مساله تخمین احتمال بیشینه کامل عبارت است از:

$$\begin{aligned} L(\theta | Z) &= L(\theta | X, Y) = P(X, Y | \theta) \\ L(\theta | X, Y) &= h_{X, \theta}(Y) \end{aligned} \quad (12-2)$$

مساله تخمین احتمال بیشینه ناقص $L(\theta | X)$ می‌باشد.

روش EM یک روش تکرار شونده^{۲۵} است و از دو بخش اصلی امید ریاضی^{۲۶} و ماکریزم‌سازی^{۲۷} تشکیل شده است.

مرحله امید ریاضی: این الگوریتم ابتدا امید ریاضی زیر را حساب می‌کند.

$$Q(\theta, \theta^{(t-1)}) = E(\log P(X, Y | \theta) | X, \theta^{(t-1)}) \quad (13-2)$$

که در آن داریم:

²³ Expectation-Maximization

²⁴ Missing Data

²⁵ Iterative

²⁶ Expectation

²⁷ Maximization

$\theta^{(t-1)}$: پارامترهای کنونی.

θ : پارامترهای جدید که برای افزایش Q بایستی بهینه شود.

مرحله ماکزیمم‌سازی: در این مرحله امید به دست آمده از مرحله قبلی ماکزیمم می‌شود.

$$\theta^t = \arg \max_{\theta} Q(\theta, \theta^{(t-1)}) \quad (14-2)$$

این الگوریتم تضمین می‌کند که به ماکزیمم محلی همگرا شود و دو مرحله موجود مقدار تخمین احتمال بیشینه را ماکزیمم می‌کند. یک فرم اصلاح شده مرحله ماکزیمم‌سازی آن است که به جای ماکزیمم کردن مقدار $Q(\theta, \theta^{(t-1)})$ را بیابیم که شرط زیر را تامین نماید.

$$Q(\theta^t, \theta^{(t-1)}) > Q(\theta, \theta^{(t-1)}) \quad (15-2)$$

این فرم الگوریتم را روش تعمیم یافته EM (GEM) می‌نامند و این الگوریتم مثل الگوریتم قبلی همگرا می‌شود. برای معادله $Q(\theta, \theta^{(t-1)})$ با توجه به $\lambda \in \Gamma$ به دست می‌آید:

$$\begin{aligned} Q(\theta, \theta^{(t-1)}) &= \sum_{y \in Y} \log(L(\theta | X, Y)) P(Y | X, \theta^g) \\ &= \sum_{y_1=1}^M \sum_{y_2=1}^M \cdots \sum_{y_N=1}^N \log(\alpha_{y_1} P_{y_1}(x_1 | \theta_{y_1})) \prod_{j=2}^N P(y_j | x_j, \theta^g) \\ &= \sum_{y_1=1}^M \sum_{y_2=1}^M \cdots \sum_{y_N=1}^N \sum_{i=1}^M \delta_{\lambda, y_i} \log(\alpha_{y_i} P_{y_i}(x_i | \theta_{y_i})) \prod_{j=1}^N P(y_j | x_j, \theta^g) \\ &= \sum_{y_1=1}^M \sum_{y_2=1}^M \cdots \sum_{y_N=1}^N \log(\alpha_{y_i} P_{y_i}(x_i | \theta_{y_i})) \sum_{i=1}^M \sum_{\lambda=1}^N \delta_{\lambda, y_i} \prod_{j=1}^N P(y_j | x_j, \theta^g) \end{aligned} \quad (6-2)$$

این عبارت می‌تواند ساده شود:

(۱۷-۲)

$$\begin{aligned}
 & \sum_{y_1=1}^M \sum_{y_2=1}^M \cdots \sum_{y_M=1}^M \delta_{\lambda, y_i} \prod_{j=1}^N P(y_j | x_j, \theta^g) \\
 &= \left(\sum_{y_1=1}^M \cdots \sum_{y_{i-1}=1}^N \sum_{y_{i+1}=1}^M \cdots \sum_{y_N=1}^N \prod_{j=1, j \neq i}^N P(y_j | x_j, \theta^g) \right) P(\lambda | x_i, \theta^g) \\
 &= \prod_{j=1, j \neq i}^N \left(\sum_{y_j=1}^M P(y_j | x_j, \theta^g) \right) P(\lambda | x_i, \theta^g) = P(\lambda | x_i, \theta^g)
 \end{aligned}$$

از آنجایی که $\sum_{i=1}^M P(i | x_j, \theta^g) = I$ با کمک رابطه فوق داریم:

$$\begin{aligned}
 Q(\theta, \theta^{(t-1)}) &= \sum_{\lambda=I}^M \sum_{i=1}^N \log(\alpha_\lambda P_{yi}(x_i | \theta_\lambda)) P(\lambda | x_i, \theta^g) \\
 &= \sum_{\lambda=I}^M \sum_{i=1}^N \log(\alpha_\lambda) P(\lambda | x_i, \theta^g) + \sum_{\lambda=I}^M \sum_{i=1}^N \log(P(x_i | \theta_\lambda) P(\lambda | x_i, \theta^g)) \quad (18-2)
 \end{aligned}$$

برای ماکریمم‌سازی این عبارت کافی است عبارت شامل α_λ ماکریمم شود زیرا جمله شامل θ_λ مستقل می‌باشد. برای یافتن عبارت α_λ ، ضریب لاغرانژ ι را در نظر گرفته می‌شود به طوری که

$$\sum_{\lambda \in \Gamma} \alpha_\lambda = I \quad \text{می‌باشد. درنتیجه:}$$

$$\frac{\partial}{\partial \alpha_\lambda} \left[\sum_{\lambda=I}^M \sum_{i=1}^N \log(\alpha_\lambda) p(\lambda | x_i, \theta^g) + \iota \left(\sum_{\lambda} \alpha_\lambda - I \right) \right] = 0 \quad (19-2)$$

یا:

$$\sum_{i=1}^N \frac{1}{\alpha_\lambda} p(\lambda | x_i, \theta^g) + \iota = 0 \quad (20-2)$$

با جمع هردو اندازه بر روی λ خواهیم داشت $\iota = -N$ که نتیجه می‌دهد:

$$\alpha_\lambda = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N p(\lambda | x_i, \theta^g) \quad (21-2)$$

برای بعضی از توزیع‌ها می‌توان عبارت تحلیلی برای θ_λ به دست آورد. برای مثال اگر توزیع‌های گوسی d -بعدی را با میانگین در نظر بگیریم μ_λ و ماتریس کواریانس Σ_λ درنظر بگیریم آنگاه:

$$p_\lambda(x|\mu_\lambda, \Sigma_\lambda) = \frac{1}{\sqrt{(2\pi)^d |\Sigma_\lambda|}} e^{-\frac{1}{2}(x-\mu_\lambda)^T \Sigma_\lambda^{-1} (x-\mu_\lambda)} \quad (22-2)$$

با استفاده از عبارت فوق بدون درنظر گرفتن ثابت آن و جانشینی آن در سمت راست رابطه (19-2) به دست می‌آید:

$$\begin{aligned} & \sum_{l=1}^M \sum_{i=1}^N \log(p(x_i|\theta_\lambda)) p(\lambda|x_i, \theta^g) \\ &= \sum_{l=1}^M \sum_{i=1}^N \left(\frac{-1}{2} \log(|\Sigma_\lambda|) - \frac{1}{2} (x_i - \mu_\lambda)^T \Sigma_\lambda^{-1} (x_i - \mu_\lambda) \right) p(\lambda|x_i, \theta^g) \end{aligned} \quad (23-2)$$

با گرفتن مشتق از رابطه فوق نسبت به μ_λ و مساوی قرار دادن آن با صفر رابطه (24-2) به دست می‌آید. بنابراین مقدار μ_λ طبق رابطه (25-2) به دست می‌آید:

$$\sum_{i=1}^N \Sigma_\lambda^{-1} (x_i - \mu_\lambda) p(\lambda|x_i, \theta^g) = 0 \quad (24-2)$$

$$\mu_\lambda = \frac{\sum_{i=1}^N x_i p(\lambda|x_i, \theta^g)}{\sum_{i=1}^N p(\lambda|x_i, \theta^g)} \quad (25-2)$$

برای به دست آوردن ماتریس کواریانس با کمک رابطه (23-2):

$$\begin{aligned} & \sum_{\lambda=1}^M \left[\frac{-1}{2} \log(|\Sigma_\lambda^{-1}|) \sum_{i=1}^N p(\lambda|x_i, \theta^g) - \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N p(\lambda|x_i, \theta^g) \text{tr}(\Sigma_\lambda^{-1} (x_i - \mu_\lambda)(x_i - \mu_\lambda)^T) \right] \\ &= \sum_{\lambda=1}^M \left[\frac{1}{2} \log(|\Sigma_\lambda^{-1}|) \sum_{i=1}^N p(\lambda|x_i, \theta^g) - \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N p(\lambda|x_i, \theta^g) \text{tr}(\Sigma_\lambda^{-1} N_{\lambda,i}) \right] \end{aligned} \quad (26-2)$$

که $N_{\lambda,i} = (x_i - \mu_\lambda)(x_i - \mu_\lambda)^T$ می‌باشد. با مشتق گرفتن نسبت به Σ_λ^{-1} ، رابطه (27-2) به

دست می‌آید:

$$\begin{aligned}
& \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N p(\lambda | x_i, \theta^g) (2 \sum_{\lambda} - \text{diag}(\Sigma_{\lambda})) - \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N p(\lambda | x_i, \theta^g) (2 N_{\lambda,i} - \text{diag}(N_{\lambda,i})) \\
& = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N p(\lambda | x_i, \theta^g) (2 M_{\lambda,i} - \text{diag}(M_{\lambda,i})) \\
& = 2S - \text{diag}(S)
\end{aligned} \tag{27-2}$$

که $S = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N p(\lambda | x_i, \theta^g) M_{\lambda,i}$ و $M_{\lambda,i} = \Sigma_{\lambda} - N_{\lambda,i}$ با مساوی قرار دادن مشتق با صفر به دست می آید.

$$2S - \text{diag}(S) = 0 \Rightarrow S = 0 \tag{28-2}$$

در نتیجه:

$$\frac{1}{2} \sum_{i=1}^N p(\lambda | x_i, \theta^g) M_{\lambda,i} = 0 \tag{29-2}$$

حال می توان ماتریس کواریانس را به دست آورد:

$$\Sigma_{\lambda} = \frac{\sum_{i=1}^N p(\lambda | x_i, \theta^g) N_{\lambda,i}}{\sum_{i=1}^N p(\lambda | x_i, \theta^g)} = \frac{\sum_{i=1}^N p(\lambda | x_i, \theta^g) (x_i - \mu_{\lambda})(x_i - \mu_{\lambda})^T}{\sum_{i=1}^N p(\lambda | x_i, \theta^g)} \tag{30-2}$$

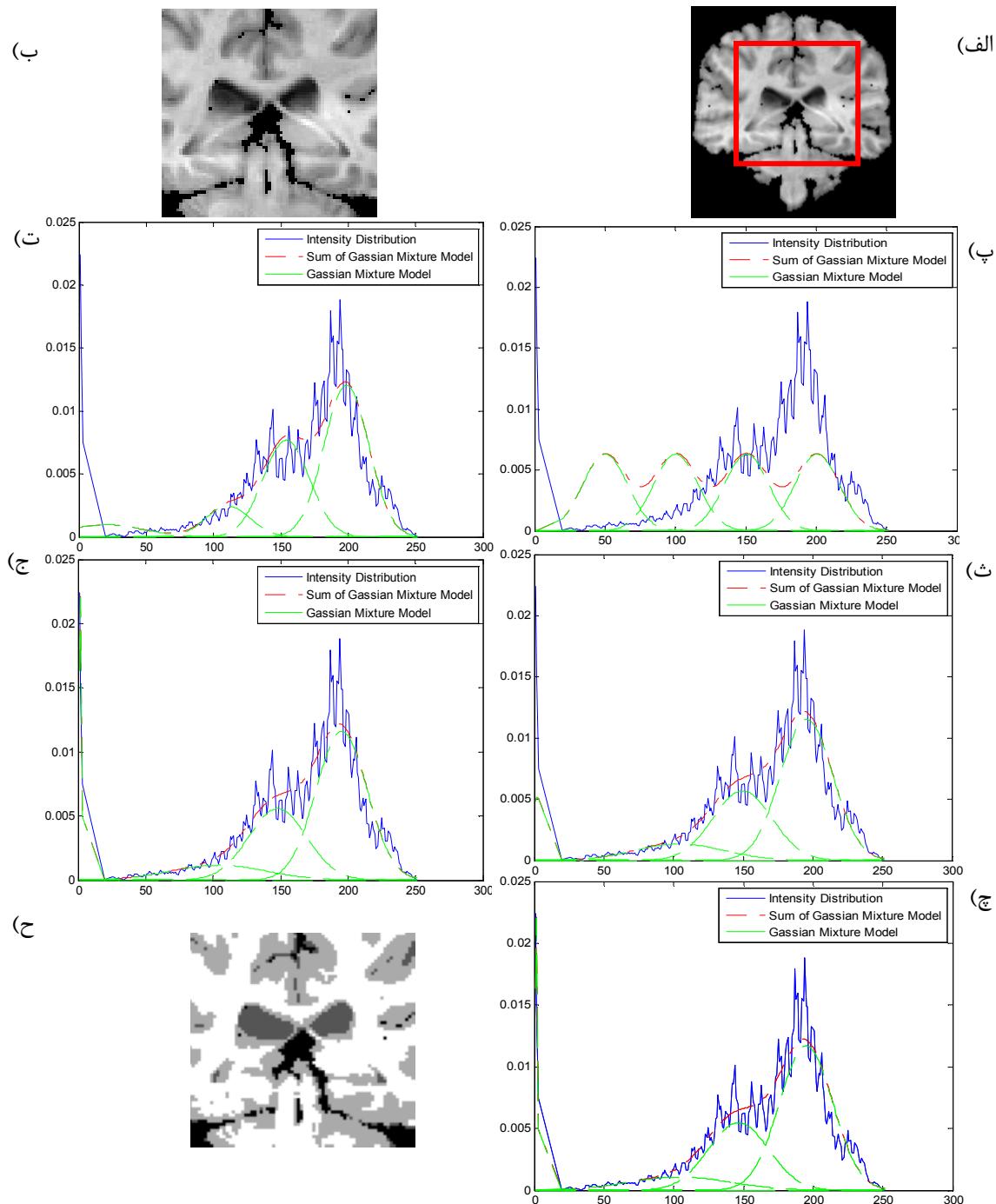
در نتیجه برای استفاده از الگوریتم EM مقادیر پارامترهای آماری از روابط زیر به دست می آید (با توجه به اینکه $\lambda \in \Gamma$).

$$\alpha_{\lambda}^{new} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N p(\lambda | x_i, \theta^g) \tag{31-2}$$

$$\mu_{\lambda}^{new} = \frac{\sum_{i=1}^N x_i p(\lambda | x_i, \theta^g)}{\sum_{i=1}^N p(\lambda | x_i, \theta^g)} \tag{32-2}$$

$$\Sigma_{\lambda}^{new} = \frac{\sum_{i=1}^N p(\lambda | x_i, \theta^g) (x_i - \mu_{\lambda})(x_i - \mu_{\lambda})^T}{\sum_{i=1}^N p(\lambda | x_i, \theta^g)} \tag{33-2}$$

برای مثال شکل (۱-۲-ب) قرار است با مدل ترکیب گوسی ناحیه‌بندی شود، توزیع روشنایی و توابع گوسی در طی تکرارهای این الگوریتم نمایش داده شده است.



شکل ۱-۲- ناحیه‌بندی با مدل ترکیب گوسی، الف- شکل اصلی، ب- ناحیه انتخاب شده از شکل، پ تا ج- هیستوگرام توزیع روشنایی تصویر به رنگ آبی، توابع گوسی به ازای چهار بافت مختلف به رنگ سبز، مجموع توابع توزیع گوسی به رنگ قرمز، به ازای تکرارهای مختلف صفر، یک، ده، بیست و چهل، ح) تصویر ناحیه‌بندی شده به چهار بافت مختلف

با فرض اینکه داده‌ها مستقل و دارای توزیع یکنواخت هستند مدل ترکیب گوسی قیود وابستگی‌های فضایی میان وکسل‌ها را در نظر نمی‌گیرد. این فرض باعث می‌شود که ناحیه‌بندی تصویر با تعداد زیادی حفره^{۲۸} یا سوراخ همراه باشد. برای حل این مشکل بایستی قیود وابستگی‌های فضایی میان وکسل‌ها را در روش ناحیه‌بندی لحاظ کرد. مدل تصادفی مارکوف این کار را با استفاده از اطلاعات همسایگی میان وکسل‌ها انجام می‌دهد. در ادامه به بررسی این مدل پرداخته می‌شود.

۴-۲- ناحیه‌بندی با مدل میدان تصادفی مارکوف

مسائل برچسب‌گذاری، طبیعت میدان تصادفی مارکوف را دارند. مدل میدان تصادفی مارکوف در چند دهه اخیر بسیار مورد توجه قرار گرفته است [۳۷-۳۳]. این مدل در واقع توسط جمن و جمن^{۲۹} برای بینایی تصویر معرفی شده است [۲۹]. همچنین کاربرد فراوانی در تشخیص لبه [۳۸] و ترمیم تصویر [۳۴]، تشخیص حرکت و کلاس‌بندی تصویر [۳۹] وغیره دارد.

۴-۱- مفهوم مکان و برچسب

مسئله برچسب‌گذاری شامل مفاهیم مجموعه برچسب^{۳۰}‌ها و مکان^{۳۱}‌ها است [۲۶]. فرض کنیم مشبكه^{۳۲} $S = \{s_1, \dots, s_N\}$ مجموعه‌ی گسسته از N مکان است که $row \times col$ تعداد سطرها و col تعداد ستون‌ها می‌باشد. مکان‌ها نمایانگر پیکسل، ناحیه در فاصله مشخص یا ویژگی^{۳۳} می‌باشد. مجموعه مکان‌ها بنا به نظم‌شان طبقه‌بندی می‌شوند. مکان‌ها بر روی مشبكه به طور فضایی

²⁸ Hole

²⁹ Geman and Geman

³⁰ Label

³¹ Site

³² Lattice

³³ feature

منظم^{۳۴} هستند. یک شبکه مستطیلی برای یک تصویر دو بعدی به اندازه $N = \text{row} \times \text{col}$ به صورت زیر نمایش داده می‌شود.

$$S = \{s_i \mid 1 \leq i \leq N\} \quad (34-2)$$

که المان‌ها نمایانگر موقعیت‌های است که از یک تصویر نمونه برداری شده است. مکان‌هایی که از نظم فضایی بخوردار نیستند مکان‌های نامنظم^{۳۵} نامیده می‌شوند. این مکان‌ها در مواردی که ویژگی‌هایی نظیر خطوط یا گوشه‌ها از تصویر استخراج می‌شود، معمول است. رابطه میان مکان‌ها توسط سیستم همسایگی^{۳۶} تعریف می‌گردد [۲۶].

یک برچسب رخدادی^{۳۷} است که برای یک مکان رخ می‌دهد. فرض کنید Γ مجموعه برچسب‌ها باشد. یک مجموعه برچسب می‌تواند پیوسته^{۳۸} یا گسسته^{۳۹} باشد. برچسب‌ها در حالت پیوسته می‌توانند مطابق رابطه (۳۵-۲) با دنباله‌ای از اعداد حقیقی تعریف شوند (مثالاً دنباله‌ای از روشنایی تصویر).

$$\Gamma_c = [\lambda_l, \lambda_h] \subset R \quad (35-2)$$

همچنین ممکن است برچسب پیوسته را به صورت یک بردار یا ماتریس نمایش داد. برای مثال M که l و h ابعاد هستند. در حالت گسسته یک برچسب یک مقدار گسسته از مجموعه $R^{l \times h}$ برچسب می‌گیرد (مطابق رابطه (۳۶-۲)). برای مثال در تشخیص لبه برچسب‌ها را می‌توان به صورت

$$\Gamma = \{\text{edge}, \text{non-edge}\}$$

$$\Gamma_d = \{\lambda_1, \dots, \lambda_M\} \quad (36-2)$$

³⁴ Regular

³⁵ Irregular

³⁶ Neighborhood system

³⁷ Event

³⁸ Continuous

³⁹ Discrete

علاوه بر پیوستگی مشخصه دیگری که برای مجموعه برچسبها تعریف می‌گردد ترتیب^{۴۰} آنها است. برای مثال المان‌ها در مجموعه برچسب پیوسته فضای اعداد حقیقی می‌توانند با رابطه «کوچکتر است از» ترتیب‌دهی شوند. وقتی مجموعه گسسته مقادیر روشنایی کوانتیزه شده به صورت $\{255, 255\dots, 1, 0\}$ تعریف می‌شود، این مجموعه دارای ترتیب می‌باشد زیرا مقادیر شامل $<255\dots<1<0$ می‌باشد. اگر منظور ۲۵۶ نماد متفاوت برای انواع بافت‌ها است، این مجموعه دارای ترتیب نیست تا زمانی که بتوان یک ترتیب مصنوعی برای آن تعریف کرد. برای مجموعه برچسب‌های ترتیبی می‌توان معیار عددی یا کمی برای شباهت میان هر دو برچسب تعریف نمود. برای مجموعه برچسب‌های غیر ترتیبی یک معیار شباهت نمادین تعریف می‌کنند که به طور عمومی مقادیر «برابر است» و «برابر نیست» را می‌گیرد. ترتیب برچسب و شباهت آن‌ها مسائل برچسب‌گذاری را طبقه‌بندی می‌کنند [۲۶].

۲-۴-۲- مساله برچسب‌گذاری

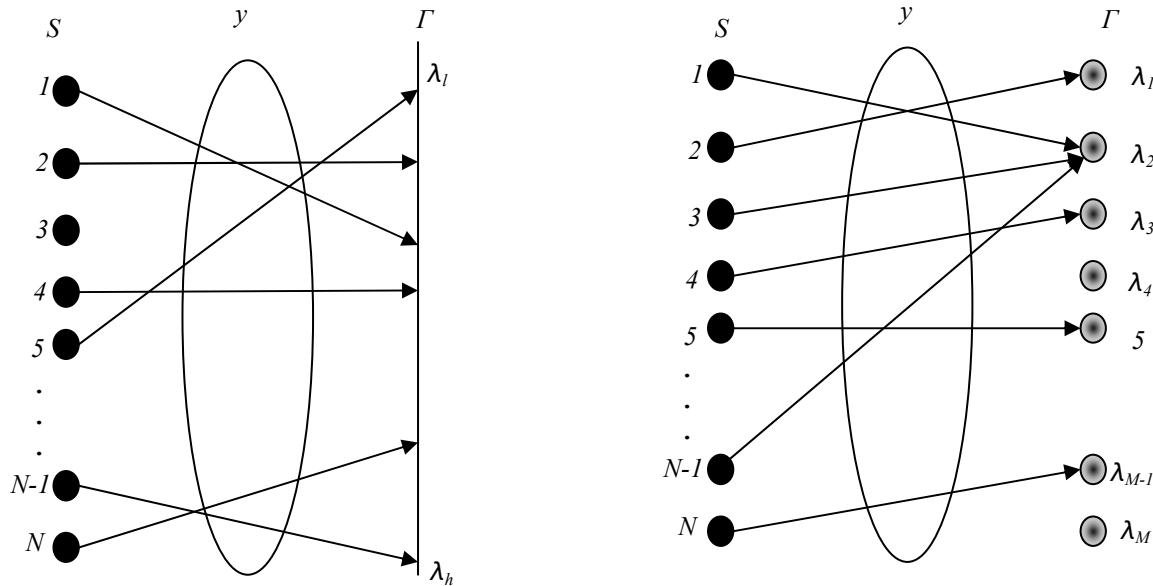
در مسائل برچسب‌گذاری به هر کدام از مکان‌ها از S یک برچسب از مجموعه Γ تخصیص داده می‌شود. برای مثال برای مساله تشخیص لبه در تصویر یکتابع y تعریف می‌شود که از مجموعه برچسب $\{\text{edge}, \text{non-edge}\}$ یک برچسب به مکان‌های $s \in S$ تخصیص داده می‌شود. مجموعه

$$y = \{y_1, \dots, y_N\} \quad (37-2)$$

را برچسب‌گذاری مکان‌های مشبکه S توسط برچسب‌های مجموعه Γ می‌نامند. زمانی که به هر مکان یک برچسب واحد اختصاص داده شد، به $y(s) = y_s$ می‌توان مانند شکل (۲-۲) به صورت یکتابع با دامنه S و برد Γ نگاه کرد ($y : S \rightarrow \Gamma$). در اصطلاح میدان تصادفی برچسب‌گذاری شده‌ی y

⁴⁰ Ordering

یک پیکربندی نامیده می‌شود. در این پایان‌نامه مجموعه تمامی پیکربندی‌های ممکن با \mathcal{E} نمایش داده می‌شود.



شکل ۲-۲- مساله برچسب‌گذاری به صورت نگاشت مجموعه مکان‌ها (S) به مجموعه برچسب‌ها (Γ ، سمت راست: نگاشت مجموعه برچسب‌های گسسته، سمت چپ: نگاشت مجموعه برچسب‌های پیوسته [۲۳])

زمانی که مجموعه برچسب‌ها برای هر مکان برابر با مجموعه برچسب Γ باشد، تعداد اعضای فضای پیکربندی نتیجه ضرب کارتزین رابطه (۳۸-۲) می‌باشد؛ که در آن N سایز مشبکه S می‌باشد.

$$Y = \underbrace{\Gamma \times \Gamma \times \dots \times \Gamma}_{N \text{ times}} = \Gamma^N \quad (38-2)$$

در شرایط خاص برچسب‌های مربوط به هر مکان می‌تواند متفاوت باشد. مسائل برچسب‌گذاری به

طور کلی به چهار دسته زیر تقسیم‌بندی می‌شود [۲۶]:

• LPI : مکان‌های منظم و برچسب‌های پیوسته.

• $LP2$: مکان‌های منظم و برچسب‌های گسسته.

• $LP3$: مکان‌های نامنظم و برچسب‌های گسسته.

• $LP4$: مکان‌های نامنظم و برچسب‌های پیوسته.

دو دسته اول جز پروسه‌های سطح پایین بر روی تصویر مشاهده شده و دو پروسه دوم جز پروسه‌های سطح بالا بر روی ویژگی‌های استخراج شده از تصویر محسوب می‌گردد. ترمیم^{۴۱} و هموارسازی^{۴۲} تصویر با داشتن مقادیر پیکسل پیوسته یک $LP1$ محسوب می‌شوند. هدف از ترمیم تصویر تخمین سیگنال درست تصویر از تصویر خراب شده یا نویزی می‌باشد. در این مساله مشبکه S پیکسل‌های تصویر و مجموعه برچسب Γ مقدار حقیقی است. ترمیم تصاویر باینری یا چند سطحی یک $LP2$ می‌باشد. مشابه ترمیم پیوسته، هدف تخمین سیگنال صحیح تصویر از تصویر ورودی است. تنها تفاوت آن است که هر پیکسل در تصویر نتیجه فرض می‌شود که مقدار گستره‌ای دارد و در نتیجه Γ یک مجموعه برچسب گستره است. ناحیه‌بندی تصویر یک $LP2$ می‌باشد که تصویر مشاهده شده را به نواحی دو به دو ناسازگار تقسیم‌بندی می‌کند که هر ناحیه حاوی ویژگی‌های مشابهی هستند. این ویژگی می‌تواند رنگ، بافت یا سطوح خاکستری باشد. به پیکسل‌های موجود در هر ناحیه یک برچسب واحد تشخیص داده می‌شود. گروه‌بندی بر اساس درک، تطبیق و تشخیص اشیا بر اساس ویژگی، یک مساله $LP3$ می‌باشدند. هر مکان یک ویژگی تصویر مانند نقطه، خط یا ناحیه را اندیس‌گذاری می‌کند. مساله تخمین وضعیت توسط مسائل $LP4$ فرمول‌بندی می‌شود.

۳-۴-۳- برچسب‌گذاری با توجه به قیود بافتی

در نظر گرفتن قیود بافتی^{۴۳} تصویر در مسائل ناحیه‌بندی به منظور رسیدن به نتیجه‌ای مطلوب، امری ضروری می‌باشد. در واقع تاریخچه استفاده از اطلاعات بافتی در آنالیز تصویر و شناسایی الگوها به سال ۱۹۶۲ توسط چاو^{۴۴}، ابند^{۴۵} و همکارانشان برمی‌گردد [۴۰، ۴۱]. چاو به مساله تشخیص کاراکتر به صورت مساله تصمیم‌گیری آماری پرداخت و وابستگی پیکسل‌ها به نزدیک‌ترین همسایه‌ها بر روی

⁴¹ Restoration

⁴² Smoothing

⁴³ Contextual Constraints

⁴⁴ Chow

⁴⁵ Abend

مشبکه تصویر را با فرض وابستگی داده‌ها در آمار به دست آورد. در آن مساله اطلاعات همسایگان برای محاسبه احتمال شرطی استفاده شد. همچنین کار ابند و همکارانش شاید اولین کاری باشد که از فرض مارکوف برای تشخیص الگو استفاده نموده است. ابند از مدل مش مارکوف^{۴۶}، برای کاهش تعداد پارامترهای مورد نیاز برای پردازش با استفاده از قیود بافتی کمک گرفته است. بعد از آن فو^{۴۷} و یو^{۴۸} در ۱۹۸۰ از میدان تصادفی مارکوف تعریف شده بر روی مشبکه تصویر برای توسعه کلاسیفایر^{۴۹} الگوها در کلاس‌بندی تصویر استفاده نموند [۳۲].

احتمالات قیود بافتی به دو صورت محلی و عمومی تعریف می‌گردند. تعریف محلی با کمک احتمال شرطی ($P(y_s | \{y_{s'}\})$ بیان می‌شوند که $\{y_s\}$ نمایانگر مجموعه برچسب‌های سایر مکان‌ها است به طوری که شرط $y_s \neq s$ را داشته باشد. تعریف عمومی با کمک احتمال توام ($P(y)$ تعریف شود. از آنجایی که اطلاعات محلی به طور مستقیم به دست می‌آیند، استفاده از ویژگی‌های محلی برای استنتاج عمومی معمول‌تر است [۲۶]. در حالتی که برچسب‌ها از یکدیگر مستقل هستند و وابستگی بافتی وجود ندارد احتمال توام برابر است با ضرب برچسب‌های محلی:

$$P(y) = \prod_{s \in S} P(y_s) \quad (39-2)$$

که در عبارت فوق رابطه (۴۰-۲) را بایستی در نظر گرفت:

$$P(y_s | \{y_{s'}\}) = P(y_s) \quad \{s, s'\} \in S, s' \neq s \quad (40-2)$$

در نتیجه یک برچسب‌گذاری عمومی y می‌تواند با در نظر گرفتن هر برچسب y_s به طور محلی و با کمک همسایگانش به دست آید. این قضیه برای تسهیل حل مسائل به کمک مدل تصادفی مارکوف بسیار سودمند است. بنابراین در ادامه به بررسی سیستم همسایگی در این مدل پرداخته می‌شود.

⁴⁶ Markov Mesh

⁴⁷ Fu

⁴⁸ Yu

⁴⁹ Classifier

۴-۴-۲- سیستم همسایگی و دسته

یک سیستم همسایگی بر روی مشبکه S به صورت رابطه (۴۱-۲) تعریف می‌شود [۲۷]. که در آن

\hat{N}_s مجموعه‌ای از مکان‌های همسایه با s هستند.

$$\hat{N} = \{\hat{N}_s \mid \forall s \in S\} \quad (41-2)$$

رابطه همسایگی ویژگی‌های زیر را دارا می‌باشد:

۱. یک مکان با خودش همسایه نیست: $s \notin \hat{N}_s$

۲. رابطه همسایگی دو طرفه یا متقارن است: $s \in \hat{N}_{s'} \Leftrightarrow s' \in \hat{N}_s$

در یک مشبکه منظم S ، مجموعه همسایگی s به صورت مجموعه‌ای از مکان‌ها که در محدوده

شعاع \sqrt{r} از s قرار دارد مطابق رابطه (۴۲-۲) می‌باشد.

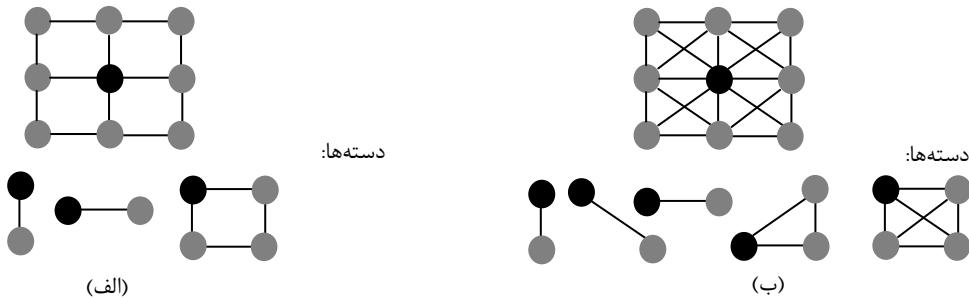
$$\hat{N}_s' = \{s \in S \mid [dist(s', s)]^2 \leq r, s' \neq s\} \quad (42-2)$$

که در آن $dist(A, B)$ نمایانگر فاصله اقلیدسی بین A و B و r یک مقدار طبیعی می‌باشد. باید

توجه نمود که مکان‌های مرزی تعداد همسایگان کمتری دارند.

در سیستم همسایگی اولیه که سیستم همسایگی چهارتایی هم نامیده می‌شود، هر مکان داخلی مطابق شکل (۳-۲-الف)، چهار همسایه دارد. در سیستم همسایگی ثانویه که سیستم همسایگی هشتتاپی نامیده می‌شود، برای هر مکان داخلی هشت همسایه وجود دارد (شکل (۳-۲-ب)). زیر مجموعه C از S را یک دسته^{۵۰} می‌نامند اگر هر دو علاوه انتخابی از C دو به دو همسایه باشند [۲۶].

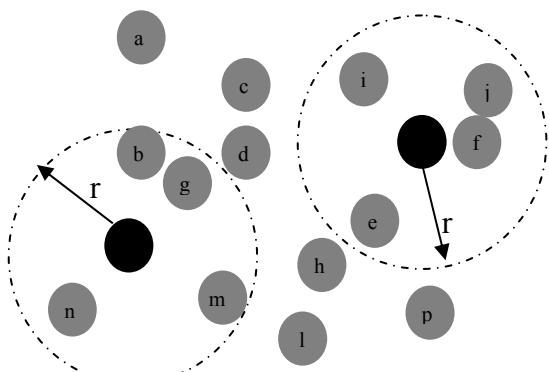
^{۵۰} Clique



شکل ۲-۳- سیستم همسایگی، الف- سیستم همسایگی چهارتایی و دسته‌هایش، ب- سیستم همسایگی هشت‌تایی و دسته‌هایش

همچنین برای مشبکه‌های بی‌نظم S مجموعه همسایه \hat{N}_s نیز همان‌طور که در شکل

(۴-۲) نمایش داده شده است، به همین طریق تعریف می‌گردد.



شکل ۴-۲- سیستم همسایگی برای مشبکه‌های بی‌نظم

۴-۵-۴-۲- میدان تصادفی مارکوف

اگر $Y = \{Y_1, \dots, Y_N\}$ خانواده متغیرهای تصادفی تعریف شده بر مجموعه مشبکه S باشد که در آن متغیر تصادفی Y_s ($s \in S$) مقدار y_s در Γ می‌گیرد ($Y_s = y_s$). خانواده Y یک میدان تصادفی نامیده می‌شود. در این خانواده عبارت $(Y_1 = y_1, \dots, Y_N = y_N)$ نمایانگر رخداد توام است. برای سادگی یک رخداد توام را با $y = y = \{y_1, \dots, y_N\}$ نمایش می‌دهند که $P(Y = y) = P(y_1, \dots, y_N)$ یک پیکربندی از Y می‌باشد. برای مجموعه برچسب Γ ، احتمال آن که متغیر تصادفی Y_s مقدار y_s را بگیرد برابر است با $P(Y_s = y_s)$ که می‌توان آن را به صورت ساده‌تر با $P(y_s)$ نمایش داد. احتمال توام را با $P(Y = y) = P(Y_1 = y_1, \dots, Y_N = y_N)$ نمایش می‌دهند یا به طور ساده‌تر می‌توان با $P(y)$ نمایش

داد. برای برچسب‌های پیوسته تابع چگالی احتمال را به صورت $P(Y_i = y_i)$ و $P(Y = y)$ تعریف می‌کنند [۲۶]. به Y بر روی مشبکه S ، با توجه به سیستم همسایگی \hat{N} یک میدان تصادفی مارکوف می‌گویند اگر و تنها اگر دو شرط زیر ارضاء شود [۲۶]:

$$1 - \text{شرط مثبت بودن}^{\text{۵۱}}: P(y) > 0, \forall y \in S$$

$$2 - \text{شرط مارکوفی بودن}^{\text{۵۲}}: P(y_s | y_{S \setminus s}) = P(y_s | y_{\hat{N}(s)}), \forall s \in S$$

که منظور از $S \setminus s$ مجموعه S به جز مکان s است و $y_{\hat{N}(s)} = \{y_{s'} | s' \in \hat{N}_s\}$ مجموعه برچسب‌ها در همسایگی s می‌باشد. شرط مثبت بودن به دلایل تکنیکی استفاده می‌شود و در عمل همواره صادق است. با مثبت بودن احتمال توام $P(y)$ هر میدان تصادفی را می‌توان به طور منحصر به فرد توسط احتمال شرطی تعریف کرد. شرط مارکوفی بودن نمایانگر مشخصات محلی y می‌باشد. در میدان تصادفی مارکوف، تنها برچسب‌های همسایه مستقیماً بر روی هم تقابل دارند. اگر بزرگترین همسایگی را انتخاب کنیم که در آن همسایگان هر مکان حاوی تمامی مکان‌ها دیگر باشد، با در نظر گرفتن چنین همسایگی‌ای، هر لایی یک میدان تصادفی مارکوف به حساب می‌آید. اعمال ویژگی مارکوفی بودن در عمل دشوار است در نتیجه تئوری هامرسلی-کلیفورد مطرح شد که میدان تصادفی مارکوف را بر اساس توزیع گیبس^{۵۳} تعریف می‌کند. در ادامه به بررسی این تئوری پرداخته می‌شود.

۴-۶-۲- مدل میدان تصادفی گیبس

یک میدان تصادفی دارای توزیع گیبس می‌باشد اگر توزیع چگالی احتمال آن به صورت زیر باشد:

: [۴۱، ۲۹]

$$P(y) = \frac{I}{Z} \exp(-E(y)/T) \quad (43-2)$$

^{۵۱} Positivity

^{۵۲} Markovianity

^{۵۳} Gibbs Random Field (GRF)

که در آن $E(y) = \sum_{c \in C} V_c(y)$ تابع انرژی و برابر با مجموع پتانسیل $V_c(y)$ بر روی تمامی دسته‌های ممکن و T پارامتر دمای سیستم و $Z = \sum_y \exp(-E(y)/T)$ ثابت نرمال‌سازی می‌باشد. مقدار $V_c(y)$ به پیکربندی محلی بر روی c وابسته است. در آن صورت به این میدان تصادفی یک میدان تصادفی گیبس می‌گویند. در واقع توزیع گوسی حالت خاصی از خانواده توزیع گیبس است. یک میدان تصادفی گیبس را هم‌جنس^{۵۴} می‌نامند اگر $V_c(y)$ مستقل از موقعیت نسبی دسته c باشد. همچنین به آن ایزوتropیک^{۵۵} می‌گویند اگر $V_c(y)$ مستقل از جهت c باشد. تعریف میدان تصادفی گیبسی که ویژگی‌های هم‌جنسی و ایزوتropیک را با هم داشته باشد از تعریف میدان تصادفی گیبسی که این ویژگی‌ها را نداشته باشد ساده‌تر است. ویژگی هم‌جنسی برای سادگی محاسبه عملیات ریاضی و محاسباتی کاربرد دارد [۲۶].

۷-۴-۲- تئوری هامرسلی-کلیفورد

همان طور که قبلا در بخش (۵-۴-۲) گفته شد، یک میدان تصادفی مارکوف توسط ویژگی محلی یا مارکوفی بودن آن تعریف می‌شود که شرط مارکوفی بودن بیان می‌کند که برچسب هر پیکسل تنها به برچسب پیکسل‌های همسایه آن بستگی دارد. در عمل تعیین این ویژگی دشوار است. در مقابل یک میدان تصادفی گیبس این مشکل را توسط ویژگی‌های عمومی‌اش حل می‌کند. تئوری هامرسلی-کلیفورد برای تساوی میان این دو ویژگی مطرح شده است [۲۷]. طبق این تئوری F با در نظر گرفتن سیستم همسایگی \hat{N} بر روی مشبکه S یک میدان تصادفی مارکوف است اگر و تنها اگر Y با در نظر گرفتن سیستم همسایگی \hat{N} بر روی مشبکه K یک میدان تصادفی گیبس باشد [۴۱]. اثبات این قضیه در مراجع [۴۳, ۴۲] آورده شده است.

^{۵۴} Homogeneous

^{۵۵} Isotropic

۴-۸-۲- طرح مدل مارکوف برای حل مساله ناحیه‌بندی

برای به دست آوردن برچسب‌گذاری مناسب بایستی برچسب‌ها را به گونه‌ای بیابیم که رابطه (۴۴) را ماقزیم کند. این رابطه معیار بیشترین احتمال پسین نام دارد. که منظور از $P(X | Y = y)$ تابع چگالی احتمال مربوط به روشنایی تصویر و $P(Y = y)$ تابع چگالی احتمال میدان تصادفی است.

$$\begin{aligned} y^* &= \arg \max_{y \in \Xi} P(Y = y | X) \\ &= \arg \max_{y \in \Xi} (P(X | Y = y)P(Y = y)) \end{aligned} \quad (44-2)$$

برای تابع چگالی احتمال مربوط به روشنایی هر کلاس ما از توزیع گوسی با پارامترهای میانگین μ و واریانس σ^2 به صورت زیر استفاده می‌شود:

$$P(X | Y = y) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} \exp\left(-\frac{(X - \mu)^2}{2\sigma^2}\right) \quad (45-2)$$

و به منظور تعریف تابع چگالی احتمال میدان تصادفی طبق تئوری هامرسلی-کلیفورد مطرح شده در بخش (۴-۵-۲) از توزیع گیبس استفاده می‌گردد:

$$P(y) = \frac{1}{Z} \exp(-E(y)/T) \quad (46-2)$$

با جایگذاری دو عبارت موجود در رابطه MAP رابطه (۴۷-۲) به دست می‌آید:

$$\begin{aligned} y^* &= \arg \max_{y \in \Xi} (P(X | Y = y)P(Y = y)) \\ &= \arg \max_{y \in \Xi} \left(\frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} e^{-\frac{(X - \mu)^2}{2\sigma^2}} \times \frac{1}{Z} e^{-\frac{E(y)}{T}} \right) \end{aligned} \quad (47-2)$$

با ساده‌سازی عبارت فوق خواهیم داشت:

(۴۸-۲)

$$y^* = \arg \max_{y \in \Xi} \left(\frac{e^{-\frac{(X-\mu)^2}{2\pi\sigma^2}}}{e^{\ln \sqrt{2\pi}\sigma}} \times \frac{1}{Z} e^{(-\frac{E(y)}{T})} \right) = \arg \max_{y \in \Xi} \left(\frac{1}{Z} e^{-\frac{(X-\mu)^2}{2\pi\sigma^2} - \ln \sqrt{2\pi}\sigma - \frac{E(y)}{T}} \right)$$

از آنجایی که عبارت موجود در توان رابطه فوق منفی است، برای ماقزیمم کردن عبارت فوق کافی است تنها عبارت توان را مینیمم کنیم. در این صورت خواهیم داشت:

$$\begin{aligned} y^* &= \arg \min_{y \in \Xi} \left(\frac{(X-\mu)^2}{2\pi\sigma^2} + \ln \sqrt{2\pi}\sigma + \frac{E(y)}{T} \right) \\ &= \arg \min_{y \in \Xi} (U(y)) \end{aligned} \quad (49-2)$$

برای این منظور بایستی چند سوال زیر را در نظر گرفت:

- پارامترهای میانگین μ و واریانس σ چگونه محاسبه شود؟
- تابع انرژی مربوط به میدان تصادفی، $E(y)$ چگونه تعریف شود؟
- از چه روش مینیمم‌سازی برای مینیمم کردن عبارت کمک گرفته شود؟

در این پایان‌نامه به منظور تخمین پارامترهای میانگین و واریانس هر کلاس از الگوریتم EM که قبلا در بخش (۲-۳-۲) معرفی شد، استفاده می‌گردد. همچنین تابع انرژی مورد استفاده و روش‌های مینیمم‌سازی پیشنهادی در فصل چهارم مورد بررسی قرار گرفته می‌شود.

فصل سوم- بررسی پژوهش‌های مرتبط

۱-۳- مقدمه

در این فصل به بررسی پژوهش‌های مرتبط با این تحقیق پرداخته می‌شود. این فصل از سه قسمت تشکیل شده است. ابتدا به بررسی روش‌های ناحیه‌بندی تومور که در مقالات ارائه شده‌اند پرداخته می‌شود. از آن جایی که در این پایان‌نامه از مدل تصادفی مارکوف استفاده می‌شود، در بخش دوم به بررسی روش‌های بر پایه مدل تصادفی مارکوف که در مقالات گوناگون برای ناحیه‌بندی تصاویر MR ارائه شده است پرداخته می‌شود. مدل تصادفی مارکوف به منظور ناحیه‌بندی تصاویر MR در چند دهه اخیر بسیار مورد توجه قرار گرفته شده است [۴۴]. در این فصل مشاهده می‌شود که مدل تصادفی مارکوف استاندارد در یافتن میدان بهینه به بار محاسباتی بالا و زمان زیادی نیاز دارد در نتیجه در پردازش‌های بلادرنگ^۱ استفاده نمی‌گردد. بنابراین تلاش‌های بسیاری جهت رفع این مشکل انجام شده است. در بخش سوم این فصل به بررسی روش‌هایی که تا کنون برای رفع این مشکل ارائه شده‌اند پرداخته خواهد شد.

۲-۳- بررسی روش‌های ناحیه‌بندی تومور

اگر چه کارهای زیاد و قابل توجهی برای ناحیه‌بندی مغز ارایه شده است اما ناحیه‌بندی نواحی آسیب دیده نظیر تومور به علت عدم قطعیت در مکان تومور، شکل، اندازه و ویژگی‌های بافتی هنوز یک چالش به حساب می‌آید و تا کنون کارهای زیادی برای این منظور انجام شده است [۴۵].

در مرجع [۴۶] از تکنیک خوشبندی Fuzzy c-means (FCM) و یاری گرفتن از پردازش تصویر بر پایه دانش اولیه برای ناحیه‌بندی ناحیه تومور در تصاویر MR استفاده شده است. در این مرجع ناحیه‌بندی بر روی ۳۶ برش مغز حاوی تومور انجام شده است و نتیجه درصد انطباق میان نواحی ناحیه‌بندی شده توسط روش اتوماتیک و ناحیه‌بندی دستی، در بازه بین ۵۳٪ تا ۹۰٪ جواب داده

^۱ Real Time

است. این روش برای تومورهای کوچک خوب کار نمی‌کند زیرا نیاز است که حداقل سه برش متوالی مغز حاوی تومور باشد. در [۴۷] یک روش با کمک تئوری Fuzzy-Connectedness ارایه شده است. مشکل این روش آن است که به دانش اولیه در مورد مکان تخمینی تومور نیاز دارد.

در [۴۸] از یک روش باناظر با استفاده از روش Kامین نزدیکترین همسایه و یک روش اتوماتیک دانش محور^۲ برای ناحیه‌بندی تومور در مغز استفاده شده است. با مقایسه با ناحیه‌بندی دستی مرجع روش‌های ارائه شده به ترتیب دارای میزان انطباق ۵۶٪ و ۵۲٪ می‌باشند. در [۴۹] روش ناحیه‌بندی اتوماتیکی که از اطلس به عنوان یک دانش اولیه هندسه‌ای برای شناسایی تومور و ورم استفاده کرده است. در این مقاله درصد انطباق میان نتایج به دست آمده و ناحیه‌بندی دستی در بازه میان ۷۰٪ تا ۸۰٪ گزارش شده است. در [۵۰-۵۲] ویژگی‌های بافتی به منظور ناحیه‌بندی و مشخص کردن ماهیچه‌های معیوب و بافت چربی کشف شده‌اند. در [۵۳] لرسکی^۳ و همکارانش و در [۵۴] تکنیک‌های آنالیز تومور ارائه شده است که در هر دو کار ابتدا بایستی نواحی اطراف تومور را به طور دستی مشخص نمود. در [۵۵] یک روش ناحیه‌بندی تصاویر MR بر پایه بافت^۴ ارائه شده است که از یک کلاسیفایر عصبی ترکیبی دو مرحله‌ای^۵ استفاده کرده است.

مقاله [۵۶] یک Framework فازی برای ناحیه‌بندی اتوماتیک توده تومور مغز انسان در تصاویر MR چند طیفی شامل تصاویر وزن دار T1 ، T2 و PD ارائه کرده است. برای رسیدن به روش اتوماتیک و صحیح از دانش اولیه‌ای که در مورد روشنایی تومور در انواع مختلف تصاویر چند-طیفی توسط متخصصان رادیولوژی شرح شده، به عنوان توصیفات زبانی فازی استفاده شده است. سپس دانش‌های مقدماتی بدست آمده به مدل‌های ریاضی فازی تبدیل شده است و برای هر تصویر چند-

² Knowledge-Guided (KG)

³ Feature

⁴ Lerski

⁵ Texture based

⁶ Two-stage Hybrid Neural Classifier

طیفی یک مدل فازی ارائه شده است. در نهایت برای رسیدن به تشخیص صحیح از ترکیب این مدل‌ها استفاده شده است. در نهایت یک الگوریتم رشد ناحیه فازی به منظور بهبود نتایج بر روی تصاویر اعمال شده است. الگوریتم بر روی تصاویر جمع آوری شده توسط مولفان شامل مغز چهار فرد بیمار با نسبت درستی ۹۶٪ جواب می‌دهد. مشکل این روش نیاز تعیین مقادیر عددی درست برای پارامترهای مرزی در مدل‌های فازی می‌باشد که شدیداً به روشنایی تصاویر وابسته است.

در این پایان‌نامه به منظور ناحیه‌بندی از مدل تصادفی مارکوف استفاده شده است. این مدل ناحیه‌بندی را نسبت به نویز مقاوم می‌سازد. همچنین الگوریتم‌های ارائه شده بدون ناظر و اتوماتیک بوده و وابسته به پارامترهای تعریف شده توسط کاربر نیست.

۳-۳- بررسی مدل تصادفی مارکوف در ناحیه‌بندی تصاویر MR

مدل تصادفی مارکوف در زمینه ناحیه‌بندی تومور کمتر استفاده شده است. در مرجع [۵۷] یک روش ترکیبی با مدل تصادفی مارکوف و سیستم همسایگی وزن‌دهی^۷ شده ارائه شده است که با استفاده از اطلاعات اکتسابی از ساختار و همسایگی بافت‌های مغز نتایج حاصل از مدل تصادفی مارکوف را بهبود داده است. همان‌طور که گفته شد مدل تصادفی مارکوف پیوستگی طیفی میان وکسل‌های همسایه را مدل می‌کند، اما در مغز انسان ماده سفید توسط ماده خاکستری احاطه شده است و بنابراین ماده خاکستری با مایع نخاعی همسایه نیست. این مرجع با کمک این اطلاعات ساده همسایگی بافت‌ها، مدل میدان تصادفی مارکوف را برای ناحیه‌بندی مجموعه تصاویر MR مغز جمع آوری شده توسط مولفان، به کار برده است و به درصد انطباق کلاس‌بندی حدود ۹۴٪ دست یافته است.

⁷ Weighting Neighborhood System

در مرجع [۵۸] یک مدل تصادفی مارکوف فازی^۸ به منظور ناحیه‌بندی بافت‌های مختلف مغز ارائه شده است. در [۵۹] یک روش برپایه اطلاعات/کلاس‌بندی بافت‌های مغز در تصاویر MR با کمک مدل تصادفی مارکوف بر پایه مدل‌های محلی تصویر ارائه شده است. در این مقاله تصویر به زیر-حوزه‌هایی تقسیم شده و مدل عمومی تصویر با کمک این زیر-حوزه‌ها به صورت محلی توصیف می‌شود. در واقع ناحیه‌بندی به صورت محلی با کمک اطلاعات به دست می‌آید. برای این منظور از یک اطلس استفاده شده است. جهت تخمین بدون ناظر پارامترهای هر بافت برای هر یک از مدل‌های محلی از یک روش بهینه‌سازی عمومی بر پایه الگوریتم ژنتیک استفاده شده است.

۴-۳- بررسی روش‌های بهینه‌سازی

تکنیک‌های ارائه شده برای یافتن پیکربندی بهینه را می‌توان به دو دسته کلی روش‌های مبتنی بر آرامش معین^۹ و آرامش آماری^{۱۰} تقسیم‌بندی کرد. روش‌های دسته اول به بار محاسباتی کمتری نیاز دارند اما شدیداً به مقداردهی اولیه وابسته هستند و در نهایت جواب بدست آمده زیر-بهینه است [۳۸]. در مقابل روش‌های دسته دوم که بر پایه الگوریتم تبرید فلزات هستند، به صورت مجانبی به جواب بهینه عمومی همگرا می‌شوند ولی بار محاسباتی بالا و سرعت پایینی دارند و در نتیجه در محیط‌های بلادرنگ استفاده نمی‌شوند [۶۰, ۴۴]. به علت بار محاسباتی بالایی که این الگوریتم برای یافتن میدان بهینه نیاز دارد، بیشتر در پردازش‌های Offline کاربرد دارد و در پردازش‌های بلادرنگ استفاده نمی‌شود. در نتیجه کاهش بار محاسباتی این روش موضوعی چالش برانگیز است که اخیرا کارهایی در این زمینه انجام شده است [۶۱, ۶۲]. بر همین اساس مرجع [۶۲] روش‌های بهینه‌سازی ارائه شده را به دو دسته محلی و عمومی تقسیم‌بندی کرده است. به منظور مینیمم‌سازی رابطه به

⁸ Fuzzy Markov Random Field

⁹ Deterministic Relaxation

¹⁰ Stochastic Relaxation

دست آمده در بخش (۸-۴-۲) جهت یافتن یک پیکربندی مناسب در این بخش الگوریتم‌های مختلف مطرح شده را مورد بررسی قرار می‌دهیم.

۳-۱-۴-۳- بهینه‌سازی محلی

۳-۱-۴-۱- بهینه‌سازی با روش ICM

روش ICM یک روش بر پایه آرامش معین و از دسته الگوریتم‌های جستجوی محلی است [۶۲]. الگوریتم از یک جواب اولیه شروع می‌کند و سعی می‌کند بطور تکرارشونده با حرکت کردن به سمت همسایگان با انرژی کمتر، جواب بهتری را پیدا کند. این روش سریع‌تر به مینیمم محلی تابع انرژی همگرا می‌شود. در زیر الگوریتم مربوط به این روش آورده شده است [۳۳]. این الگوریتم اگرچه سرعت همگرایی مناسبی دارد اما شدیداً به کیفیت مقداردهی‌های اولیه وابسته است و معمولاً در یک بهینه محلی به دام می‌افتد [۶۲].

الگوریتم ICM به منظور بهینه‌سازی

- ۱- انتخاب مقدار اولیه دما $T=T_0$
 - ۲- انتخاب \mathcal{Z} به عنوان پاسخ اولیه به طوری که مقدار احتمال را بیشینه کند.
 - ۳- به دست آوردن مجموعه \mathcal{W} ‌هایی (Ξ) که تنها در یکی از پیکسل‌ها با \mathcal{Z} متفاوت است.
 - ۴- محاسبه $(U(w))_{w \in \mathcal{W}}$ تابع انرژی)، از مجموعه Ξ پیکربندی جدید انرژی مینیمم را دارد:
$$y = \operatorname{argmin}_{w \in \Xi} U(w)$$
 - ۵- کاهش مقدار دما با رابطه $T=\chi(T)$ ، χ یک تابع خطی است.
 - ۶- بازگشت به مرحله ۳ تا فریز شدن سیستم.
-

۳-۱-۴-۲- سایر روش‌های بهینه‌سازی محلی

سایر روش‌های بهینه‌سازی محلی شامل برچسب‌گذاری آرامشی^{۱۱} [۷۳]، First (HCF) برنامه‌نویسی پویا^{۱۲} [۷۴] و برنامه‌نویسی پویا^{۱۳} [۷۵] که مشکل وابستگی به مقداردهی‌های اولیه را دارا

^{۱۱} Relaxation Labeling

هستند. به منظور رفع این مشکل ایده الگوریتم تبرید فلزات مطرح شده است [۶۲] که در ادامه به آن پرداخته می‌شود.

۲-۴-۳- بهینه‌سازی عمومی

۱-۴-۳- بهینه‌سازی با روش تبرید فلزات

روش بهینه‌سازی مدل مارکوف با تبرید فلزات یک روش بر پایه آرامش آماری است که بر پایه اصول ترمودینامیک بوده و از فرایند خنکسازی مواد جامد به حالت مذاب الهام گرفته شده است. این الگوریتم یک تکنیک برای مینیمم‌سازی توابع چند متغیره می‌باشد [۵۷]. ایده این مبحث در سال ۱۹۵۳ توسط متropolis^{۱۲} و همکارانش مطرح شده است [۶۷]. اگر مواد جامد مذاب تدریجی سرد شوند اتم‌های آنها به صورت منظم در شبکه بلوری قرار گرفته و ماده جامد حاصل دارای حداقل سطح انرژی خواهد بود. به این روش تبرید فلز^{۱۴} (آب دادن فلز) می‌گویند.

این الگوریتم یک جواب اولیه (y) انتخاب می‌کند. سپس روش دائماً جواب اولیه را با یک جواب نزدیک به آن (w) با شرط $e^{-\Delta U/T} \leq \gamma$ جایگزین می‌کند که $\Delta U = U(w) - U(y)$ تغییرات انرژی، T دما و γ یک مقدار تصادفی می‌باشد. این عمل تا زمان فریز شدن سیستم ادامه می‌یابد. تصادفی بودن این روش باعث می‌شود که از قابلیت کوهنوردی بالایی دارا باشد در نتیجه با کمک پارامتر دما از گیر افتادن در مینیمم‌های محلی اجتناب شود. الگوریتم این روش به منظور ناحیه‌بندی در مدل تصادفی مارکوف در زیر آورده شده است [۲۹].

الگوریتم تبرید فلزات به منظور بهینه‌سازی تابع انرژی

۷- مقدار دهی اولیه.

۸- انتخاب y به عنوان پاسخ اولیه به طوری که مقدار احتمال را بیشینه کند.

¹² Dynamic Programming (DP)

¹³ Metropolis

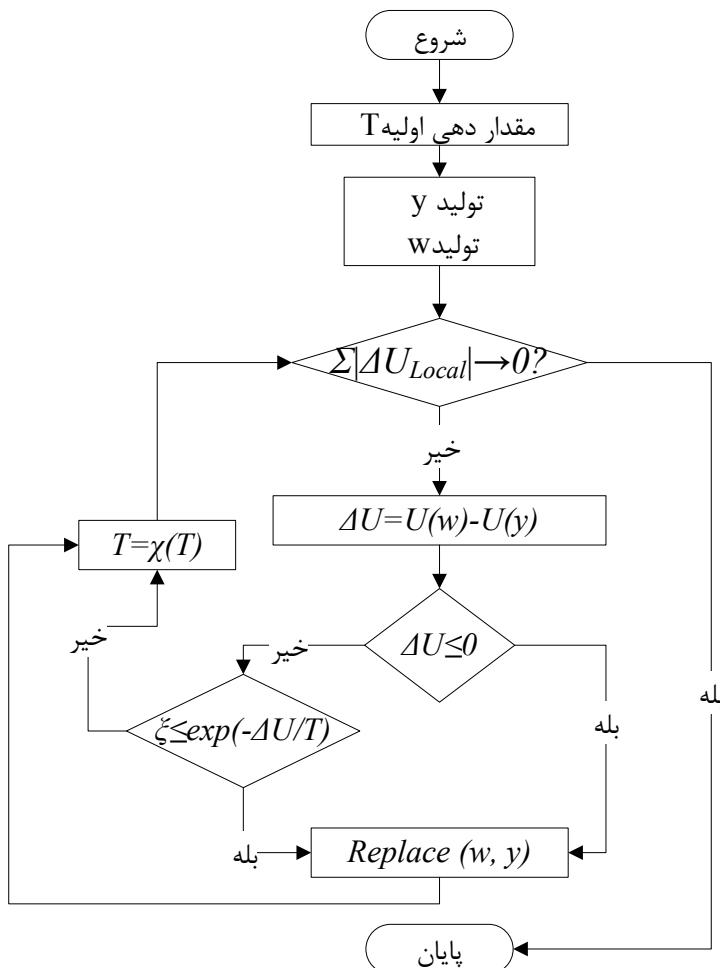
¹⁴ Annealing

-
- ۹- به دست آوردن w توسط ایجاد یک آشفتگی تصادفی در یکی از پیکسلهای \mathcal{Z} و مقداردهی آن با یک لیبل تصادفی.
- ۱۰- محاسبه $\Delta U = U(w) - U(y)$ که در آن $U(\cdot)$ تابع انرژی هر میدان است، اگر $0 \leq \Delta U \leq T$ بود \mathcal{Z} را با w جایگزین می‌کنیم. در غیر اینصورت آن را با شرط $e^{-\Delta U/T} \leq \gamma$ که γ یک عدد تصادفی است، با w جایگزین می‌کنیم.
- ۱۱- کاهش مقدار دما با رابطه $T = \chi(T)$ ، χ یک تابع خطی است.
- ۱۲- بازگشت به مرحله ۳ تا فریز شدن سیستم.
-

از آن جایی که مقداردهی مناسب به پارامتر دما کار ساده‌ای نیست و در جواب نهایی تاثیر دارد، در این تحقیق در تمامی الگوریتم‌های ارائه شده، به جای فریز شدن سیستم، شرط همگرایی به جواب آن است که مجموع قدر مطلق تغییرات محلی انرژی کوچک شود و به سمت صفر میل کند. شکل (۱-۳) فلوچارت این سیستم را نمایش می‌دهد. مشکلی که این روش دارد بار محاسباتی الگوریتم و در نتیجه وقت‌گیر بودن آن می‌باشد. در نتیجه تلاش‌های بسیاری برای رفع این مشکل انجام شده که در ادامه به برخی از آن‌ها پرداخته می‌شود.

۴-۲-۲-۲-۳- بهینه‌سازی با روش Gibbs Sampler

روش Gibbs sampler نیز یک روش بر پایه آرامش آماری است و مدل اصلاح شده الگوریتم قبلی است. این الگوریتم از یک جواب اولیه شروع می‌کند و بطور تکرارشونده سعی می‌کند پیکربندی w را جایگزین کند به شرط آنکه $\frac{\exp(-U(w))}{\sum_{w' \in \Xi} \exp(-U(w'))}$ را ماکزیمم کند. در این عبارت $U(w)$ تابع انرژی پیکربندی w و Ξ تمامی پیکربندی‌های موجود در تکرار جاری است. این الگوریتم به منظور کاهش بار محاسباتی چندان موفق عمل نکرده است.



شکل ۳-۱-۳- فلوچارت مدل میدان تصادفی مارکوف با تبرید فلزات

۳-۲-۲-۳- بهینه‌سازی با الگوریتم ژنتیک

همان‌طور که قبلاً اشاره شد اگرچه روش تبرید فلزات جواب بهینه را می‌یابد اما بار محاسباتی بالایی دارد. برای کاهش پیچیدگی محاسباتی تا به حال روش‌های مختلفی ارائه شده است [۶۱، ۶۲، ۷۰، ۷۲، ۶۸]. اخیراً الگوریتم ژنتیک به عنوان یکی از روش‌های بهینه‌سازی عمومی مورد توجه قرار گرفته شده است [۶۱، ۷۰، ۶۲، ۷۲]. الگوریتم ژنتیک یک روش جستجوی تصادفی^{۱۵} قوی و یکی از روش‌های تکاملی^{۱۶} در فضاهای بسیار بزرگ راه حل است که با اقتباس مفهوم تولید مثل، از سیر تکاملی موجودات زنده در طبیعت، در نهایت منجر به جهت‌گیری به سمت پیدا کردن یک جواب

¹⁵ Stochastic

¹⁶ Evolutionary

بهینه می‌گردد. این الگوریتم با استفاده از مقدار Fitness هر فرد، افراد را از یک نسل^{۱۷} به نسل بعدی منتقل می‌کند به طوری که افراد با مقدار Fitness بزرگتر در رقابت ادامه حیات موفق‌تر هستند [۷۰].

پیشینه الگوریتم ژنتیک به سال‌های حدود ۱۹۶۰ بر می‌گردد. در دهه‌های ۵۰ و ۶۰ تحقیقات متعددی برای استفاده از نظریه تکامل در بهینه‌سازی مسائل مهندسی به طور مستقل صورت گرفت. ایده اصلی در همه این سیستم‌ها، رشد یک جمعیت از پاسخ‌های اولیه‌ی یک مساله به سمت پاسخ بهینه با الهام‌گیری از عملگرهای انتخاب و تغییر ژنتیک طبیعی بود. این الگوریتم نخستین بار توسط جان هلند^{۱۸} مطرح و به وسیله دانشجویان و همکارانش گسترش یافت. پس از آن تحقیقات گسترده‌ای توسط افراد مختلف در این زمینه انجام شد. به عنوان مثال در سال ۱۹۹۲ جان کزا^{۱۹} الگوریتم ژنتیک را به صورت عملیاتی در برنامه‌نویسی به کار برد و برنامه‌نویسی ژنتیک^{۲۰} را به عنوان روش خود مطرح ساخت و الگوریتم ژنتیک به صورت امروزی خود رسید. الگوریتم ژنتیک بخشی از نظریه حسابگری تکاملی^{۲۱} است که در حال حاضر به عنوان بخشی از هوش مصنوعی به سرعت در حال رشد می‌باشد [۷۳]. از نظر کاربردی، الگوریتم ژنتیک یکی از روش‌های بهینه‌سازی مسائل است که اساس آن بر پایه انتخاب طبیعی^{۲۲} و عامل اصلی تکامل زیستی و برخی از مفاهیم علم ژنتیک می‌باشد. در این روش برای بهینه‌سازی تابع هدف مساله، در هر مرحله، از یک جمعیت^{۲۳} اولیه کروموزوم^{۲۴} ها یا افراد^{۲۵} که در حقیقت پاسخ‌های اولیه مساله می‌باشند، به یک جمعیت جدید از افراد یا یک نسل^{۲۶} جدید که در حقیقت پاسخ‌های ثانویه مساله مفروض می‌باشند می‌رسیم. بنابراین با تکرار این عملیات و تولید جمعیت جدید از جمعیت قبلی در هر مرحله و در نتیجه رسیدن به نسل‌های قوی‌تر، جمعیت به

¹⁷ Generation

¹⁸ John Holland

¹⁹ John Koza

²⁰ Genetic programming (GP)

²¹ Evolutionary computing

²² Natural selection

²³ Population

²⁴ Chromosome

²⁵ Individuals

²⁶ Generation

سمت یک پاسخ بهینه هدایت خواهد شد. در الگوریتم ژنتیک هر کروموزوم نشان دهنده پاسخی از مساله مورد نظر می‌باشد. این پاسخ بسته به نوع کدسانزی مساله مورد نظر که با توجه به خصوصیات مساله تعیین می‌شود. هر یک از اجزای کروموزوم ژن نامیده می‌شود. برخلاف روش‌های بهینه‌سازی قبلی که از گذارهای متوالی برای یافتن جواب استفاده می‌کنند، الگوریتم ژنتیک بر روی جمعیتی از جواب‌های بالقوه که به صورت کرومزم‌ها مدل می‌شوند کار می‌کند. این الگوریتم در مقایسه با روش‌های استاندارد بهینه‌سازی دارای برتری‌هایی می‌باشد:

- پردازش موازی یکی از مهمترین برتری‌های الگوریتم ژنتیک می‌باشد. در این روش به جای یک متغیر، در یک زمان جمعیت به سوی نقطه بهینه هدایت می‌شود. بنابراین سرعت همگرایی روش بسیار بالا می‌رود.
 - با استفاده از این روش می‌توان مسائلی را که نسبت به تغییر پارامترهای خود خوش رفتار نیستند (مثلًاً دارای تناوب‌های زیاد و در نتیجه مینیمم‌های نسبی زیاد هستند و یا توابعی که به شدت غیر خطی عمل می‌کنند) با مقیاس خوبی بهینه کرد.
 - این روش برای بهینه‌سازی مسائلی که با کمیت‌های گستته سر و کار دارد بسیار مناسب است.
 - در این روش مشتق‌پذیر بودنتابع اهمیتی ندارد، در حالی که در بسیاری از روش‌های دیگر، بهینه‌سازی بر اساس مشتق‌ات مراتب مختلف تابع صورت می‌گیرد.
- در [۶۱، ۷۴] از الگوریتم ژنتیک به منظور بهینه‌سازی تابع انرژی در ناحیه‌بندی تصاویر با کمک مدل مارکوف استفاده شده است. در این کارها از سطوح خاکستری پیکسل‌ها به عنوان ژن‌های افراد کمک گرفته شده است که منجر به حساسیت بالای نتایج به نویز می‌شود. ردلف^{۲۷} اثبات کرده است که الگوریتم ژنتیک استاندارد به علت ترویج افرادی خاص در جمعیت نمی‌تواند بهینه عمومی را بیابد

²⁷ Rudolph

[۷۵]. در [۷۶] از پنجره همسایگی نه-تایی به عنوان افراد استفاده شده است. در این روش پیوستگی طیفی میان پیکسل‌ها در نظر گرفته نشده است. در این پایان‌نامه در بخش‌های آتی با استفاده از ایده گرفتن از هریک از کارهای مطرح شده روشی پیشنهادی بر پایه ترکیب الگوریتم تبرید فلزات و ژنتیک ارائه می‌شود که علاوه بر حل مشکلات موجود در کارهای قبلی، دقت و سرعت محاسباتی را نیز بهبود می‌دهد.

۴-۲-۴-۳ - بهینه‌سازی با الگوریتم بهینه‌سازی اجتماع مورچگان

به کارگیری سیستم مورچگان یا الگوریتم مورچگان اولین بار توسط دُرَاگو^{۲۸} و همکارانش به عنوان یک نگرش با چندین عامل برای حل مسائل بهینه‌سازی ترکیبی یا راه حل چند عامله^{۲۹} برای مسائلی مانند مسئله فروشنده دوره‌گرد پیشنهاد شده است [۷۷]. الگوریتم اجتماع مورچگان از توانایی مورچه‌ها در پیدا کردن کوتاه‌ترین مسیر بین لانه و یک منبع غذایی الهام گرفته شده است. مورچه‌ها حشراتی اجتماعی هستند که در کلونی زندگی می‌کنند و رفتار آنها بیشتر در جهت بقاء کلونی است تا در جهت بقاء یک جزء از آن. عناصر رفتاری تصادفی یا احتمالی دارند و بین آن‌ها هیچ نوع ارتباط مستقیمی وجود ندارد و تنها به صورت غیرمستقیم و با استفاده از نشانه‌ها با یکدیگر در تماس هستند. مورچه‌ها هنگام راه رفتن از خود ردی از ماده شیمیایی فرآر به نام فرومون^{۳۰} به جای می‌گذارند که در کوتاه مدت بعنوان رد مورچه بر سطح زمین باقی می‌ماند. آنها هنگام انتخاب بین دو مسیر به صورت احتمالاتی^{۳۱} مسیری را انتخاب می‌کنند که فرومون بیشتری داشته باشد یا به عبارت دیگر مورچه‌های بیشتری قبل از آن جا عبور کرده باشند. بدین طریق، اگر چه مورچه‌ها موجوداتی کم هوش هستند اما با این رفتار به نوعی هوشمندی جمعی دست می‌یابند. با استفاده از اجتماع مورچه‌ها، روش جستجوی

²⁸ Dorigo

²⁹ Multi Agent

³⁰ Pheromone

³¹ Statistical

پیاده‌سازی می‌شود که در هر مرحله از اطلاعات مراحل قبلی برای رسیدن به هدف استفاده می‌گردد

[۷۸]. ویژگی‌ها و مزایای الگوریتم مورچگان به صورت زیر است:

- یک روش مبتنی بر جمعیت می‌باشد.
- چند منظوره است و می‌تواند برای انواع مشابه یک مسئله به کار رود.
- قوی و انعطاف‌پذیر است و می‌توان با کمترین تغییرات آن را برای دیگر مسائل بهینه‌سازی ترکیبی به کار برد.
- پسخورد مثبت، منجر به کشف سریع جواب‌های خوب می‌شود.
- محاسبات توزیع شده از همگرایی زودرس و بی‌موقع جلوگیری می‌کند.
- اطلاعات اکتشافی^{۳۲} به کشف جواب‌های قابل قبول در مراحل اولیه جستجو کمک می‌کند.

آدلف و بتچ^{۳۳} اثبات کردند که الگوریتم بهینه‌سازی اجتماع مورچگان نتایج بهتر یا برابر نتایج سایر روش‌های بهینه‌سازی آرامش آماری نظری الگوریتم تبرید فلزات یا الگوریتم ژنتیک ارائه می‌دهد [۷۹]. در این از الگوریتم اجتماع مورچگان برای ناحیه‌بندی استفاده شده است. در این کار از یک سیستم بدون حافظه استفاده شده است که در آن هر مورچه راه حل خودش را می‌سازد و در هر تکرار از میان آن‌ها بهترین جواب نگهداری می‌شود. در فصل بعد روشی جدید بر پایه الگوریتم اجتماع مورچگان به منظور بهینه‌سازی تابع انرژی مطرح می‌شود که از یک اجتماع حافظه‌دار استفاده می‌کند که در آن مورچه‌ها با رد و بدل اطلاعات به دست آمده سعی در پیدا کردن یک جواب بهینه دارند. علاوه بر آن در این الگوریتم برای اولین بار مفهوم الگوریتم شایعه‌پراکنی برای بهبود اطلاعات و عملکرد مورچه‌ها کمک گرفته شده است. این تبادل اطلاعات باعث افزایش سرعت همگرایی به جواب می‌شود.

³² Heuristic

³³ Ouadfel and Batouche

فصل چهارم - الگوریتم‌های پیشنهادی

۱-۴ - مقدمه

همان طور که قبل اشاره شد مدل میدان تصادفی مارکوف، مساله را تبدیل به یک مساله بهینه‌سازی تابع انرژی می‌کند. به عبارت دیگر این مدل به دنبال یک میدان تصادفی مارکوف با مقدار انرژی بهینه می‌گردد. در فصل قبل اشاره شد که تکنیک‌های مطرح شده برای یافتن میدان بهینه را می‌توان به دو دسته کلی روش‌های مبتنی بر آرامش معین و آرامش آماری تقسیم کرد. که روش‌های مبتنی بر آرامش معین شدیداً به مقداردهی‌های اولیه وابسته هستند و در نهایت جواب بدست آمده جواب بهینه نیست بلکه یک بهینه محلی است و روش‌های آرامش آماری که بر پایه الگوریتم تبرید فلزات هستند در نهایت به جواب بهینه می‌رسند ولی بار محاسباتی بالا و سرعت پایینی دارند و در نتیجه در محیط‌های بلاذرنگ استفاده نمی‌شوند. در این فصل جهت حل این مشکل دو روش ترکیبی جدید به منظور یافتن میدان بهینه معرفی می‌شود.

در روش اول، از ترکیب الگوریتم تبرید فلزات و الگوریتم ژنتیک استفاده می‌شود. الگوریتم تبرید فلزات یک الگوریتم جستجوی قوی است که به جواب بهینه همگرا می‌شود. همچنین به علت خاصیت تصادفی بودن الگوریتم خاصیت تپه‌نوردی^۱ آن بسیار بالا است. در نتیجه در مینیمم‌های محلی به دام نمی‌افتد. ولی این الگوریتم بار محاسباتی بالایی برای همگرا شدن به جواب دارد. در مقابل الگوریتم ژنتیک که از ایده ترکیب نسل‌های بهتر برای رسیدن به نسلی قوی‌تر نشات گرفته شده است، بار محاسباتی نسبتاً پایینی دارد و سرعت همگرایی آن به جواب سریع‌تر است؛ اما خاصیت تپه‌نوردی در آن ضعیف است. با ترکیب این دو الگوریتم به منظور بهینه کردن تابع انرژی به الگوریتمی با سرعت همگرایی بالاتر دست می‌یابیم که در نهایت این الگوریتم دقیق ناحیه‌بندی را نیز افزایش می‌دهد.

¹ Hill Climbing

روش دوم پیشنهاد شده در این تحقیق بر اساس ترکیب الگوریتم بهینه‌سازی اجتماع مورچگان و الگوریتم شایعه‌پراکنی در شبکه‌های توزیع شده می‌باشد. الگوریتم بهینه‌سازی اجتماع مورچگان از مطالعه رفتار مورچه‌ها در طبیعت برای یافتن غذا نشات گرفته است. در این الگوریتم مورچه‌ها بدون تقابل با هم با کمک به جا گذاردن ماده شیمیایی فرمون^۲ به یکدیگر یاری می‌دهند تا مسیر بهینه را پیدا کنند. در این الگوریتم فرمون‌ها در هر مسیر در دو مرحله به روز رسانی می‌شود. یکی زمانی که هر مورچه یک مسیر را انتخاب می‌کند باستی فرمون آن مسیر افزایش یابد. دیگری زمانی که تمامی مورچه‌ها یک مسیر را انتخاب کردند، فرمون مسیرها در اثر تبخیر کاهش می‌یابد. در این تحقیق پس از این دو مرحله از الگوریتم شایعه‌پراکنی به منظور به روز رسانی ماتریس فرمون‌ها استفاده شده است به طوری که هر مورچه اطلاعات بهترین مسیر خود را در اختیار مورچه‌های همسایه‌اش قرار می‌دهد ضمن اینکه مورچه‌های همسایه نیز اطلاعات بهترین مسیر خود را در اختیار او قرار می‌دهند. این نوع به روز رسانی از این ایده ناشی شده است که مورچه‌های همسایه احتمالاً مسیرهای مشابهی را انتخاب خواهند کرد. در واقع اساس این ایده همان قیود وابستگی فضایی می‌باشد. این تبادل اطلاعات میان مورچه‌های همسایه باعث تسريع در همگرایی به جواب خواهد شد.

۴-۲- تابع انرژی

همان‌طور که در بخش (۴-۲) گفته شد تابع انرژی برابر با مجموع اختلاف پتانسیل‌ها بر روی تمامی دسته‌های ممکن است. همچنین در فصل اول گفته شد که در این تحقیق روش‌های ناحیه‌بندی پیشنهاد شده برای سه دسته از تصاویر معرفی شده در زیر، ارائه شده است.

• تصاویر سه‌بعدی MR:

✓ تصاویر مغز سالم

² Pheromone

✓ تصاویر مغز درگیر تومور

• تصاویر چند طیفی^۳ MR شامل تصاویر وزن دار $T1$, $T2$ و PD

در این پایان نامه، با کمک تصاویر مذکور از دسته های سه بعدی مشابه شکل (۱-۴) استفاده می شود. در دو مجموعه تصویر اول به منظور ناحیه بندی هر برش MR مطابق شکل (۱-۴-الف)، از برش های بالا و پایین آن در مجموعه تصاویر سه بعدی برای تعریف دسته ها کمک گرفته می شود. در مقابل به منظور ناحیه بندی هر برش تصویر MR وزن دار $T1$ ، مطابق شکل (۱-۴-ب)، از برش های متناظر با آن در مجموعه تصاویر $T2$ و PD برای تعریف دسته ها کمک گرفته می شود.

در این صورت تابع انرژی را به صورت زیر تعریف خواهد شد:

$$E(y) = \sum_{c \in C} \left(\frac{I}{2} \sum_{s=1}^4 v_{xy}(s, r) + \sum_{s=1}^2 v_z(s, r) \right) \quad (1-4)$$

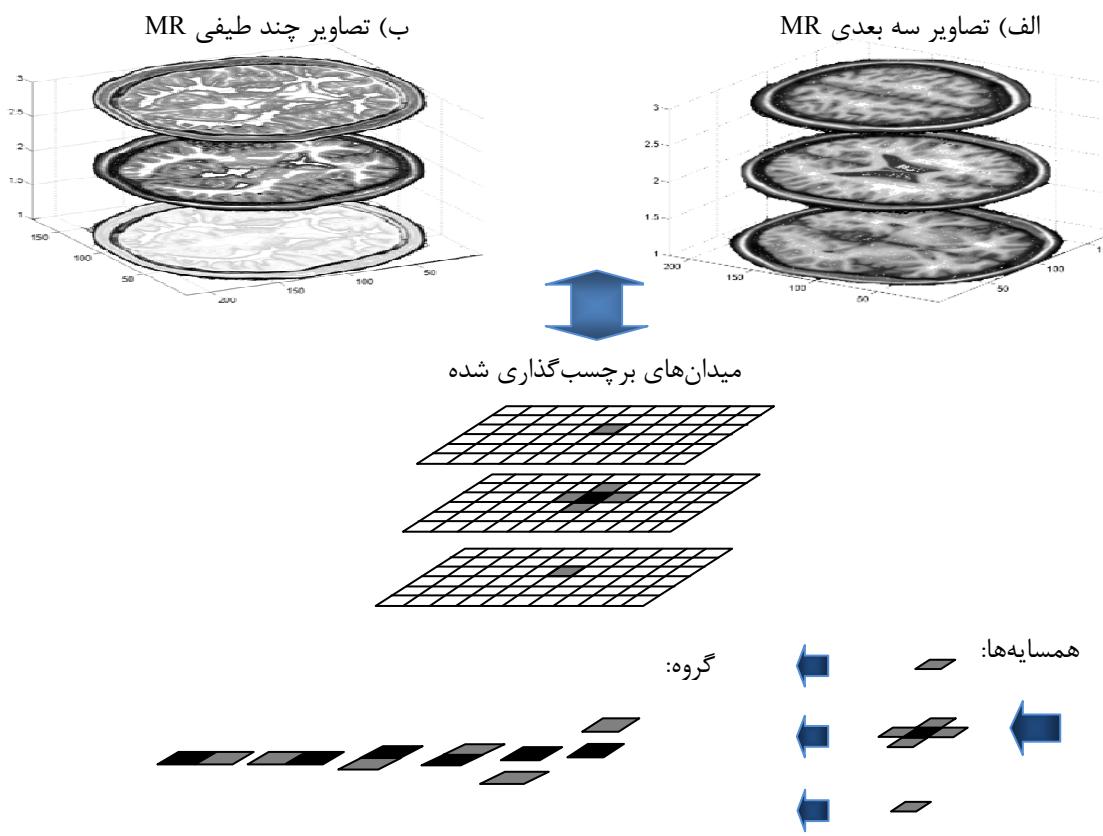
که C مجموعه تمامی دسته ها است، v_{xy} تابع اختلاف پتانسیل دسته های هم سطح و v_z تابع اختلاف پتانسیل دسته های غیر هم سطح است. از آنجایی که دسته های هم سطح در محاسبه اختلاف پتانسیل دو بار تکرار می شوند ضریب $\frac{I}{2}$ را برای آنها لحاظ شده است.

به منظور ناحیه بندی تصاویر، از آنجایی که تاثیر دسته های غیر هم سطح از دسته های هم سطح بیشتر است مقادیر اختلاف پتانسیل ها را به صورت روابط (۱-۴) و (۲-۴) در نظر گرفته شده است.

$$v_{xy} = \begin{cases} -I & \text{if } y_s = y_r \\ I & \text{if } y_s \neq y_r \end{cases} \quad (2-4)$$

$$v_z = \begin{cases} -0.5 & \text{if } y_s = y_r \\ 0.5 & \text{if } y_s \neq y_r \end{cases} \quad (3-4)$$

^۳ Multispectral



شکل ۱-۴ - سیستم همسایگی و گروه‌های سه بعدی، سه اسکن (سه تصویر MRI از سه اسکن متواالی مغز یا سه تصویر طیفی از یک اسکن) انتخاب می‌شود و میدان‌های برچسب‌گذاری شده آن‌ها بدست می‌آید، همسایگان هر مکان و گروه مربوط به آن نمایش داده شده است.

۴-۳- ترکیب الگوریتم تبرید فلزات و الگوریتم ژنتیک

در این بخش یک روش ناحیه‌بندی سه بعدی تصویر با کمک ترکیب الگوریتم بهبود یافته ژنتیک^۴ و تبرید فلزات ارائه می‌گردد به گونه‌ای که بر خلاف روش‌های مطرح شده قبلی [۶۱، ۷۴] نسبت به نویز حساسیت کمتری داشته باشد علاوه بر اینکه بار محاسباتی و در نتیجه زمان اجرا را کاهش می‌دهد. در این روش پیشنهادیتابع انرژی محاسبه شده توسط آن چه که در بخش (۲-۴) آورده شده است، محاسبه می‌گردد.

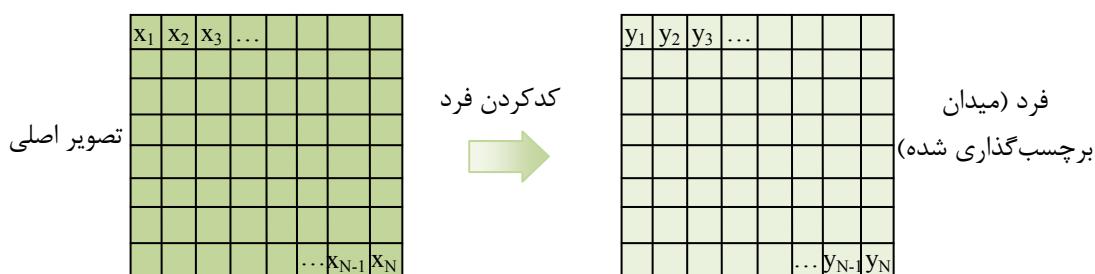
⁴ Improved Genetic Algorithm

۴-۳-۱- الگوریتم ژنتیک

همان طور که گفته شد از یک الگوریتم ژنتیک اصلاح شده برای بهینه‌سازی جواب استفاده شده است. در این بخش اپراتورهای استفاده شده مورد بررسی قرار خواهد گرفت.

۴-۱-۱- کد کردن^۵ افراد

برای استفاده از الگوریتم ژنتیک برای هر مساله بایستی ابتدا ساختاری را برای نمایش راه حل مساله تحت یکسری قیود تعریف نمود. بر اساس تعریف هالد^۶ روش‌های متعددی برای نمایش افراد در الگوریتم ژنتیک وجود دارد. در اینجا برای در نظر گرفتن قیود وابستگی‌های فضایی بین وکسل‌ها از میدان‌های برچسب‌گذاری شده دو بُعدی مشابه شکل (۲-۴) استفاده می‌شود. در نتیجه تعریف ارائه شده برخلاف روش‌های قبلی مشکل حساسیت در مقابل نویز را حل می‌کند [۷۴، ۶۱].



شکل ۲-۴- کد کردن افراد، به ازای هر تصویر چندین میدان برچسب‌گذاری شده و چندین فرد می‌توان بدست آورد

۴-۱-۲- تابع Fitness افراد

کارایی هر فرد در جمعیت با کمک مقدار تابع Fitness آن تعریف می‌گردد. به عبارت دیگر مقدار تابع Fitness هر فرد قابلیت بقای هر فرد در جمعیت را نمایش می‌دهد و افرادی با مقدار تابع Fitness بالاتر احتمال بیشتری برای ادامه بقا در نسل‌های آینده را دارا هستند.

⁵ Coding

⁶ Holland

از آنجایی که هدف مساله ناحیه‌بندی، مینیمم کردن تابع انرژی است، افراد قوی‌تر باید مقدار انرژی کم‌تر و همین‌طور مقدار تابع Fitness بیشتری داشته باشد. در نتیجه از تابع زیر برای تعریف تابع Fitness استفاده شده است که در آن منظور از $const$ یک مقدار ثابت است و عبارت موجود در مخرج همان تابع انرژی میدان برچسب‌گذاری شده در رابطه (۴-۲) می‌باشد.

$$F(y) = \frac{const}{U(y)} = \frac{const}{\left(\ln \sqrt{2\pi} \sigma_l + \frac{(x_i - \mu_l)^2}{2\sigma_l^2} + E(y) \right)} \quad (4-4)$$

۴-۱-۳-۳- عملگر انتخاب^۷

به منظور رسیدن به «ایده بقای افراد قوی‌تر»^۸ عملگر انتخاب اجرا می‌گردد. در این پایان‌نامه از روش چرخ گردان^۹ استفاده شده است. این الگوریتم به کمک چرخیدن یک چرخ گردان بایاس شده، که هر فرد به نسبت مقدار تابع Fitness اش طبق رابطه (۵-۴) بر روی آن سهم دارد، انجام می‌شود. که در آن منظور از Ω مجموعه جمعیت و $|\Omega|$ اندازه جمعیت می‌باشد.

$$P_{selection}(y) = \frac{F(y)}{\sum_{y \in \Omega} F(y)} \times |\Omega| \quad (5-4)$$

در این روش در هر بار فردی انتخاب می‌شود که چرخ روی آن می‌ایستد در نتیجه فردی که مقدار تابع Fitness بیشتری داشته باشد، احتمال بیشتری دارد برای انتخاب دارد. به عبارت دیگر افرادی که مقدار تابع Fitness شان بزرگ‌تر است شанс بیشتری برای کپی شدن در نسل بعدی را دارا می‌باشند.

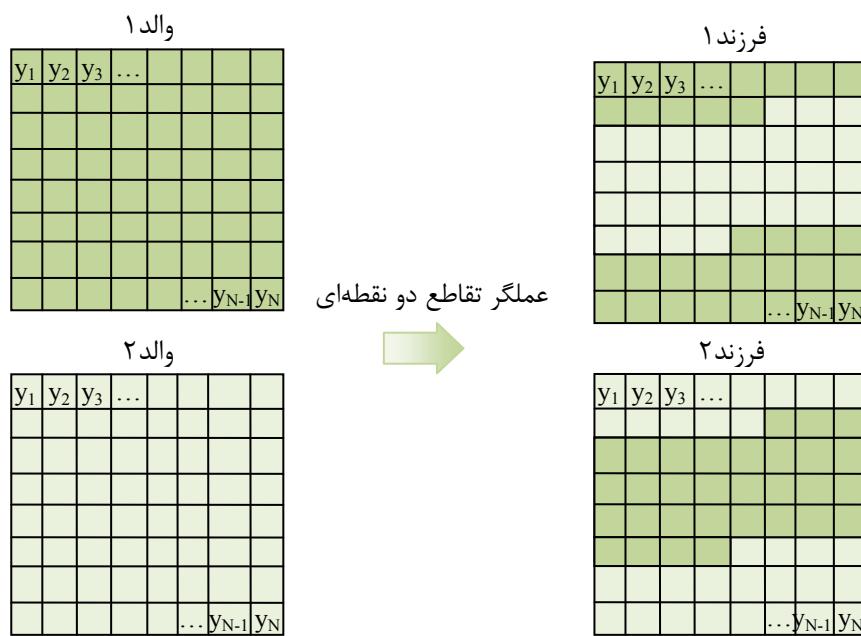
⁷ Selection

⁸ Survival of fittest

⁹ Roulette Wheel

۴-۱-۳-۴- عملگر تقاطع

عملگر تقاطع^{۱۰} (تولید مثل) با ترکیب دو فرد به عنوان والد در جمعیت کنونی، دو فرزند در نسل بعدی تولید می‌کند. این عملگر با احتمال P_c این عمل را انجام می‌دهد. به این صورت که اگر عدد تصادفی انتخاب شده در بازه $[0,1]$ از مقدار P_c کوچکتر باشد عمل تقاطع انجام می‌شود. در این پایان‌نامه از عملگر تقاطع دو نقطه‌ای^{۱۱} استفاده شده است. برای این منظور از جمعیت کنونی دو فرد با توجه به مقدار تابع Fitness آن‌ها و با کمک عملگر انتخاب به عنوان والد ۱ و والد ۲ انتخاب می‌شود سپس نقاط تقاطع به صورت تصادفی انتخاب شده و عمل تقاطع انجام شده و در نهایت فرزندان جایگزین والدین می‌شوند. شکل (۴-۳) این عملگر را نمایش می‌دهد.



شکل ۴-۳-۴- عملگر تقاطع (تولید مثل)، سمت چپ: والدین، سمت راست: فرزندان تولید شده

¹⁰Crossover

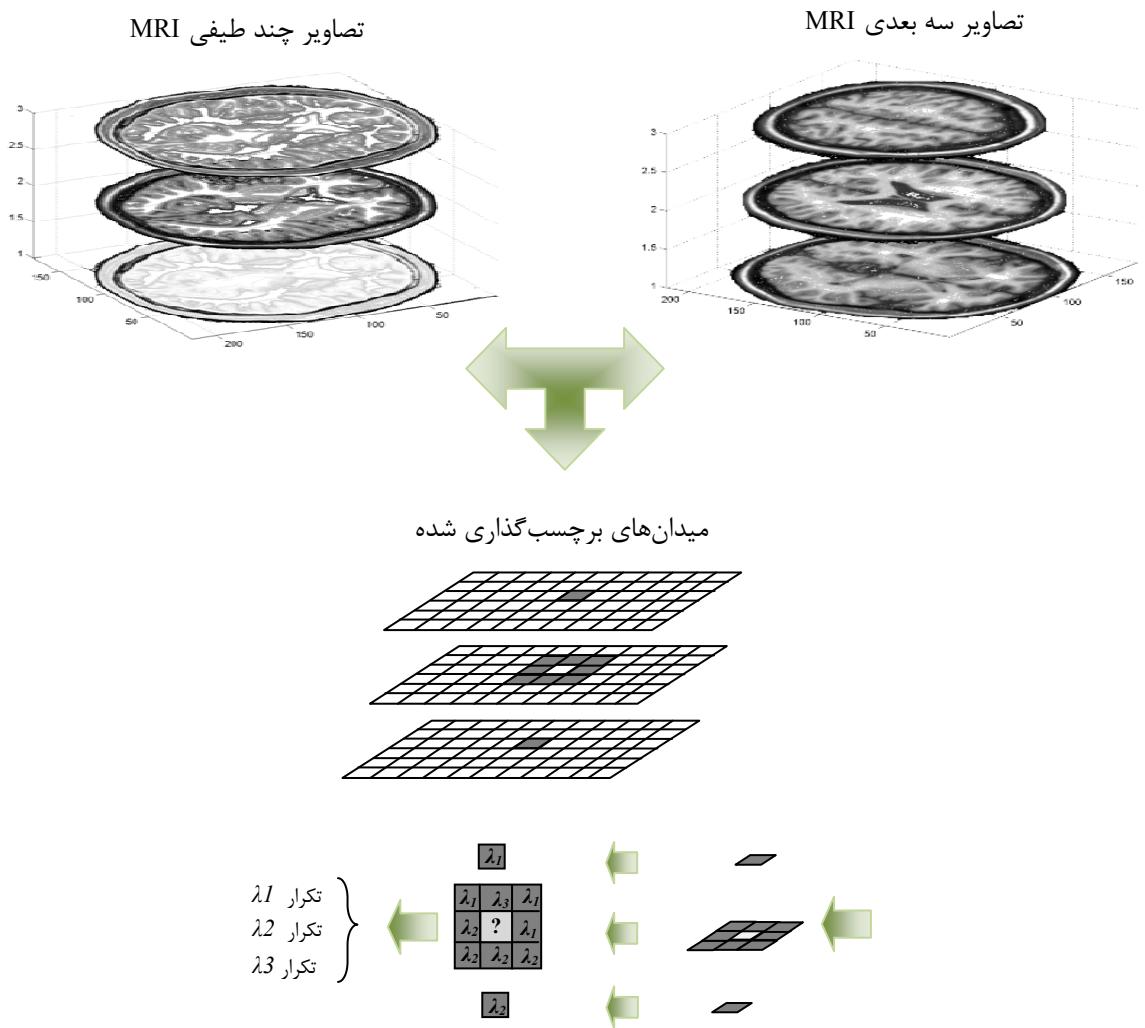
¹¹Two-point Crossover

۴-۳-۵- عملگر جهش^{۱۲}

هدف عملگر جهش افزایش تنوع افراد در جمعیت برای جلوگیری از همگرا شدن به مینیمم محلی است. عملگر جهش استاندارد به صورت تغییر گاهبهگاه ژن‌ها با احتمال P_m است. چگونگی تعریف این عملگر در واقع سبک و سنگین کردن میان زمان محاسباتی و دقت است.

از آنجایی که در مساله ناحیه‌بندی که ژن‌ها نمایانگر برچسب‌ها هستند، عملگر جهش استاندارد می‌تواند باعث بر هم زدن نظم و رابطه پیوستگی میان وکسل‌ها شود، در این پایان‌نامه این عملگر اصلاح شده است. عملگر جهش پیشنهاد شده از قیود طیفی بین پیکسل‌ها الهام گرفته شده است. برای این منظور ژنی که می‌بایستی جهش یابد، به طور تصادفی انتخاب می‌شود (G) سپس یک پنجره همسایگی 3×3 را به گونه‌ای در نظر گرفته می‌شود که G در مرکزیت پنجره باشد. از آنجایی که از تصاویر سه‌بعدی MR و یا تصاویر چند طیفی MR استفاده می‌شود ژن‌های نظیر G در میدان برچسب تصویر MR بالایی و پایینی را نیز می‌توان به عنوان همسایگان غیر هم سطح در نظر گرفت. در این صورت مقدار جدید G برابر خواهد بود با برچسبی با بیشترین تکرار در این مجموعه همسایگی. از آن جایی که تصاویر چند طیفی MR اطلاعات مربوط به یک برش در چند تصویر است، تاثیر همسایگان غیر هم سطح با همسایگان هم سطح را یکسان در نظر گرفته شده است. در حالیکه در تصاویر تک تصویر سه‌بعدی MR، چون تصاویر از برش‌های متوالی است، تاثیر همسایگان غیر هم سطح را نسبت به تاثیر همسایگان هم سطح کمتر (نصف) در نظر گرفته می‌شود. شکل (۴-۴) جهش معرفی شده را نشان می‌دهد.

¹² Mutation

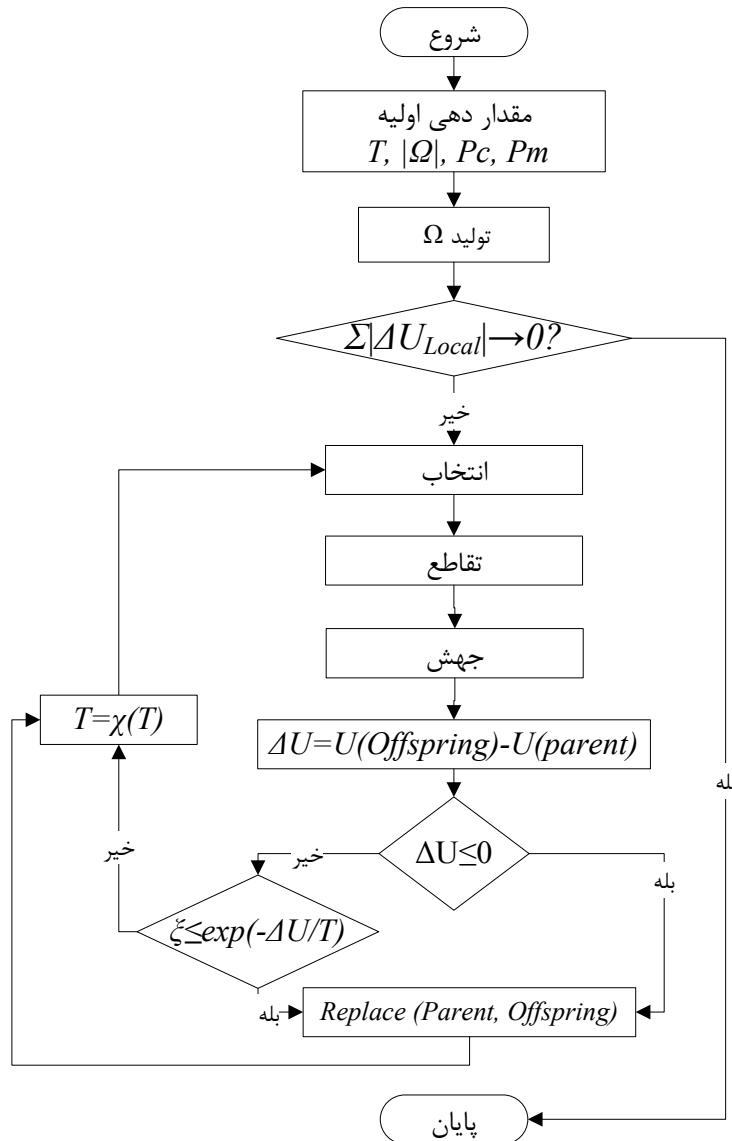


شکل ۴-۴- عملگر جهش، سه اسکن (سه تصویر MR از سه اسکن متواالی مغز یا سه تصویر طیفی از یک اسکن) انتخاب می‌شود و میدان‌های برچسب‌گذاری شده آن‌ها بدست می‌آید سپس برای جهش ژن‌ها به طور تصادفی انتخاب می‌شوند، همسایگان آن‌ها بدست آمده، برچسب ژن جهش یافته برابر است با پر تکرارترین ژن در همسایه‌ها

۴-۳-۲- روش ترکیبی

در شکل (۴-۵) فلوچارت مربوط به الگوریتم ترکیب تبرید فلزات و الگوریتم ژنتیک آورده شده است. الگوریتم با مقداردهی اولیه آغاز می‌شود، جمعیت ایجاد می‌گردد، و تا زمانی که شرط همگرایی برقرار نشده عملگرهای انتخاب، تقاطع و جهش انجام می‌شود. به این طریق از دو والد دو فرزند به وجود می‌آید. فرزندان به شرطی جایگزین والدین می‌شوند که تغییرات انرژی منفی باشد و یا شرط $e^{-\Delta U/T} \leq \epsilon$ را صدق کند که ϵ یک عدد تصادفی است. سپس دما با رابطه $T = \chi(T)$ جایگزین

می‌شود که χ یکتابع خطی می‌باشد. همان‌طور که در بخش (۱-۲-۴-۳) اشاره شد شرط همگرایی به جواب آن است که مجموع قدر مطلق تغییرات محلی انرژی به سمت صفر میل کند.



شکل ۴-۵- فلوچارت الگوریتم روش ترکیبی میدان تصادفی مارکوف، تبرید فلزات و الگوریتم ژنتیک

۴-۴- ترکیب اجتماع مورچگان و الگوریتم شایعه‌پراکنی

در اینجا یک روش ترکیبی جدید بر اساس مدل آماری میدان تصادفی مارکوف ارائه می‌شود که برای اولین بار از ترکیب الگوریتم بهینه‌سازی اجتماع مورچگان و پروتکل شایعه‌پراکنی به منظور یافتن میدان بهینه کمک می‌گیرد. پروتکل شایعه‌پراکنی کمک می‌کند که مورچه‌ها برای یافتن غذانه

تنها از اطلاعات همسایگانش استفاده کند بلکه آن‌ها را در جهت یافتن غذا یاری دهد. در این روش پیشنهادی از تابع انرژی محاسبه شده در بخش‌های (۲-۴-۸) استفاده می‌شود.

۴-۱-۴-۱- الگوریتم شایعه پراکنی

یکی از تکنیک‌های پر اهمیت در پخش اطلاعات در شبکه‌های توزیع شده بر پایه رفتارهای اپیدمی^{۱۳} می‌باشد. محققان ایده گرفتن شیوع یک بیماری خاص در میان افراد یک جامعه یا اپیدمی شدن آن، بررسی‌های بسیاری انجام دادند تا از آن بتوانند برای پیاده‌سازی پخش اطلاعات در سیستم‌ها با مقیاس بالا استفاده کنند. هدف اصلی این پروتکل پخش اطلاعات در میان یک مجموعه بزرگ از گره‌ها تنها با استفاده از اطلاعات محلی است. در واقع هیچ مولفه مرکزی‌ایی که با کمک آن اطلاعات در شبکه پخش شود وجود ندارد. ایده الگوریتم‌های اپیدمی برای اولین بار توسط دمرس^{۱۴} و همکارانش در ۱۹۸۷ مطرح گردید [۸۰].

۴-۱-۱-۱- مدل‌های انتقال اطلاعات

الگوریتم‌های اپیدمی همان‌طور که از نام آن‌ها پیدا است بر پایه تئوری اپیدمی استوار هستند که نحوه پخش بیماری‌های واگیردار را بررسی می‌کند. در شبکه‌ها به جای پخش بیماری ما مفهوم پخش اطلاعات را داریم. در واقع مفهوم اپیدمی در این دو حوزه مطالعه با یکدیگر متفاوت است. در بررسی شیوع بیماری‌ها سعی بر آن است که از شیوع بیماری جلوگیری شود در حالی که در شبکه حداقل شیوع بیماری‌ها سعی بر آن است که بیماری (اطلاعات) گره‌ها را آلوده^{۱۵} کند. با کمک مجموعه اصطلاحات اپیدمی، یک گره از شبکه توزیع شده «آلوده شده»^{۱۶} نامیده می‌شود اگر داده را دریافت کرده باشد و تمایل داشته باشد که آن را به گره دیگری منتقل کند. گره‌ای که هنوز این داده را دریافت نکرده

¹³ Epidemic

¹⁴ Demers

¹⁵ Infect

¹⁶ Infected

«مستعد^{۱۷}» نامیده می‌شود. در نهایت یک گره به روز شده که تمایل ندارد یا قادر به پخش داده نیست، «حذف شده^{۱۸}» نامیده می‌شود. باید توجه کرد که در این الگوریتم باقیتی فرق میان داده جدید و قدیمی محزب باشد [۸۱]. یک مدل مشهور انتشار آنتی-آنتروپی^{۱۹} نام دارد. در این مدل یک گره P را به صورت تصادفی انتخاب می‌کند و متعاقباً اطلاعات را با آن رد و بدل می‌کند. سه راه برای تبادل اطلاعات وجود دارد:

۱. P تنها اطلاعات خودش را به Q منتقل می‌کند. به این عملگر Push می‌گویند.
۲. P تنها اطلاعات Q را دریافت می‌کند. به این عملگر Pull می‌گویند.
۳. هر دو گره P و Q اطلاعاتشان را با هم رد و بدل می‌کنند. به این راه روش Push-Pull می‌گویند. این عملگر تنها برای انتشار اطلاعات میان گره‌های آلوده استفاده می‌شود.

۴-۱-۲-۱-۴-۴- شایعه پراکنی

یک حالت خاص از الگوریتم‌های اپیدمی الگوریتم شایعه پراکنی است. الگوریتم شایعه پراکنی کاملاً با مفهوم شایعه پراکنی در زندگی واقعی قابل مقایسه است. فرض کنید فرد A خبر مهمی دارد که قصد انتشار آن را داشته باشد، او ممکن است با دوستش فرد B تماس بگیرد و خبر را به او بدهد، فرد B مانند فرد A مایل است که خبر را انتشار دهد. اما زمانی که او خبر را به فرد C بدهد و متوجه شود که C قبل از خبر آگاه بوده تمایلش برای انتشار خبر با احتمال $\frac{1}{k}$ کم می‌شود. یا در اصلاح جز گره‌های "حذف شده" می‌شود [۸۲].

الگوریتم شایعه پراکنی گارانتی نمی‌کند که گره‌ها در نهایت به روز شوند [۸۰]. می‌توان نشان داد که زمانی که تعداد گره‌های زیادی در اپیدمی شرکت می‌کنند نسبت $\tilde{\sigma}$ از گره‌ها از اطلاعات بی‌اطلاع هستند. آن‌هایی که مستعد باقی می‌مانند رابطه (۴-۶) را ارضاء می‌کنند [۸۱].

¹⁷ Susceptible

¹⁸ Removed

¹⁹ Anti-entropy

$$\tilde{s} = e^{-(k+I)(I-\tilde{s})} \quad (6-4)$$

۲-۴-۴- روش ترکیبی

همان طور که قبلاً ذکر شد، به منظور مینیمم‌سازی رابطه (۴۹-۲) در این بخش از ترکیب الگوریتم‌های بهینه‌سازی اجتماع مورچگان و شایعه‌پراکنی استفاده شده است. در این بخش فرض می‌شود که هر مکان یک مورچه است و هدف اجتماع مورچگان بهینه‌سازی تابع انرژی موجود در رابطه (۴۹-۲) می‌باشد. در این صورت احتمال اینکه در زمان $t+1$ مورچه‌ای مسیر s به λ را انتخاب کند با رابطه (۷-۴) بدست می‌آید [۸۲]. که $\tau_{s,\lambda}^{(t)}$ فرمون موجود در مسیر s به λ در زمان فعلی، $\eta_{s,\lambda}$ اطلاعات اکتشافی برای پیمودن مسیر s به λ ، Γ مجموعه موقعیت‌های ممکن برای مورچه (مجموعه تمامی برچسب‌ها) و α و β به ترتیب نمایانگر تاثیر فرمون و اطلاعات اکتشافی است.

$$P_{s,\lambda}^{(t+1)} = \frac{\left(\tau_{s,\lambda}^{(t)}\right)^\alpha (\eta_{s,\lambda})^\beta}{\sum_{l \in \Gamma} \left(\tau_{s,l}^{(t)}\right)^\alpha (\eta_{s,l})^\beta} \quad (7-4)$$

از آن جایی که هدف یافتن انرژی مینیمم است، بهتر است که هر مورچه مسیری را پیدا کند که انرژی محلی را مینیمم می‌کند. در نتیجه شایستگی انتخاب هر مسیر وابسته به انرژی محلی است. به این منظور در این پایان‌نامه مقدار $\eta_{s,\lambda}$ را با کمک مقدار انرژی محلی $U_{L_s,\lambda}$ موجود در رابطه (۷-۴)، طبق رابطه (۹-۴) محاسبه می‌کنیم. منظور از $(\mu_\lambda, \sigma_\lambda)$ پارامترهای میانگین و واریانس مقصد یا بافت با برچسب λ پارامتر دما، V_c تابع اختلاف پتانسیل، C_s مجموعه دسته‌های ممکن برای مورچه (مکان) s می‌باشد. در این پایان‌نامه از اختلاف پتانسیل دسته‌های سه بعدی شرح داده شده در بخش (۲-۴) استفاده شده است. رابطه (۹-۴) در واقع بازه مقادیر انرژی را مثبت می‌کند.

$$U_{L_s,\lambda} = \frac{(x_s - \mu_\lambda)^2}{2\pi\sigma_\lambda^2} + \ln \sqrt{2\pi} \sigma_\lambda + \frac{\sum_{c \in C_s} V_c}{T} \quad (8-4)$$

$$\eta_{s,\lambda} = -U_{L_{s,\lambda}} + | \min(-U_{L_{s,\lambda}}) | \quad (9-4)$$

در الگوریتم اجتماع مورچگان ماتریس فرمان‌ها در دو مرحله محلی و عمومی به روز می‌شود. که در ادامه به هر یک پرداخته می‌شود.

۱-۲-۴-۴- به روز رسانی محلی ماتریس فرمان

در به روز رسانی محلی ماتریس فرمان به ازای حرکت هر مورچه از مسیر s به λ به صورت رابطه (۱۰-۴) به روز رسانی محلی می‌شود [۸۲].

$$\tau_{s,\lambda}^{(t+1)} = (I - \rho) \cdot \tau_{s,\lambda}^{(t)} + \rho \Delta \tau_{s,\lambda} \quad (10-4)$$

ρ نرخ تبخير محلی فرمان، $\Delta \tau_{s,\lambda}$ نمایانگر میزان شایستگی مسیر انتخابی s به λ می‌باشد که با آن تاثیر روشنایی هر وکسل در انتخاب صحیح مقصد لحاظ می‌شود و با رابطه (۱۱-۴) تعریف شده است که $x_s \in X$ روشنایی مکان s و μ_λ میانگین برحسب بافت مقصد (λ) می‌باشد.

$$\Delta \tau_{s,\lambda} = e^{-|x_s - \mu_\lambda|} \quad (11-4)$$

۱-۲-۴-۴- به روز رسانی عمومی ماتریس فرمان

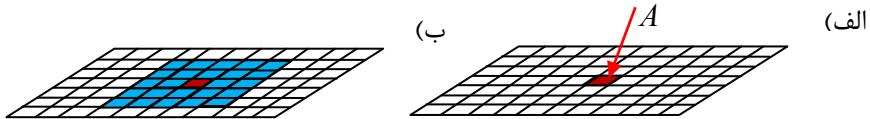
به روز رسانی عمومی ماتریس فرمان پس از حرکت تمامی مورچه‌ها طبق رابطه (۱۲-۴) انجام می‌گیرد [۸۲]. که ψ نرخ تبخير عمومی فرمان و $\tau^{(t)}$ ماتریس فرمان جاری و U مقدار تابع انرژی میدان جواب که در رابطه (۴۹-۲) شرح داده شده، می‌باشد.

$$\tau^{(t+1)} = (I - \psi) \cdot \tau^{(t)} + \psi \left| \frac{\Delta U}{U_{old}} \right| \quad (12-4)$$

۱-۲-۴-۳- به روز رسانی با الگوریتم شایعه‌پراکنی

در این پژوهش پس از به روز رسانی عمومی، از مفهوم الگوریتم شایعه‌پراکنی محلی برای بهبود ماتریس فرمان استفاده شده است [۸۳]. فرض شده است که هر مورچه A ، نقش یک گره در شبکه را

بازی می‌کند. به منظور تسهیل در به کارگیری الگوریتم شایعه‌پراکنی از همسایگی بیست و چهارتایی مطابق شکل (۴-۶) استفاده شده است.



شکل ۴-۶- همسایگی محلی در به روز رسانی با الگوریتم شایعه‌پراکنی، الف- مورچه A به عنوان یک گره در شبکه، ب- $N_g(A)$ پنجره همسایگی محلی مورچه A

به روز رسانی ماتریس با این الگوریتم در دو مرحله انجام می‌شود. ابتدا هر مورچه A مجموعه همسایگانش یعنی $N_g(A)$ را پیدا می‌کند. سپس عملگرهای Pull و Push اجرا می‌گردد:

الف) عملگر Push

در این مرحله مورچه A با تاثیر بر فرمون مسیرهای ممکن همسایگانش، به آن‌ها کمک می‌کند که مسیر خود را پیدا کنند. به این صورت که A فرمون مسیرهای مجموعه (A) به λ^* ، با شرط آن که λ^* بهترین مسیر برای A بوده و (۱۳-۴) به روز رسانی می‌کند که در آن γ میزان افزایش فرمون می‌باشد و $I - \frac{(x_A - x_r)}{255}$ میزان شایستگی انتخاب هر یک از مسیرهای ممکن را در عبارت لحاظ می‌کند. در اینجا λ^* به صورت یک شایعه در همسایگی A منتشر می‌شود.

$$\tau_{r,\lambda^*} = \tau_{r,\lambda^*} + \gamma \cdot \left[I - \frac{(\mu_{\lambda^*} - x_r)}{255} \right], r \in \bar{N}_g(A) \quad (13-4)$$

زیر مجموعه‌ای از همسایگان محلی A است که به صورت تصادفی بر اساس میزان تمایل شایعه‌پراکنی A به دست می‌آید. اگر بهترین مسیر قبلی هر یک از همسایگان، با λ^* یکی باشد یعنی آن همسایه قبلاً آلوده بوده و نیازی به آلوده شدن مجدد ندارد. در این صورت تمایل شایعه‌پراکنی A در تکرار بعدی الگوریتم با رابطه (۱۴-۴) به روز می‌شود. که در آن $N_g(A)$ تمامی

همسایگان محلی، $N_g^{u(t-1)}(A)$ همسایگانی است که قبل از آنده بوده‌اند و قبل از روز شده‌اند و منظور از $|A|$ اندازه مجموعه است. در این صورت $\bar{N}_g(A)$ با کمک رابطه (۱۵-۴) به دست می‌آید.

مقدار \tilde{s} در ابتدای الگوریتم یک است و در هر تکرار به روز می‌شود.

$$\tilde{s} = \left[I - \left(\frac{|N_g^{u(t-1)}(A)|}{|N_g(A)|} \right) \right] \quad (14-4)$$

$$\bar{N}_g(A) = \tilde{s} \times |N_g(A)| \quad (15-4)$$

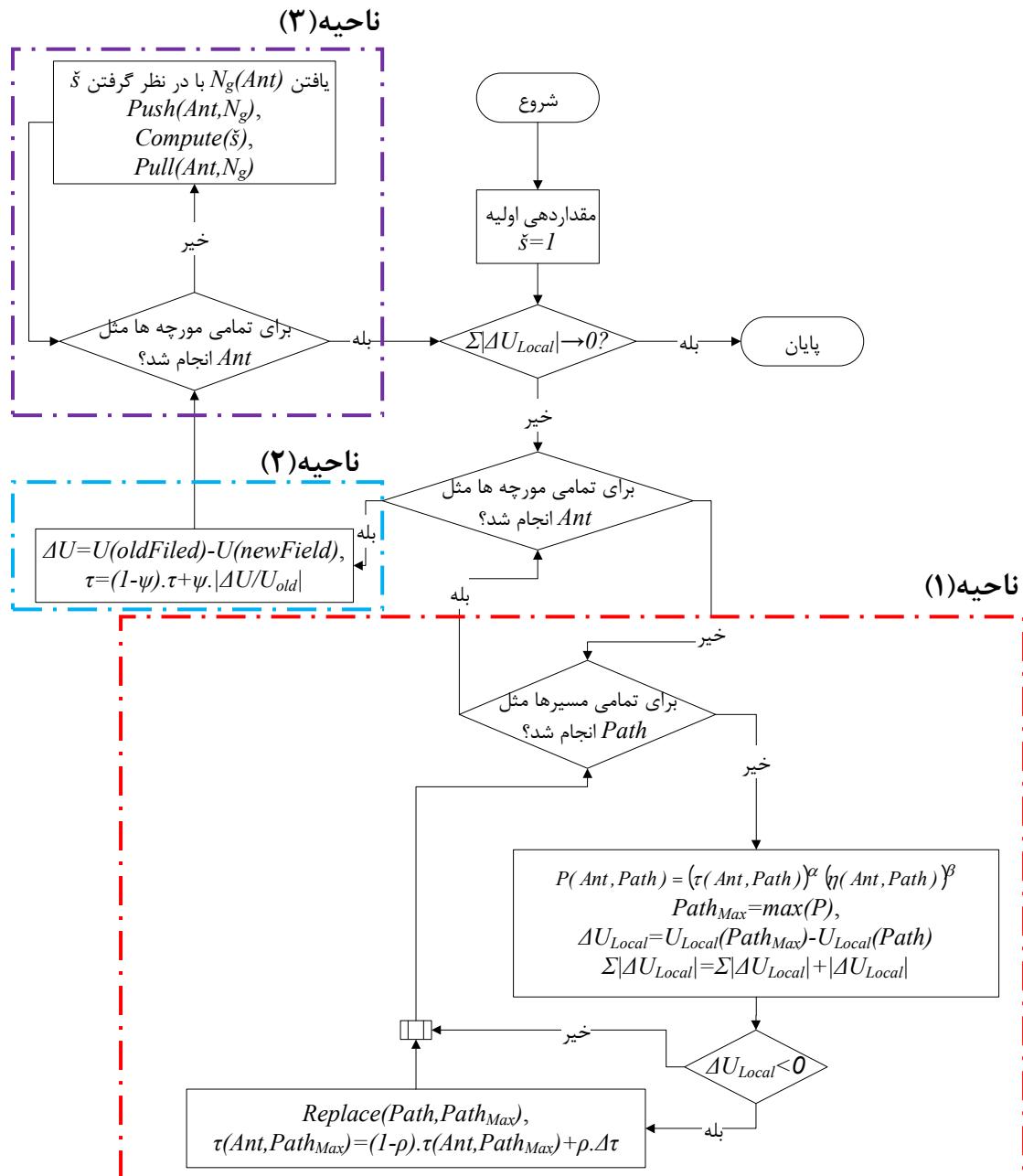
ب) عملگر Pull

در این مرحله مورچه A از تجربیات همسایگانش برای یافتن مسیر بهتر کمک می‌گیرد. مسیر A به موقعیت‌های ممکن $\Gamma \in l$ ، توسط رابطه (۱۶-۴) به روز می‌شود. که در آن منظور از $(l)\phi$ فراوانی نسبی مسیر همسایگان A به l در همسایگی محلی تعریف شده و γ میزان افزایش فرمون می‌باشد.

$$\tau_{A,l} = \tau_{A,I} + \gamma \cdot \phi(l), l \in \Gamma \quad (16-4)$$

در نهایت شکل (۷-۴) فلوچارت سیستم را نمایش می‌دهد. همان طور که در تصویر مشخص شده و قبل از شرح داده شد الگوریتم دارای سه به روز رسانی محلی (ناحیه خط‌چین شده شماره ۱)، روز رسانی عمومی (ناحیه خط‌چین شده شماره ۲) و به روز رسانی با الگوریتم شایعه‌پراکنی (ناحیه خط‌چین شده شماره ۳) می‌باشد. الگوریتم با یک جواب اولیه آغاز می‌شود. در هر تکرار الگوریتم در ناحیه شماره (۱) ابتدا مسیر انتخابی مورچه‌ها با بیشترین احتمال تعیین می‌شود. این مسیر با مسیر قبلی مورچه جایگزین می‌شود به شرط آن که انرژی محلی کمتری از مسیر قبلی مورچه داشته باشد. با جایگزینی فرمون مسیر جدید به طور محلی به روز می‌شود. این مراحل برای تمامی مورچه‌ها انجام می‌شود. سپس در ناحیه شماره (۲) فلوچارت ماتریس فرمون به روز رسانی عمومی می‌شود. در نهایت در ناحیه شماره (۳) ماتریس فرمون با یافتن همسایگی هر مورچه و انجام دو عملگر Push و Pull

ماتریس فرمون را به روز می‌کند. در این الگوریتم نیز شرط همگرایی به جواب آن است که مجموع قدر مطلق تغییرات محلی ارزی به سمت صفر میل کند.



شکل ۷-۴- فلوچارت الگوریتم روش ترکیبی میدان تصادفی مارکوف، اجتماع مورچگان و الگوریتم شایعه پراکنی

فصل پنجم - مجموعه دادگان و آزمون الگوریتم‌های

ناحیه‌بندی

۱-۵- مقدمه

در این فصل به بررسی دقت و کارایی الگوریتم‌های پیشنهادی و مقایسه آن با مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف پرداخته می‌شود. منظور از مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف، مدلی است که از الگوریتم تبرید فلزات به منظور بهینه‌سازی استفاده می‌نماید. الگوریتم‌های پیشنهادی طبق بخش‌های (۳-۴) و (۴-۴) به ترتیب شامل ترکیب مدل میدان تصادفی مارکوف به همراه الگوریتم تبرید فلزات و الگوریتم ژنتیک (روش پیشنهادی اول) و ترکیب مدل میدان تصادفی مارکوف به همراه الگوریتم اجتماع مورچگان و الگوریتم شایعه‌پراکنی (روش پیشنهادی دوم) می‌باشد. تمامی الگوریتم‌ها با کمک زبان برنامه‌نویسی Matlab نسخه ۷/۲ بر روی سیستم اینتل پنتیوم چهار و Cpu با مشخصه ۲-GHz و حافظه‌ی ۳ گیگابایت پیاده‌سازی شده‌اند.

۲-۵- مجموعه تصاویر

همان طور که در فصول قبل اشاره شد الگوریتم‌های مطرح شده برای دو دسته از تصاویر MR شامل تصاویر سه بعدی و تصاویر چند طیفی طراحی شده‌اند. در ادامه به مشخصات تصاویر استفاده شده در این پایان‌نامه پرداخته می‌شود.

۳-۱-۱- مجموعه تصاویر سه بعدی

در این تحقیق به منظور ناحیه‌بندی تصاویر از مجموعه داده^۱ استاندارد تصاویر واقعی مغز سه بعدی IBSR^۲ استفاده شده است. این مجموعه داده توسط مرکز آنالیز مورفومتریک در بیمارستان عمومی ماساچوست تهیه شده است و از آدرس <http://www.cma.mgh.harvard.edu/ibsr/> قابل دسترس است. تصاویر IBSR شامل دو دسته تصاویر مغز فرد سالم و مغز فرد بیمار همراه با تومور

¹ Dataset

² Internet Brain Segmentation Repository

می‌باشد. تصاویر افراد بیمار با کمک داروی Gadolinium گرفته شده است. تصاویر این مجموعه دارای معایب نظری پایین بودن وضوح تصویر و غیر یکنواخت بودن روشنایی در تصاویر می‌باشد. این معایب در مجموعه تصاویر این امکان را فراهم می‌آورد که بتوان میزان کارایی نتایج ناحیه‌بندی روش‌های پیشنهادی را بر روی تصاویر با پیچیدگی‌ها و ناپایداری متفاوت، نسبت‌های متفاوت سیگنال به نویز^۳، نسبت‌های متفاوت روشنایی به نویز^۴ و غیر یکنواختی قابل توجه روشنایی در تصویر سنجید.

در این پایان‌نامه برای آزمایش الگوریتم‌ها بر روی تصاویر مغز سالم از زیر شاخه تصاویر سه بعدی وزن‌دار T1 گرفته شده از مغز افراد سالم اعم از زن و مرد و در فاصله سنی ۲۰ تا ۳۸ سال و ناحیه‌بندی مرجع آن‌ها می‌باشد. به منظور ناحیه‌بندی تصاویر از روش نیمه اتوماتیک Intensity Contour Mapping و هیستوگرام سیگنال روشنایی استفاده شده است [۸۴]. در این روش بعد از آن که مرز خارجی با کمک الگوریتم Intensity Contour Mapping مشخص شده مرزهای ماده سفید و خاکستری مغز با کمک هیستوگرام سیگنال روشنایی تعیین شده است. تصاویر مغز درگیر تومور نیز از دو زیر شاخه IBSR انتخاب شده است. این زیر شاخه‌ها حاوی تصاویر اسکن شده از مغز دو فرد بیمار در طی سه سال و نیم با فاصله زمانی شش ماه می‌باشد. تصاویر مغز بیمار اول حاوی ناحیه‌بندی دستی تومور می‌باشد که به عنوان ناحیه‌بندی مرجع از آن استفاده می‌شود.

قبل از ناحیه‌بندی لازم است که قسمت مغز از سایر بافت‌ها شامل جمجمه، ماهیچه و پوست جدا شود. به این عمل حذف جمجمه^۵ می‌گویند. به منظور حذف جمجمه از قسمت اصلی بافت مغز در تصاویر مغز سالم از روش معروف BET^۶ در بسته نرم‌افزاری FSL استفاده شده است [۸۵]. این روش

³ Signal to noise ratio

⁴ Contrast to noise ratio

⁵ De-skulling

⁶ Brain Extraction Tool

یک روش دگردیس‌پذیر^۷ برای حذف جمجمه می‌باشد. همچنین از آن جایی که روش BET برای تصاویر حاوی تومور خوب جواب نمی‌دهد برای حذف جمجمه و ماهیچه‌ها از تصاویر مغز درگیر تومور از الگوریتم تبدیل حوضچه^۸ استفاده شده است [۸۶]. به طور کلی مشخصات تصاویری که در این پایان‌نامه به منظور آزمایش انتخاب می‌شود، شامل مشخصات اسکنر، اندازه وکسل و نحوه تصویربرداری، در جدول (۱-۵) شرح داده شده است.

جدول ۱-۵- مشخصات تصاویر استفاده شده از IBSR

نحوه تصویربرداری	اندازه وکسل	مشخصات اسکنر	نوع تصویر
وزن دار T1 حلقه‌ای	ابعاد ۱ میلیمتر و ضخامت ۳ میلیمتر	۱.۵ تسلا زیمنس ۱.۵ تسلا جنرال الکتریک	تصاویر مغز سالم
وزن دار T1 به همراه Gadolinium حلقه‌ای و محوری	ابعاد ۰.۹۳۷۵ میلیمتر و ضخامت ۳ میلیمتر، ضخامت ۱.۸ میلیمتر و ضخامت ۱.۷ میلیمتر	۱.۵ تسلا جنرال الکتریک	تصاویر مغز بیمار درگیر تومور

۲-۲-۵- مجموعه تصاویر چند طیفی

برای تصاویر چند طیفی از تصاویر شبیه‌سازی شده BrainWeb استفاده شده است. این مجموعه داده در آدرس <http://www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb> قابل دسترس است. این مجموعه داده شامل تصاویر شبیه‌سازی شده وزن دار T1، T2 و PD می‌باشد به همراه ناحیه‌بندی بافت‌های مختلف آن می‌باشد. به منظور حذف جمجمه در این تصاویر از روش BET استفاده شده است.

۳-۵- معیار شبه است

در این تحقیق به منظور نمایش دقیق نتایج ناحیه‌بندی حاصل از روش‌های مطرح شده طبق رابطه (۱-۵) از معیار شباهت ضریب Dice [۸۷] میان نتیجه ناحیه‌بندی مرجع^۹ و نتیجه ناحیه‌بندی با روش اتوماتیک استفاده شده است.

⁷ Deformable

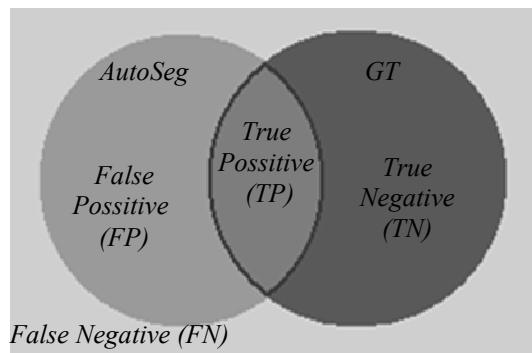
⁸ Watershed Transform

⁹ Ground Truth (GT)

$$\kappa = \frac{2|AutoSeg \cap GT|}{(|AutoSeg| + |GT|)} \quad (1-5)$$

که در آن‌ها منظور از GT ناحیه‌بندی مرجع، $AutoSeg$ نتیجه ناحیه‌بندی با روش اتوماتیک و $|.$ اندازه مجموعه می‌باشد. مقدار این معیار در بدترین حالت که هیچ اشتراکی میان دو ناحیه‌بندی نیست صفر و در بهترین حالت که دو ناحیه‌بندی با هم یکسان هستند یک می‌باشد. این معیار شباهت را می‌توان با توجه به شکل (۱-۵) با رابطه (۲-۵) نیز تعریف نمود.

$$\kappa = \frac{2 \times TP}{(FP + TP) + (TP + TN)} \quad (2-5)$$



شکل ۱-۵ - تعریف پارامتر شباهت

۴-۵- ناحیه‌بندی تصاویر MR

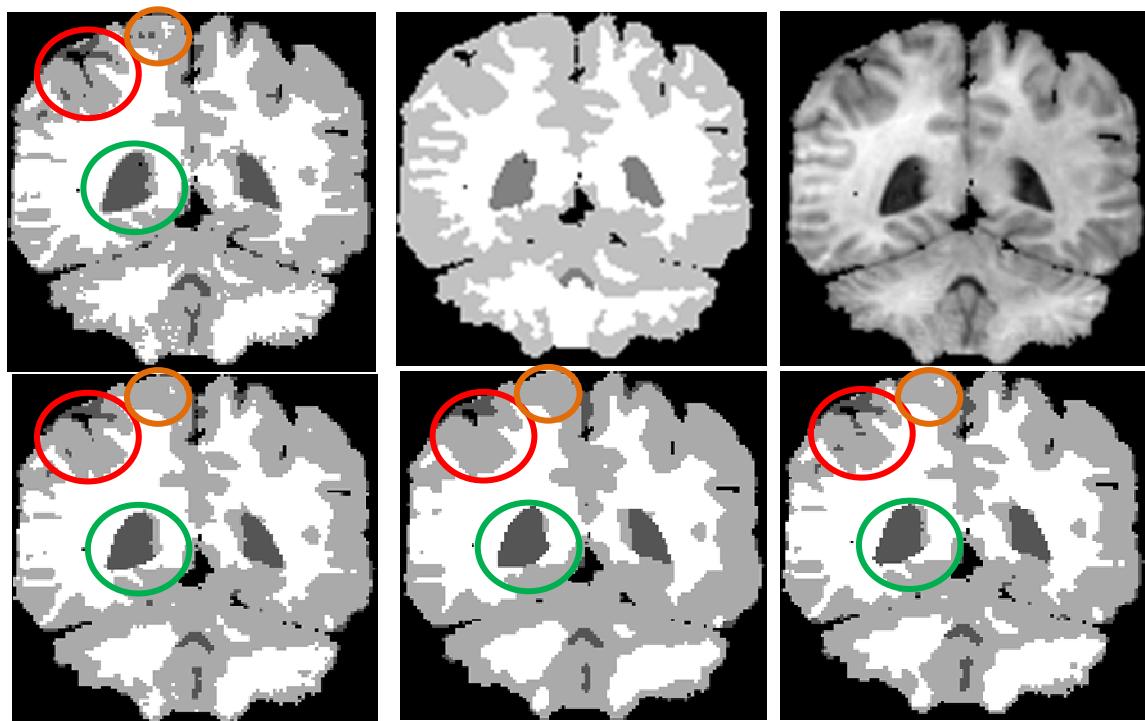
در این پایان‌نامه نتایج ناحیه‌بندی برای چهار مدل ترکیب گوسی، مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف، مدل میدان تصادفی مارکوف به همراه الگوریتم‌های تبرید فلزات و ژنتیک و مدل میدان تصادفی مارکوف به همراه ترکیب الگوریتم‌های اجتماع مورچگان و شایعه‌پراکنی بررسی شده است.

۴-۱- ناحیه‌بندی تصاویر سه بعدی MR مغز سالم

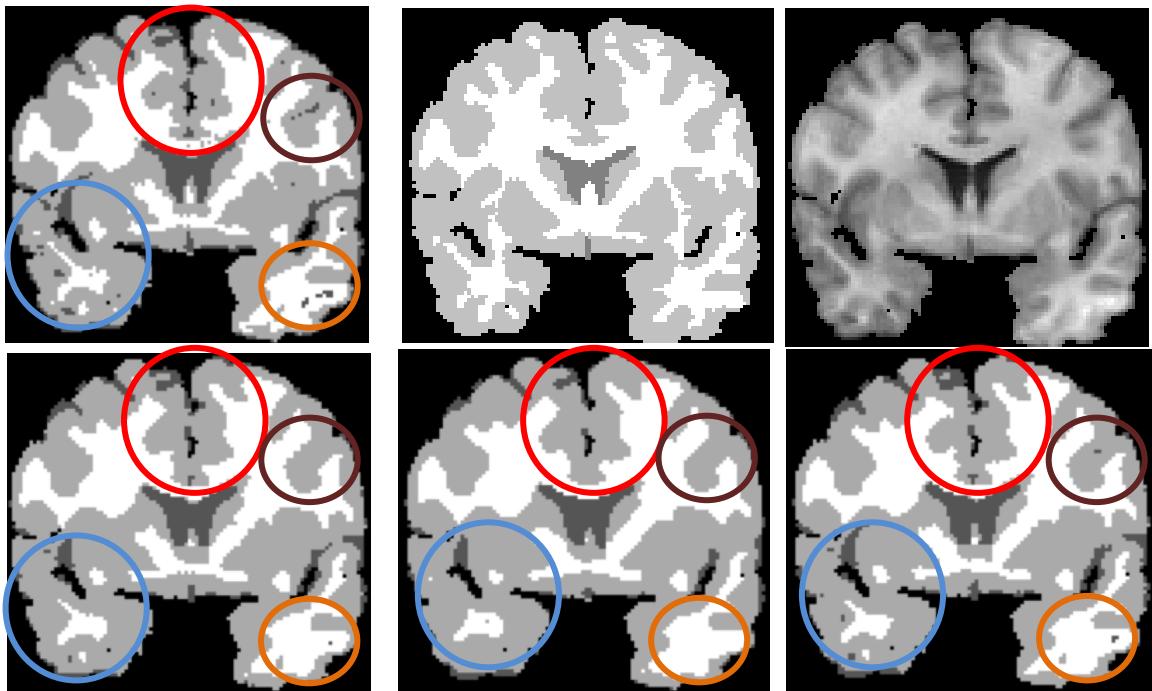
شکل‌های (۳-۵) و (۳-۵) نتیجه ناحیه‌بندی روش‌های مختلف را بر روی دو برش مغز ۵/۸-۸/۵ و ۳/۵-۵/۸ موجود در مجموعه داده IBSR را نمایش می‌دهد. با توجه به نواحی مشخص شده با دایره

می‌توان به کارایی هر یک از روش‌ها پی برد. همان‌طور که مشاهده می‌شود از آنجایی که مدل ترکیب گوسی پیوستگی‌های طیفی بین وکسل‌ها را در نظر نمی‌گیرد و داده‌ها را مستقل فرض می‌کند، علیرغم سرعت مناسب، از نتیجه مطلوبی برخوردار نمی‌باشد. در مقابل روش‌های بر پایه مدل تصادفی مارکوف به خوبی این مشکل را رفع کرده‌اند و نسبت به نویز مقاوم هستند.

جدول (۲-۵) نتایج معیار شبه است Dice برای چهار بافت ناحیه‌بندی شده شامل زمینه، ماده سفید مغز، ماده خاکستری مغز و مایع نخاعی را نمایش می‌دهد. برای سهولت مقایسه شکل (۴-۵) نمودار میله‌ای میانگین مقدار معیار شبه است Dice برای هر یک از تصاویر و هر یک از روش‌های مطرح شده را نمایش می‌دهد. با مقایسه مقدار معیار شبه است Dice میان روش‌ها می‌توان دریافت که دو روش پیشنهاد شده نتایج بهتری را نسبت به روش استاندارد به دست می‌آورند.



شکل ۲-۵- نتیجه ناحیه‌بندی برای برش ۲۰/۸-۵، ردیف بالا: تصویر اصلی، ناحیه‌بندی مرجع، نتیجه مدل ترکیب گوسی، ردیف پایین: نتیجه مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف، نتیجه الگوریتم پیشنهادی اول، نتیجه الگوریتم پیشنهادی دوم



شکل ۳-۵- نتیجه ناحیه‌بندی برای برش ۳/۵-۸، ردیف بالا: تصویر اصلی، ناحیه‌بندی مرجع، نتیجه مدل ترکیب گوسی، ردیف پایین: نتیجه مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف، نتیجه الگوریتم پیشنهادی اول، نتیجه الگوریتم پیشنهادی دوم

همچنین با توجه به جدول (۲-۵) میانگین مقدار ضربی Dice روش استاندارد میدان تصادفی مارکوف برای بافت‌های متفاوت به ترتیب عبارت است از ۰/۹۹۵ برای زمینه، ۰/۷۸۲ برای ماده سفید، ۰/۸۲۰ برای ماده خاکستری و ۰/۲۸۳ برای مایع نخاعی. این مقادیر برای روش پیشنهاد شده ترکیبی مدل میدان تصادفی مارکوف به همراه الگوریتم‌های تبرید فلزات و ژنتیک به ترتیب عبارت است از ۰/۹۹۵، ۰/۷۹۸، ۰/۸۰۸ و ۰/۳۱۱. در مقابل همین مقادیر برای روش ترکیبی مدل میدان تصادفی مارکوف به همراه الگوریتم‌های اجتماع مورچگان و شایعه‌پراکنی برابر است با ۰/۹۹۶، ۰/۷۹۰، ۰/۸۲۰ و ۰/۲۹۵. این نتایج نشان می‌دهد که روش‌های پیشنهادی از نظر صحت ناحیه‌بندی کاملاً با روش استاندارد میدان تصادفی مارکوف قابل مقایسه هستند.

به علاوه در جدول (۲-۵) مقدار زمان محاسباتی روش‌های مختلف را بر روی تصاویر مختلف نمایش داده شده است. برای سهولت مقایسه این مقادیر در نمودار میله‌ای شکل (۵-۵) نیز نمایش داده شده است. همان طور که مشاهده می‌شود درصد کاهش زمان محاسباتی برای روش پیشنهادی

اول در مقایسه با روش استاندارد ۹۳/۸۹٪ و برای روش پیشنهادی دوم برابر با ۸۵/۵۹٪ درصد می‌باشد. در نتیجه روش‌های پیشنهاد شده سرعت محاسبه را به طور چشم‌گیری افزایش می‌دهند که این مساله برای استفاده در محیط‌های بلاذرنگ بسیار با ارزش می‌باشد.

در جدول (۲-۵) مقدار انرژی جوابی که هر یک از روش‌ها به دست آورده‌اند نمایش داده شده است. همان طور که قبلاً اشاره شده در روش استاندارد میدان تصادفی مارکوف از دسته‌های دو بعدی استفاده شده است و در روش‌های پیشنهادی دسته‌ها سه بعدی در نظر گرفته شده است. در ضمن روش پیشنهادی اول به جواب با مقدار انرژی کوچک‌تری نسبت به روش پیشنهادی دوم دست می‌یابد که این نشان دهنده آن است که نتیجه ناحیه‌بندی روش پیشنهادی اول هموارتر^{۱۰} می‌باشد.

در نهایت جدول (۳-۵) نتایج ناحیه‌بندی را برای چهار روش یاد شده بر روی نمونه‌های بیشتری از تصاویر مجموعه داده IBSR نمایش می‌دهد. با توجه به این تصاویر می‌توان دریافت که مدل پیشنهادی ترکیب میدان تصادفی مارکوف و الگوریتم‌های تبرید فلزات و ژنتیک با توجه به نویز تصویر نتیجه بهتری را ارائه می‌دهد.

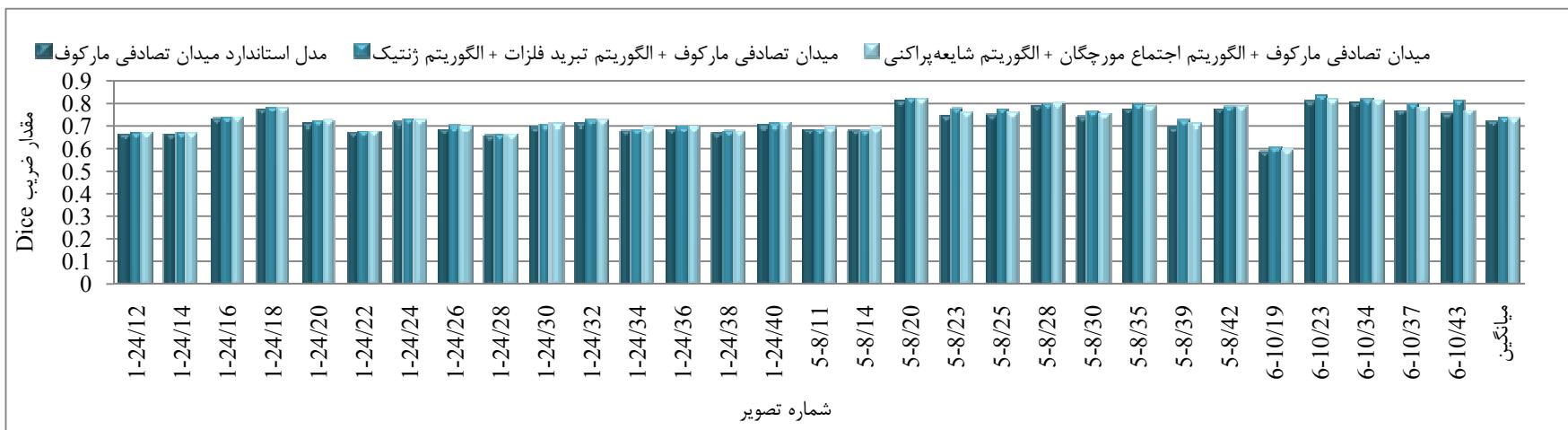
¹⁰ Smooth

جدول ۲-۵- نتایج ضریب Dice و زمان محاسباتی حاصل از ناحیه‌بندی تصاویر مغز سالم

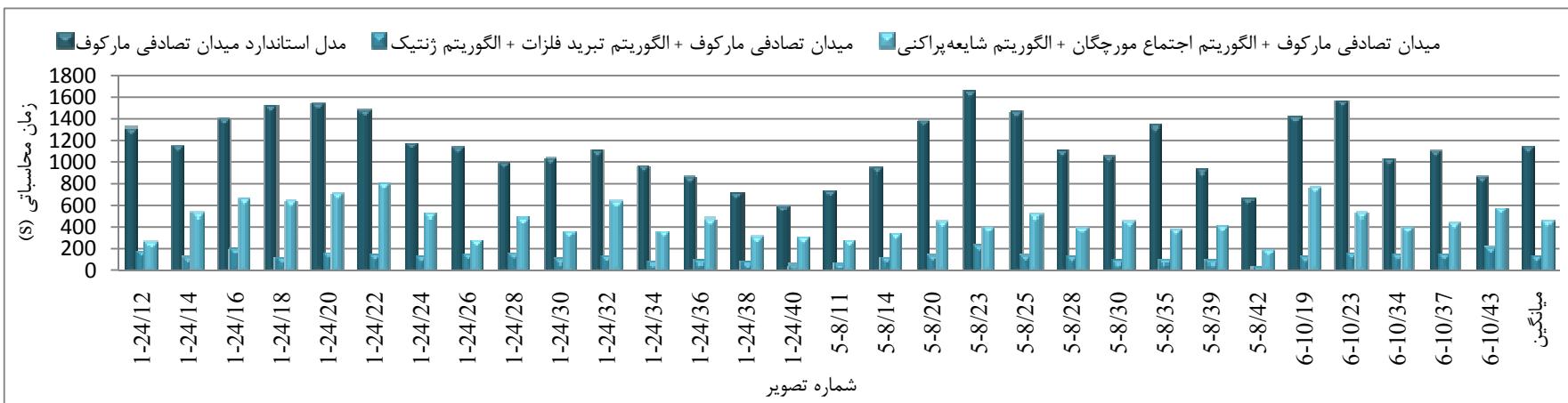
شماره تصویر IBSR	ناحیه‌بندی با مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف																	
	ناحیه‌بندی با میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم اجتماعی مورچگان + الگوریتم شایعه پراکنی					ناحیه‌بندی با میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم تبرید فلزات + الگوریتم زنتیک					ناحیه‌بندی با مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف							
	ازدیاد دسته‌های نه بعدی	زمان محاسبه (س)	Dice ضریب				ازدیاد دسته‌های نه بعدی	زمان محاسبه (س)	Dice ضریب				ازدیاد دسته‌های نه بعدی	زمان محاسبه (س)	Dice ضریب			
			نئوناتال	ماده	کاستری	سفید	نئوناتال	ماده	کاستری	سفید	نئوناتال	ماده	نئوناتال	ماده	کاستری	سفید	نئوناتال	
۱۱۱۳۰	۲۶۴	۰.۰۱۴	۰.۸۶۳	۰.۸	۰.۹۹۹	۷۳۰۴	۱۶۹	۰.۰۱۳	۰.۸۳۹	۰.۸۱۱	۰.۹۹۹	۱۳۴۰۰	۱۳۱۴	۰.۰۱۳	۰.۸۶۵	۰.۷۸۶	۰.۹۹۹	۱-۲۴/۱۲
۱۱۲۷۰	۵۲۳	۰.۰۵۱	۰.۸۱۶	۰.۸۰۶	۰.۹۹۸	۷۷۴۸	۱۱۲	۰.۰۴۴	۰.۸۱۳	۰.۸۱۲	۰.۹۹۸	۱۴۲۸۰	۱۱۵۳	۰.۰۴۶	۰.۸۱۹	۰.۷۹۶	۰.۹۹۷	۱-۲۴/۱۴
۱۰۴۱۰	۶۵۸	۰.۱۷۱	۰.۹۲۲	۰.۸۴۲	۰.۹۹۹	۶۹۲۱	۱۸۹	۰.۱۹	۰.۸۹۴	۰.۸۴۲	۰.۹۹۸	۱۴۲۷۰	۱۳۹۹	۰.۱۶۳	۰.۹۲۶	۰.۸۳۵	۰.۹۹۹	۱-۲۴/۱۶
۱۰۶۷۰	۶۴۰	۰.۳۷۶	۰.۸۸	۰.۸۴۸	۰.۹۹۷	۸۱۸۷	۱۰۶	۰.۴۰۱	۰.۸۶۴	۰.۸۵۲	۰.۹۹۷	۱۴۳۵۰	۱۵۱۸	۰.۳۷۳	۰.۸۸۷	۰.۸۴۵	۰.۹۹۸	۱-۲۴/۱۸
۱۱۸۴۰	۷۰۶	۰.۲۳۹	۰.۸۵۹	۰.۷۷۶	۰.۹۹۹	۸۸۲۱	۱۵۳	۰.۲۴۴	۰.۸۴۵	۰.۷۸	۰.۹۹۸	۱۵۲۱۰	۱۵۴۳	۰.۲۲۴	۰.۸۶	۰.۷۶۱	۰.۹۹۸	۱-۲۴/۲۰
۹۸۳۷	۸۰۵	۰.۱۶۱	۰.۸۵۲	۰.۶۹۳	۰.۹۹۹	۷۰۷۹	۱۳۵	۰.۱۵۹	۰.۸۴۷	۰.۶۹۸	۰.۹۹۸	۱۳۰۶۰	۱۴۷۷	۰.۱۶۲	۰.۸۵۱	۰.۶۸۷	۰.۹۹۹	۱-۲۴/۲۲
۸۸۴۴	۵۱۹	۰.۲۸۹	۰.۸۶۸	۰.۷۲۹	۰.۹۹۸	۶۳۷۷	۱۱۸	۰.۳۰۱	۰.۸۶۱	۰.۷۳۷	۰.۹۹۸	۱۲۱۵۰	۱۱۸۱	۰.۲۷۷	۰.۸۷۱	۰.۷۲	۰.۹۹۹	۱-۲۴/۲۴
۸۰۲۷	۲۸۰	۰.۲۱۲	۰.۷۸۹	۰.۷۷۷	۰.۹۹۹	۵۷۴۳	۱۴۰	۰.۲۲۹	۰.۷۷۴	۰.۷۸۴	۰.۹۹۸	۱۰۸۶۰	۱۱۳۹	۰.۱۹۸	۰.۷۸۹	۰.۷۷۲	۰.۹۹۹	۱-۲۴/۲۶
۹۱۰۸	۴۸۳	۰.۱۱۲	۰.۷۷۳	۰.۷۶۷	۰.۹۹۸	۶۳۱۰	۱۴۵	۰.۱۱۸	۰.۷۴۸	۰.۷۷۷	۰.۹۹۷	۱۷۱۰۰	۹۹۰	۰.۱۰۵	۰.۷۷۶	۰.۷۵۸	۰.۹۹۸	۱-۲۴/۲۸
۸۰۹۸	۳۵۷	۰.۲۲۴	۰.۷۸۸	۰.۸۰۹	۰.۹۹۹	۶۵۱۰	۹۷	۰.۲۲۴	۰.۷۷۷	۰.۸۰۷	۰.۹۹۸	۱۱۳۰۰	۱۰۳۷	۰.۲۰۹	۰.۷۸۶	۰.۸۰۲	۰.۹۹۸	۱-۲۴/۳۰
۹۷۶۷	۶۳۵	۰.۲۵	۰.۸۴۶	۰.۷۸۷	۰.۹۹۷	۷۵۳۸	۱۲۳	۰.۲۶۶	۰.۸۲۶	۰.۷۹۳	۰.۹۹۵	۱۲۱۹۰	۱۱۰۷	۰.۲۳۵	۰.۸۴۵	۰.۷۷۳	۰.۹۹۷	۱-۲۴/۳۲
۹۳۷۰	۳۶۰	۰.۲۶۳	۰.۷۵۸	۰.۷۳۸	۰.۹۹۹	۷۸۹۸	۷۴	۰.۲۶۲	۰.۷۴۷	۰.۷۳۷	۰.۹۹۷	۱۱۷۲۰	۹۶۰	۰.۲۴۸	۰.۷۵۸	۰.۷۲۶	۰.۹۹۷	۱-۲۴/۳۴
۹۶۱۳	۴۷۷	۰.۱۷۶	۰.۸۲۳	۰.۷۸۱	۰.۹۹۷	۷۸۵۹	۸۵	۰.۱۸۴	۰.۸۰۵	۰.۷۸۵	۰.۹۹۵	۱۱۶۸۰	۸۷۴	۰.۱۷۲	۰.۸۲۳	۰.۷۷	۰.۹۹۷	۱-۲۴/۳۶
۹۴۴۲	۳۱۰	۰.۱۵	۰.۸۳	۰.۷۲۸	۰.۹۹۷	۸۰۹۶	۷۱	۰.۱۶۲	۰.۸۱۲	۰.۷۳۷	۰.۹۹۷	۱۱۳۰۰	۷۱۶	۰.۱۴	۰.۸۲۹	۰.۷۱۱	۰.۹۹۷	۱-۲۴/۳۸
۷۰۴۶	۳۰۶	۰.۱۵۹	۰.۸۹	۰.۷۸۴	۰.۹۹۹	۶۱۰۰	۵۲	۰.۱۵	۰.۸۷۷	۰.۷۹۱	۰.۹۹۹	۹۰۰۰	۵۹۵	۰.۱۵۷	۰.۸۹۵	۰.۷۶۹	۰.۹۹۹	۱-۲۴/۴۰

جدول ۲-۵- نتایج ضریب Dice و زمان محاسباتی حاصل از ناحیه‌بندی تصاویر مغز سالم

ناحیه‌بندی با میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم اجتماعی مورچگان + الگوریتم شایعه پراکنی										ناحیه‌بندی با میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم تبرید فلزات + الگوریتم زنتیک										شماره تصویر IBSR
ازیزی دسته‌های تعداد زمان محاسبه (س)	Dice ضریب	ناحیه‌بندی با میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم اجتماعی مورچگان + الگوریتم شایعه پراکنی					ازیزی دسته‌های تعداد زمان محاسبه (س)	Dice ضریب												
		نحوه نمایش	نحوه نمایش	نحوه نمایش	نحوه نمایش	نحوه نمایش		نحوه نمایش	نحوه نمایش	نحوه نمایش	نحوه نمایش	نحوه نمایش	نحوه نمایش	نحوه نمایش	نحوه نمایش	نحوه نمایش	نحوه نمایش			
۸۸۶۱	۲۷۶	۰.۰۳۸	۰.۸۸۴	۰.۸۳۹	۰.۹۹۹	۶۸۵۳	۶۵	۰.۰۳۷	۰.۸۶۴	۰.۸۳۵	۰.۹۹۹	۱۰۳۸۰	۷۳۶	۰.۰۳۶	۰.۸۸۸	۰.۸۳۱	۰.۹۹۹	۵-۸/۱۱		
۱۱۸۱۰	۳۴۰	۰.۰۴۶	۰.۸۵۱	۰.۸۵۵	۱	۸۱۴۱	۱۰۸	۰.۰۴۹	۰.۸۱۲	۰.۸۵۱	۰.۹۹۹	۱۳۸۱۰	۹۴۴	۰.۰۴۲	۰.۸۵۵	۰.۸۴۶	۱	۵-۸/۱۴		
۱۲۵۱۰	۴۵۸	۰.۶۴۲	۰.۸۰۳	۰.۸۲۲	۰.۹۹۸	۸۹۹۷	۱۲۸	۰.۶۶۷	۰.۷۹	۰.۸۲۵	۰.۹۹۸	۱۴۹۱	۱۳۷۹	۰.۶۳۳	۰.۸۰۲	۰.۸۱۹	۰.۹۹۸	۵-۸/۲۰		
۱۳۰۵۰	۴۰۷	۰.۴۵۹	۰.۷۸۲	۰.۷۷۶	۰.۹۹۹	۷۵۸۶	۲۲۲	۰.۵۰۸	۰.۷۷۹	۰.۸۰۴	۰.۹۹۸	۱۵۸۶۰	۱۶۶۳	۰.۴۳۴	۰.۷۷۶	۰.۷۶۲	۰.۹۹۸	۵-۸/۲۳		
۱۱۶۶۰	۵۱۱	۰.۳۸۹	۰.۸۲۷	۰.۷۹۲	۱	۸۰۹۱	۱۲۸	۰.۴۵۱	۰.۸۲۵	۰.۸۰۸	۱	۱۴۰۶۰	۱۴۶۶	۰.۳۷۹	۰.۸۲۷	۰.۷۸۷	۰.۹۹۹	۵-۸/۲۵		
۹۲۷۰	۳۹۸	۰.۶۶۵	۰.۷۸۳	۰.۷۴	۱	۷۵۹۶	۱۲۰	۰.۶۳	۰.۷۹۴	۰.۷۵۹	۰.۹۹۹	۱۲۰۴۰	۱۱۰۶	۰.۶۴۶	۰.۷۸۳	۰.۷۴	۱	۵-۸/۲۸		
۱۰۰۱۰	۴۵۸	۰.۵۱۴	۰.۷۳۴	۰.۷۴	۱	۸۱۹۰	۸۵	۰.۵۵۸	۰.۷۳۱	۰.۷۴۸	۱	۱۲۰۴۰	۱۰۵۵	۰.۴۹	۰.۷۳۳	۰.۷۳۵	۱	۵-۸/۳۰		
۸۹۸۳	۳۸۲	۰.۴۶۶	۰.۸۱۴	۰.۸۵۸	۱	۷۰۹۳	۹۳	۰.۴۹۹	۰.۸۰۹	۰.۸۶۳	۱	۱۱۵۰۰	۱۳۳۹	۰.۴۴	۰.۸۱۲	۰.۸۵۱	۱	۵-۸/۳۵		
۹۵۴۹	۴۱۴	۰.۲۷۲	۰.۷۷۳	۰.۷۷۹	۰.۹۹۹	۷۳۲۷	۸۲	۰.۳۱۷	۰.۷۶۷	۰.۷۹۵	۰.۹۹۹	۱۱۴۸۰	۹۲۹	۰.۲۵	۰.۷۷۴	۰.۷۶۶	۰.۹۹۸	۵-۸/۳۹		
۵۸۰۷	۱۸۷	۰.۳۷۹	۰.۸۶۵	۰.۸۹۴	۱	۵۲۹۲	۴۴	۰.۳۶۴	۰.۸۶۹	۰.۸۹۵	۰.۹۹۹	۷۸۰۸	۶۶۵	۰.۳۴۸	۰.۸۶۸	۰.۸۹۱	۰.۹۹۹	۵-۸/۴۲		
۱۱۱۶۰	۷۶۸	۰.۱۱	۰.۶۳	۰.۷۱۷	۰.۹۱۰	۷۷۱۳	۱۱۳	۰.۱۲۲	۰.۶۴۲	۰.۷۳۴	۰.۹۱۱	۱۴۱۶۰	۱۴۱۹	۰.۱۰۱	۰.۶۲۸	۰.۷۰۹	۰.۹۱۲	۶-۱۰/۱۹		
۱۴۳۲۰	۵۲۴	۰.۶۷	۰.۸۱۴	۰.۷۷۶	۰.۹۹۹	۱۰۰۸۰	۱۴۸	۰.۷۱۹	۰.۸۰۸	۰.۷۹۸	۰.۹۹۸	۱۶۱۷۰	۱۵۶۵	۰.۶۶۷	۰.۸۱	۰.۷۷۲	۰.۹۹۸	۶-۱۰/۲۳		
۱۰۶۸۰	۴۰۲	۰.۵۶۹	۰.۸۴۱	۰.۸۳۷	۰.۹۹۹	۷۶۵۷	۱۳۸	۰.۶۱	۰.۸۱۶	۰.۸۳۳	۰.۹۹۹	۱۲۷۹۰	۱۰۲۷	۰.۵۵۳	۰.۸۴۲	۰.۸۳۱	۰.۹۹۹	۶-۱۰/۳۴		
۱۱۰۹۰	۴۴۶	۰.۴۹	۰.۸۰۹	۰.۸۲۶	۰.۹۹۸	۷۸۱۶	۱۳۸	۰.۵۳۴	۰.۸۰۵	۰.۸۴۲	۰.۹۹۹	۱۲۲۰۰	۱۱۰۵	۰.۴۶۲	۰.۸۰۳	۰.۸۱۳	۰.۹۹۹	۶-۱۰/۳۷		
۸۰۲۹	۵۶۸	۰.۳۵۶	۰.۸۵۵	۰.۸۵۳	۰.۹۹۹	۵۶۶۴	۲۰۴	۰.۴۸۵	۰.۸۶۲	۰.۸۹۸	۰.۹۹۹	۱۰۷۳۰	۸۷۴	۰.۳۲۳	۰.۸۵۳	۰.۸۳۹	۰.۹۹۹	۶-۱۰/۴۳		
۱۰۰۵۹	۴۶۲	۰.۲۹۷	۰.۸۲۱	۰.۷۹۲	۰.۹۹۶	۷۴۲۰	۱۲۰	۰.۳۱۷	۰.۸۱	۰.۸۰۱	۰.۹۹۵	۱۲۲۱۳	۱۱۴۲	۰.۲۸۴	۰.۸۲۱	۰.۷۸۳	۰.۹۹۶	میانگین		



شکل ۴-۵- نمودار میله‌ای مقایسه ضریب Dice در مجموعه تصاویر مغز سالم



شکل ۵- نمودار میله‌ای مقایسه زمان محاسباتی در مجموعه تصاویر مغز سالم

جدول ۳-۵- نتایج ناحیه‌بندی روش‌های مختلف بر روی تصاویر MR مغز سالم

شماره تصویر IBSR	تصویر اصلی	ناحیه‌بندی مرجع	مدل ترکیب گوسی	مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم اجتماع مورچگان + الگوریتم شایعه پراکنی	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم تبرید فلزات + الگوریتم ژنتیک	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم اجتماع مورچگان + الگوریتم شایعه پراکنی
1-۲۴/۱۲							
1-۲۴/۱۴							
1-۲۴/۱۶							
1-۲۴/۱۸							

جدول ۳-۵- نتایج ناحیه‌بندی روش‌های مختلف بر روی تصاویر MR مغز سالم

شماره تصویر IBSR	تصویر اصلی	ناحیه‌بندی مرجع	مدل ترکیب گوسی	مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم اجتماع مورچگان + الگوریتم شایعه پراکنی	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم تبرید فلزات + الگوریتم ژنتیک	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم اجتماع مورچگان + الگوریتم شایعه پراکنی
۱-۲۴/۲۰							
۱-۲۴/۲۲							
۱-۲۴/۲۴							
۱-۲۴/۲۶							

جدول ۳-۵- نتایج ناحیه‌بندی روش‌های مختلف بر روی تصاویر MR مغز سالم

شماره تصویر IBSR	تصویر اصلی	ناحیه‌بندی مرجع	مدل ترکیب گوسی	مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم اجتماع مورچگان + الگوریتم شایعه‌پراکنی	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم تبرید فلزات + الگوریتم ژنتیک
۱-۲۴/۲۸						
۱-۲۴/۳۰						
۱-۲۴/۳۲						
۱-۲۴/۳۴						
۱-۲۴/۳۶						

جدول ۳-۵- نتایج ناحیه‌بندی روش‌های مختلف بر روی تصاویر MR مغز سالم

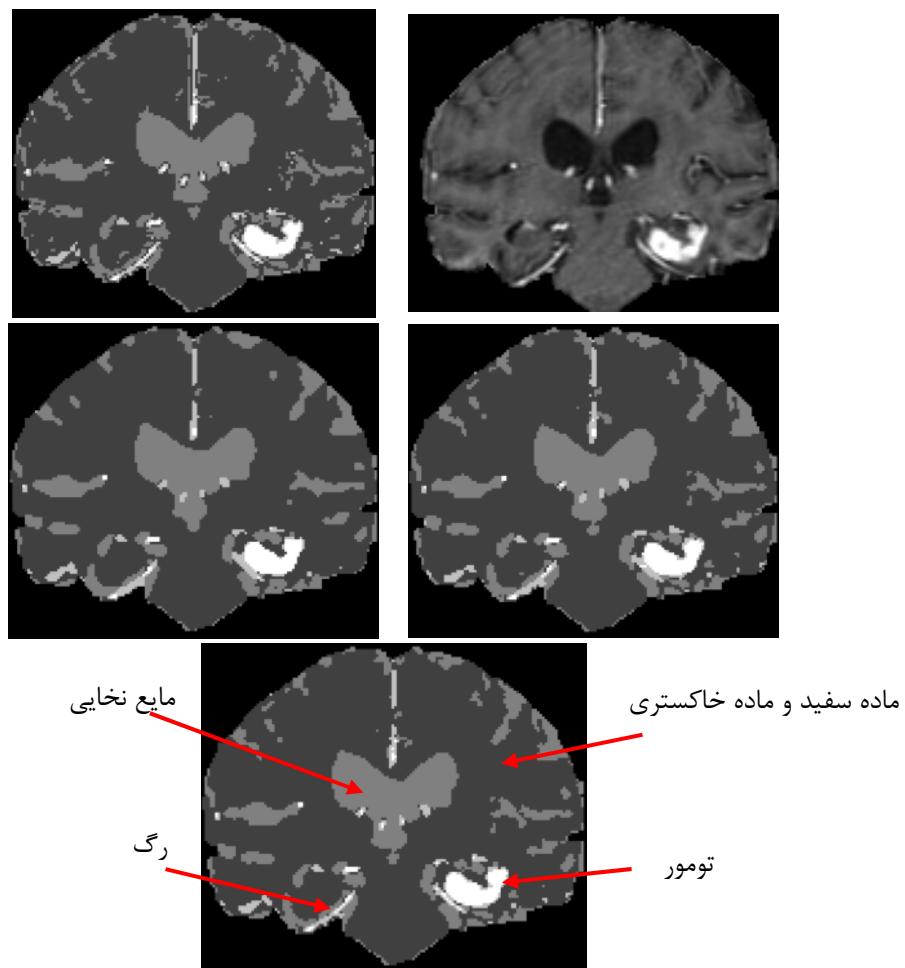
شماره تصویر IBSR	تصویر اصلی	ناحیه‌بندی مرجع	مدل ترکیب گوسی	مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم اجتماع مورچگان + الگوریتم شایعه‌پراکنی	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم تبرید فلزات + الگوریتم رنتیک
۱-۲۴/۳۸						
۱-۲۴/۴۰						
۶-۱۰/۱۹						
۶-۱۰/۲۳						

جدول ۳-۵- نتایج ناحیه‌بندی روش‌های مختلف بر روی تصاویر MR مغز سالم

شماره تصویر IBSR	تصویر اصلی	ناحیه‌بندی مرجع	مدل ترکیب گوسی	مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم اجتماع مورچگان + الگوریتم شایعه‌پراکنی	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم تبرید فلزات + الگوریتم ژنتیک	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم اجتماع مورچگان + الگوریتم شایعه‌پراکنی
۶-۱۰/۳۴							
۶-۱۰/۳۷							
۶-۱۰/۴۳							

۴-۵-۲- ناحیه‌بندی تومور مغز در تصاویر سه بعدی MR

شکل (۶-۵) نتیجه ناحیه‌بندی روش‌های مختلف را برای یک برش مغز درگیر تومور در مجموعه داده IBSR نمایش می‌دهد. همان‌طور که مشاهده می‌شود علیرغم شباهت شدت روشنایی رگ‌ها و توده تومور در تصویر، در نتیجه ناحیه‌بندی به خوبی از هم تفکیک شده‌اند.



شکل ۶-۵- نتیجه ناحیه‌بندی برای برش 27/88i، ردیف (۱): تصویر اصلی، نتیجه مدل ترکیب گوسی ، ردیف (۲): نتیجه مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف، نتیجه الگوریتم پیشنهادی اول، نتیجه الگوریتم پیشنهادی دوم

جدول (۴-۵) نتایج ضریب شباهت Dice را برای بافت تومور ناحیه‌بندی شده و ناحیه‌بندی مرجع و زمان محاسباتی هر یک از روش‌ها را نمایش می‌دهد. همچنین برای راحتی مقایسه این معیار به صورت نمودار میله‌ای برای هر یک از تصاویر به ازای روش‌های مختلف در شکل (۷-۵) نمایش داده

شده است. با مقایسه می‌توان دریافت که مدل میدان تصادفی مارکوف به همراه الگوریتم‌های تبرید فلزات و ژنتیک به خوبی در ناحیه‌بندی تصاویر توموگرافی عمل کرده است و نتایج بهتری را نسبت به روش استاندارد ارائه داده است. در مقابل مدل میدان تصادفی مارکوف به همراه الگوریتم‌های اجتماع مورچگان و شایعه‌پراکنی در این مجموعه تصویر ضعیفتر عمل کرده است. با توجه به جدول (۴-۵) مشاهده می‌شود که میانگین ضریب Dice برای توموگرافی استاندارد میدان تصادفی مارکوف برابر با ۰/۷۳۱، برای مدل میدان تصادفی مارکوف به همراه الگوریتم‌های تبرید فلزات و ژنتیک برابر با ۰/۷۶۰ و برای مدل میدان تصادفی مارکوف به همراه الگوریتم‌های اجتماع مورچگان و شایعه‌پراکنی برابر با ۰/۷۰۸ می‌باشد. با توجه به نتایج روش پیشنهادی اول نتایج ناحیه‌بندی را بهبود داده است.

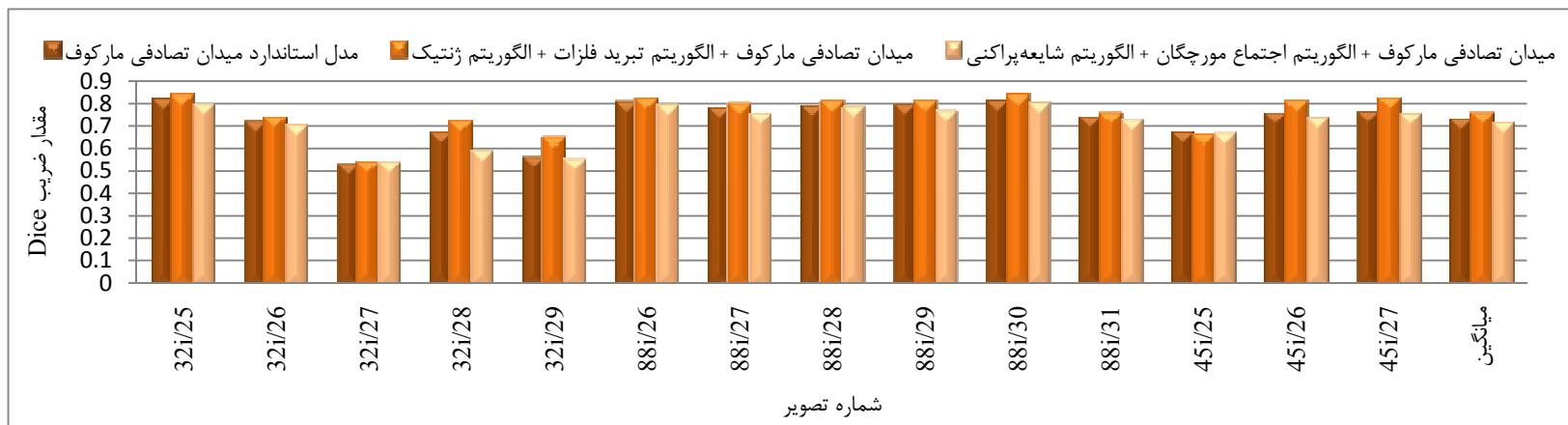
همین طور جدول (۴-۵) میانگین زمان محاسباتی هر یک از روش‌های مطرح شده را بر روی تصاویر آزمون نمایش می‌دهد. برای مقایسه ساده‌تر این مقادیر به صورت نمودار میله‌ای در شکل (۵-۸) نمایش داده شده است. با مقایسه میان روش‌ها می‌توان دریافت که دو روش پیشنهادی بار محاسباتی کمتری را نسبت به روش استاندارد دارند. به طوری که درصد کاهش زمان محاسباتی مدل میدان تصادفی مارکوف به همراه الگوریتم‌های تبرید فلزات و ژنتیک نسبت به روش استاندارد ۹۱/۳۳٪ و میانگین درصد کاهش زمان محاسباتی مدل میدان تصادفی مارکوف به همراه الگوریتم‌های اجتماع مورچگان و شایعه‌پراکنی نسبت به روش استاندارد ۷۱/۲۱٪ می‌باشد.

همچنین در جدول (۴-۵) مقدار انرژی جوابی که هر یک روش‌ها به دست آورده‌اند آورده شده است. مشاهده می‌شود که انرژی جواب‌های مدل میدان تصادفی مارکوف به همراه الگوریتم‌های تبرید فلزات و ژنتیک از مدل میدان تصادفی مارکوف به همراه الگوریتم‌های اجتماع مورچگان و شایعه‌پراکنی کوچک‌تر است. در نتیجه جواب ناحیه‌بندی مدل میدان تصادفی مارکوف به همراه الگوریتم‌های تبرید فلزات و ژنتیک هموارتر است.

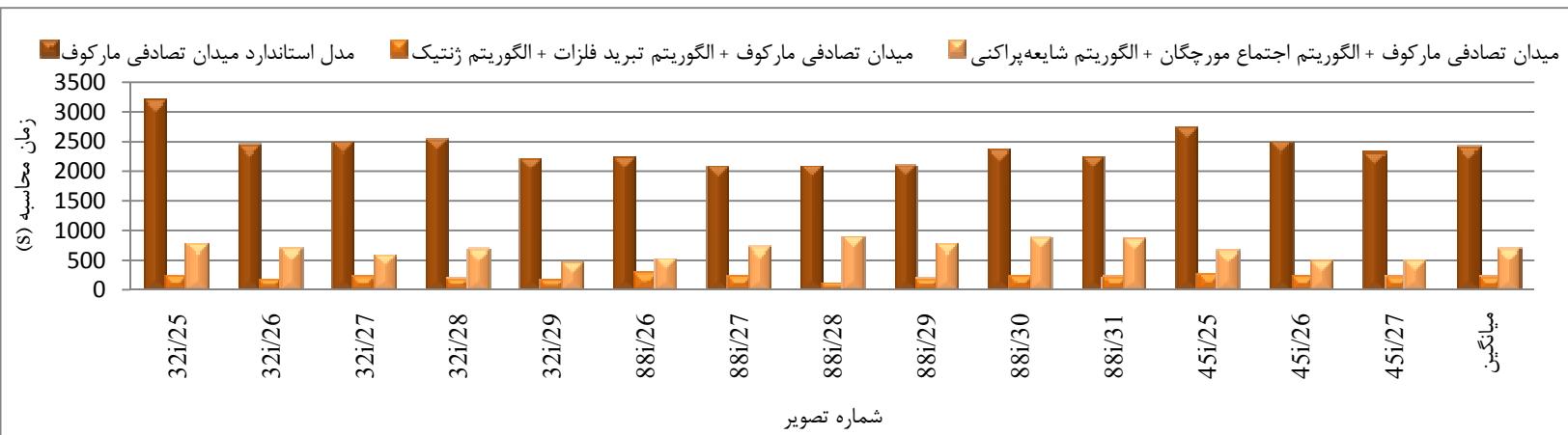
جدول (۵-۵) نتایج ناحیه‌بندی روش‌های مذکور را بر روی نمونه‌های بیشتری از تصاویر IBSR حاوی تومور نمایش می‌دهد. همان‌طور که مشاهده می‌شود در این مجموعه تصاویر روش پیشنهادی مدل میدان تصادفی مارکوف به همراه الگوریتم‌های تبرید فلزات و ژنتیک نسبت به سایر روش‌ها بهتر عمل می‌کند و در عین حال زمان محاسباتی کمتری برای انجام فرایند ناحیه‌بندی نیاز دارد.

جدول ۴-۵- نتایج ضریب Dice و زمان محاسباتی حاصل از ناحیه‌بندی تصاویر مغز توموردار

Model Standardization Time Markov + Dice Correlation + Algorithm Znityk										IBSR Number	
Model Field Standardization Markov + Dice Correlation + Algorithm Brackets + Algorithm Shaiyeh Prakni			Model Field Standardization Markov + Dice Correlation + Algorithm Znityk			Model Field Standardization Markov + Dice Correlation + Algorithm Brackets + Algorithm Tomor					
Time	Correlation	Dice	Time	Correlation	Dice	Time	Correlation	Dice	Time	Correlation	Dice
9276	768	0.794	5004	231	0.838	14460	3184	0.823	321/25	Biyar First	
8191	690	0.698	5033	173	0.74	12790	2426	0.719	321/26		
7343	611	0.537	3802	222	0.542	12160	2484	0.532	321/27		
6683	676	0.587	3255	176	0.721	12060	2528	0.67	321/28		
7380	467	0.55	4219	163	0.649	12630	2227	0.565	321/29		
11070	549	0.791	8763	278	0.824	12590	2247	0.811	881/26		
6492	718	0.751	3574	224	0.802	9091	2090	0.783	881/27		
2192	882	0.781	2896	108	0.813	8362	2101	0.791	881/28		
5980	771	0.762	3678	180	0.814	8244	2110	0.798	881/29		
8535	875	0.800	3942	231	0.839	12786	2357	0.814	881/30		
8346	846	0.721	2978	208	0.759	11805	2258	0.742	881/31		
8392	655	0.662	3752	260	0.661	13590	2732	0.671	451/25		
6428	501	0.732	2920	225	0.813	12040	2488	0.759	451/26		
5912	511	0.750	3698	216	0.826	9156	2315	0.765	451/27		
7301	680	0.708	41081	207	0.760	11555	2396	0.731	Miangine		

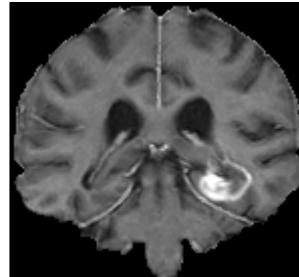
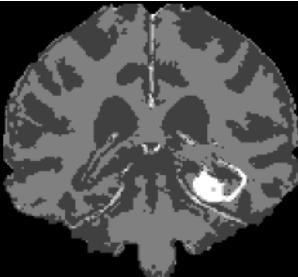
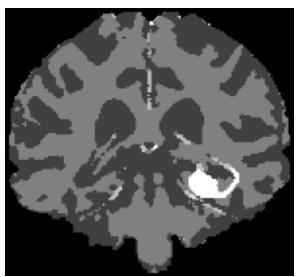
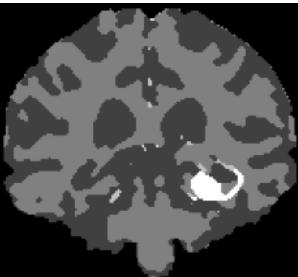
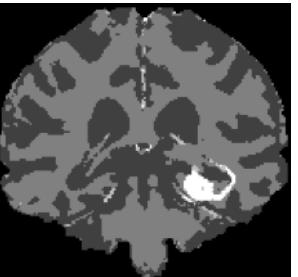
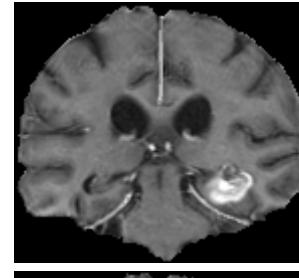
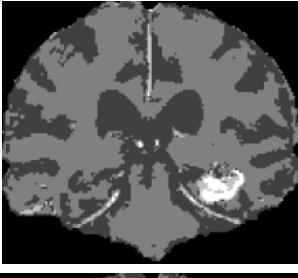
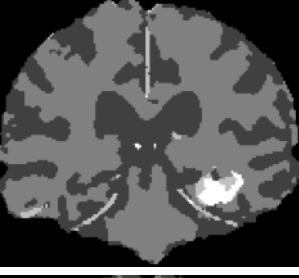
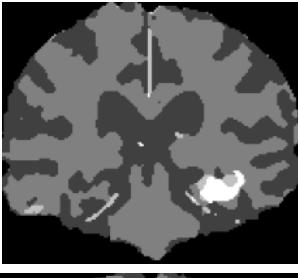
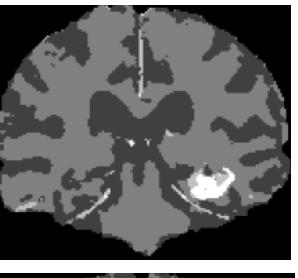
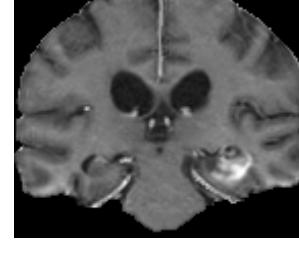
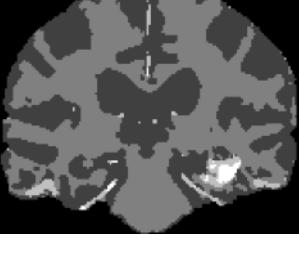
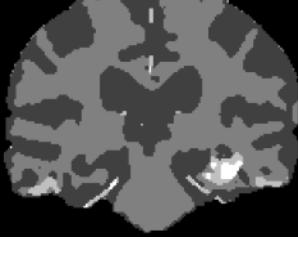
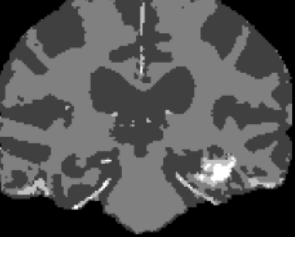


شکل ۷-۵- نمودار میله‌ای مقایسه ضریب Dice در مجموعه تصاویر مغز توموردار



شکل ۸-۵- نمودار میله‌ای مقایسه زمان محاسباتی در مجموعه تصاویر مغز توموردار

جدول ۵-۵- نتایج ناحیه‌بندی روش‌های مختلف بر روی تصاویر MR حاوی تومور

شماره تصویر IBSR	تصویر اصلی	مدل ترکیب گوسی	مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم تبرید فلزات + الگوریتم ژنتیک	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم اجتماع مورچگان + الگوریتم شایعه‌پراکن
بیمار اول ۳۲ i/۲۵					
بیمار اول ۳۲ i/۲۶					
بیمار اول ۳۲ i/۲۷					

جدول ۵-۵- نتایج ناحیه‌بندی روش‌های مختلف بر روی تصاویر MR حاوی تومور

شماره تصویر IBSR	تصویر اصلی	مدل ترکیب گوسی	مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم تریدی فلزات + الگوریتم ژنتیک	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم اجتماع مورچگان + الگوریتم شایعه‌پراکن
بیمار اول ۳۲ i/۲۸					
بیمار اول ۳۲ i/۲۹					
بیمار اول ۴۵ i/۲۵					

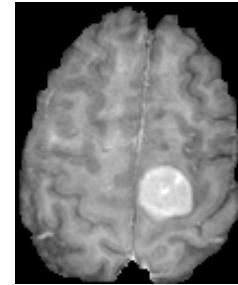
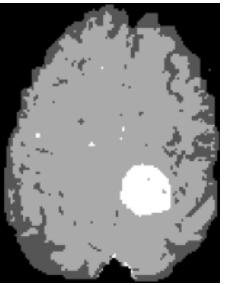
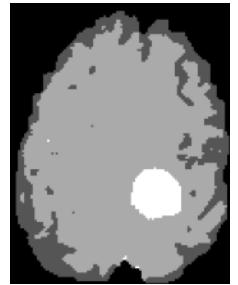
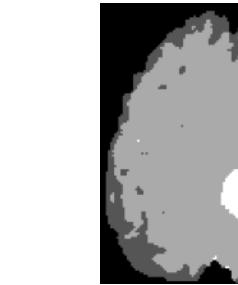
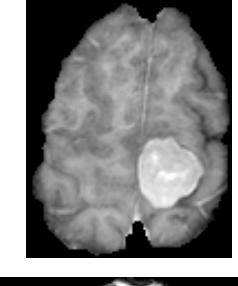
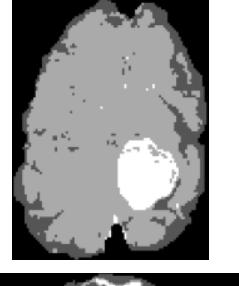
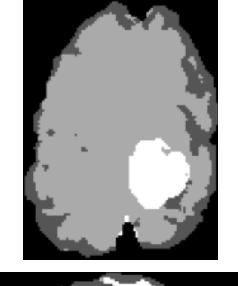
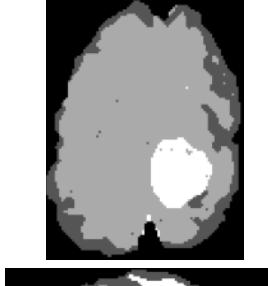
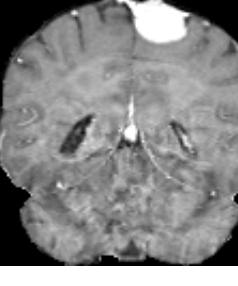
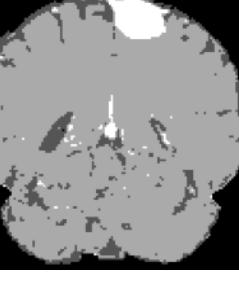
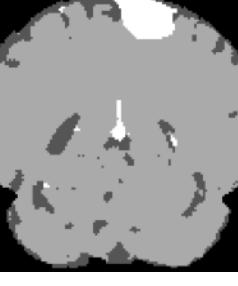
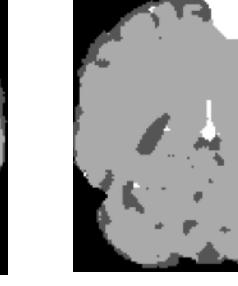
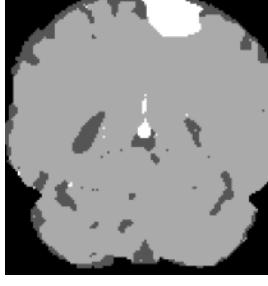
جدول ۵-۵- نتایج ناحیه‌بندی روش‌های مختلف بر روی تصاویر MR حاوی تومور

شماره تصویر IBSR	تصویر اصلی	مدل ترکیب گوسی	مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم تبرید فلزات + الگوریتم زنتیک	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم اجتماع مورچگان + الگوریتم شایعه‌پراکنی
بیمار اول ۴۵ i/۲۶					
بیمار اول ۸۸ i/۲۶					
بیمار اول ۸۸ i/۲۷					

جدول ۵-۵- نتایج ناحیه‌بندی روش‌های مختلف بر روی تصاویر MR حاوی تومور

شماره تصویر IBSR	تصویر اصلی	مدل ترکیب گوسی	مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم تبرید فلزات + الگوریتم ژنتیک	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم اجتماع مورچگان + الگوریتم شایعه‌پراکن
بیمار اول ۸۸ i/۲۸					
بیمار اول ۸۸ i/۲۹					
بیمار دوم ۱۲۶-۱-۱۷					

جدول ۵-۵- نتایج ناحیه‌بندی روش‌های مختلف بر روی تصاویر MR حاوی تومور

شماره تصویر IBSR	تصویر اصلی	مدل ترکیب گوسی	مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم تریدی فلزات + الگوریتم زنتیک	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم اجتماع مورچگان + الگوریتم شایعه‌پراکنی
بیمار دوم ۱۲۶-۱-۱۸					
بیمار دوم ۱۲۶-۱-۲۰					
بیمار دوم ۱۲۶-۱۰-۱۰					

جدول ۵-۵- نتایج ناحیه‌بندی روش‌های مختلف بر روی تصاویر MR حاوی تومور

شماره تصویر IBSR	تصویر اصلی	مدل ترکیب گوسی	مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم تبرید فلزات + الگوریتم ژنتیک	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم اجتماع مورچگان + الگوریتم شایعه پراکنی
بیمار دوم ۱۲۶-۱۰-۱۲					
بیمار دوم ۱۲۶-۱۰-۱۴					

۵-۵- ناحیه‌بندی تصاویر چند طیفی

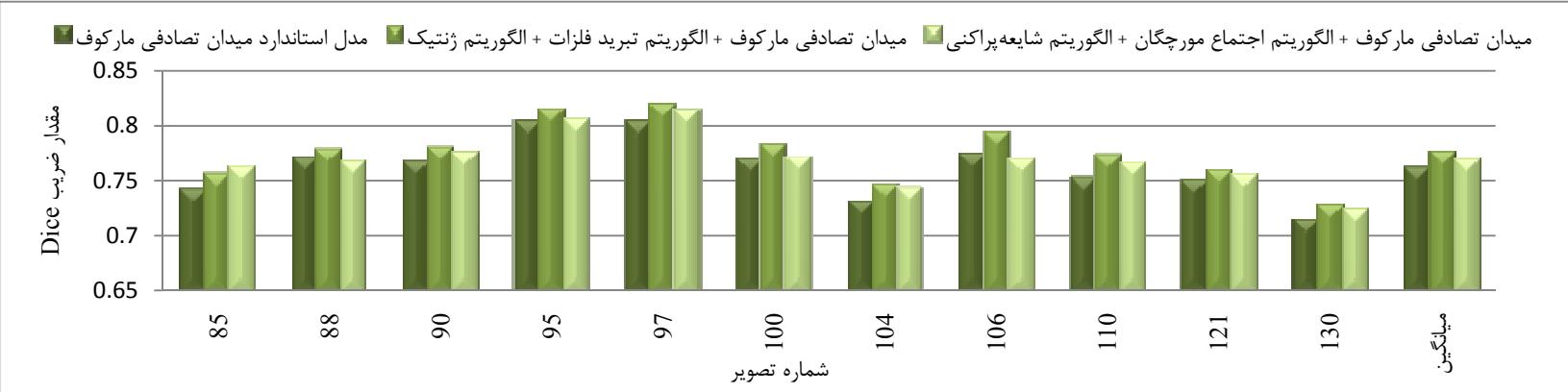
در جدول (۶-۵) نتایج مربوط به ضریب Dice و زمان محاسباتی روش‌های مختلف ناحیه‌بندی بر روی تعدادی از برش‌های تصاویر BrainWeb آورده شده است. به علاوه میانگین این معیار برای هر یک از تصاویر آزمایش شده از مجموعه تصاویر چند طیفی در نمودار میله‌ای شکل (۵-۶) آورده شده است. همان طور که مشاهده می‌شود میانگین ضریب Dice نتایج به دست آمده از روش استاندارد میدان تصادفی مارکوف برای زمینه و بافت‌های ماده سفید، ماده خاکستری و مایع نخاعی به ترتیب برابر است با: ۰/۷۳۲، ۰/۷۶۲ و ۰/۷۹۱٪. مقدار میانگین این ضریب در مدل میدان تصادفی مارکوف به همراه الگوریتم‌های تبرید فلزات و ژنتیک به ترتیب برابر است با: ۰/۷۴۳، ۰/۷۷۷ و ۰/۸۰۷٪ و در مدل میدان تصادفی مارکوف به همراه الگوریتم‌های اجتماع مورچگان و شایعه‌پراکنی به ترتیب برابر با: ۰/۷۷۲، ۰/۸۰۰ و ۰/۷۳۵٪ می‌باشد.

همچنین زمان محاسباتی هر یک از روش‌ها بر روی تصاویر آزمون از این مجموعه تصویر در جدول (۶-۵) و به صورت نمودار میله‌ای در شکل (۵-۱۰) آورده شده است. همان طور که مشاهده می‌شود میانگین درصد کاهش زمان محاسباتی روش پیشنهادی اول نسبت به روش استاندارد ۰/۸۰۸٪ می‌باشد و این مقدار برای م روش پیشنهادی دوم نسبت به روش استاندارد ۰/۶۷٪ می‌باشد. جدول (۶-۵) مقدار انرژی جوابی که هر یک روش‌ها به دست آورده‌اند را نمایش می‌دهد. نتایج نشان می‌دهند که مدل میدان تصادفی مارکوف به همراه الگوریتم‌های تبرید فلزات و ژنتیک به مقدار انرژی کوچکتری نسبت به مدل میدان تصادفی مارکوف به همراه الگوریتم‌های اجتماع مورچگان و شایعه‌پراکنی دست می‌یابد بنابراین نتیجه ناحیه‌بندی روش اول هموارتر می‌باشد.

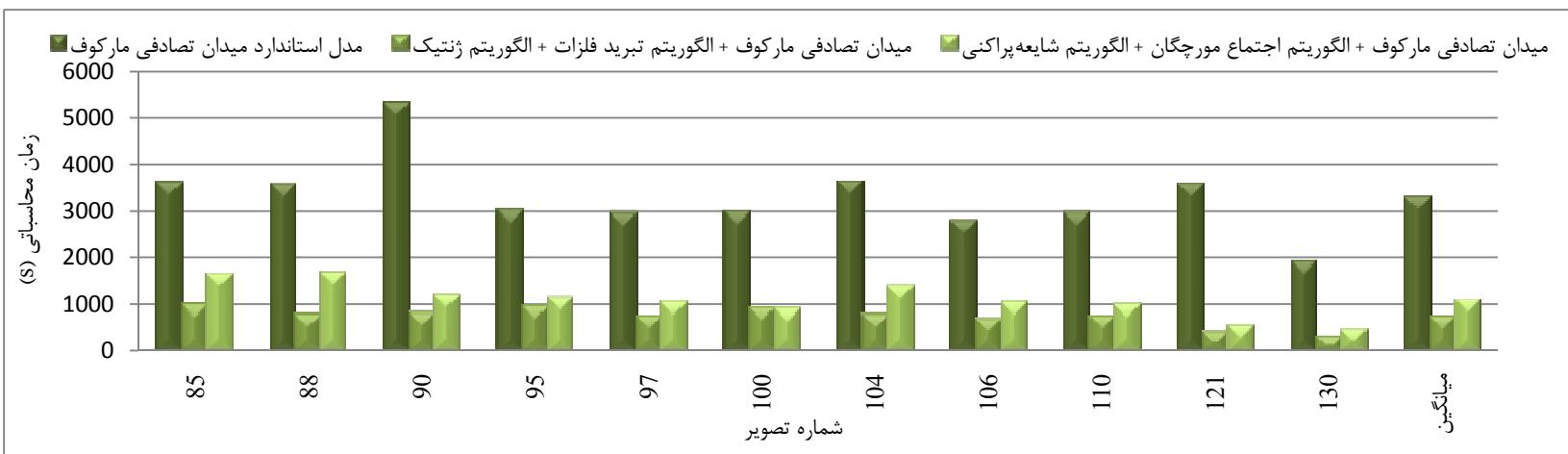
در نهایت جدول (۶-۵) نتایج ناحیه‌بندی تصاویر چند-طیفی مجموعه داده شبیه‌سازی شده را به ترتیب برای تصاویر موجود در جدول (۶-۵) نمایش می‌دهد.

جدول ۶-۵- نتایج ضریب Dice و زمان محاسباتی حاصل از ناحیه‌بندی تصاویر چند-طیفی

شماره تصویر Brainweb	مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف																	
	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم اجتماع مورچگان + الگوریتم شایعه‌پراکنی					مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم تبرید فلزات + الگوریتم ژنتیک					مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف							
	از انزی دسته‌های سبه بعدی	زمان محاسبه (S)	Dice ضریب				از انزی دسته‌های سبه بعدی	زمان محاسبه (S)	Dice ضریب				از انزی دسته‌های سبه بعدی	زمان محاسبه (S)	Dice ضریب			
			نفع نخاعی	ماده ٹاکسیتری	ماده سفید	زمینه			نفع نخاعی	ماده ٹاکسیتری	ماده سفید	زمینه			نفع نخاعی	ماده ٹاکسیتری	ماده سفید	زمینه
۳۱۸۹۰	۱۶۴۵	۰.۸۳۱	۰.۷۲۴	۰.۷۳۲	۱	۳۲۰۳۰	۹۸۴	۰.۸۲۷	۰.۷۱	۰.۷۳	۱	۵۲۱۲۰	۳۶۳۴	۰.۸۰۷	۰.۶۹۴	۰.۷۲۷	۱	۸۵
۲۸۵۱۰	۱۶۷۱	۰.۸۴۱	۰.۷۲۸	۰.۷۳۲	۱	۲۸۲۳۰	۷۹۱	۰.۸۴۲	۰.۷۵۶	۰.۷۳۷	۱	۴۷۸۸۰	۳۵۸۶	۰.۸۳۷	۰.۷۳۸	۰.۷۳۷	۱	۸۸
۲۷۱۵۰	۱۱۸۶	۰.۸۲۲	۰.۷۸۰	۰.۷۲۴	۱	۲۷۳۶۰	۸۱۸	۰.۸۲۴	۰.۷۸۲	۰.۷۳۴	۱	۴۷۲۴۰	۵۳۲۴	۰.۸۱۲	۰.۷۶۹	۰.۷۲۱	۱	۹۰
۲۲۵۹۰	۱۱۲۶	۰.۹۰۰	۰.۷۹۴	۰.۷۲۱	۱	۲۲۸۸۰	۹۵۷	۰.۸۹۴	۰.۸۰۳	۰.۷۴۶	۱	۴۲۹۹۰	۳۰۲۷	۰.۸۹۴	۰.۷۸۴	۰.۷۳۳	۱	۹۵
۲۲۲۵۰	۱۰۳۶	۰.۸۷۳	۰.۸۰۵	۰.۷۶۲	۱	۲۲۴۵۰	۷۵۵	۰.۸۸۳	۰.۸۰۷	۰.۷۶۶	۱	۴۱۹۶۰	۲۹۶۷	۰.۸۶۷	۰.۷۹۳	۰.۷۵۱	۱	۹۷
۲۲۱۷۰	۹۰۴	۰.۷۷۹	۰.۸۰۲	۰.۷۲۳	۱	۲۲۵۵۰	۹۲۶	۰.۸۱۱	۰.۸۰۱	۰.۷۳۶	۱	۴۲۳۳۰	۲۹۹۴	۰.۷۹۵	۰.۷۹۱	۰.۷۲۳	۱	۱۰۰
۲۲۱۴۰	۱۳۷۷	۰.۷۰۷	۰.۷۸۸	۰.۷۲۶	۱	۲۲۳۴۰	۷۸۴	۰.۷۱۳	۰.۷۸۹	۰.۷۳۸	۱	۴۲۵۰۰	۳۶۵۶	۰.۶۹۴	۰.۷۷۶	۰.۷۲۴	۱	۱۰۴
۲۲۴۹۰	۱۰۲۴	۰.۷۰۶	۰.۸۳۹	۰.۷۶۳	۱	۲۲۴۶۰	۶۹۸	۰.۷۲۷	۰.۸۷۴	۰.۷۸	۱	۴۱۳۶۰	۲۸۱۲	۰.۶۹۹	۰.۸۵۴	۰.۷۷۱	۱	۱۰۶
۲۰۰۵۸	۹۷۸	۰.۷۳۵	۰.۸۱۲	۰.۷۵۱	۱	۲۰۱۰۰	۷۵۸	۰.۷۴۷	۰.۸۰۳	۰.۷۶۹	۱	۳۸۳۶۰	۲۹۷۶	۰.۷۲	۰.۷۹	۰.۷۴۸	۱	۱۱۰
۲۲۶۰۰	۵۴۴	۰.۷۸۶	۰.۷۲۷	۰.۷۵۳	۱	۲۲۳۹۰	۴۱۵	۰.۷۹۴	۰.۷۲۷	۰.۷۵۶	۱	۳۶۳۸۰	۳۵۹۳	۰.۷۷۹	۰.۷۲۴	۰.۷۴۹	۱	۱۲۱
۲۰۸۷۹	۴۵۵	۰.۷۹۹	۰.۶۹۱	۰.۶۸۱	۱	۲۰۷۶۰	۳۱۵	۰.۸۰۹	۰.۶۸۹	۰.۶۸۴	۱	۳۲۱۱۰	۱۹۳۱	۰.۷۹۸	۰.۶۷۳	۰.۶۷۱	۱	۱۳۰
۲۴۱۵۸	۱۰۸۶	۰.۸۰۰	۰.۷۷۲	۰.۷۳۵	۱	۲۴۲۳۲	۷۴۶	۰.۸۰۷	۰.۷۷۷	۰.۷۴۳	۱	۴۲۲۹۴	۳۲۱۸	۰.۷۹۱	۰.۷۶۲	۰.۷۲۲	۱	میانگین



شکل ۹-۵- نمودار میله‌ای مقایسه ضریب Dice در مجموعه تصاویر چند-طیفی



شکل ۱۰-۵- نمودار میله‌ای مقایسه زمان محاسباتی در تصاویر چند-طیفی

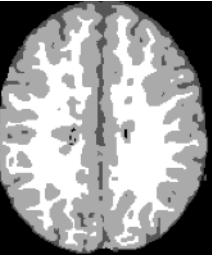
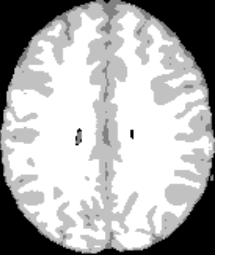
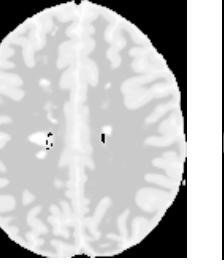
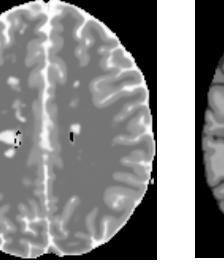
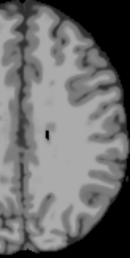
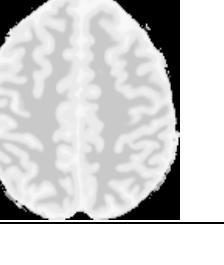
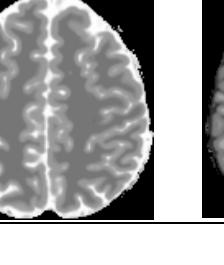
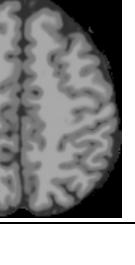
جدول ۷-۵- نتایج ناحیه‌بندی تصاویر چند-طیفی

تصویر وزن دار T1	تصویر وزن دار T2	تصویر وزن دار PD	ناحیه‌بندی مرجع	مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف زنگیک	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم تبرید فلزات + الگوریتم الگوریتم اجتماع مورچگان + الگوریتم شایعه پراکنی	مدل میدان تصادفی مارکوف +	مدل میدان تصادفی مارکوف

جدول ۷-۵- نتایج ناحیه‌بندی تصاویر چند-طیفی

تصویر وزن دار T1	تصویر وزن دار T2	تصویر وزن دار PD	ناحیه‌بندی مرجع	مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف زنگیک	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم تبرید فلزات + الگوریتم الگوریتم اجتماع مورچگان + الگوریتم شایعه پراکنی	مدل میدان تصادفی مارکوف +	مدل میدان تصادفی مارکوف

جدول ۷-۵- نتایج ناحیه‌بندی تصاویر چند-طیفی

تصویر وزن دار T1	تصویر وزن دار T2	تصویر وزن دار PD	ناحیه‌بندی مرجع	مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف زنگیک	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم تبرید فلزات + الگوریتم الگوریتم اجتماع مورچگان + الگوریتم شایعه پراکنی	مدل میدان تصادفی مارکوف +	مدل میدان تصادفی مارکوف
							
							

۵-۶- نتیجه‌گیری

در جدول ۸-۵ میانگین ضریب Dice برای بافت‌های مختلف و روش‌های ناحیه‌بندی مطرح شده در این پایان‌نامه آورده شده است. همچنین در این جدول میانگین زمان محاسباتی برای الگوریتم‌های مختلف ارائه شده است. از مقایسه معیار Dice به دست آمده از هر یک از روش‌های ناحیه‌بندی بر روی مجموعه تصاویر مطرح شده می‌توان به صحت هر یک از روش‌های ارائه شده پی برد.

جدول ۸-۵- نتیجه‌گیری

نوع بافت	مدل استاندارد میدان تصادفی مارکوف	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم ترید فلزات + الگوریتم ژنتیک	مدل میدان تصادفی مارکوف + الگوریتم ترید فلزات + الگوریتم ژنتیک
زمینه	۰.۹۹۶	۰.۹۹۵	۰.۹۹۶
	۰.۷۹۲	۰.۸۰۱	۰.۷۸۳
	۰.۸۲۱	۰.۸۱۰	۰.۸۲۱
	۰.۲۹۷	۰.۳۱۷	۰.۲۸۴
میانگین Dice در تصاویر مغز سالم			میانگین بافت‌های مختلف در تصاویر مغز سالم
میانگین Dice بافت تومور در تصاویر توموردار			میانگین بافت‌های مختلف در تصاویر چندطیفی
ماده سفید	۱	۱	۱
	۰.۷۳۵	۰.۷۴۳	۰.۷۳۲
	۰.۷۷۲	۰.۷۷۷	۰.۷۶۲
	۰.۸۰۰	۰.۸۰۷	۰.۷۹۱
ماده خاکستری			میانگین Dice در تصاویر چندطیفی
ماده خاکستری	۰.۸۲۷	۰.۸۳۲	۰.۸۲۱
	۴۶۲	۱۲۰	۱۱۴۲
	۶۸۰	۲۰۷	۲۳۹۶
مایع نخاعی			میانگین زمان محاسباتی (s)
تصاویر چندطیفی			تصاویر مغز سالم
تصاویر توموردار			تصاویر مغز سالم
تصاویر چندطیفی			تصاویر توموردار

همان طور که قبل اشاره شد اگرچه سرعت الگوریتم مدل ترکیب گوسی بالا است، این روش وابستگی طیفی میان وکسل‌ها را در نظر نمی‌گیرد و داده‌ها را مستقل فرض می‌کند. در نتیجه الگوریتم مدل ترکیب گوسی نسبت به نویز بسیار حساس است و از نتیجه مطلوبی برخوردار نمی‌باشد. برای رفع این مشکل بایستی پیوستگی طیفی میان وکسل‌ها در نظر گرفته شود. در این تحقیق از

مدل تصادفی مارکوف به عنوان روش ناحیه‌بندی استفاده شد. با یاری گرفتن از تعریف سیستم همسایگی در مدل تصادفی مارکوف داده‌ها وابسته فرض می‌شوند در نتیجه می‌توان بر مشکل مدل ترکیب گوسی فائق آمد. این مدل مساله ناحیه‌بندی را به یک مساله بهینه‌سازی تبدیل می‌نماید. مدل تصادفی مارکوف استاندارد از الگوریتم تبرید فلزات به منظور رسیدن به جواب بهینه استفاده می‌نماید.

علیرغم آن که نتایج حاصل از این مدل نشان می‌دهند که این الگوریتم نسبت به نویز مقاوم است، به علت بار محاسباتی بالایی که این روش برای به دست آوردن نتیجه نیاز دارد در محیط‌های بلادرنگ استفاده نمی‌شود. برای رفع این مشکل در این فصل دو الگوریتم پیشنهادی فصل چهار آزمون شد.

در الگوریتم اول از ترکیب الگوریتم ژنتیک به همراه الگوریتم تبرید فلزات یاری گرفته شد. این روش به علت استفاده از منطق الگوریتم ژنتیک در ترکیب نسل‌های قوی در جهت تکامل نسل‌ها و استفاده از همسایگی سه بعدی ناحیه‌بندی مناسب‌تری را ارائه می‌دهد. همچنین استفاده از عملگر تقاطع بر روی افراد قوی جمعیت برای تولید فرزندان قوی‌تر باعث می‌شود برخلاف مدل تصادفی مارکوف استاندارد، که از الگوریتم تبرید فلزات برای بهینه‌سازی مساله استفاده می‌نماید و در هر تکرار به طور تدریجی به جواب بهینه نزدیک می‌شود، گام‌های بزرگ‌تری به سمت جواب برداشته شود. در نتیجه این روش ترکیبی سرعت محاسباتی بالاتری نسبت به روش استاندارد دارد. ضمن آن که با یاری گرفتن از خاصیت تپه‌نوردی برگرفته شده از الگوریتم تبرید فلزات روش ترکیبی تضمین می‌کند که در مینیمم‌های محلی به دام نیافتد و به جواب بهینه همگرا شود. همان‌طور که نتایج آورده شده در جدول (۵-۸) نمایش می‌دهد این الگوریتم پیشنهادی در آزمون بر روی هر سه مجموعه تصاویر معرفی شده در این پایان‌نامه جواب بهتری را نسبت به الگوریتم استاندارد مدل تصادفی مارکوف به دست آورده است. همچنین بار محاسباتی این روش نسبت به روش استاندارد به طرز چشم‌گیری کاهش یافته است.

در الگوریتم دوم از ترکیب الگوریتم اجتماع مورچگان و الگوریتم شایعه‌پراکنی یاری گرفته شد.

الگوریتم اجتماع مورچگان از رفتار جستجوگرانه مورچه‌ها به دنبال غذا و یافتن مسیر بهینه میان لانه

و منبع غذا با استفاده از تبادل اطلاعات میان اجتماع مورچه‌ها ایده گرفته شده است. در مرجع [۷۹]

اثبات شده است که الگوریتم بهینه‌سازی اجتماع مورچگان قادر است در زمینه بهینه‌سازی نتایج بهتر

یا برابر نتایج سایر روش‌های آرامش آماری نظری الگوریتم تبرید فلزات یا الگوریتم ژنتیک ارائه دهد. در

نتیجه این الگوریتم قادر است پاسخ بهینه را بیابد. در این تحقیق از الگوریتم شایعه‌پراکنی به منظور

تسريع و بهبود فرایند تبادل اطلاعات میان همسایه‌ها استفاده شد. الگوریتم شایعه‌پراکنی از سری

الگوریتم‌های اپیدمی به منظور انتقال اطلاعات میان عناصر شبکه توزیع شده است که از شیوع بیماری

در یک اجتماع نشات گرفته شده است. ترکیب این دو الگوریتم اجتماعی باعث می‌شود مورچه‌ها به

خوبی از اطلاعات همسایگانشان به منظور تصمیم‌گیری در انتخاب مسیر استفاده کنند. در نتیجه

سرعت و دقت روش ناحیه‌بندی افزایش می‌یابد. ضمن آن که با استفاده از اطلاعات همسایگی

وابستگی طیفی بافت‌ها را به خوبی رعایت می‌شود. بنابراین روش نسبت به نویز مقاوم‌تر است. نتایج

جدول (۸-۵) نمایش می‌دهد که این الگوریتم ترکیبی در آزمون بر روی اکثر تصاویر جواب بهتری را

نسبت به الگوریتم استاندارد مدل تصادفی مارکوف به دست آورده است و تنها در تصاویر توموردار

جواب بدتری دارد. همچنین بار محاسباتی این روش نسبت به روش استاندارد به طرز چشم‌گیری

کاهش یافته است. با مقایسه نتایج حاصل از روش‌های مطرح شده می‌توان دریافت که به طور کلی

روش‌های پیشنهاد شده در دقت و سرعت جستجو نسبت به روش استاندارد مدل تصادفی مارکوف به

طور چشم‌گیری پیشی می‌گیرد. در کل روش پیشنهادی اول نتیجه بهتری را از لحاظ دقت و سرعت

محاسباتی ارائه می‌دهد. از آن جایی که مدل تصادفی مارکوف برای سایر زمینه‌های پردازش تصویر

نظیر حذف نویز کاربرد دارد، از روش‌های ارائه شده در این پایان‌نامه می‌توان برای این موارد نیز

استفاده نمود.

فصل ششم - جمعبندی و پیشنهادات

۶-۱- جمع‌بندی

ناحیه‌بندی تصاویر MR مغز یکی از مراحل پر اهمیت در سیستم‌های تشخیص پزشکی به شمار می‌رود. اگرچه ناحیه‌بندی دستی تصاویر MR توسط متخصصان و پزشکان با کمک ردیابی و علامت‌گذاری قطعه به قطعه نواحی مورد نظر قابل انجام است، اما این کار فرایندی دشوار و وقت‌گیر است که منجر به اتلاف منابع انسانی با ارزش می‌گردد و در نهایت نتیجه به دست آمده به علت وجود نویز در تصویر یا خستگی فرد از دقت و صحت کافی برخوردار نیست. از این رو تلاش‌های بسیاری جهت اتوماتیک کردن ناحیه‌بندی انجام شده است. اغلب روش‌های اتوماتیک یا نیمه اتوماتیک ارائه شده تاکنون به علت مستقل در نظر گرفتن داده‌های تصویر، نسبت به نویز حساسیت بالایی دارند و از کیفیت پایینی برخوردارند. برای رفع این مشکل، مدل میدان تصادفی مارکوف یکی از زمینه‌های فعال و قدرتمند تحقیقاتی در ناحیه‌بندی تصاویر پزشکی معرفی شده است. در مدل میدان تصادفی مارکوف از اطلاعات همسایگی بهره گرفته می‌شود. ایده همسایگی از آنجا ناشی می‌شود که در یک تصویر ویژگی‌های هر پیکسل به میزان زیادی به ویژگی‌های پیکسل‌های اطراف آن بستگی دارد. در این پژوهش از این مدل به منظور ناحیه‌بندی اتوماتیک و بدون ناظر تک تصویرها و تصاویر چند-طیفی MR مغز به بافت‌های ماده سفید، ماده خاکستری، مایع نخاعی و تومور استفاده شده است.

در فصل دوم به بررسی این مدل آماری پرداخته شد و ملاحظه شد که روش میدان تصادفی مارکوف، با کمک تعریف همسایگی، قیود وابستگی‌های فضایی را مدل می‌نماید. به منظور اعمال تاثیر سیستم همسایگی، هامرسلی و کلیفورد تئوری تساوی میدان تصادفی مارکوف و توزیع گیبس را ارائه دادند که طبق آن، میدان تصادفی مارکوف را توسط توزیع گیبس تعریف کردند و آن را میدان تصادفی گیبس نامیدند. با استفاده از مدل میدان تصادفی گیبس، مساله ناحیه‌بندی به مساله یافتن یک میدان تصادفی برچسب‌گذاری شده با انرژی بهینه تبدیل می‌گردد.

در فصل سوم به بررسی روش‌های مطرح شده جهت ناحیه‌بندی تومور در تصاویر MR، ناحیه‌بندی تصاویر MR بر پایه مدل تصادفی مارکوف و روش‌های بهینه‌سازی که تا کنون مطرح شده است پرداخته شد. ملاحظه شد که تکنیک‌های ارائه شده برای یافتن میدان بهینه را می‌توان به دو دسته کلی روش‌های بر پایه آرامش معین و روش‌های بر پایه آرامش آماری تقسیم کرد. از این دو دسته روش‌های دسته اول به بار محاسباتی کمتری نیاز دارند اما شدیداً به مقدار دهی اولیه وابسته هستند و در نهایت جواب بدست آمده زیر بهینه است. روش‌های دسته دوم که بر پایه الگوریتم تبرید فلزات هستند، به جواب بهینه می‌رسند ولی بار محاسباتی بالا و سرعت پایینی دارند و در نتیجه در محیط‌های بلاذرنگ استفاده نمی‌شوند. در نتیجه تحقیقات گوناگونی به منظور کاهش بار محاسباتی و افزایش سرعت ارائه شده‌اند.

در فصل چهارم دو روش برای رفع مشکل بار محاسباتی بالا مطرح شد. در روش اول از ترکیب الگوریتم تبرید فلزات به همراه الگوریتم ژنتیک استفاده شد. همان طور که گفته شد الگوریتم تبرید فلزات به علت تصادفی بودن دارای قابلیت تپه‌نوردی قوی است و در مینیمم‌های محلی به دام نمی‌افتد. در مقابل الگوریتم ژنتیک سرعت همگرایی بالایی دارد ولی خاصیت تپه‌نوردی در آن ضعیف است. در این پایان‌نامه با ایده گرفتن از مزایای این دو روش یک روش ترکیبی جدید برای یافتن میدان بهینه ارائه شد. در روش دوم از ترکیب الگوریتم بهینه‌سازی اجتماع مورچگان به همراه الگوریتم شایعه‌پراکنی استفاده شد. در این روش برای اولین بار مفاهیم اجتماعی در شبکه‌های توزیع شده با الگوریتم اجتماع مورچگان ترکیب و به منظور پردازش تصویر استفاده شده است. الگوریتم بهینه‌سازی اجتماع مورچگان از مطالعه رفتار کاوشگری مورچه‌ها در طبیعت و یافتن مسیر بهینه میان لانه و غذا نشات گرفته شده است. همچنین الگوریتم شایعه‌پراکنی یک الگوریتم احتمالی از سری الگوریتم‌های اپیدمی برای پخش فرآگیر در شبکه‌های توزیع شده است که از نحوه انتشار یک شایعه در دنیای واقعی نشات گرفته شده است. از الگوریتم شایعه‌پراکنی به منظور بهبود ماتریس فرمون‌ها

استفاده شده، به طوری که هر مورچه اطلاعات بهترین مسیر خود را در اختیار مورچه‌های همسایه‌اش قرار می‌دهد در ضمن اینکه مورچه‌های همسایه نیز اطلاعات بهترین مسیر خود را در اختیار او قرار می‌دهند. این نوع به روز رسانی از این ایده ناشی شده است که مورچه‌های همسایه احتمالاً مسیرهای مشابهی را انتخاب خواهند کرد. این تبادل اطلاعات میان همسایه‌ها باعث تسريع در همگرایی به جواب خواهد شد.

در نهایت در فصل پنجم نتایج ناحیه‌بندی دو روش پیشنهاد شده و روش استاندارد میدان تصادفی مارکوف بر روی تصاویر دو مجموعه داده تصاویر واقعی MR (شامل تصاویر مغز فرد سالم و مغز فرد بیمار درگیر تومور) و تصاویر شبیه‌سازی شده چند-طیفی، به منظور ناحیه‌بندی بافت‌های مختلف (شامل ماده سفید، ماده خاکستری، مایع نخاعی و تومور) ارائه شد. نتایج نشان دادند که روش پیشنهادی ترکیب الگوریتم تبرید فلزات و ژنتیک در تمامی موارد نتایج دقیق‌تر و با سرعت محاسباتی بالاتری را ارائه می‌دهد.

۲-۶- پیشنهادات

نقصان و کاستی جز جدا نشدنی تلاش‌ها و تحقیقات بشر است. تحقیق حاضر نیز مطمئناً کاستی‌هایی دارد که امید می‌رود در تحقیقات بعدی مورد توجه قرار گیرد. در این بخش مواردی که به نظر می‌رسد می‌تواند برای تحقیقات آینده در نظر گرفته شود، پیشنهاد می‌گردد.

تحقیق حاضر بُعد زمان را در ناحیه‌بندی در نظر نگرفته است. به عنوان اولین پیشنهاد، می‌توان از اطلاعات بُعد زمان نیز به منظور بهبود ناحیه‌بندی استفاده نمود. برای این منظور مدل مخفی مارکوف^۱ پیشنهاد می‌شود. در این صورت می‌توان به طور دقیق‌تر تصاویر مربوط به تومور، که در فواصل زمانی مشخص در طی دوره درمان گرفته می‌شود را ناحیه‌بندی نمود.

¹ Hidden Markov Model

در این پایاننامه از ترکیب الگوریتم اجتماع مورچگان و شایعه‌پراکنی برای ناحیه‌بندی استفاده شد. از آنجایی که آزمایش‌ها نشان دادند که الگوریتم‌های اجتماعی می‌توانند نتایج خوبی را به دست آورد ضمن آن که سرعت محاسباتی به طور محسوسی کاهش می‌یابد، استفاده از سایر الگوریتم‌های اجتماعی مانند الگوریتم زنبور عسل^۲ و الگوریتم ذرات^۳ نیز می‌تواند برای این منظور پیشنهاد گردد.

² Bees Algorithm

³ Particle Swarm Optimization (PSO)

مراجع

- [1] Morris D. E., Bourland J. D., Rosenman J. G., Shaw E. G., (2001) “Three-dimensional conformal radiation treatment planning and delivery for low- and intermediate-grade gliomas”, **J. of Semin Radiat Oncol**, 11, 2, pp. 124–137.
- [2] Dou W., Ruan S., Chen Y., Bloyet D., Constans J. M., (2007) “A framework of fuzzy information fusion for the segmentation of brain tumor tissues on MR images”, **J. of Image and Vision Computing**, 25, 2, pp. 164–171.
- [3] Coyne K., “MRI: A Guided Tour”, Center for integrating research and learning, Florida state university, Los Alamos national laboratory, university of Florida.
- [4] Germond L., Dojat M., Taylor C., Garbay C., (1999) “A Multi-agent System for MRI Brain Segmentation”, AIMDM, pp. 423-432, Denmark, Aalborg.
- [5] Clarke, L. P., Velthijizen, R. P., Camacho, M. A., Heine, J. J., Vaidyanathan, M., Hal, L. O., Thatcher, R. W., Silbiger, M. L., (1995), “Review of MRI segmentation: methods and applications”, **J. of Magnetic. Resonance Imag.**, 13, 3, pp. 343-368.
- [6] Lim, K.O., Pfefferbaum, A., (1989) “Segmentation of MR brain images into cerebrospinal fluid spaces, white and gray matter”. **J. of Comput. Assist. Tomogr.**, 13, 4, pp. 588-593.
- [7] Kundu A., (1990) “Local segmentation of biomedical images”. **J. of Comput. Med. Imaging Graph.** 14, 3, pp. 173-183.
- [8] Bomans M., Hohne K.H., Tiede U., Riemer M., (1990) “3-D segmentation of MR images of the head for 3-D display”, **J. of IEEE Trans. Med. Imaging**, 9, 2, pp. 177-183.
- [9] Waks A., Tretiak, O. J., (1990) “Recognition of regions in brain sections”. **J. of Comput. Med. Imaging Graph.** 14, 5, pp. 341-352.
- [10] Robb R.A., (1994). Visualization methods for analysis of multimodality images”, pp. 181-190, In: **“R.W. Thatcher, M. Hallett, T. Zeffiro, E.R. John, M. Huerta (Eds). Functional Neuroimaging: Technical Foundations”**. Academic Press, Orlando.
- [11] Cline H. E., Lorensen W. E., Kikinis R., Jolesz F., (1990) “Three-dimensional segmentation of MR images of the head using probability and connectivity”, **J. of Comput. Assist. Tomogr.** 14, 6, 1037-1045.
- [12] Liang Z., (1993), “Tissue classification and segmentation of MR images”, **J. of IEEE Eng. Med. Biol.**, 12, 1, pp. 81-85.
- [13] Gerig G., Martin J., Kikinis R., Kibler O., Shenton M., Jolesz F. A., (1992) “Unsupervised tissue type segmentation of 3D dual-echo MR head data”, **J. of Image Vision Comput.** 10, 6, pp. 349-360.

- [14] Mitchell J. R., Karlik S. J., Lee D. H., Fenster A. (1994) “Computer-assisted identification and quantification of multiple sclerosis lesions in MR imaging volumes in the brain”, **J. of Magn. Reson. Imaging**, 4, 2, 197-208.
- [15] Clarke L. P., Velthuizen R. P., Phuphanich S., Schellenberg J. D., Arrington J. A., Silbiger M., (1993) “MRI: Stability of three supervised segmentation techniques”, **J. of Magn. Reson. Imaging**, 11, 1, 95-106.
- [16] Evans E. C., Collins D. L., Neelin P., MacDonald D., Kamber M., Marrett T. S., (1994) “Three-dimensional correlative imaging: Applications in human brain mapping”, pp.145-161, In: “**R. W. Thatcher, M. Hallett, T. Zeffiro, E. R. John, M. Huerta (Eds). Functional Neuroimaging: Technical Foundations**”. Academic Press, Orlando.
- [17] Velthuizen R. P., Phuphanich S., Clarke L. P., Hall L. O., Bensaid A. M., Arrington, J. A., Silbiger M. L., (1995) “Unsupervised tumor volume measurement using magnetic resonance brain images”, **J. of Magn. Reson. Imaging**, 5, 5, pp. 594-605.
- [18] Peck D. J., Windham J. P., Soltanian-Zadeh H., Roebuck J. R., (1992) “A fast and accurate algorithm for volume determination in MRI”, **J. of Med. Phys.** 19, 3, pp. 599-605.
- [19] Rusinek, H., Chandra, R. (1993) “Brain tissue volume measurement from magnetic resonance imaging-A phantom study”. **J. of Invest. Radiol.**, 28, 10, pp. 890-895.
- [20] Soltanian-Zadeh H., Windham J. P., (1994) “Mathematical basis of eigenimage filtering”, Letter to the editor. **J. of Magn. Reson. Med.** 31, 4, 465-466.
- [21] Vannier M. W., Speidel C. M., Rickman D. L., (1988) “Magnetic resonance imaging multispectral tissue classification”, **J. of News Physiol. Sci.**, 3, 4, pp. 148-154.
- [22] Phillips W. E., Velthuizen R. P., Phuphanich S., Viloria J., Hall L. O., Clarke L. P., Silbiger M. L., “Application of fuzzy segmentation technique for tissue differentiation in MR images of a hemorrhagic glioblastoma multiform”, **J. of Magn. Reson. Imaging**, 13 (in press).
- [23] Preston C. J. (1974), “**Gibbs states on coutable sets**”, Combridge university press, 68, pp. 57.
- [24] Spitzer F., (1971) “Random Fields and interacting particle systems”, M. A. A. summer seminar notes.
- [25] Karvonen J. A., (2004) “Baltic sea ice SAR segmentation and classification using modified pulse coupled neural networks”, **J. of IEEE Trans. Geosci. Remote Sens.**, 42, 7, pp. 1566-1574.
- [26] Li S. Z., “Markov random field modeling in Image analysis”, Springer-Verlag, 2001.
- [27] Hammersley J. M., and P. Clifford, (1971) “Markov field on finite graphs and lattices”.
- [28] Besag J., (1974) “Spatial interaction and the statistical analysis of lattice systems”, **J. of the Royal Statistical Society, Series B** 36, pp. 192-236.

- [29] Geman S., and Geman D. (1984) “stochastic relaxation, Gibbs distributions and the Bayesian restoration of images”, **J. of IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence**, 6, pp. 721-741.
- [30] Turgay C., (2010) “Image change detection using Gaussian mixture model and genetic algorithm”, **J. of Visual Communication and Image Representation**, 21, 8.
- [31] Reynolds D., Rose R., (1995) “Robust text-independent speaker identification using Gaussian mixture speaker models”, **J. of IEEE Transactions on Speech and Audio Processing**, 3, 1, pp. 72–83.
- [32] Bilmes J. A. (1998), “**A Gentle Tutorial of the EM Algorithm and its Application to Parameter Estimation for Gaussian Mixture and Hidden Markov Models**”, vol. 1, International Computer Science Institute, Berkeley, California, pp. 1-7.
- [33] Besag J. (1996), “On the statistical analysis of dirty pictures”, **J. of Royal Statist. Soc.**, B-68, pp. 259-302.
- [34] Blake A. (1989), “Comparison of the efficiency of deterministic and stochastic algorithms for visual reconstruction”, **J. of IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence**, 11, pp. 2-12.
- [35] Bouman C. A., Shapiro M., (1994) “A Multi scale Random Field Model for Bayesian Image Segmentation”, **J. of IEEE Trans. Image Proc.**, 3, pp. 162-177.
- [36] Gragne C., Heitz F., PeÂrez P., Preteux F., Sigelle M., Zerubia J., (1995) “Hierarchical Markov random field models applied to image analysis: a review”, SPIE Conf., San Diego.
- [37] Heitz F., Perez, P., Bouthemy P., (1994) “Multi scale minimization of global energy functions in some visual recovery problems”, **J. of CVGIP: Image Understanding**, 59, 1, pp. 125-134.
- [38] Zerubia J., Chellappa R., (1993) “Mean field approximation using Compound Gauss-Markov Random Field foredge detection and image estimation”. **J. of IEEE Trans. Neural Networks**, 8, pp. 703-709.
- [39] Kato Z., Zerubia J., Berthod M., (1996) “A Hierarchical Markov Random Field Model and Multi temperature annealing for Parallel Classification”, **J. of Graphical Models and Image Processing**, 58, 1, pp. 18-37.
- [40] Chow C. K., (1962) “A recognition method using neighbor dependence”, **J. of IRE Transactions on Electronic Computer**, 11, 5, pp. 683-690.
- [41] Abend K., Harley T. J., Kanal L. N. (1965), “Classification of binary random patterns”, **J. of IEEE Transactions on Information Theory**, 11, 4, pp. 538-544.
- [42] Rosenfeld, A., (1994) “Some thoughts about image modeling”, **J. of Applied Statistics**, 20, 5, pp. 19-22.
- [43] Moussouris J., (1974) “Gibbs and Markov systems with constraints”, **J. of statistical physics**, 10, pp. 11-33.
- [44] Zhang Y., Brady M., Smith S., (2001) “Segmentation of Brain MR Images through a Hidden Markov Random Field Model and the Expectation-Maximization Algorithm”, **J. of IEEE Trans Med. Imag.**, 20, 1, pp. 45-57.

- [45] Iftekharuddin K. M., Zheng J., Islam M. A., Ogg R. J., (2009) “Fractal-based brain tumor detection in multimodal MRI”, **J. of Applied Math. and Computation**, 207, pp.23-41
- [46] Fletcher-Heath L. M., Hall L. O., Goldgof D. B., Murtagh F. R., (2001) “Automatic segmentation of non-enhancing brain tumors in magnetic resonance images”, **J. of Artif. Intell. Med.**, 21, 1-3, pp. 43–63.
- [47] Liu J., Udupa J. K., Odhner D., Hackney D., Moonis G., (2005) “A system for brain tumor volume estimation via MR imaging and fuzzy connectedness”, **J. of Comput. Med. Imaging Graph.** 29, 1, 21–34.
- [48] Mazzara G. P., Velthuizen R. P., Pearlman J. L., (2004) Greenberg H. M., Wagner H., “Brain tumor target volume determination for radiation treatment planning through automated MRI segmentation”, **J. of Radiat. Oncol. Biol. Phys.**, 59, 1, 300–312.
- [49] Prastawa M., Bullitt E., Ho S., Gerig G., (2004) “A brain tumor segmentation framework based on outlier detection”, **J. of Med. Image Anal.**, 8, 3, 275–283.
- [50] Herlidou S., Rolland Y., Bansard J. Y., Rumeur E. L., Certaines J. D. D., (1999) “Comparison of automated and visual texture analysis in MRI: characterization of normal and diseased skeletal muscle”, **J. of Magn. Reson. Imaging**, 17, 9, 1393–1397.
- [51] Ghoneim D. M., Certaines J. D. D., Herlidou S., Rolland Y., Maniere A., (2001) “A gender difference on magnetic resonance imaging texture analysis of human adipose tissue”, **J. of Wom. Imag.**, 3, 105–107.
- [52] Eliat P.A., Ghoneim D. M., Certaines J. D. D., (2002) “Texture analysis and metabolic magnetic resonance imaging”, **J. of Trends Appl. Spect.**, 4, pp. 1–20.
- [53] Lerski R. A., Straughan K., Schad L. R., Boyce D., Bluml S., Zuna I., (1993) “MR image texture analysis: an approach to tissue characterization”, **J. of Magn. Reson. Imaging**, 11, 873–887.
- [54] Ghoneim D. M., Toussaint G., Constans J., Certaines J. D. D., (2003) “Three dimensional texture analysis in MRI: a preliminary evaluation in gliomas”, **J. of Magn. Reson. Imaging**, 21, 983–987.
- [55] Pitiot A., Toga A., Avache N., Thompson P., (2002) “Texture based MRI segmentation with a two-stage hybrid neural classifier”, WCCI-IJCNN.
- [56] Dou W., Ruan S., Chen Y., Bloyet D., (2007) “A framework of fuzzy information fusion for the segmentation of brain tumor tissues on MR images”, **J. of Image and Vision Computing**, pp. 164–171.
- [57] Terrence Chen, Thomas S. Huang, Zhi-pei Liang, (2004) Segmentation of brain MR images using hidden Markov random field model with weighting neighborhood system, IEEE.
- [58] Li B, Wang T, Yan G, (2009) “A New Algorithm for Segmentation of Brain MR Images with Intensity nonuniformity Using Fuzzy Markov Random Field”, Bioinformatics and Biomedical Engineering, pp. 1-4, Guangzhou, China.

- [59] Tohka J., Dinov I. D., Shattuck D. W., Toga A. W., (2010) “Brain MRI tissue classification based on local Markov random fields”, **J. of Magnetic Resonance Imaging**, **28**, 557–573.
- [60] Barker S. A., Rayner P. J. W., (2000) “Unsupervised image segmentation using Markov random field models”, **J. of Pattern Recogn.**, **33**, pp. 587–602.
- [61] Kim E. Y., Park S. H., Kim H. J., (2000) “A Genetic Algorithm-Based Segmentation of Markov Random Field Modeled Images”, **J. of IEEE Signal Processing Letters**, **7**, 11, pp. 301-304.
- [62] Wang X., Wang H., (2003) “Evolutionary Optimization in Markov Random Field Modeling”, **J. of IEEE Tran. Evolutionary Comput.**, **8**, 6, pp. 567-579.
- [63] A. Rosenfeld, R. Hummel, and S. Zucker, “Scene labeling by relaxation operations,” *IEEE Trans. Syst., Man, Cybern.*, vol. 6, pp. 420–433, June 1976.
- [64] P. Chou and C. Brown, “The theory and practice of Bayesian image labeling,” *Int. J. Computer. Vis.*, vol. 4, pp. 185–210, 1990.
- [65] H. Derin and H. Elliott, “Modeling and segmentation of noisy and textured images using Gibbs random fields,” *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.*, vol. 9, pp. 39–55, Jan. 1987.
- [66] Rene V. V. V., (1993) “Applied Simulated Annealing”, Springer Verlag, pp. 13-34.
- [67] Metropolis A., Rosenbluth M., Rosenbluth A., Teller E., (1953) “Equation of State Calculations by Fast Computing Machines”, **J. of Chem. Physics**, **21**, pp. 1087-1092.
- [68] Henbein H. M. (1989), “Parallel genetic algorithms, population genetics and combinational optimization”, Proc. of the 30th Conf. on Gas, pp. 416-421.
- [69] Guoliang C., (1996) “**Genetic Algorithm and its Application**”, BUPT Press.
- [70] Cserey G. Y., Falus A., Porod W. (2004), “Feature Extraction CNN Algorithms for Artificial Immune Systems, **J. of IEEE**, pp: 147-152.
- [71] Pitiot A., Toga A. W., Thompson P. M. (2002), “Adaptive Elastic Segmentation of Brain MRI via Shape-Model-Guided Evolutionary Programming”, **J. of IEEE Trans. on Medical Imaging**, **21**, 8, pp.910-924.
- [72] Bagley J. D., (1967), Ph.D. thesis, “The behavior of adaptive systems which employ genetic and correlation algorithms”, University of Michigan, Ann Arbor.
- [73] Goldberg D. E., (1989) “Genetic Algorithm in Search, Optimization and Machine Learning”, Addison-Wesley, Reading, MA, pp. 28–60.
- [74] Lei H., Cheng S., Ao M. S., (2008) “Application of an improved Genetic Algorithm in image segmentation”, Int. Conf. Computer Scie. Software Engineering.
- [75] Rudolph G., (1994) “Convergence analysis of canonical genetic algorithms,” *IEEE Trans. Neural Networks*, **5**, 96-101.
- [76] Xiaodong L., Jun Z., Yuanjun H., (2010) “Synthetic Aperture Radar Image Segmentation Based on Markov Random Field with Niche Genetic Algorithm,” International Conference on Measuring Technology and Mechatronics Automation, pp. 718-721, Changsha, China.

- [77] Dorigo M., Maniezzo V., Colomi A., (1994) "Introduction to natural Algorithms," **J. of Rivista-di-Informatica**, 4, 3, pp. 179-197.
- [78] توحیدی ح، نظامآبادیپور ح، سریزدی س، (۱۳۸۶) "انتخاب ویژگی با استفاده از الگوریتم جمعیت مورچگان باینری"، هشتمین کنفرانس سیستم‌های هوشمند، ایران.
- [79] Ouadfel S., Batouche M., (2003) "MRF-based image segmentation using ant colony system," **J. of Electron. Lett. Comput. Vis. Image Anal.**, 2, pp. 12–24.
- [80] Demers A., Greene D., Hauser C., Irish W., Larson J., Shenker S., Sturgis H., Swinehart D., Terry D., (1987) "Epidemic algorithms for replicated database maintenance", proc. Sixth symp. On principles of distributed computing, pp. 170-172, Vancouver.
- [81] Tanenbaum A. S., Steen M. V. (2006), "**Distributed systems principles and paradigms**", vol. 1 , Press Prentice Hall, Amesterdam, Netherlands, 2, pp.170-176.
- [82] Dorigo M., Birattari M., Stutzle T., (2006) "Ant colony optimization", **IEEE Computational Intelligence Magazine**, 1, pp. 28–39.
- [83] Nazer B., Dimakis A. G., Gastpar M., (2009) "Neighborhood Gossip: Concurrent Averaging through Local Interference", ICASSP 2009.
- [84] Kennedy D. N., Filipek P. A., Caviness V. S., (1989) "Anatomic segmentation and volumetric calculations in nuclear magnetic resonance imaging", **J. of IEEE Transactions on Medical Imaging**, 8, pp. 1-7.
- [85] Smith M. S., (2002) "Fast Robust Automated Brain Extraction", **J. of Human Brain Mapping**, 17, pp. 143-155.
- [86] Hahn H. K., Peitgen H. O., (2000) "The skull stripping problem in MRI solved by a single 3D watershed transform", MICCAI, Pittsburgh, PA, USA.
- [87] Dice L. R., (1945) "Measures of the amount of ecologic association between species," **J. of Ecology**, 26, 3, pp. 297–302.

Abstract

MRI brain image segmentation plays an increasingly important role in computer-aided detection and diagnosis (CAD) of abnormalities. This thesis uses MRF as an unsupervised method for MRI segmentation. MRF is a statistical method that poses image segmentation as a labeling problem which seeks an optimal label field in a large solution space. In order to speed up the algorithm, we have proposed two novel optimization methods. The first combines Simulated Annealing (SA) and an Improved Genetic Algorithm (IGA). SA is a powerful searching method which imposes heavy computation burden on the algorithm. In comparison, genetic algorithm (GA) has a good capability of searching which converges quickly to a near-global optimum. By combining SA and IGA for optimization, this project puts forward a new model for segmentation which keeps the benefits of both while simultaneously addressing their individual drawbacks. The next, uses social algorithms contained ant colony optimization (ACO) and gossiping algorithm. ACO is a multi-agent guided method for optimization which is inspired from foraging behavior of ants in order to find optimum path between nest and food resource. Tackling Gossiping algorithm, the combinational method assists ants in smart decision. Therefore, the proposed algorithm outperforms the classical MRF model in speed and quality of the solution.

In this thesis, we have used three MRI datasets to compare two proposed methods with the classical MRF. First, the algorithms are used to segment normal MRI brain tissues contain White Matter (WM), Gray Matter (GM), and Cerebrospinal Fluid (CSF). For classical MRF results indicate the average value of Dice coefficient percentage 72.1%. This measurement for MRF-SA-IGA is equal to 73.1% and For MRF-ACO-Gossiping is 72.7%. Also the average of computational time reduction for MRF-SA-IGA in compare with classical MRF is 89.49%. In addition, this parameter for MRF-ACO-Gossiping in compare with classical MRF is equal to 59.02%.

Next, the algorithms are used to segment tumors in real MR images. The average value of Dice coefficient percentage for classical MRF, MRF-SA-IGA, and MRF-ACO-Gossiping are equal to 73.10%, 76.00% and 70.80% respectively. Also computational time reduction average of MRF-SA-IGA in compare with classical MRF is 91.33%.

Additionally this parameter for MRF-ACO-Gossiping in compare with classical MRF is equal to 71.21%.

Last, the algorithms are used to segment multi-spectral MRIs into BG, WM, GM and CSF. For classical MRF results indicate the average value of Dice coefficient percentage 82.1%. This value for MRF-SA-IGA and MRF-ACO-Gossiping are equal to 83.2% and 82.7% respectively. Also computational time reduction average of MRF-SA-IGA compare with classical MRF is 77.08%. This parameter for MRF-ACO-Gossiping compare with classical MRF is equal to 67.08%.

Keywords:

Magnetic Resonance Image (MRI) segmentation, Markov Random Field (MRF) model, Simulated Annealing (SA), Genetic Algorithm (GA), Ant Colony Optimization (ACO), Gossping Algorithm