

محاسبه پارامترهای خوشه‌بندی طیفی در تصاویر MRI با الگوریتم ژنتیک

محمود امین‌طوسی و طیبه فیاض *

دانشکده ریاضی و علوم کامپیوتر، دانشگاه حکیم سبزواری.
* m.amintoosi@hsu.ac.ir, t.fayyaz@sun.hsu.ac.ir

چکیده

خوشه‌بندی طیفی از روشهای مهم خوشه‌بندی است که کاربردهای مختلفی و منجمله در پردازش تصویر دارد. یکی از مشکلات این روش تنظیم پارامترهای مورد نیاز برای ایجاد ماتریس مجاورتی گراف است. در این مقاله یک شیوه مؤثر برای بدست آوردن این پارامترها در قطعه‌بندی تصاویر MRI مبتنی بر الگوریتم ژنتیک ارائه شده است. نتایج آزمایشات انجام شده بر روی چند تصویر کارایی شیوه پیشنهادی در تخمین پارامترهای خوشه‌بندی با استفاده از الگوریتم ژنتیک بر روی یک تصویر و تعمیم آن بر روی تصاویر مشابه را نشان داده است. واژگان کلیدی خوشه‌بندی طیفی؛ ماتریس لاپلاس؛ برش نرمال؛ تصاویر MRI

۱. پیش‌گفتار

قطعه‌بندی تصویر یکی از معروف‌ترین مسائل در حوزه پردازش تصویر و بینایی ماشین است که کاربردهای بسیار متعددی دارد و تحقیقات مختلفی را به خود معطوف نموده است [۲]. کاربرد موردنظر در این مقاله، شناسایی ناحیه چربی در تصاویر MRI ران ورزشکاران قبل و بعد از انجام یک دوره تمرینات ورزشی و مشخص شدن تاثیر نوع تمرین بر کاهش یا افزایش بافت چربی داوطلبان بوده است. از جمله شیوه‌های قطعه‌بندی تصویر روش خوشه‌بندی طیفی است که بر اساس تجزیه ماتریس مجاورتی پیکسل‌های تصویر عمل می‌کند. در این مقاله شیوه خودکاری برای تخمین پارامترهای موردنیاز در ایجاد گراف خوشه‌بندی تصویر بیان شده و کارایی آن در جداسازی ناحیه چربی تصاویر MRI نشان داده شده است. حتی برای اندازه‌های کوچک تصاویر، ماتریس مجاورتی بسیار بزرگ شده و با کمبود حافظه در عمل مواجه می‌شویم. در اینجا از روش Nyström که در [۲] برای مواجهه با این مشکل پیشنهاد شده است، استفاده شده است. در ادامه ابتدا مروری خواهیم داشت بر خوشه‌بندی طیفی و سپس روش پیشنهادی بیان خواهد شد.

۱.۱. خوشه‌بندی طیفی

الگوریتم‌های خوشه‌بندی طیفی از یک یا تعداد بیشتری از بردارهای ویژه ماتریس لاپلاسی برای خوشه‌بندی استفاده می‌نمایند و این بردارها جواب مسئله افراز گراف هستند. هدف مساله افراز k تایی گراف، حذف یال‌های گراف به نحوی است که باعث ایجاد k زیرگراف مجزا شود. فرض کنید W ماتریس مجاورت گراف $G = (V, E)$ باشد که گره‌های V نشان‌دهنده پیکسل‌ها و لبه‌های E نشان‌دهنده پیوندهای بین پیکسل‌هاست. A و B را افرازهایی از V در نظر بگیرید که $A \cap B = \emptyset$ و $A \cup B = V$ باشد. برش نرمال بین دو مجموعه A و B به فرم زیر است [۴]:

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

که در آن $vol(B) = \sum_{i \in B} d_i$ و $vol(A) = \sum_{i \in A} d_i$ مجموع وزن رئوس A و B و $cut(A, B) = \sum_{i \in A, j \in B} w_{i,j}$ مجموع یالهای اتصال‌دهنده خوشه‌های A و B است. هدف پیدا کردن افرازهای A و B به نحوی است که $Ncut(A, B)$ کمینه شود. با بکار بردن تئوری

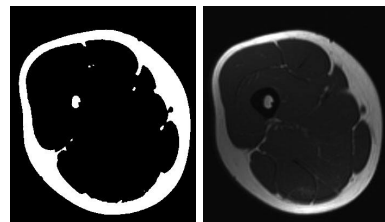
طیفی گراف [۲] یک جواب تقریبی با استفاده از بردار ویژه متناظر با دومین کوچکترین مقدار ویژه‌ی ماتریس لاپلاسی نرمال L بدست می‌آید: $L = D^{-1/2}(D - W)D^{-1/2}$ که D ماتریس قطری درجه رئوس گراف است. در قطعه‌بندی تصویر با روش خوشه‌بندی طیفی گراف مسئله با استفاده از اختلاف شدت روشنایی و مکان پیکسل‌های تصویر ایجاد می‌شود. عموماً وزن بین هر دو رأس گراف ترکیبی از دو فاصله فوق است که با استفاده از یک تابع گوسی به صورت زیر بیان می‌شود [۴]:

$$A_{ij} = e^{-\frac{\|F(i) - F(j)\|_2^2}{\sigma_I^2} - \frac{\|X(i) - X(j)\|_2^2}{\sigma_X^2}} \quad (۱)$$

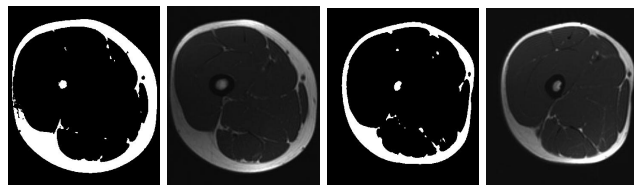
که در آن $F(i)$ و $X(i)$ به ترتیب شدت روشنایی و مختصات i امین پیکسل می‌باشند. σ_X و σ_I انحراف از معیار مرتبط با توابع نرمال اختلاف شدت روشنایی و اختلاف فاصله مکانی دو پیکسل هستند. یکی از مشکلات عملی خوشه‌بندی طیفی در قطعه‌بندی تصویر، اندازه بسیار بزرگ ماتریس مجاورتی W است. به عنوان مثال یک تصویر با ابعاد 1000×1000 دارای 10^6 پیکسل بوده و ماتریس مجاورتی این پیکسل‌ها به عنوان رئوس گراف یک ماتریس $10^6 \times 10^6$ خواهد بود که به صورت معمول در حافظه نرم‌افزارهایی همچون MATLAB جا نمی‌گیرد. برای محاسبه بردارها و مقادیر ویژه ماتریس لاپلاسی در چنین حالتی از روش Nyström [۱] استفاده می‌شود.

۲.۱. روش Nyström

فرض کنید $K \in M_n$ و رتبه $r \ll n$ ، K بردارها و مقادیر ویژه ماتریس K را با استفاده از یک زیر ماتریس کوچک A تخمین می‌زند [۱]. اگر رتبه ماتریس r باشد، تخمین بدست آمده دقیق است. فرض کنید $\tilde{K}_{mm}$ دارای رتبه $r \ll m$ باشد. چون $\tilde{K}$ نیمه معین مثبت است پس گرام است و می‌تواند بصورت $\tilde{K} = ZZ^T$ نوشته شود که $Z \in M_{mr}$ و از رتبه r است. سطرها را در Z طوری مرتب می‌کنیم که r تایی اول مستقل خطی باشند، این کار باعث مرتب شدن سطرها و ستونها در $\tilde{K}$ و ایجاد یک ماتریس جدید $\tilde{K}$ که متقارن است میشود در نتیجه زیر ماتریس اصلی $A \in S_r$ از $\tilde{K}$ (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:



شکل ۱: تصویری که برای تخمین پارامترهای خوشه‌بندی طیفی مورد استفاده قرار گرفته است به همراه خروجی قطعه‌بندی.



شکل ۲: دو تصویر دیگر به همراه خروجی مربوطه.

عمل تخمین پارامترها با استفاده از یک الگوریتم ژنتیک با دو متغیر ورودی انجام شده است. یک نکته مهم در الگوریتم ژنتیک تعریف تابع برازندگی (تابع هدف) مناسب مسئله می‌باشد. در اینجا برای یک تصویر از مجموعه تصاویر مورد نظر عمل قطعه‌بندی به صورت دستی انجام پذیرفته است و در تابع تطابق الگوریتم ژنتیک، خروجی خوشه‌بندی هر جواب ممکن با این جواب از پیش مشخص مقایسه می‌شود. اختلاف کمتر به منزله برازندگی بیشتر کروموزوم خواهد بود. در چنین کاربردهایی که قطعه‌بندی تصاویر متعددی از یک حوزه خاص مدنظر باشد چنین روشی معقولانه است.

پارامترهای بدست آمده از الگوریتم ژنتیک در کاربرد خاص این مقاله به راحتی قابل تعمیم به سایر تصاویر می‌باشد. شکل ۱ تصویر ورودی به الگوریتم ژنتیک و نتیجه قطعه‌بندی آن براساس پارامترهای بدست آمده از الگوریتم ژنتیک و با یک قطعه‌بندی از قبل مشخص را نشان می‌دهد. اعمال پارامترهای بدست آمده بر روی سایر تصاویر MRI خروجی رضایت‌بخشی را تولید نموده است. شکل ۲ دو نمونه تصویر دیگر و خروجی قطعه‌بندی آنها با شیوه خوشه‌بندی طیفی و بر اساس پارامترهای بدست آمده از اجرای الگوریتم ژنتیک روی تصویر شکل ۱ را نشان می‌دهد. همان‌گونه که مشاهده می‌شود، ناحیه چربی به صورت مناسبی استخراج شده است.

مراجع

- [1] Christopher J. C. Burges, *Dimension reduction: A guided tour*, Foundations and Trends in Machine Learning 2 (2010), no. 4.
- [2] Charles Fowlkes, Serge Belongie, Fan Chung, and Jitendra Malik, *Spectral grouping using the Nyström method*, IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell. 26 (2004), no. 2, 214-225.
- [3] V. K. Govindan and K. Santle Camilus, *A review on graph based segmentation*, International Journal of Image, Graphics and Signal Processing 5 (2012), 1-13.
- [4] Jianbo Shi and Jitendra Malik, *Normalized cuts and image segmentation*, IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell. 22 (2000), no. 8, 888-905.

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

چون ماتریس A دارای رتبه کامل است r سطر $[A_{rr} \ B_{rn}]$ مستقل خطی اند و از آنجایی که رتبه r, K است، n سطر $[B_{nr}^T \ C_{nn}]$ بصورت $[B_{nr}^T \ C_{nn}] = H_{nr}[A_{rr} \ B_{rn}]$ تجزیه می‌شود. با در نظر گرفتن r ستون اول بصورت $H = B^T A^{-1}$ و n ستون بعدی داریم: $C = B^T A^{-1} B$

$$K_{mm} = \begin{bmatrix} A & B \\ B^T & B^T A^{-1} B \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A \\ B^T \end{bmatrix} A_{rr}^{-1} [A \ B] \quad (2)$$

با استفاده از تجزیه ویژه A تجزیه ویژه تقریبی K_{mm} را (برای مقادیر ویژه ناصفر) می‌سازیم. $A = U \Lambda U^T$ تجزیه ویژه A است که U ماتریس ستونی بردارهای ویژه A و Λ ماتریس قطری مقادیر ویژه A است. بنابراین فرمول (۲) را بصورت زیر بازنویسی می‌کنیم:

$$K_{mm} = \begin{bmatrix} U & \\ B^T U \Lambda^{-1} \end{bmatrix} \Lambda [U^T \ \Lambda^{-1} U^T B] \equiv D \Lambda D^T \quad (3)$$

رابطه (۳) یک تجزیه تقریبی K را نشان می‌دهد، D ماتریس ستونی بردارهای ویژه K و Λ ماتریس قطری مقادیر ویژه K است. اگر ستونهای ماتریس D متعام باشند، تجزیه ویژه دقیق K بدست می‌آید. بنابراین اگر به جای A ، $Q_{rr} = A + A^{-1/2} B B^T A^{-1/2} \equiv$ ، ماتریس بردارهای ویژه ستونی متعام K بصورت زیر بدست می‌آید:

$$V_{mr} = \begin{bmatrix} A \\ B^T \end{bmatrix} A^{-1/2} U_Q \Lambda_Q^{-1/2} \quad (4)$$

بنابراین $K_{mm} = V \Lambda_Q V^T$ تجزیه دقیق K است و $V V^T = I_{rr}$. در پیاده‌سازی انجام شده در این مقاله از این شیوه برای تخمین بردارها و مقادیر ویژه استفاده شده است.

۲. دست‌آوردهای پژوهش

در بخش پیش ملاحظه شد که ماتریس مجاورتی گراف بر طبق رابطه ۱ و بر اساس اختلاف شدت روشنایی و اختلاف موقعیت مکانی پیکسل‌ها بدست می‌آید، اما عنوان نشد که پارامترهای σ آن چگونه برآورد می‌شوند. در بخش ۴ مرجع [۴] ذکر شده است که عموماً مقدار σ بین ۱۰ تا ۲۰ درصد کل برد تابع فاصله در نظر گرفته می‌شود. بازه مشخص شده بازه مناسبی است و با سعی و خطا می‌توان مقداری که خروجی مناسبی تولید نماید را بدست آورد. در این مقاله به جای استفاده از شیوه سعی و خطا از یک الگوریتم ژنتیک برای تخمین این پارامترها استفاده شده است. قطعه‌بندی تصویر با روش خوشه‌بندی طیفی زمان نسبتاً زیادی لازم دارد. در این مقاله به جای تخمین پارامترها روی تصاویر اصلی پارامترها روی نمونه‌های کوچک‌تری از تصاویر تخمین زده می‌شوند و سپس برای تصویر اولیه اصلاح می‌شوند. با توجه به اینکه طیف شدت روشنایی پیکسلها در ابعاد مختلف تصویر تغییری ندارد، تخمین σ_I نیز اصلاح نمی‌شود. اما از آنجا که به مثلاً دو برابر شدن اندازه تصویر، فواصل نقاط مشابه نیز دو برابر می‌شود، کافیت پارامتر σ_X در مقیاس تغییر اندازه تصویر ضرب شود تا مقدار مناسب تصویر اولیه حاصل شود.