

محاسبه پارامترهای خوشه بندی طیفی در تصاویر MRI  
با الگوریتم ژنتیک

محمود امین طوسی-طیبه فیاض

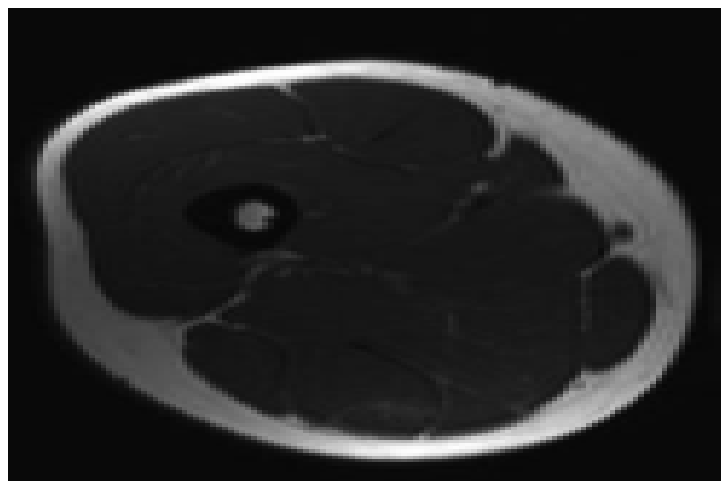
هشتمین کنفرانس بین المللی انجمن ایرانی تحقیق در عملیات

31 اردیبهشت و 1 خرداد 1394

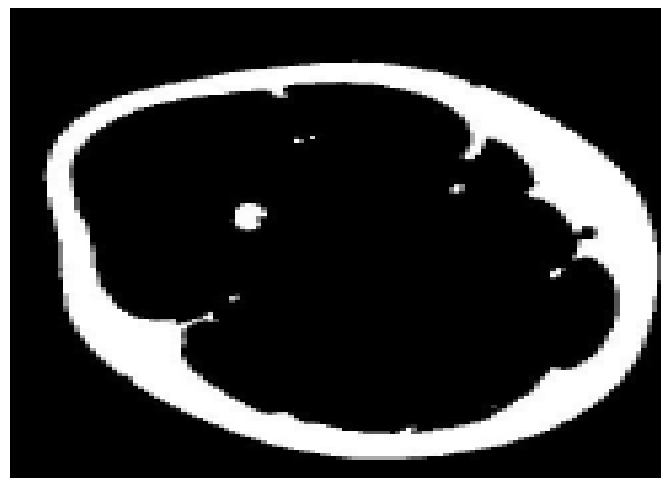
مشهد مقدس

# قطعه بندی تصویر MRI با استفاده از پارامترهای تولید شده توسط الگوریتم ژنتیک و یک قطعه بندی از قبل مشخص

تصویر ورودی



خروجی قطعه بندی شده



# چشم انداز

- قطعه بندی تصویر و روشهای آن
- خوشه بندی
- خوشه بندی طیفی و مفاهیم آن
- روشهای افراز گراف
- نحوه ساختن گراف شباهت
- نحوه بر آورد کردن پارامترهای خوشه بندی طیفی
- روش Nystrom
- نتایج آزمایشات انجام شده روی تصاویر MRI

## قطعه بندی تصویر

- قطعه بندی : تجزیه تصویر به ناحیه ها یا اشیاء و پیش زمینه
- اساسی ترین فاکتورها برای قطعه بندی تصویر:

✓ میزان درخشندگی تصویر **Brightness**

✓ لبه های تصویر **Edges**

✓ بافت

- روشهای قطعه بندی تصویر:

✓ مبتنی بر هیستوگرام

✓ مبتنی بر خوشه بندی

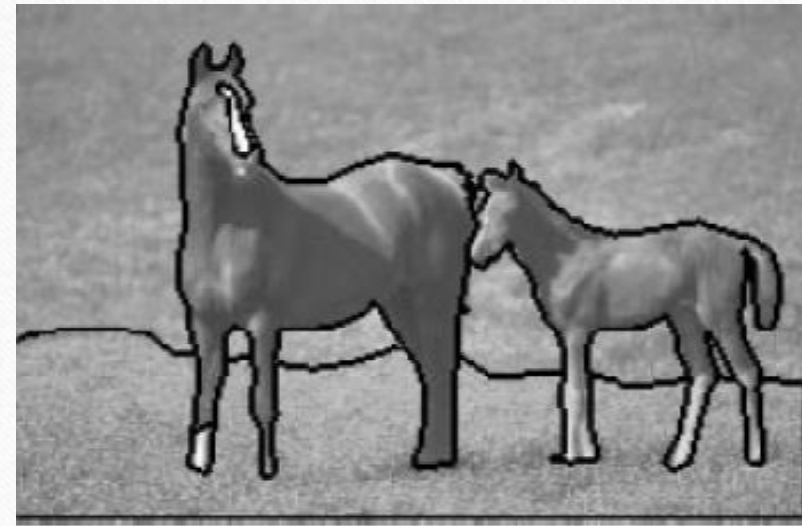


# قطعه بندی تصویر

تصویر اصلی



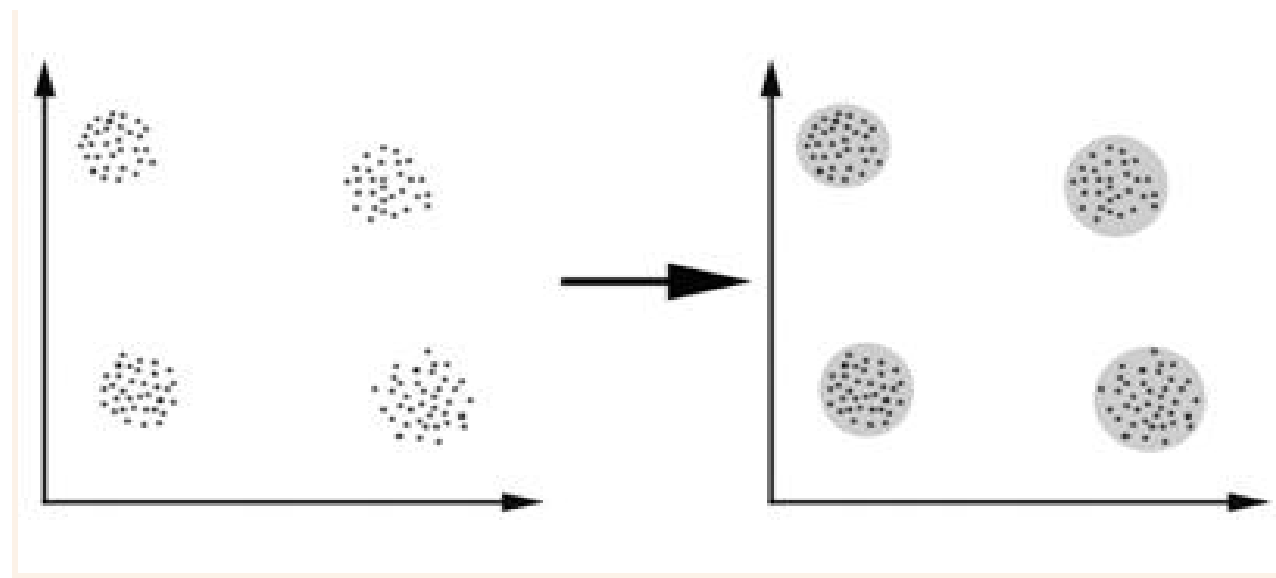
تصویر قطعه بندی شده



# خوشه بندی

- خوشه: مجموعه ای از داده ها که به هم شباهت دارند.
- خوشه بندی: فرآیند گروه بندی مجموعه ای اشیاء به کلاسهایی از اشیاء مشابه
- هدف: بیشترین میزان شباهت درون خوشه ای و کمترین میزان شباهت بین خوشه ای

## خوشه بندی داده ها



\* از معیار فاصله (Distance) به عنوان عدم شباهت (Dissimilarity) بین داده ها استفاده شده است.

# خوشه بندی

● روشهای خوشه بندی:

① خوشه بندی کرنلی

② یادگیری مانیفولد

③ خوشه بندی طیفی

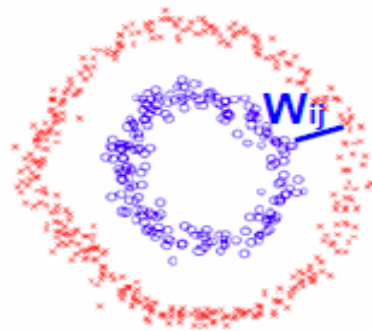


## خوشه بندی طیفی

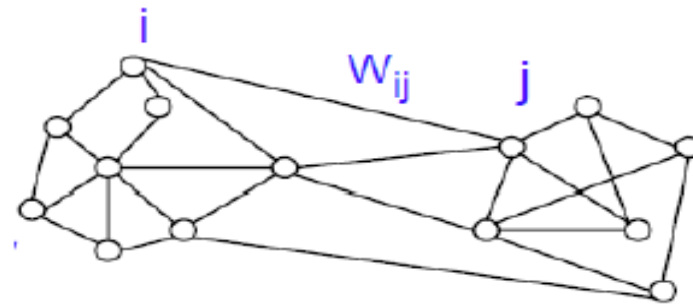
- ✓ بر پایه نظریه طیفی گراف
- ✓ افراز داده ها بر اساس تجزیه ویژه ماتریس شباهت و بدست آوردن بردارها و مقادیر ویژه آن
- ✓ یکی از مشکلات، تنظیم پارامترهای مورد نیاز برای ایجاد ماتریس مجاورتی گراف است.
- ✓ استفاده از الگوریتم ژنتیک برای بدست آوردن پارامترهای مورد نظر برای قطعه بندی تصویر

# مفاهیم خوشه بندی طیفی

- گراف وزن دار بدون جهت  $G=(V,E)$ :  
نشان دهنده میزان شباهت مجموعه داده  $\{x_1, x_2, \dots, x_n\}$



Data clustering



$G = \{V, E\}$

## مفاهیم خوشه بندی طیفی

$$\mathbf{A} = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} & \cdots & a_{1n} \\ a_{21} & a_{22} & \cdots & a_{2n} \\ \vdots & \vdots & \cdots & \vdots \\ a_{n1} & a_{n2} & \cdots & a_{nn} \end{pmatrix}$$

• ماتریس مجاورت متقارن  $A$ : نمایش اطلاعات گراف  $G$

• ماتریس درجه  $D$ : درجه نود  $i$  ام گراف  $G$

$$d_{i,i} = \sum_{j=1}^n A_{i,j}$$

# مفاهیم خوشه بندی طیفی

$$\mathbf{L} = \mathbf{D} - \mathbf{A}$$

• ماتریس لاپلاسیان غیر نرمال:

$$\mathbf{L}_{SYM} = \mathbf{D}^{-\frac{1}{2}}(\mathbf{D} - \mathbf{A})\mathbf{D}^{-\frac{1}{2}}$$

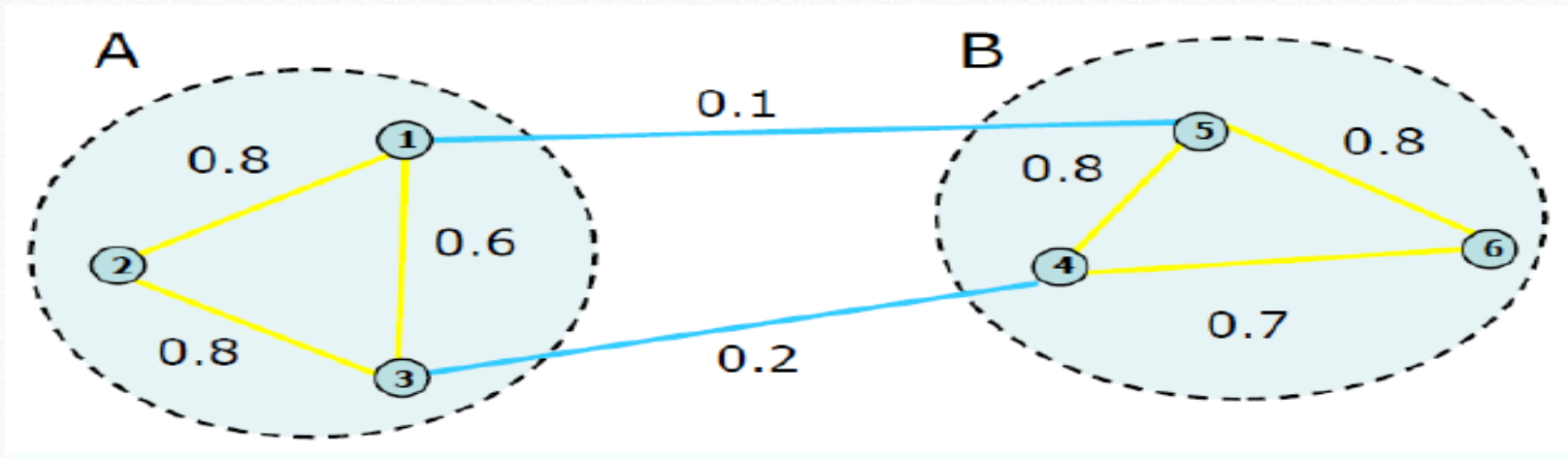
• ماتریس لاپلاسیان نرمال:

• الگوریتم های خوشه بندی طیفی از یک یا چند تا از بردارهای ویژه ماتریس لاپلاسیان برای خوشه بندی استفاده می کنند که این بردارها جواب مسئله افراز گراف هستند.



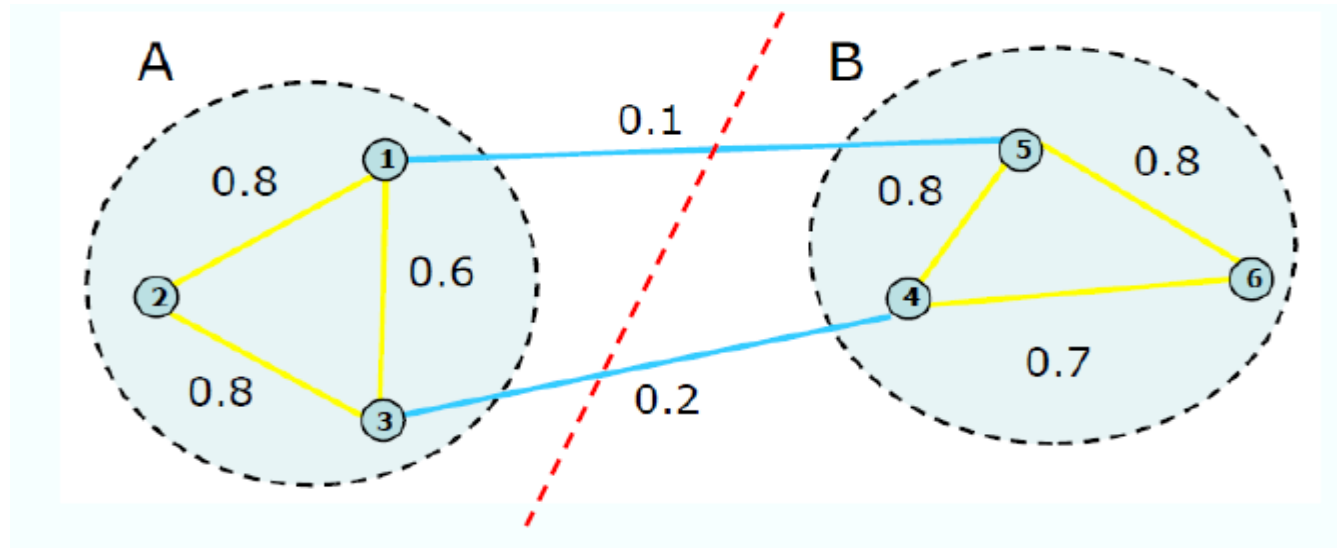
## مفاهیم خوشه بندی طیفی

- **A** و **B** افرازهایی از **V** در نظر بگیرید که  $A \cup B = V$  و  $A \cap B = \Phi$
- **Edge cut**: یالهای اتصال دهنده خوشه ها



# مفاهیم خوشه بندی طیفی

هدف افراز گراف: یافتن برش حداقل بین گروهها



$$\text{Cut}(A,B) = \sum_{i \in A, j \in B} A_{i,j}$$



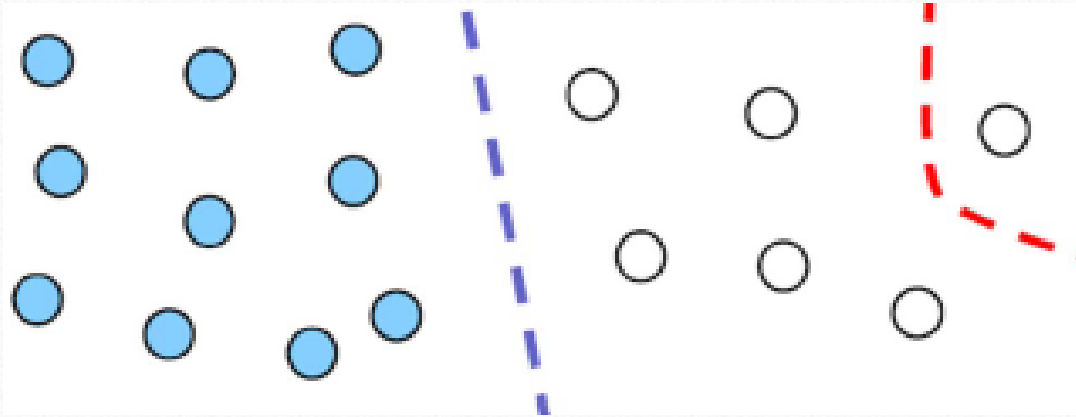
$$\text{cut}(A,B) = 0.3$$

# روشهای افراز گراف

• روش برش کمینه : حداقل سازی وزن اتصالات بین خوشه ها

$$\min_{A \cup B = V, A \cap B = \Phi} cut(A, B)$$

- ایراد روش : در نظر گرفتن نودهای تنها به عنوان یک خوشه





# روشهای افراز گراف

● معیار برش نرمال (Normalized-cut, Shi & Malik 1997) :

$$\min \text{Ncut}(A,B) = \frac{\text{cut}(A,B)}{\text{vol}(A)} + \frac{\text{cut}(A,B)}{\text{vol}(B)}$$

$\text{vol}(A)$  = مجموع وزن یال های اتصال دهنده خوشه ها

● **خصوصیات روش:**

- ✓ حداقل سازی وزن اتصالات بین گروهی همزمان با حداکثر سازی معیار اتصالات درون گروهی
- ✓ نرمال شدن ارتباط بین گروهی با در نظر گرفتن volume گروهها
- ✓ تولید پارتیشن های متعادل تر



# روشهای افراز گراف

• الگوریتم برش نرمال دوتایی

1. تبدیل کردن داده های مسئله به گراف شباهت و محاسبه ماتریس مجاورت  $A$  و ماتریس درجه  $D$

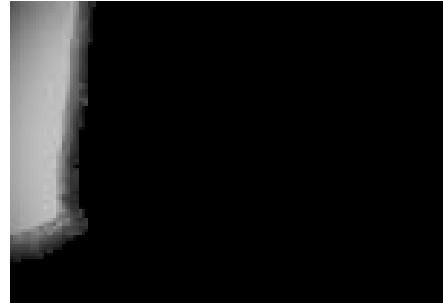
2. حل کردن دستگاه  $(D-A)y = \lambda Dy$

3. استفاده از بردار ویژه متناظر با دومین کوچکترین مقدار ویژه ماتریس لاپلاسیان برای افراز گراف به دو گروه مجزا

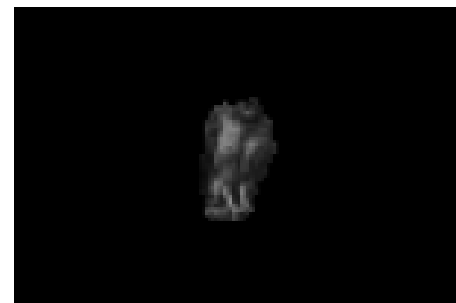
## تصویر قطعه بندی شده با استفاده از الگوریتم برش نرمال



(a)



(b)



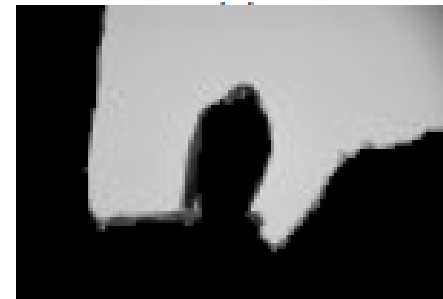
(c)



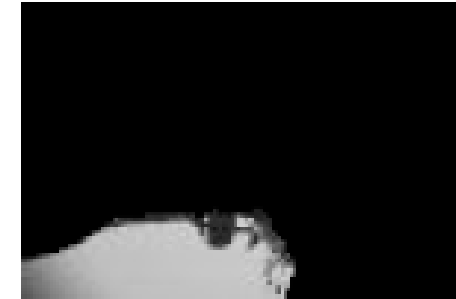
(d)



(e)



(f)



(g)

## نحوه ساختن گراف شباهت پیکسل ها

- وزن بین هر دو رأس گراف مسأله ترکیبی از اختلاف شدت روشنایی و مکان پیکسل های تصویر است که با یک تابع گوسی به صورت زیر بیان می شود:

$$A_{i,j} = e^{-\frac{\|F(i)-F(j)\|_2^2}{\sigma_I^2} - \frac{\|X(i)-X(j)\|_2^2}{\sigma_X^2}}$$

✓ که در آن  $\sigma_X$  و  $\sigma_I$  انحراف معیار مرتبط با توابع نرمال اختلاف شدت روشنایی و اختلاف فاصله مکانی دو پیکسل هستند.



## نحوه برآورد کردن پارامترهای $\sigma_X$ و $\sigma_I$

1 بین 10 تا 20 درصد کل برد تابع فاصله

2 استفاده از الگوریتم ژنتیک

✓ عمل تخمین پارامترها: با دو متغیر ورودی

✓ تابع برازندگی: مقایسه خروجی خوشه‌بندی با یک جواب از پیش تعیین شده

✓ اختلاف کمتر = برازندگی بیشتر کروموزوم



• یکی از مشکلات عملی خوشه بندی طیفی: اندازه بسیار بزرگ ماتریس مجاورت  $A$

• روش Nystrom :

فرض کنید  $\tilde{K} \in M_n$  و رتبه  $\tilde{K}$  ،  $r \ll n$  است. روش Nystrom بردارها و مقادیر ویژه ماتریس  $\tilde{K}$  را با استفاده از یک زیر ماتریس کوچک  $A$  تخمین می زند. اگر رتبه ماتریس  $A$  ،  $r$  باشد تخمین به دست آمده دقیق است. چون  $\tilde{K}$  نیمه معین مثبت است پس متقارن است و می تواند به صورت  $\tilde{K} = zz^T$  نوشته شود که  $z \in M_r$  و از رتبه  $r$  است.

## روش Nystrom (ادامه)

سطرها را در  $z$  طوری مرتب می‌کنیم که  $r$  تای اول مستقل خطی باشند، این کار باعث مرتب شدن سطرها و ستونها در  $\tilde{K}$  و ایجاد یک زیر ماتریس جدید  $K$  که متقارن است، می‌شود. در نتیجه زیر ماتریس اصلی  $A \in S_r$  از  $K$  (که خودش ماتریس گرام  $r$  سطر اول  $z$  است) دارای رتبه کامل است.

اکنون فرض می‌کنیم  $n \equiv m - r$ ، ماتریس  $K$  را بصورت زیر می‌نویسیم:

$$K = \begin{bmatrix} A_{rr} & B_{rn} \\ B_{nr}^T & C_{nn} \end{bmatrix}$$

## روش Nystrom (ادامه)

چون ماتریس  $A$  دارای رتبه کامل است  $r$  سطر  $[A_{rr} \quad B_{rn}]$  مستقل خطی اند و از آنجاییکه رتبه  $K$ ،  $r$  است،  $n$  سطر  $[B_{nr}^T \quad C_{nn}]$  بصورت

$$[B_{nr}^T \quad C_{nn}] = H_{nr} [A_{rr} \quad B_{rn}]$$

تجزیه می‌شود. با در نظر گرفتن  $r$  ستون اول بصورت  $H = B^T A^{-1}$  و  $n$  ستون بعدی بصورت  $C = B^T A^{-1} B$  داریم:

$$K_{mm} = \begin{bmatrix} A & B \\ B^T & B^T A^{-1} B \end{bmatrix} = [A \quad B^T]^T A_{rr}^{-1} [A \quad B] \quad (1)$$



## روش Nystrom (ادامه)

با استفاده از تجزیه ویژه  $\mathbf{A}$ ، تجزیه ویژه تقریبی  $K_{mm}$  را (برای مقادیر ویژه ناصفر) می‌سازیم.

$\mathbf{A} = \mathbf{U} \mathbf{\Lambda} \mathbf{U}^T$  تجزیه ویژه  $\mathbf{A}$  است که  $\mathbf{U}$  ماتریس ستونی بردارهای ویژه  $\mathbf{A}$  است و  $\mathbf{\Lambda}$

ماتریس قطری مقادیر ویژه  $\mathbf{A}$  است، بنابراین فرمول (1) را بصورت زیر بازنویسی می‌کنیم:

$$K_{mm} = [\mathbf{U} \quad \mathbf{B}^T \mathbf{U} \mathbf{\Lambda}^{-1}]^T \mathbf{\Lambda} [\mathbf{U}^T \quad \mathbf{\Lambda}^{-1} \mathbf{U}^T \mathbf{B}] \equiv \mathbf{D} \mathbf{\Lambda} \mathbf{D}^T \quad (2)$$



## روش Nystrom (ادامه)

✓ رابطه فوق یک تجزیه تقریبی از  $K$  را نشان می‌دهد،  $D$  ماتریس ستونی بردارهای ویژه  $K$  و  $\Lambda$  ماتریس قطری مقادیر ویژه  $K$  است.

✓ اگر ستونهای  $D$  متعامد باشند، تجزیه ویژه دقیق  $K$  بدست می‌آید. لذا اگر به جای  $A$ ،

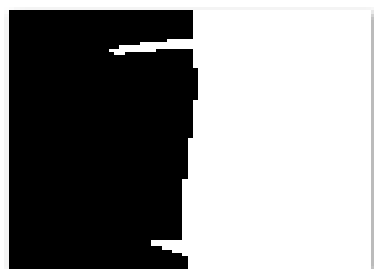
$$Q_{rr} = A + A^{-\frac{1}{2}} B B^T A^{-\frac{1}{2}} \equiv U_Q \Lambda_Q U_Q^T$$

را تجزیه کنیم، ماتریس بردارهای ویژه ستونی متعامد  $K$  بصورت زیر بدست می‌آید:

$$V_{mr} = [A \quad B^T]^T A^{-\frac{1}{2}} U_Q \Lambda_Q^{-\frac{1}{2}}$$

بنابراین  $K_{mm} = V \Lambda_Q V^T$  تجزیه دقیق  $K$  است و  $V V^T = I_{rr}$ .

# یک مرحله آغازین از اجرای الگوریتم ژنتیک برای بدست آوردن پارامترهای خوشه بندی طیفی



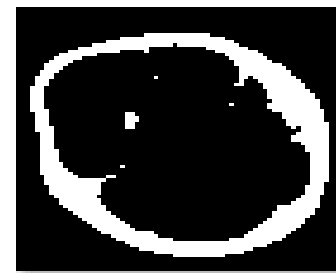
02\_001



02\_002



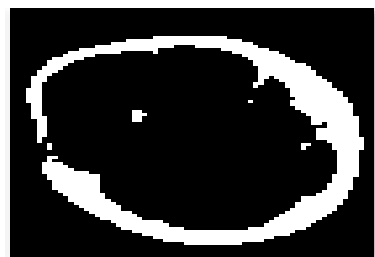
02\_003



02\_004



02\_005



02\_006



02\_007



02\_008



02\_009

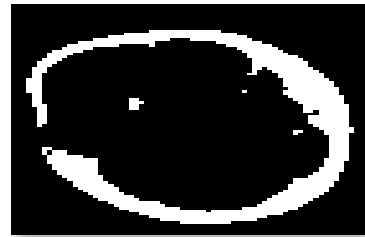


02\_010

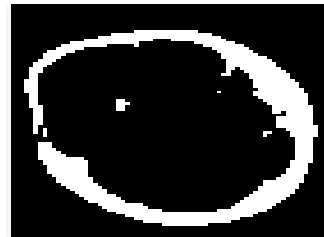
## مرحله نهایی



02\_06\_081



02\_07\_082



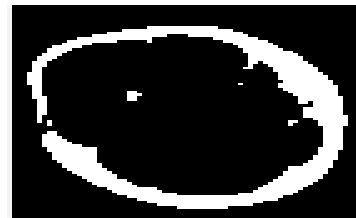
02\_07\_083



02\_07\_084



02\_07\_085



02\_07\_086



02\_07\_087



02\_07\_088



02\_07\_089



02\_07\_090