

# کاهش بُعد داده‌های تصاویر تشدید مغناطیسی مغز با استفاده از شبکه عصبی آموزش یافته توسط الگوریتم ژنی

آرش محمدی

فارغ التحصیل کارشناسی ارشد رشته مهندسی پزشکی - بیوالکترونیک.

حمید سلطانیان زاده

دانشیار گروه مهندسی برق و کامپیوتر - دانشکده فنی - دانشگاه تهران.

(تاریخ دریافت ۸۰/۹/۲۷، تاریخ تصویب ۸۲/۷/۱۲)

## چکیده

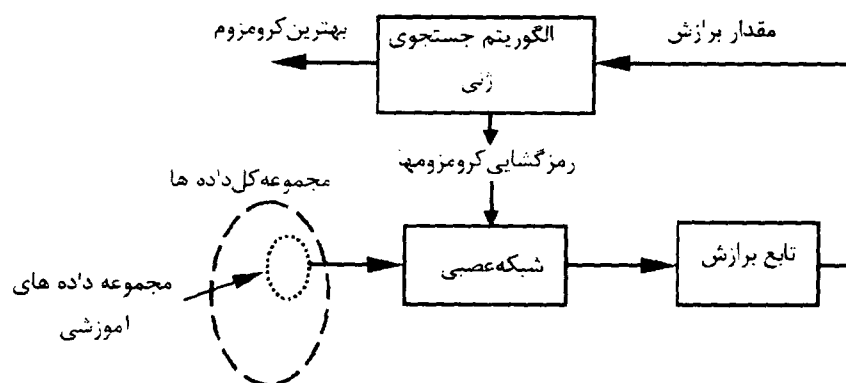
در این مقاله روشی برای کاهش بُعد فضای ویژگی تصاویر تشدید مغناطیسی مغز به سه بُعد جهت ایجاد امکان تجسم توزیع داده‌ها در فضا و بخشبندی تصاویر پیشنهاد می‌شود. از شبکه عصبی پیشخورد برای تولید ویژگی‌های جدید استفاده می‌شود. پارامترهای شبکه عصبی توسط الگوریتم ژنی بگونه‌ای تعیین می‌شوند که داده‌های تبدیل یافته در خروجی شبکه عصبی تابع هدف معینی را بهینه نمایند. سه تابع هدف معرفی می‌شوند که بر مبنای تابع خطای سامون عمل می‌کنند و در دو تا از آنها محدودیتی به این معیار خطا اضافه شده است. داده‌های فضای ویژگی سه بُعدی بدست آمده را می‌توان از طریق ترسیم تصویر پرسپکتیو هیستوگرام سه بُعدی مجسم نمود و با تعیین حدود مرز خوشه‌های داده در این تصویر، تصاویر تشدید مغناطیسی را بخشبندی کرد. نتایج بدست آمده از روشهای پیشنهادی با نتایج روشهای تبدیل خطی و تبدیل شبکه عصبی پس‌انتشار خطا (BPNN) مقایسه می‌شوند. دو روش پیشنهادی که از توابع هدف پیشنهادی اول و دوم استفاده می‌کنند، برای یک سری تصویر MR شبیه سازی شده نتیجه‌ای برتر از سایر روشها را از نظر ایجاد خوشه‌های متمایز از هم ارائه می‌دهند. همچنین به لحاظ تفکیک بافتهای غیر عادی در ۱۰ سری تصویر MR واقعی، نتایج حاصل از این دو روش بخشبندی با خطای کمتری نسبت به روشهای قبلی در اختیار قرار می‌دهند.

**واژه های کلیدی:** کاهش بُعد، استخراج ویژگی، بخش بندی، تصاویر MRI، شبکه عصبی، الگوریتم ژنی

## مقدمه

تشکیل دهند. در نمایش فضای ویژگی، انتهای بردارهای پیکسلی مربوط به یک بافت در مجاورت یکدیگر تجمع می‌یابند و مجموعه این نقاط خوشه‌ای را در فضا تشکیل می‌دهند. با توجه به تفاوت روشنایی بافتهای متفاوت، خوشه‌های بافتهای مختلف در نقاط متفاوتی از فضا قرار خواهند گرفت. بنابراین با مشاهده و تجسم این فضای ویژگی می‌توان با ترسیم مرزی حول هر خوشه و در نظر گرفتن پیکسلهای داخل مرز بعنوان یک ناحیه، تصاویر MR را بخشبندی نمود. برای بخشبندی به این شیوه لازم است فضای فوق قابل تجسم باشد. لزوم قابلیت تجسم فضای ویژگی محدودیتی برای تعداد بعدهای این فضا وضع می‌کند به این معنی که ابعاد چنین فضایی می‌باید به سه بُعد و یا کمتر محدود شود. از آنجا که تعداد تصاویر MR تهیه شده از یک سطح مقطع مغز معمولاً از سه

هدف نهایی تحلیل تصاویر پزشکی استخراج اطلاعات کلینیکی مهمی است که در امر تشخیص و درمان بیماری بسیار موثرند. در تصویر برداری تشدید مغناطیسی (MRI) از مغز انسان، از هر سطح مقطع مغز چند تصویر متفاوت تهیه می‌شود. سری تصاویر MR موقعیت مکانی بافتهای متفاوت را با کنتراست متفاوتی در هر تصویر نمایش می‌دهند که این تصاویر را می‌توان نمایش "حوزه مکان" بافتهای در نظر گرفت. می‌توان نمایش دیگری از بافتهای بنام نمایش "فضای الگوها" یا فضای ویژگی نیز تولید نمود. برای یک سری تصاویر تشدید مغناطیسی مغز که شامل  $n$  تصویر باشد نمایش فضای ویژگی را می‌توان با تولید یک بردار پیکسلی  $n$  بُعدی برای هر پیکسل از تصویر ایجاد کرد که سطوح خاکستری آن پیکسل در تصاویر مختلف مولفه‌های بردار پیکسلی را



شکل ۱: نمای بلوکی از مراحل عملیاتی روش پیشنهادی.

روشهای شبه خطی و غیر خطی مرتبه دوم از طریق محاسبه معکوس ماتریسهای تعیین می‌شود که تضمینی برای نامنفرد بودن آنها وجود ندارد.

در این مقاله رهیافتی جدید برای کاهش بعد تصاویر MR با هدف ایجاد امکان تجسم داده‌های این تصاویر مطرح می‌شود که میزان از دست رفتن اطلاعات تشخیصی بافتها در اثر کاهش بعد حداقل گردد. این رهیافت از قابلیت تقریب توابع توسط شبکه‌های عصبی پیشخورد برای اجرای تبدیلی غیر خطی به فضای سه بعدی بهره می‌گیرد. جهت تنظیم پارامترهای شبکه عصبی از الگوریتم ژنی استفاده می‌شود. پارامترها بگونه‌ای تنظیم می‌شوند که داده‌های تبدیل یافته توسط شبکه تابع هدف معینی را بهینه نمایند. سه تابع هدف نیز معرفی می‌شوند که از معیاری بدون نظارت استفاده می‌کنند.

### روش پیشنهادی

شکل (۱) مراحل عملیاتی روش پیشنهادی را نمایش می‌دهد. مشاهده می‌شود که ابتدا از بین نقاط داده موجود، زیر مجموعه‌ای از طریق نمونه برداری اختیار می‌گردد. این داده‌های انتخابی را مجموعه داده‌های آموزشی می‌نامیم که برای آموزش شبکه عصبی و تنظیم وزنهای آن بکار می‌روند. برای آموزش شبکه عصبی از الگوریتم ژنی استفاده می‌شود. عملیات آموزش شبکه عصبی با انتخاب مجموعه‌ای از مقادیر اولیه برای شبکه عصبی آغاز می‌گردد. مجموعه داده‌های آموزشی توسط شبکه عصبی به فضای جدید نگاشت می‌شوند. در فضای

بیشتر است، لازم است از تعداد ابعاد فضای ویژگی اولیه کاسته شود. این کار با اجرای تبدیلی که داده‌های با بعد بالا را به فضای با بعد کمتر نگاشت می‌کند عملی می‌گردد. مشخص است که در نتیجه اجرای چنین تبدیلی بخشی از اطلاعات موجود در داده‌ها از دست می‌رود. بنابراین تبدیلی (خطی یا غیر خطی) مطلوب خواهد بود که در نگاشت داده‌ها به فضای با بعد کمتر تا حد امکان اطلاعات مفید در امر تشخیص و جداسازی بافتهای گوناگون را حفظ نماید.

در زمینه استخراج ویژگی از تصاویر MR، سلطانیان زاده [۱] تبدیلی خطی پیشنهاد نمود که داده‌های این تصاویر را به فضایی سه بعدی نگاشت می‌نماید. این تبدیل خطی از طریق حداقل سازی مربعات خطای (MSE) فاصله نمونه‌های بافتهای عادی تا نقاط هدف از پیش انتخاب شده تعیین می‌شود. با بهره‌گیری از همین شیوه زارع [۲] و خراط [۳] روش تبدیل خطی را به ترتیب به تبدیلات شبه خطی و غیر خطی از مرتبه دوم تعمیم دادند. همچنین خراط تبدیلی غیر خطی با استفاده از شبکه عصبی پس‌انتشار خطا (BPNN) پیشنهاد نمود که در آن حداقل نمودن مربعات خطای فواصل نمونه‌های بافتهای عادی تا نقاط هدف با استفاده از روش پس‌انتشار خطا انجام می‌گیرد. در این روشها فضای خروجی تنها بر مبنای نمونه‌های بافتهای عادی استخراج می‌شود و ممکن است بعدهایی که از آنها صرف‌نظر می‌شود حاوی اطلاعات تشخیصی مفیدی جهت جداسازی بافتهای غیر عادی از یکدیگر و از بافتهای عادی باشد. بعلاوه پاسخ تحلیلی

می باشد [۴] و بصورت زیر تعریف می شود:

$$Min \left( J_1 = \frac{1}{\sum_{i=1}^{N-1} \sum_{j=i+1}^N d_{ij}^*} \sum_{i=1}^{N-1} \sum_{j=i+1}^N \frac{(d_{ij}^* - d_{ij})^2}{d_{ij}^*} \right) \quad (1)$$

که در آن  $d_{ij}^*$  و  $d_{ij}$  فواصل زوج نقاط  $i$  ام و  $j$  ام به ترتیب در فضای ویژگی اولیه و فضای خروجی شبکه عصبی هستند.  $N$  تعداد کل پیکسلهای تصویر می باشد. بنابراین حداقل نمودن این تابع هدف معادل با حفظ فواصل زوج نقاط در نگاشت از فضای اولیه به فضای خروجی است. این خاصیت مهمی است که مانع از نزدیک شدن خوشه های بافتهای متفاوت در اثر کاهش بعد فضا می گردد. برای کاهش حجم محاسبات این تابع هدف، از طریق نمونه برداری، زیر مجموعه آموزشی کوچکی از بین کل نقاط داده موجود تهیه می شود و برای آموزش شبکه عصبی مورد استفاده قرار می گیرد (به بخش نمونه برداری از داده ها مراجعه نمایید).

بهینه سازی پارامترهای شبکه عصبی تحت تاثیر تابع هدف (۱) ممکن است منجر به تبدیلی گردد که در نتیجه آن ماتریس کواریانس داده های تبدیل یافته توسط شبکه عصبی نزدیک به منفرد گردد و بنابراین از کلیه امکانات فضای سه بعدی بهره برداری نخواهد شد. در تابع هدف پیشنهادی دوم برای جلوگیری از ایجاد همبستگی بین ابعاد فضای خروجی تبدیل، کوچکترین مقدار ویژه ماتریس کواریانس داده ها نیز بصورت ضریبی در تابع هدف افزوده می شود. این تابع هدف به صورت زیر است

$$Min \left( J_2 = \frac{J_1}{\lambda_m} \right) \quad (2)$$

که در این رابطه  $\lambda_m$  کوچکترین مقدار ویژه ماتریس کواریانس داده های نمونه ای بکار گرفته شده در بهینه سازی است.

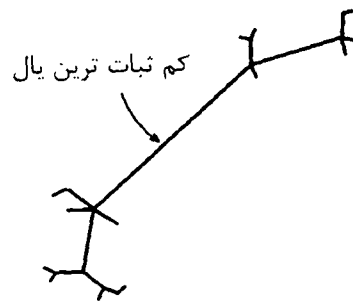
توابع هدف (۱) و (۲) نقاط هدف معینی برای تجمع بردارهای داده های بافتهای عادی تعیین نمی کنند. بنابراین خوشه های بافتهای عادی ممکن است در هر جایی از فضای خروجی قرار گیرند. برای ساده تر شدن تشخیص این

خروجی، تابع هدفی بر حسب این نقاط انتقال یافته محاسبه می شود. مقدار تابع هدف به عنوان مقدار برازش برای هدایت جستجو به الگوریتم ژنی منتقل می گردد. الگوریتم ژنی بر اساس جمعیتی از رشته های باینری یا کروموزومها عمل می کند. در هر یک از افراد جمعیت، کلیه متغیرهای شبکه عصبی به صورت رمز شده وجود دارد. الگوریتم ژنی با دریافت مقادیر برازش جمعیت کروموزومی نسل قبل، جمعیت جدیدی از کروموزومها را تولید می نماید. هر یک از افراد جمعیت جدید رمزگشایی می شود و یک شبکه عصبی با وزنه های حاصل از آن تولید می شود. سپس کلیه نقاط مجموعه آموزشی توسط آن به فضای جدید منتقل می گردد و مجدداً عملیات محاسبه تابع برازش روی نتایج اجرا می شود و این حلقه از عملیات ادامه پیدا می کند. با پیشرفت الگوریتم و اجرای نسلهای متعدد، به تدریج جمعیت کروموزومها بهینه می شوند. در نهایت وزنه های رمز شده در مناسبترین فرد از آخرین نسل به عنوان وزنه های بهینه برای شبکه عصبی انتخاب می شود و کلیه داده های تصاویر MR توسط آن به فضای جدید نگاشت می شوند.

بنابراین مشخص است که تابع هدف انتخابی نقش کلیدی در کیفیت نگاشت بدست آمده خواهد داشت. هدف از اجرای تبدیل روی داده های تصاویر MR، کاهش بعد داده ها ضمن حفظ اطلاعات مفید در امر جداسازی خوشه های بافتهاست. با توجه به اینکه در مورد تصاویر MR اغلب تنها نمونه های بافتهای عادی (ماده سفید، ماده خاکستری و مایع بصل النخاعی) موجودند، تبدیلی که مربعات خطا تا نقاط هدف را تنها برای نمونه های بافتهای عادی حداقل نماید لزوماً بهترین تبدیل برای تأمین هدف فوق نخواهد بود. در مواردی نظیر مساله بخش بندی تصاویر MR که داده های کلاسی تنها برای برخی کلاسها موجود است بهره گیری از قابلیت های روشهای استخراج ویژگی بدون نظارت در ضمن استفاده از اطلاعات کلاسی موجود می تواند راه حل موثرتری باشد. بر این اساس، سه تابع هدف بعنوان معیارهایی برای تنظیم پارامترهای شبکه عصبی ارائه می شوند که معیار بکار رفته در آنها معیاری بدون نظارت می باشد.

**معرفی توابع هدف:** اولین تابع هدف تابع خطای سامون

آلگوریتم ژنی تکرار شوند که به این ترتیب هزینه محاسباتی آلگوریتم بسیار زیاد می‌شود. بنابراین به روشی برای کاهش تعداد داده‌ها نیاز است که تعداد نمونه‌ها را بطور موثری کاهش دهد ولی در عین حال تعدادی نمونه از هر بافت در مجموعه داده‌های انتخاب شده وجود داشته باشد. در ادامه شیوه‌ای برای این منظور معرفی می‌شود.



نمونه برداری از داده‌ها: شیوه‌ای برای کاهش تعداد بردارهای داده توسط Öten [۵] پیشنهاد شده است. این روش که از مفاهیم گراف استفاده می‌نماید در تصمیم‌گیری برای انتخاب نقاط داده به طور موثری ساختار داده‌ها را نیز در نظر می‌گیرد.

فرض کنید  $X = \{x_1, x_2, \dots, x_N\}$  مجموعه

نقاط داده باشد که هر عضو آن برداری در فضای  $R^n$  هستند. این نقاط داده را به عنوان گره‌های یک گراف در نظر می‌گیریم. برای  $N$  نقطه،  $N(N-1)/2$  فاصله (افلیدسی) متفاوت بین نقاط را تعیین می‌نماییم و آنها را به عنوان وزن یالهای گراف کامل دربرگیرنده  $N$  نقطه انتخاب می‌نماییم. با مشخص شدن وزن یالهای گراف می‌توان درخت مینیمم<sup>۱</sup> را برای این گراف تشکیل داد. برای یک گراف وزندار، MST زیر مجموعه‌ای از یالهای گراف است که تمام گره‌های گراف را به یکدیگر متصل سازد و مجموع وزنه‌های این یالها، از هر زیر مجموعه دیگر از یالها که تمام گره‌های گراف را به یکدیگر متصل می‌کنند کمتر باشد. در یک MST، میزان عدم ثبات<sup>۲</sup> برای هر یال متصل کننده زوج نقاط  $x_i$  و  $x_j$  به صورت نسبت وزن این یال تقسیم بر میانگین وزن تمام یالهای MST که به  $x_i$  یا  $x_j$  متصل‌اند (باستثنای یال از  $x_i$  به  $x_j$ ) تعریف می‌شود. یعنی:

$$Inconsistency(i, j) = \frac{d_{ij}}{\frac{1}{S} \left( \sum_{k \in S_i} d_{ik} + \sum_{k \in S_j} d_{jk} \right)} \quad (۴)$$

در رابطه (۴)  $S_i$  و  $S_j$  به ترتیب مجموعه یالهای متصل به  $x_i$  و  $x_j$  هستند.  $S$  نیز تعداد اعضای  $S_i \cup S_j$

## شکل ۲: یک درخت مینیمم و کم ثبات ترین یال آن.

خوشه‌ها معیار سوم با این محدودیت مطرح می‌شود که بردارهای میانگین داده‌های بافتهای عادی در فضای خروجی تبدیل متعامد گردند. در نهایت نیز این امتدادهای متعامد بعنوان پایه‌های فضای خروجی اختیار می‌شوند و به این ترتیب در نمایش فضا، بافتهای عادی در نزدیکی محورهای مختصات خوشه خواهند شد. این تابع هدف بصورت زیر در نظر گرفته می‌شود

$$Min(J_3 = J_1) \text{ s. t. c. } \sum_{i=1}^3 \sum_{j=1}^3 \left| \frac{m_i \cdot m_j}{\sqrt{m_i \cdot m_j}} \right| \leq \delta \quad (۳)$$

در رابطه (۳)  $m_i$  و  $m_j$  بردارهای میانگین نمونه‌های بافتهای عادی  $i$  ام و  $j$  ام در فضای خروجی تبدیل اند و  $J_1$  نیز در رابطه (۱) تعریف شد. مقدار حقیقی مثبت کوچکی است که در آزمایشات مطرح شده در این مقاله برابر با ۰/۱ انتخاب شده است.

تابع خطای سامون معیاری بدون نظارت می‌باشد. یعنی برای محاسبه آن به داده‌های آموزشی که کلاس عضویت آنها قبلاً به طریقی تعیین شده است (داده‌های برجسب‌دار) نیازی نمی‌باشد. مزیت این تابع خطا اینست که بر اساس حفظ توپولوژی داده‌ها در فضای خروجی عمل می‌کند، مستقل از اینکه داده‌ها به بافت عادی یا غیر عادی تعلق داشته باشند. برای کسب بهترین نتیجه می‌باید تابع خطای سامون برای کلیه بردارهای پیکسلی تصاویر MR محاسبه شود. اما حجم محاسبات تابع سامون بسرعت با افزایش تعداد داده‌ها رشد می‌کند. بعلاوه، این محاسبات می‌باید به تعداد افراد جمعیت هر نسل از

به عنوان وسیله‌ای برای محاسبه تابعی حقیقی از چند متغیر در نظر می‌گیریم که فرم این تابع به مجموعه پارامترهای شبکه بستگی دارد. گرچه بنا به قضیه کلموگروف شبکه عصبی پیشخورد با یک لایه مخفی از  $(2n+1)$  گره - که در آن  $n$  تعداد بعدهای فضای ورودی است - قادر به نمایش هر تابع پیوسته می‌باشد [۶]. ولی راه حلی برای تعیین پارامترهای این شبکه سه لایه بهینه وجود ندارد. در نتیجه اغلب در عمل برای بدست آوردن تقریب مطلوبی برای تابع مورد نظر از بیش از یک لایه مخفی استفاده می‌شود. بر مبنای مطالب فوق در این تحقیق شبکه عصبی پیشخورد چند لایه با توابع فعالیت  $S$  شکل متشکل از دو لایه مخفی و سه گره خروجی استفاده می‌شود. تعداد ورودی‌های شبکه برابر با تعداد تصاویر MR است که در اینجا تعداد آنها ۵ می‌باشد. تعداد گره‌های لایه مخفی اول ۱۱ و تعداد گره‌های لایه مخفی دوم به دلخواه ۱۰ انتخاب شدند.

```

t = 0;
initialize(P(t));
evaluate(P(t));
while not terminate(P(t)) do
    t = t + 1;
    P(t) = select(P(t - 1));
    recombine(P(t));
    mutate(P(t));
    evaluate(P(t));
od

```

**الگوریتم ژنی:** مساله تنظیم پارامترهای شبکه عصبی فوق یک مساله بهینه سازی در فضای با بعد بالا می‌باشد که ابعاد این فضا توسط تعداد پارامترهای شبکه تعیین می‌گردد. الگوریتم‌های ژنی نشان داده‌اند که ابزاری موثر در جستجوی یک فضای بزرگ و پیچیده هستند [۷]. این الگوریتم‌ها با تقلید از مکانیزم‌های تکاملی بیولوژیکی نظیر تولید مثل، crossover، و جهش ژنی، جستجویی تطبیقی و بصورت هدایت شده انجام می‌دهند. الگوریتم‌های ژنی اولین بار در اوایل دهه ۱۹۷۰ توسط Holland و شاگردانش پیشنهاد و مطالعه شدند. GA ها یکی از نمایندگان کلاسی از الگوریتم‌های جستجو هستند که بر مبنای مدل تکامل طبیعی عمل می‌کنند. در

است. شکل (۲) یک درخت مینیمم را همراه با کم ثبات ترین یال آن نشان می‌دهد. علاوه بر این در اینجا، قطر درخت،  $D$ ، به صورت حداکثر فاصله بین زوج نقاط درخت تعریف می‌شود (این فاصله را نباید با مجموع وزنهای یک مسیر از یک گره به گره دیگر اشتباه نمود).

الگوریتم نمونه برداری با کل MST آغاز می‌شود. ابتدا MST با حذف بی‌ثبات ترین یال  $^3$  به دو زیر درخت تقسیم می‌شود. سپس زیر درخت حاوی بی‌ثبات ترین یال بعدی به نوبه خود با حذف این یال به دو زیر درخت تقسیم می‌شود. این کار تا بی‌ثبات ترین یال  $m$ -ام تکرار می‌شود. در این مرحله  $m+1$  خوشه در اختیار خواهیم داشت زیرا دو گراف متصل به دو انتهای بی‌ثبات ترین یال دو خوشه را تشکیل می‌دهند.

برای زیر درخت متصل به بی‌ثبات ترین یال  $p$ -ام، مجموعه نمونه‌های  $A_p$  متشکل از چهار عضو تشکیل داده می‌شود. دو عضو اول  $A_p$  گره‌های انتهایی بی‌ثبات ترین یال  $p$ -ام  $(x_l^p, x_k^p)$  هستند. عضوهای سوم و چهارم را نیز نقاط انتهایی قطر  $D_p$  در زیر درخت  $p$ -ام تشکیل می‌دهند  $(x_r^p, x_s^p)$ :

$$A_p = \{x_l^p, x_k^p, x_r^p, x_s^p\}, \quad p = 1, 2, \dots, m \quad (5)$$

تنها اعضای مجموعه  $A = \bigcup_{i=1}^m A_p$  را به عنوان نماینده

کل داده‌ها در محاسبه تابع خطای سامون بکار می‌بریم. در یافتن نتایجی که در این مقاله مطرح خواهد شد، تعداد یالهای کم ثباتی که حذف می‌گردند برابر  $m=100$  انتخاب شده است. به این ترتیب حداکثر حدود ۴۰۰ نمونه از میان داده‌ها انتخاب خواهند شد. البته این امکان وجود دارد که نقطه انتهایی یال بی‌ثبات با یکی از نقاط دو سر قطر زیر درخت مشترک باشند؛ در این صورت نقاط تکراری در مجموعه نمونه‌ها منظور نخواهند شد. در عمل در آزمایشهای انجام شده روی تصاویر شبیه سازی و تصاویر MR واقعی، کل تعداد نمونه‌های مجزایی که به این روش نمونه برداری بدست می‌آیند در حدود ۲۴۰ عدد می‌باشد.

**معماری شبکه عصبی پیشخورد:** در اینجا شبکه عصبی را

$\alpha_i$  مقدار بیت  $i$  ام است و کل طول هر فرد از جمعیت،  $l = n \cdot l_x$  است که  $l_x$  میزان دقت مقدار رمزگشایی شده را تعیین می‌کند و برای قطعات مختلف موجود در یک رشته کروموزوم ممکن است مقادیر متفاوتی داشته باشد.

هنگامی که تمام افراد یک جمعیت ارزیابی شدند، عملگر گزینش  $S: I^l \rightarrow I^l$  جمعیتی جدید را انتخاب می‌نماید. جمعیت جدید با انتخاب تصادفی  $\lambda$  نمونه از جمعیت نسل قبل تعیین می‌گردد که احتمال انتخاب  $(p_s)$  هر فرد توسط برآزش نسبی آنها تعیین می‌گردد؛ یعنی:

$$p_s(a_i) = \frac{f(a_i)}{\sum_{i=1}^l f(a_i)} \quad (\text{Proportional Selection}) \quad (7)$$

مشخص است که این شیوه گزینش در حالت مقادیر برآزش منفی و یا مساله حداقل سازی با شکست مواجه می‌شود. به این جهت انتخاب تناسبی همراه با شگردهای مقیاس نمودن برآزش بکار می‌رود که این شگردها مقادیر تابع هدف  $f'(a_i)$  را به مقادیر برآزش  $f(a_i)$  تبدیل می‌نمایند.

پس از فرآیند گزینش، تعداد افراد با برآزش زیاد نسبت به افراد با برآزش کم افزایش می‌یابد. اما هنوز هیچ نقطه جستجوی جدیدی تولید نشده است. این نقاط جستجوی جدید توسط فرآیندهای بازترکیب و جهش ژنی تولید می‌شوند.

برای فرآیند بازترکیب  $\omega_c: I \times I \rightarrow I$  که اطلاعات را بین افراد مبادله می‌کند، عملگرهای crossover متعددی معرفی شده‌اند. در اینجا عملگر crossover تک نقطه‌ای که روی دو فرد  $a_1 = (\alpha_1, \alpha_2, \dots, \alpha_l)$  و  $a_2 = (\beta_1, \beta_2, \dots, \beta_l)$  عمل می‌نماید توضیح داده می‌شود. این عملگر به این صورت عمل می‌نماید که ابتدا یک بیت  $k \in \{1, \dots, l-1\}$  به طور تصادفی به عنوان نقطه crossover انتخاب می‌شود. سپس بیت‌های بعد از آن، بین دو رشته تعویض می‌شوند. به این ترتیب افراد جدیدی به صورت  $a'_1 = (\alpha_1, \dots, \alpha_k, \beta_{k+1}, \dots, \beta_l)$  و  $a'_2 = (\beta_1, \dots, \beta_k, \alpha_{k+1}, \dots, \alpha_l)$  تولید می‌شوند. این عملگر با احتمال ثابت  $p_c$  (۰/۶ الی ۰/۹) اعمال می‌شود. یعنی پس از گزینش دو فرد از جمعیت برای

سالهای اخیر این الگوریتمها به طور وسیعی در مسایل یادگیری و بهینه سازی بکار رفته‌اند.

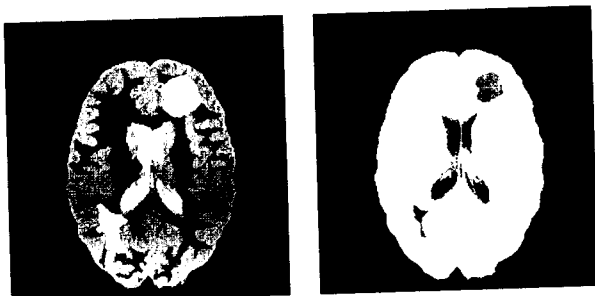
یک الگوریتم ژنی ساده یا کانونی را می‌توان مطابق شکل (۳) توصیف نمود. در این الگوریتم  $l$  شماره نسل و  $P(t) = \{a_1, a_2, \dots, a_n\}$  جمعیت در نسل  $t$  ام است که شامل  $\lambda$  فرد  $a_1, a_2, \dots, a_n$  می‌باشد. ابتدا جمعیتی از افراد یا کروموزومها که هر کدام یک نقطه جستجو در فضای پاسخهای ممکن مساله هستند، تولید می‌شوند. این جمعیت اولیه اغلب به طور تصادفی تعیین می‌گردند. این روش جستجو بر مبنای یک فرآیند یادگیری تجمعی در داخل جمعیت فوق عمل می‌کند. جمعیت افراد قادر است با محیط داده شده تطبیق پیدا کند که این کار توسط فرآیندهای تصادفی گزینش، بازترکیب و جهش ژنی انجام می‌گیرد. پس‌خوردی که هر فرد از محیط دریافت می‌کند اطلاعاتی در مورد کیفیت (برآزش) و میزان انطباق آن فرد با محیط را تعیین می‌نماید.

فرآیند گزینش باعث می‌شود افراد با برآزش بهتر بیش از سایرین تولید مثل انجام دهند. بازترکیب امکان تبادل اطلاعات بین افراد را فراهم می‌کند و موتاسیون نیز اطلاعات جدید به جمعیت نسل وارد می‌کند. حین فرآیند تکامل، در نتیجه عمل همزمان فرآیندهای فوق، کیفیت یا برآزش متوسط جمعیت افزایش می‌یابد و می‌توان امیدوار بود که جستجو به نقطه بهینه منتهی شود.

GA ها بر مبنای رشته‌های باینری با طول ثابت عمل می‌کنند؛ یعنی  $a_i \in I = \{0, 1\}^l$  که فضای جستجوی افراد است. تابع برآزش  $f: I \rightarrow R$  کیفیت افراد را ارزیابی می‌نماید. به این ترتیب به نظر می‌رسد که GA ها محدود به بهینه سازی توابع شبه بولی می‌شوند، اما به روش ساده‌ای می‌توان آنها را برای مسایلی به شکل  $f: \times_{i=1}^n [u_i, v_i]$  نیز بکار برد. این کار با استفاده از توابع رمزگشای  $\Gamma_{lx}^i: \{0, 1\}^{lx} \rightarrow R$  که قطعات با طول  $l_x$  را به فواصل  $[u_i, v_i]$  متناظر می‌نماید، عملی می‌شود. اغلب چنین تابعی به صورت زیر انتخاب می‌شود:

$$\Gamma_k^n(\alpha_1, \dots, \alpha_k) = u_i + \frac{(v_i - u_i)}{2^k - 1} \left( \sum_{j=1}^k \alpha_j 2^{j-1} \right) \quad (6)$$

این الگوریتم ابتدا شرط تعامد بعنوان تابع هدف بهینه می‌شود. این مرحله به جهت حجم محاسبات کم سریع اجرا می‌شود. در مرحله دوم، تابع هدف همراه با محدودیت تعامد بعنوان تابع برازش بکار می‌رود. در این حالت برای هر فرد از جمعیت پیش از محاسبه خطای سامون، شرط تعامد بررسی می‌شود؛ در صورتی که این شرط برآورده نگردد بدون محاسبه خطای سامون، برازش بسیار کوچک از پیش تعیین شده‌ای به آن فرد نسبت داده می‌شود. به این ترتیب جستجو برای حداقل سازی خطای سامون تنها به مجموعه نقاطی از فضا که شرط تعامد را ارضا می‌کنند محدود می‌گردد.



شکل ۴: دو نمونه تصویر از سری تصاویر شبیه سازی.

## نتایج

در این بخش نتایج روشهای پیشنهادی با نتایج روشهای تبدیل خطی و تبدیل شبکه عصبی پیشخورد پس‌انتشار خطا (BPNN) که در مقدمه ذکر شدند مقایسه می‌شوند.

**بررسی برحسب تصاویر شبیه سازی:** جهت بررسی کیفیت فضای استخراج شده توسط هر تابع هدف، یک سری تصاویر MR شبیه سازی شده متشکل از پنج تصویر تهیه شدند. در این تصاویر شبیه سازی شده شدت روشنایی بافتها، مشابه شدت روشنایی بافتهای متناظر در تصاویر MR واقعی انتخاب شدند. شکل (۴) دو مورد از این تصاویر را نشان می‌دهد. مشاهده می‌شود که در این تصاویر علاوه بر بافتهای عادی (ماده سفید، ماده خاکستری و مایع مغزی نخاعی یا CSF)، دو ناحیه دیگر نیز با شدت روشنایی متفاوت به عنوان بافتهای غیر عادی گنجانده شده‌اند. یکی از این دو ناحیه به صورت ناحیه مرکزی و دیگری به صورت ناحیه حاشیه‌ای بافت غیر عادی در نظر گرفته شده‌اند. برای سادگی مراجعه، آنها را

CROSSOVER، این عملگر با احتمال  $p_c$  روی آن دو اجرا می‌شود.

در نهایت عملگر جهش ژنی با احتمال  $p_m$  (۰/۰۰۱) روی تمام بیههای افراد عمل می‌کند. اگر بیتی برای موتاسیون انتخاب شود، مقدار آن بیت با مکمل‌اش جایگزین می‌گردد. این عملگر را اغلب به عنوان عملگر پس زمینه در نظر می‌گیرند که امکان بازیابی بیههای همگرا شده یعنی بیههایی که در بین کل جمعیت مقدار یکسانی دارند را فراهم می‌کند.

در اینجا فرم کانونی الگوریتم ژنی [۷] در بهینه سازی پارامترهای شبکه عصبی بکار می‌رود تنها با این تفاوت که بهترین فرد نسل قبل نیز در مجموعه افراد نسل جدید قرار داده می‌شود. با این کار بهترین برازش نسل با پیشرفت الگوریتم بطور یکنواخت افزایش یا کاهش می‌یابد و بررسی نحوه پیشرفت الگوریتم را ساده‌تر می‌نماید.

جدول (۱) مقادیر پارامترهای بکار رفته در الگوریتم ژنی را نشان می‌دهد. شرط توقف الگوریتم ژنی اجرای تعداد معینی از نسلهای در نظر گرفته شد. مقادیر تعداد نسل بر حسب مشاهدات حاصل از اجرای الگوریتم برای تصاویر شبیه سازی انتخاب شدند. در انتخاب این تعداد نسل، مصالحه‌ای بین ارضای بهینه سازی تابع هدف و هزینه محاسباتی قابل قبول برای بهینه سازی شبکه عصبی صورت گرفته است. تعداد نسلهای الگوریتم ژنی برابر ۶۰۰ انتخاب گردید.

جدول ۱. مشخصات الگوریتم ژنی.

۵۰	جمعیت نسل
Gray Code	نحوه رمز نمودن پارامترها
۰/۶	احتمال crossover
۰/۰۰۱	احتمال جهش ژنی (mutation)
تک نقطه‌ای	تعداد نقاط crossover
اجرای ۶۰۰ نسل	معیار توقف الگوریتم
۱۰ بیت	تعداد بیت اختصاص داده شده به هر پارامتر وزن شبکه عصبی
[-۵,۵]	بازه تغییرات در نظر گرفته شده برای هر متغیر

جهت بهینه سازی تابع هدف با محدودیت (۳) از یک الگوریتم دو مرحله‌ای استفاده گردید. در مرحله اول

اختیار می‌شود که شدت روشنایی بیشتری نسبت به اطراف خود دارند. با مشخص شدن موقعیت مراکز تمام خوشه‌ها، هر یک از نقاط داده در تصویر پرسپکتیو به خوشه‌ای که مرکز کمترین فاصله اقلیدسی را تا آن نقطه دارد، نسبت داده می‌شود. به این ترتیب وضعیت عضویت نقاط داده در خوشه‌ها معین می‌گردد. با در نظر گرفتن پیکسل‌های متناظر با داده‌های موجود در هر یک از خوشه‌ها به عنوان یک ناحیه (بافت) خاص از مغز، یک بخش‌بندی برای سری تصاویر MR بدست می‌آید. نمونه بخش‌بندی‌های بدست آمده به این طریق در شکل (۵) نشان داده شده است. چنانکه مشاهده می‌شود روش شبکه عصبی پس انتشار خطا اغلب، خوشه‌های داده را که در فضای اولیه به جهت نوع توزیع (نویز سفید گوسی) فرم کروی گون دارند در فضای خروجی به شکل خوشه‌هایی کشیده و امتداد یافته نگاشت می‌نماید. این وضعیت به خصوص در صورت افزایش نویز، تشخیص مرز خوشه‌ها و لذا تمیز دادن خوشه‌های متفاوت از یکدیگر را مشکل می‌سازد. همچنین نتایج این روش معمولاً خوشه‌های

بافتهای CSF و L1 و L2 را در نزدیکی یکدیگر نگاشت می‌نماید که این وضع نیز بر مشکل شدن جدا سازی این بافتها می‌افزاید.

در نگاشت بدست آمده از روش خطی، به علت تصویر شدن<sup>۵</sup> داده‌ها به فضای با بعد کمتر فرم کروی شکل خوشه‌ها به خوشه‌های کشیده‌ای در فضای خروجی تبدیل شده است. این روش هرچند بافت L2 را به خوبی متمایز می‌نماید ولی در اینجا نیز بافتهای L1 و CSF در مجاورت

به ترتیب بافت L1 و L2 می‌نامیم (که از حرف اول کلمه Lesion استفاده شده است).

جدول (۲) میانگین شدت روشنایی بافتهای مختلف را در تصاویر شبیه سازی نشان می‌دهد. ملاحظه می‌شود که سه بافت CSF، L1 و L2 در اکثر تصاویر شدت روشنایی مشابهی دارند و تنها در تصویر اول کنتراست مناسبی بین آنها برقرار است.

تصاویر شبیه سازی از افزودن نویز سفید گوسی با میانگین صفر و انحراف معیار واحد به مقادیر میانگین شدت روشنایی در جدول (۲) ایجاد شدند. در مرز بین بافتهای عادی، پیکسل‌هایی که شدت روشنایی آنها ترکیبی از شدت روشنایی دو بافت مجاور است به عنوان شبیه سازی نواحی پیکسل‌های آمیخته<sup>۴</sup> در نظر گرفته شده‌اند. بنابراین با در نظر گرفتن ناحیه زمینه تصویر، در مجموع هشت ناحیه مختلف در این تصاویر وجود دارد. تمام تصاویر تولید شده دارای ابعاد ۲۵۶×۲۵۶ پیکسل هستند. جدول (۳) مقادیر سیگنال به نویز (SNR) را برای این پنج تصویر نمایش می‌دهد.

مقصود اولیه ما از استخراج ویژگی‌های سه گانه، استفاده از آنها برای ایجاد تجسمی از توزیع داده‌ها و بخش‌بندی تصویر با استفاده از هیستوگرام سه بعدی می‌باشد. بنابراین پس از نگاشت داده‌ها به فضای سه بعدی، تصویر پرسپکتیو هیستوگرام سه بعدی تهیه می‌گردد. تصاویر شکل (۵) نمونه‌ای از پرسپکتیو فضای استخراج شده توسط هر یک از روشها را نمایش می‌دهد. در این تصاویر مراکز خوشه به صورت دستی با ترسیم دایره‌ها مشخص گردیده است. مراکز خوشه‌ها، متناظر با نقاطی

جدول ۲: مقادیر میانگین شدت روشنایی پیکسل‌های بافتها در تصاویر شبیه سازی.

شماره تصویر	نام بافت	ماده سفید	ماده خاکستری	مایع مغزی نخاعی	قسمت داخلی بافت غیر عادی (L1)	قسمت حاشیه‌ای بافت غیر عادی (L2)
۱		۱۰۸/۶۰	۱۰۶/۵۰	۲۵/۵۸	۷۸/۰۵	۹۸/۰۰
۲		۹۸/۳۷	۱۰۵/۱۰	۱۰۱/۱۲	۱۲۰/۰۰	۱۰۱/۹۶
۳		۶۲/۴۲	۷۳/۶۱	۸۸/۳۱	۸۵/۰۰	۸۰/۰۰
۴		۴۲/۸۲	۵۵/۰۲	۸۰/۸۳	۸۹/۹۷	۸۵/۰۱
۵		۲۹/۰۲	۴۱/۶۲	۷۱/۸۱	۸۲/۰۱	۷۷/۹۸



جدول ۳: مقادیر SNR در تصاویر شبیه سازی بر حسب دسی بل.

شماره تصویر	۱	۲	۳	۴	۵
SNR [dB]	۳۸/۰۴	۴۱/۳۹	۳۲/۸۹	۲۷/۲۲	۲۴/۳۰

کل آن نیز از تمام روشها پایین تر است. اما با افزایش نویز این وضعیت کاملاً تغییر می‌کند و مقادیر خطا به شدت افزایش می‌یابند.

روش تابع هدف اول در حالت نویز کم پس از روش خطی کمترین خطا را تولید می‌کند. پس از آن روش تابع هدف دوم نیز خطای کمتری نسبت به دیگران ایجاد می‌نماید. مزیت این دو روش این است که در حالت نویز بالا هم برتری خود را بر سایرین حفظ می‌نماید و هر چند به لحاظ خطای کل بهترین نیستند ولی به لحاظ جدا سازی بافتهای غیرعادی (خطای سه بافت CSF, L1 و L2) بر سایرین برتری دارند.

در مورد روش BPNN (شبکه عصبی پس انتشار خطا)، از مقادیر خطای سه بافت مشابه مشخص می‌شود که این روش در اغلب موارد جدا سازی مناسبی برای این سه بافت ایجاد نمی‌نماید. روش تابع هدف سوم نیز تنها در نویز پایین نتایج خوب آرایه نموده است.

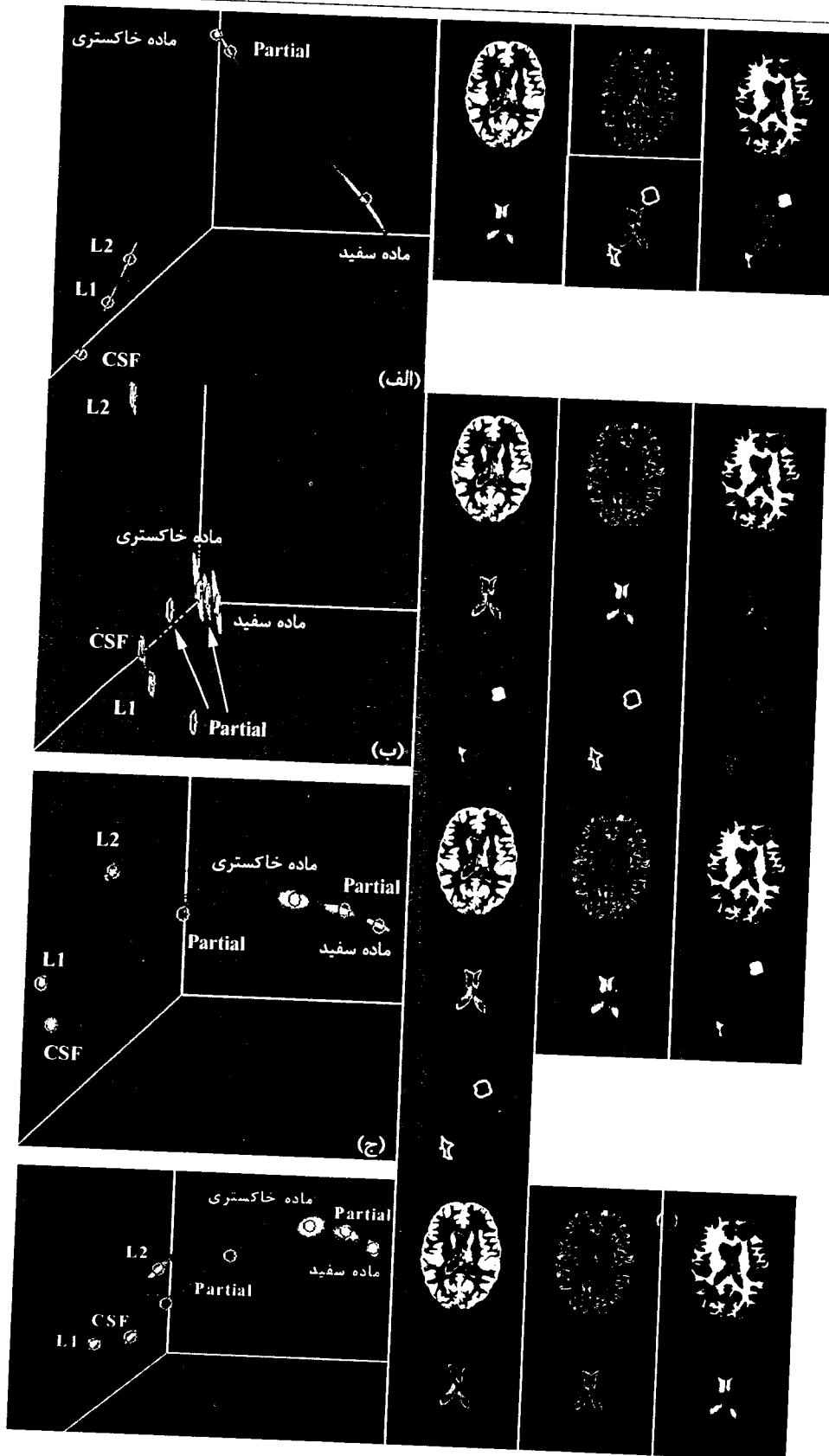
**بررسی بر حسب تصاویر واقعی MR:** برای بررسی عملکرد روشها در برابر تصاویر واقعی، ۱۰ سری تصویر MR واقعی مربوط به ۱۰ بیمار مختلف در نظر گرفته شدند. بافتهای غیر عادی در این تصاویر توسط یک متخصص رادیولوژی بخشبندی شدند. نتایج نگاشت داده‌ها نیز مطابق توضیح بخش بررسی بر حسب تصاویر شبیه سازی، به صورت دستی با تعیین مراکز خوشه‌های تولید شده در هیستوگرام سه بعدی فضای خروجی تبدیلات، بخشبندی شدند.

برای تصاویر واقعی تنها دقت بخش بندی بافتهای غیر عادی را در مقایسه‌ها در نظر می‌گیریم. بافتهای غیرعادی تصاویر MR توسط یک متخصص رادیولوژیست بخش بندی شدند. این بخش بندی‌ها را بخش بندی دقیق می‌نامیم. سپس استخراج ویژگی هر یک از سری تصاویر توسط تمام روشها صورت گرفت. در نتیجه اجرای هر روش، سه تصویر ایجاد می‌شود که از آنها برای تشکیل دادن هیستوگرام سه بعدی استفاده می‌شود. در نهایت

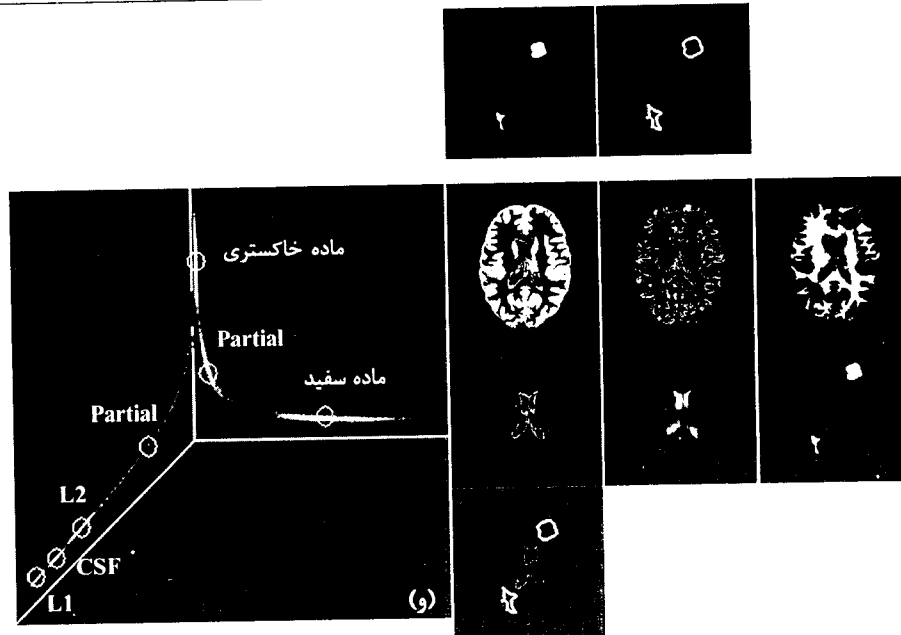
یکدیگر نگاشت شده‌اند. در فضای استخراج شده توسط روش تابع هدف (۱) خوشه‌های بافتها فرم کروی گون خود را همچنان حفظ کرده‌اند. این روش هر چند خوشه‌های بافتهای ماده سفید و ماده خاکستر را نزدیک یکدیگر نگاشت می‌نماید ولی به خوبی بافتهای CSF و بافتهای غیر عادی را از یکدیگر متمایز می‌سازد. روش تابع هدف (۲) نیز نتایجی بسیار مشابه تابع هدف (۱) تولید نموده است. از نتایج روش تابع هدف (۳) مشخص می‌شود که شرط تعامد بردار میانگین بافتهای عادی در فضای خروجی، قابلیت جدا سازی تابع هزینه سامون را به شدت تنزل داده‌است. در نتایج حاصل از این روش نیز خوشه‌های بافتهای عادی کشیدگی زیادی پیدا می‌کنند که کنتراست خوشه‌ها در تصویر هیستوگرام را کاهش می‌دهد.

برای بررسی میزان حساسیت نتایج بخشبندی به نویز، تصاویر شبیه سازی با انحراف معیار نویز به ترتیب به میزان نصف و دو برابر آنچه که در ابتدای این بخش ذکر شد تولید شدند. جدول (۴) مقادیر میانگین خطای بخشبندی برای تصاویر شبیه سازی را به ازای ۱۰ تکرار هر یک از روشهای مختلف نشان می‌دهد. در این جدول، مقادیر خطای بخشبندی در دو حالت محاسبه شده‌اند. یک بار بر حسب خطای بخشبندی کل بافتها و یک بار بر حسب خطای بخشبندی سه بافت با شدت روشنایی مشابه یعنی CSF، بافت غیر عادی L1 و بافت غیر عادی L2 محاسبه انجام شده است. با توجه به اینکه هدف اصلی از بخشبندی، بخشبندی دقیق بافتهای غیر عادی است، بیشتر مطلوب است که در میان دو مقدار خطای فوق مورد دوم مقادیر کمتری داشته باشد.

توجه نمایید که روش خطی بر خلاف سایرین که از شبکه عصبی استفاده می‌کنند، نیازی به مقدار دهی اولیه پارامترها ندارد. این روش تنها یک بار اجرا شده است و لذا انحراف معیار خطا برای آن روش صفر است. روش خطی در حالت نویز کم بسیار خوب عمل می‌کند و برای سه بافت مشابه خطاهایی در حد صفر آرایه می‌نماید. خطای



شکل ۵: نمونه‌ای از تصویر پرسپکتیو هیستوگرام سه بعدی حاصل از هر یک از روشها. الف- شبکه عصبی پس انتشار. ب- تبدیل خطی بهینه. ج- تابع هدف اول. د- تابع هدف دوم. و- تابع هدف سوم.



ادامه شکل ۵

جدول ۴: خطای بخشبندی حاصل از انتخاب مرکز خوشه‌ها در تصویر پرسپکتیو هیستوگرام سه بعدی. مقادیر خطا بر حسب درصد نسبت به کل پیکسل‌های مغز یا کل پیکسل‌های سه بافت L1، CSF، و L2 بیان شده‌اند.

نام کمیت	نام روش	BPNN	خطی	تابع هدف (۱)	تابع هدف (۲)	تابع هدف (۳)
کاهش نویز	میانگین خطای کل	۶/۲۹	۱/۰۰	۱/۳۴	۱/۲۷	۲/۰۴
	میانگین خطای سه بافت	۲۱/۳۲	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۲۱
	انحراف معیار خطای کل	۳۴/۶	۰/۰۰	۰/۴۲	۰/۴۸	۱/۱۵
	انحراف معیار خطای سه بافت	۲۹/۲۷	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۳۴
نویز اولیه	میانگین خطای کل	۲۵/۵	۱/۰۱	۱/۰۹	۱/۴۵	۴/۵۷
	میانگین خطای سه بافت	۱۸/۳۹	۰/۰۰	۰/۱۴	۳/۸۸	۱۳/۸۷
	انحراف معیار خطای کل	۴/۳۱	۰/۰۰	۰/۳۷	۰/۹۸	۱/۳۹
	انحراف معیار خطای سه بافت	۲۱/۳۰	۰/۰۰	۰/۳۳	۸۴/۴	۱۵/۴۵
افزایش نویز	میانگین خطای کل	۷/۵۷	۳۵/۴	۷۵/۶	۴/۸۹	۸/۱۹
	میانگین خطای سه بافت	۲۷/۷۶	۲۷/۱۴	۳/۳۶	۲/۴۸	۱۸/۳۵
	انحراف معیار خطای کل	۳/۵۳	۰/۰۰	۳/۳۹	۲/۷۹	۲/۸۱
	انحراف معیار خطای سه بافت	۲۱/۶۰	۰/۰۰	۸/۴۲	۵/۲۰	۱۰/۶۲

ناحیه در نظر می‌گیریم و دقت جدا سازی پیکسل‌های این ناحیه را از پیکسل‌های بافتهای عادی محاسبه می‌نماییم. برای این منظور هر یک از نواحی بخش‌بندی شده جداگانه بررسی می‌شوند. در صورتی که بیش از نیمی از پیکسل‌های ناحیه بخش‌بندی شده در مجموعه پیکسل‌های بافتهای غیرعادی وجود داشته باشند، پیکسل‌های این ناحیه از

مطابق با توضیح بخش قبل با انتخاب مراکز خوشه در تصویر پرسپکتیو هیستوگرام، تصاویر بخش‌بندی می‌شوند. نتایج بخش‌بندی در دو مرحله به شرح زیر ارزیابی می‌شوند:

**مرحله اول:** در این مرحله کل پیکسل‌های بافتهای غیر عادی را (که توسط متخصص تعیین شده‌اند) به عنوان یک

از بررسی نتایج برای سایر بیماران مشخص می‌شود که دو روش تابع هدف دوم و تابع هدف اول تقریباً مشابه یکدیگر عمل می‌نمایند. این دو روش ضمن اینکه نرخ پذیرش درست نسبتاً بالایی دارند تقریباً همواره کمترین میزان مجموع خطا را تولید می‌نمایند.

نتایج مرحله دوم ارزیابی در جدول (۶) نشان داده شده است. این جدول دقت جدا سازی بافتهای غیرعادی از یکدیگر را نشان می‌دهد. در این جدول نرخ پذیرش صحیح و نرخ پذیرش نادرست برای هر بافت غیرعادی به صورت جداگانه محاسبه شده‌اند. برای محاسبه این کمیتهای تنها بخش بندیهایی که پیکسلهای آنها طی مرحله قبل در مجموعه  $R$  قرار داده شده‌اند، در نظر گرفته می‌شوند. هر بخش بندیهی در صورتی به بافت غیرعادی  $m-n$  نسبت داده می‌شود که تعداد پیکسلهای بیشتری در آن بافت داشته باشد. در این صورت پیکسلهای آن بخش بندیهی به مجموعه  $R_{II}$  افزوده می‌شود.

بر این اساس تعداد پذیرش صحیح برای بافت غیرعادی  $m-n$  عبارت خواهد بود از تعداد پیکسلهایی از مجموعه  $R_{II}$  که در بخش بندیهی دقیق نیز به بافت غیرعادی  $m-n$  تعلق داشته باشند. تعداد پذیرش نادرست برای بافت غیرعادی  $m-n$  عبارتست از تعداد پیکسلهای مجموعه  $R_{II}$  که در بخش بندیهی دقیق به بافت  $m-n$  تعلق ندارند. به این ترتیب این نرخ، تعداد پیکسلهایی از بافتهای غیر عادی دیگر که در بخش بندیهی بافت غیر عادی  $m-n$  قرار گرفته‌اند را تعیین می‌نماید.

مشخص است که در جدول (۶) تنها بیمارانی که بافتهای غیرعادی در تصاویر آنها بیش از یکی است، در نظر گرفته شده‌اند. در این جدول برای مثال در تصاویر بیمار اول پنج بافت غیر عادی متفاوت وجود دارد که با نامهای  $L_1$  تا  $L_5$  نامگذاری شده‌اند. تعداد پیکسلهای هر بافت با عنوان اندازه بافت ارایه شده است. مشاهده می‌شود روش تابع هدف دوم موفقتر از سایرین قادر به جدا سازی بافتهای غیرعادی از یکدیگر بوده است. پس از آن روش تابع هدف اول به لحاظ توانایی تفکیک بافتهای غیرعادی در مرحله بعدی قرار دارد و سه بافت غیرعادی را از یکدیگر جدا نموده است.

بخش بندیهی را به مجموعه‌ای به نام  $R$  می‌افزاییم. پس از انجام این کار برای تمام نواحی بخش بندیهی، خطای بخش بندیهی کل بافتهای غیرعادی (که اکنون در مجموعه  $R$  جمع آوری شده‌اند) را محاسبه می‌نماییم.

**مرحله دوم:** در این مرحله دقت بخش بندیهی در جدا سازی بافتهای غیر عادی مختلف از یکدیگر را بررسی می‌کنیم. جهت این بررسی تنها نواحی بخش بندیهی شده‌ای را که در مرحله اول به عنوان بافت غیرعادی شناخته شده‌اند در نظر می‌گیریم.

جدول (۵) دقت بخش بندیهی کل پیکسلهای بافتهای غیر عادی که توسط هر روش تولید شده است، را نشان می‌دهد. در این جدول تعداد پذیرش صحیح عبارتست از تعداد اعضای مجموعه  $R$  که در بخش بندیهی‌های دقیق (انجام شده توسط متخصص) نیز به عنوان بافت غیرعادی محسوب شده‌اند. درصد تطابق کل از تقسیم نمودن این تعداد بر تعداد کل پیکسلهای بافتهای غیرعادی در بخش بندیهی‌های دقیق و بیان آن به صورت درصد حاصل می‌شود. تعداد پذیرش نادرست تعداد اعضای مجموعه  $R$  است که در بخش بندیهی‌های دقیق به عنوان بافت عادی شناخته شده‌اند. تعداد حذف نادرست، تعداد پیکسلهای بافت غیرعادی در بخش بندیهی‌های دقیق است که در مجموعه  $R$  وجود ندارند.

برای مثال در این جدول برای اولین بیمار مشاهده می‌شود که بیشترین نرخ پذیرش صحیح مربوط به روش شبکه عصبی پس انتشار خطا (BPNN) می‌باشد. اما میزان پذیرش نادرست این روش نیز بالاست. روشهای تابع هدف دوم و تابع هدف سوم هر دو نرخ پذیرش صحیح بالایی دارند. این دو (و بخصوص تابع هدف دوم) در مقایسه با روش شبکه عصبی پس انتشار میزان پذیرش نادرست کمتری دارند. در بین تمام روشها، میزان خطای کل در این دو روش از همه کمتر است. روش تابع هدف سوم میزان پذیرش صحیح بالایی فراهم نموده است. نرخ پذیرش نادرست این روش به مراتب کمتر از نتیجه روش BPNN است. روش خطی هر چند میزان پذیرش نادرست کمی دارد ولی میزان حذف نادرست آن بالا می‌باشد.

جدول ۵: ارزیابی کمی دقت مشخص سازی کلیه بافتهای غیر عادی در تصاویر MR واقعی.

بیمار	نام روش	کمیات	پذیرش صحیح	پذیرش نادرست	حذف نادرست	کل تعداد پیکسلهای بافتهای غیر عادی	درصد تطابق کل	خطای کل
بیمار اول	خطی	۲۴۸۹	۴۵۱	۱۹۰۹	۴۳۹۸	۵۶/۵۹	۲۳۶۰	
	تابع دوم	۴۰۷۸	۸۴۸	۳۲۰	۴۳۹۸	۹۲/۷۲	۱۱۶۸	
	تابع اول	۳۶۸۰	۸۰۰	۷۱۸	۴۳۹۸	۸۳/۶۷	۱۵۱۸	
	BPNN	۴۲۲۲	۲۰۸۷	۱۷۶	۴۳۹۸	۹۶/۰۰	۲۲۶۲	
	تابع سوم	۴۰۴۷	۱۵۶۶	۳۵۱	۴۳۹۸	۹۲/۰۲	۱۹۱۷	
بیمار دوم	خطی	۴۰۷	۲۷۶	۳۴۴۳	۳۸۵۰	۱۰/۵۷	۳۷۱۹	
	تابع دوم	۳۶۲۱	۷۴۸	۲۲۹	۳۸۵۰	۹۴/۰۵	۹۷۷	
	تابع اول	۳۶۰۳	۴۶۴	۲۲۷	۳۸۵۰	۹۳/۵۸	۷۱۱	
	BPNN	۵۴۶	۲۵۹	۳۳۰۴	۳۸۵۰	۱۴/۱۸	۲۵۶۳	
	تابع سوم	۷۰۰	۵۴۸	۳۱۵۰	۳۸۵۰	۱۸/۱۸	۳۶۹۸	
بیمار سوم	خطی	۴۶۲	۳۹۴	۲۰۴۳	۲۵۰۵	۱۸/۴۴	۲۴۳۷	
	تابع دوم	۲۰۰۳	۵۶	۵۰۲	۲۵۰۵	۷۹/۹۶	۵۵۸	
	تابع اول	۲۰۴۳	۵۲	۴۶۲	۲۵۰۵	۸۱/۵۶	۵۱۴	
	BPNN	۳۵۹	۱۰۲	۲۱۴۶	۲۵۰۵	۱۴/۳۳	۲۲۴۸	
	تابع سوم	۱۷۳۲	۲۳۹	۷۷۳	۲۵۰۵	۶۹/۱۴	۱۰۱۲	
بیمار چهارم	خطی	۱۱۹۹	۵۴۳	۱۱۷۶	۲۳۷۵	۵۰/۴۸	۱۷۱۹	
	تابع دوم	۱۱۹۶	۲۶۴	۱۱۷۹	۲۳۷۵	۵۰/۳۶	۱۴۴۳	
	تابع اول	۱۵۳۹	۵۶۷	۸۳۶	۲۳۷۵	۶۴/۸	۱۴۰۳	
	BPNN	۱۱۳۹	۴۹۵	۱۲۲۶	۲۳۷۵	۴۷/۹۶	۱۷۳۱	
	تابع سوم	۴۹۷	۳۰۷	۱۸۷۸	۲۳۷۵	۲۰/۹۳	۲۱۸۵	
بیمار پنجم	خطی	۱۸۱۲	۸۱۳	۲۹۵	۲۱۰۷	۸۶	۱۱۰۸	
	تابع دوم	۱۶۳۴	۳۹۵	۴۷۳	۲۱۰۷	۷۷/۵۵	۸۶۸	
	تابع اول	۱۸۷۹	۵۶۷	۲۲۸	۲۱۰۷	۸۹/۱۸	۷۹۵	
	BPNN	۰	۰	۲۱۰۷	۲۱۰۷	۰	۲۱۰۷	
	تابع سوم	۱۲۵۶	۳۹۸	۸۵۱	۲۱۰۷	۵۹/۶۱	۱۲۲۹	
بیمار ششم	خطی	۴۲۸۹	۳۲۴	۱۸۱۵	۵۱۰۴	۶۴/۴۴	۲۱۳۹	
	تابع دوم	۴۸۲۸	۶۸۱	۲۷۶	۵۱۰۴	۹۴/۵۹	۹۵۷	
	تابع اول	۴۴۵۰	۴۸۷	۶۵۴	۵۱۰۴	۸۷/۱۹	۱۱۴۱	
	BPNN	۴۴۵۵	۲۸۷۳	۶۴۹	۵۱۰۴	۸۷/۲۸	۳۵۲۲	
	تابع سوم	۴۲۰۰	۶۶۷	۹۰۴	۵۱۰۴	۸۲/۲۹	۱۵۷۱	
بیمار هفتم	خطی	۵۰۳	۸۳	۷۸۶	۱۲۸۹	۳۹/۰۲	۸۶۹	
	تابع دوم	۸۹۳	۵۴	۳۹۶	۱۲۸۹	۶۹/۲۸	۴۵۰	
	تابع اول	۹۶۷	۲۱۹	۳۲۲	۱۲۸۹	۷۵/۰۲	۵۴۱	
	BPNN	۰	۰	۱۲۸۹	۱۲۸۹	۰	۱۲۸۹	
	تابع سوم	۳۳۳	۲۵۴	۹۵۶	۱۲۸۹	۲۵/۸۳	۱۲۱۰	
بیمار هشتم	خطی	۰	۰	۳۲۰	۳۲۰	۰	۳۲۰	
	تابع دوم	۱۷۲	۵۷	۱۴۸	۳۲۰	۵۳/۷۵	۲۰۵	
	تابع اول	۲۲۴	۰	۹۶	۳۲۰	۷۰	۹۶	
	BPNN	۰	۰	۳۲۰	۳۲۰	۰	۳۲۰	
	تابع سوم	۲۲۷	۱	۹۳	۳۲۰	۷۰/۹۴	۹۴	
بیمار نهم	خطی	۱۵۴۵	۱۱۸۱	۵۸۷	۲۱۳۲	۷۲/۴۷	۱۷۶۸	
	تابع دوم	۱۷۲۰	۳۵۴	۴۱۲	۲۱۳۲	۸۰/۶۸	۷۶۶	
	تابع اول	۱۴۵۴	۳۵۴	۶۷۸	۲۱۳۲	۶۸/۲	۱۰۳۲	
	BPNN	۱۲۳۶	۶۸۲	۸۹۶	۲۱۳۲	۵۷/۹۷	۱۵۷۸	
	تابع سوم	۸۱۳	۱۴۵	۱۳۱۹	۲۱۳۲	۳۸/۱۳	۱۴۶۴	
بیمار دهم	خطی	۲۰۶۷	۷۸۹	۷۴۴	۲۸۱۱	۷۳/۵۳	۱۵۳۳	
	تابع دوم	۲۴۶۲	۹۰۹	۳۴۹	۲۸۱۱	۸۷/۵۸	۱۲۵۸	
	تابع اول	۲۶۰۴	۱۰۱۱	۲۰۷	۲۸۱۱	۹۲/۶۴	۱۲۱۸	
	BPNN	۲۳۲۶	۸۱۲	۴۸۵	۲۸۱۱	۸۲/۷۵	۱۲۹۷	
	تابع سوم	۲۲۹۲	۸۶۳	۵۱۹	۲۸۱۱	۸۱/۵۴	۱۳۸۲	

جدول ۶: نمونه‌هایی از مقادیر دقت بخش‌بندی در جدا سازی بافتهای غیر عادی از یکدیگر. الف- نرخ پذیرش صحیح. ب- نرخ پذیرش نادرست پیکسلهای بافتهای غیر عادی دیگر در بخش‌بندی بافت مورد نظر.

بیمار دهم			بیمار ششم			بیمار پنجم		بیمار دوم		بیمار اول					شماره بافت نام روش اندازه بافت
L3	L2	L1	L3	L2	L1	L2	L1	L2	L1	L5	L4	L3	L2	L1	
۱۶۸	۱۰۷۰	۱۵۷۳	۲۸۵	۷۲۹	۴۱۰۱	۶۱۶	۱۵۰۲	۹۸۱	۲۸۶۹	۶۱	۲۷۴	۳۵۹	۱۰۴۵	۲۶۵۹	
۱۵۷	۱۰۶۳	۵۴۸	.	.	۳۲۵۹	.	۱۳۳۲	۳۸۵	.	.	.	۳۰۰	.	۱۶۷۸	
۲۰	۲۷۸	۱	.	.	۳۰	.	۴۸۰	۲۲	.	.	.	۳۰۵	.	۲۰۶	
۱۵۴	۱۰۵۶	۱۱۷۳	.	۵۳۳	۳۸۱۲	۴۶۵	۱۱۱۱	۹۰۷	۲۵۹۹	.	۱۸۴	۳۳۹	۸۴۲	۲۱۰۵	
۲۹	۳۶	۱۴	.	۹۴	۳۸۹	۵	۵۳	۱۰۰	۱۵	.	۳۳	۲۴	۳۲۲	۲۲۹	
۱۵۰	۱۰۵۷	۱۳۰۸	.	۴۸۱	۳۶۲۳	۵۷۲	۱۲۵۷	۷۱۵	۲۶۸۷	.	۱۸۵	۲۶۶	.	۲۱۶۸	
۲۰	۴۵	۲۴	.	۱۸۰	۱۶۶	۲۴	۲۶	۲۰	۱۸۱	.	۱۳۹	۱۱	.	۹۱۱	
.	۱۰۵۹	۱۲۱۵	.	.	۳۹۹۴	.	.	.	۵۴۶	.	.	.	.	۲۵۳۹	
.	۴۱	۱۱	.	.	۴۶۱	.	.	.	.	.	.	.	.	۱۶۸۳	
.	۱۰۵۸	۱۱۵۵	.	.	۳۲۲۹	۵۴۴	۶۱۲	۶۷۸	.	.	.	۲۹۷	.	۲۳۷۲	
.	۶۴	۱۵	.	.	۹۷۱	۷۱	۲۹	۲۲	.	.	.	۲۸۹	.	۱۰۸۹	

لحاظ کمی و کیفی مقایسه شدند. از بخش‌بندی حاصل از بکارگیری تصویر پرسپکتیو هیستوگرام سه بعدی داده‌ها در فضای خروجی تبدیل برای مقایسه کمی استفاده گردید. برای تصاویر شبیه‌سازی به لحاظ کمی مشخص گردید که عملکرد روشهای پیشنهادی بر مبنای توابع هدف اول و دوم، پایینترین میزان خطا در بخش‌بندی را ارائه می‌کنند. بعلاوه، این روشها کمترین حساسیت را نسبت به آغازسازی‌های متفاوت پارامترهای شبکه نشان می‌دهد. به لحاظ کیفی نیز فضای استخراج شده توسط این روشها به نحو مناسبتری خوشه‌های بافتهای غیر عادی را از یکدیگر و از بافتهای عادی متمایز می‌سازد. نتایج بخش‌بندی تصاویر بیماران واقعی نیز بیانگر ارابه تفکیک بهتری از بافتها در نتایج بخش‌بندی بدست آمده از روشهای تابع هدف اول و تابع هدف دوم می‌باشد.

بر مبنای نتایج جدول (۶) نیز تقریباً همواره روشهای توابع هدف اول و دوم نسبت به سایرین در صدر قرار دارند. در مورد بیمار ششم تمام روشها تا حدی ضعیفتر ظاهر شده‌اند. این ممکن است به جهت کوچک بودن بافتهای غیر عادی در تصاویر MR این بیمار باشد که در نتیجه آن در تصویر هیستوگرام کنتراست کمی دارند و به عنوان یک خوشه متمایز قابل تشخیص نیستند.

### نتیجه گیری

سه روش بر مبنای شبکه عصبی پیش خورده غیر خطی برای اجرای یک تبدیل کاهنده بعد داده‌های تصاویر MR مغز مطرح شد. این روشها به جهت بهره‌گیری از الگوریتم ژنی برای تنظیم پارامترهای شبکه به زمان اجرای زیادی نیاز دارند. نتایج حاصل بکارگیری روشهای پیشنهادی با دو روش تبدیل خطی بهینه و BPNN به

### مراجع

- 1 - Soltanian-Zadeh, H. et al. (1996). "Optimal linear transformation for MRI feature extraction." *IEEE Trans. Med. Imag.*, Vol. 15, No. 6, PP. 749-767.
- ۲ - زارع بغداد آبادی، س. "تبدیل خطی بهینه برای کاهش بعد فضای ویژگی حاصل از تصاویر MRI مغز انسان." پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشکده فنی دانشگاه تهران، (۱۳۷۷).
- ۳ - خراط، م. "تبدیل غیر خطی بهینه برای کاهش بعد فضای ویژگی حاصل از تصاویر MR مغز انسان." پایان نامه کارشناسی ارشد، دانشکده فنی دانشگاه تهران، (۱۳۷۷).
- 4 - Mao, J. C. and Jain, A. K. (1995). "Artificial neural networks for feature extraction and multivariate data projection." *IEEE Trans. Neural Networks*, Vol. 6, No. 2, PP. 296-317.

- 5 - Öten, R. and de Figueiredo, R. J. P. (1998). "Topological dimensionality determination and dimensionality reduction based on minimal spanning trees." *Proceedings of the 1998 IEEE ISCAS*, Monterey, California, Vol. 3, PP. 366-369.
- 6 - Hall, L. O. *et al.* (1992). "A comparison of neural network and fuzzy clustering techniques in segmenting magnetic resonance images of the brain." *IEEE Trans. Neural Networks*, Vol. 3, No. 5, PP. 672-681.
- 7 - Xin Yao. (1997). "Global optimization by evolutionary algorithms." In *Proc. 2nd. Int. Symp. on Parallel Algorithms/Architecture Synthesis*, Aizu-Wakamatsu, Japan, PP. 282-291.

### واژه های انگلیسی به ترتیب استفاده در متن

- 1 - MST = Minimal Spanning Tree
- 2 - Inconsistency Measure
- 3 - Most Inconsistent Edge
- 4 - Partial-Volume
- 5 - Projection