

تشخیص تومورهای مغزی از تصاویر تشدید مغناطیسی با تلفیق روش‌های سوپرپیکسل و طبقه‌بندی ماشین بردار رابط

ابراهیم اکبری^(۱) - مهرا ن عمادی^(۲)

(۱) کارشناس ارشد - مهندسی برق الکترونیک، واحد مبارکه، دانشگاه آزاد اسلامی، مبارکه، ایران

(۲) استادیار - گروه برق، دانشکده مهندسی برق، واحد مبارکه، دانشگاه آزاد اسلامی، مبارکه، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۷/۷/۲۳ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۷/۹/۲۶

خلاصه: تولید سلول‌های اضافی اغلب تشکیل توده‌ای از بافت را می‌دهند که به آن تومور اطلاق می‌شود. تومورها می‌توانند عملکرد صحیح مغز را مختل کنند و حتی منجر به مرگ بیمار گردند. یکی از راه‌های تشخیصی غیرتهاجمی برای این بیماری تصویربرداری تشدید مغناطیسی (MRI) می‌باشد. توسعه‌ی یک سیستم تشخیصی اتوماتیک یا نیمه‌اتوماتیک به کمک کامپیوتر در درمان‌های پزشکی مورد نیاز است. الگوریتم‌های متعددی برای تشخیص تومور بکار گرفته شده است که هر کدام دارای مزایا و معایب خاص خودش است. در این پژوهش، از تلفیق روش‌های تقسیم‌بندی سوپرپیکسل و طبقه‌بندی RVM، یک روش اتوماتیک برای پیدا کردن محدوده دقیق ناحیه تومور در تصویر MRI ابداع شده است. الگوریتم مورد استفاده در روش سوپرپیکسل، الگوریتم SLIC است که برای هر سوپرپیکسل ۱۳ ویژگی آماری و شدت روشنایی، محاسبه شده و در نهایت توسط الگوریتم طبقه‌بندی RVM روشی آموزش داده می‌شود که بتواند در هر تصویر MRI مغز، قسمت تومور را از غیرتومور تشخیص دهد. در این تحقیق از مجموعه داده BRATS2012 و از تصاویر با وزن FLAIR استفاده شده است و نتایج بدست آمده با نتایج BRATS2012 مقایسه گردیده است و ضرایب هم‌پوشانی Dice، BF score و Jaccard به ترتیب ۰/۸۹۸، ۰/۶۹۷ و ۰/۷۵۴ بدست آمده است.

کلمات کلیدی: تصویربرداری تشدید مغناطیسی، تقسیم‌بندی سوپر پیکسل، طبقه‌بندی ماشین بردار رابط.

Detection Of Brain Tumors From Magnetic Resonance Imaging By Combining Superpixel And Relevance Vector Machines Classification Methods

Ebrahim Akbari⁽¹⁾ - Mehran Emadi⁽²⁾

(1) MSc. – Dept. of Electrical Engineering, Mobarakeh Branch, Islamic Azad University, Mobarakeh, Iran
eb.ak57@gmail.com

(2) Assistant Professor - Dept. of Electrical Engineering, Mobarakeh Branch, Islamic Azad University, Mobarakeh, Iran
emadi.mehran49@gmail.com

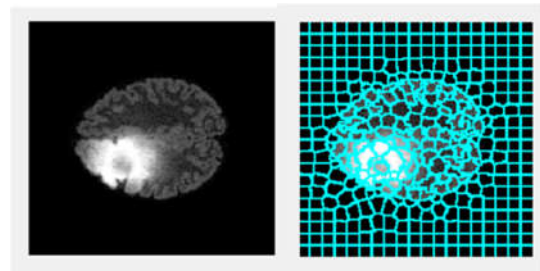
Abstract: The production of additional cells often forms a mass of tissue that is referred to as a tumor. Tumors can disrupt the proper functioning of the brain and even lead to the patients' death. One of the non-invasive diagnostic methods for this disease is Magnetic Resonance Imaging (MRI). The development of an automated or semi-automatic diagnostic system is required by the computer in medical treatments. Several algorithms have been used to detect a tumor, each with its own advantages and disadvantages. In the present study, an automatic method has been developed by the combination of new methods in order to find the exact area of the tumor in the MRI image. This algorithm is based on super pixel and RVM classification. The algorithm used in the super pixel method is the SLIC algorithm, which calculates for each super pixel 13 statistical characteristics and severity. Finally, an educational method introduced from the RVM classification algorithm that can detect the tumor portion from non-tumor in each brain MRI image. BRATS2012 dataset and FLAIR weights have been utilized in this study. The results are compared with the results of the BRATS2012 data and the overlap coefficients of Dice, BF score, and Jaccard were obtained as 0.898, 0.697 and 0.754, respectively.

Index Terms: Magnetic resonance imaging, Super pixel classification, Relevance vector machines classification

نویسنده مسئول: مهرا ن عمادی، استادیار - گروه برق، دانشکده مهندسی برق، واحد مبارکه، دانشگاه آزاد اسلامی، مبارکه، اصفهان، ایران،
emadi.mehran49@gmail.com

۱- مقدمه

مغز به عنوان پردازشگر مرکزی یک از مهم‌ترین ارگان‌های بدن به شمار می‌رود. تومور یکی از رایج‌ترین بیماری‌های مغز است. تولید سلول‌های اضافی اغلب تشکیل توده‌ای از بافت را می‌دهند که به آن تومور اطلاق می‌شود. علت دقیق ایجاد تومورهای مغزی مشخص نیست. پزشکان به سختی می‌توانند در این مورد که چرا یک فرد دچار تومور مغزی شده و دیگری نشده توضیح دهند [۱]. یکی از مهم‌ترین چالش‌های پیش‌روی ناحیه‌بندی MRI^۱ ناهمگنی در سطح روشنایی پیکسل‌های تصویر است. در روش پیشنهادی از روش سوپرپیکسل برای مقابله با این مشکل استفاده شده است. روش خوشه‌بندی تکرارشونده خطی ساده (SLIC)^۲ تصاویر را به تکه‌هایی با حدود و اندازه مشابه تقسیم‌بندی می‌کند. هر تکه از تصویر به صورت مربعی مشبک است که اندازه آن می‌تواند توسط کاربر مشخص شود. اندازه اولیه از طرف شبکه برای این سوپرپیکسل S در نظر گرفته می‌شود. مرکز هندسی هر بخش به عنوان مرکز سوپرپیکسل در نظر گرفته می‌شود. مختصات این مرکزها در هر تکرار بروز می‌شود. پیکسل‌ها بر اساس فضای خود و شدت و فاصله گروه‌بندی می‌شود. در شکل (۱) تصویر یک تومور مغزی با تصویر سوپر پیکسل شده نمایش داده شده است.



شکل (۱): تصویر تومور مغزی و تصویر سوپرپیکسل شده

Fig. (1): Image of the brain tumor and superpixel image

در روش پیشنهادی از روش طبقه‌بندی RVM^۳ برای دسته‌بندی هر سوپرپیکسل به تومور یا بافت طبیعی مغز استفاده می‌شود. در سال‌های اخیر ماشین بردار رابط (RVM) به دلیل داشتن مزایای متفاوتی مورد توجه بسیاری از محققان قرار گرفته است. این روش بر پایه معادلات بیز مربوط به معادلات خطی استوار است. روش RVM در عین سادگی محاسبات، قادر است نتایج مطلوبی در زمینه‌ی طبقه‌بندی و رگرسیون ارائه دهد. از بین کاربردهای RVM در حل مسائل متفاوت، استفاده از آن در حل مسائل مربوط به یادگیری با نظارت مورد توجه است.

احمد خراط و همکاران یک الگوریتم برای تشخیص تومور مغزی با استفاده از تبدیل موجک تجزیه و خوشه‌بندی K-Means به طبقه‌بندی تومور پرداختند. آن‌ها یک روش تشخیصی کارآمد برای تومور مغزی بر پایه مورفولوژی ریاضی^۴ تبدیل موجک^۵ و روش K-means معرفی کردند. این الگوریتم با پردازش مورفولوژی ریاضی و از طریق افزایش کنتراست در تصویر تومور، مراحل استخراج را کاهش می‌دهد. تقسیم‌بندی و محلی‌سازی از مناطق مشکوک با استفاده از تبدیل موجک انجام شده است. در نهایت الگوریتم K-means برای تشخیص تومور پیاده‌سازی می‌شود [۲].

کاریشما شیخ و همکاران از الگوریتم K-means برای استخراج ویژگی از سلول‌های مغز استفاده کردند. پیش از فرآیند K-means، نویز از تصاویر MRI حذف می‌شود و تصاویر بدون نویز به‌عنوان یک ورودی به K-means در نظر گرفته شده و تومور از تصویر MRI استخراج می‌شود. در نهایت استدلال تقریبی برای محاسبه شکل تومور و محاسبه موقعیت تومور انجام می‌شود [۳].

شان‌شن و همکاران از روش فازی توسعه‌یافته C-Mean (FCM)^۶ و شبکه عصبی مصنوعی^۷ (ANN) برای تشخیص تومور استفاده کردند. روش FCM مرسوم، یک روش تقسیم محبوب برای تصاویر پزشکی است. با این حال این الگوریتم خوشه‌بندی مبتنی بر شدت است که برای تصاویر پرنویز، روشی قوی نمی‌باشد. اگرچه بسیاری از الگوریتم‌های توسعه یافته بر اساس FCM، برای غلبه بر این ضعف، توسعه یافته‌اند، ولی هیچ‌یک از آن‌ها بی‌عیب و نقص نیست. در مقایسه با RFCM^۸ و دیگر روش‌های مبتنی بر FCM، که هدف آن اصلاح تابع پیچیده عضویت است، IFCM^۹ سعی در حفظ همه‌ی فرمول دارد، بنابراین IFCM نداوم بهتری نسبت به الگوریتم‌های معمول FCM دارد و محاسبات ساده‌تر است، بعلاوه بنای اساسی IFCM ساده‌تر و قابل درک بیشتر می‌باشد [۴].

سلواکومار و همکاران تومورها را به دو دسته جرم و بدخیم دسته‌بندی کردند. برای تشخیص جرم از سلول‌های مغز الگوریتم K-means کافی خواهد بود. قبل از انجام الگوریتم K-means بایستی نویز را از تصاویر MRI حذف نمود. برای استخراج شکل تومور بدخیم و ویژگی‌های آن با استفاده از روش فازی C-mean تقسیم‌بندی می‌شود. و در نهایت از روش منطقی تقریبی برای محاسبه شکل و موقعیت تومور استفاده می‌شود. روش ارائه شده از نظر تجربی در مقایسه با روش‌های دیگر، نتایجی دقیق‌تر ارائه می‌کنند [۵].

حسین و همکاران از شبکه مصنوعی برای تشخیص تومور استفاده کرده‌اند. آن‌ها برای این کار مراحل زیر را طی نمودند:

۱. جمع‌آوری اطلاعات: ابتدا به جمع‌آوری داده پرداختند. از مجموع ۱۰۰ داده، ۵۰ عدد آن سرطانی و ۵۰ عدد آن غیر سرطانی بوده است.
۲. حذف نویز: از فیلترهای میانی که بالاترین نسبت سیگنال به نویز را دارند، استفاده می‌شود.
۳. افزایش کیفیت عکس: برای استخراج ویژگی‌ها می‌توان با افزایش شدت، کیفیت عکس را بالا برد.
۴. تبدیل مقیاس خاکستری به باینری: تصویر باینری شده یک زیر کلاس از تقسیم‌بندی تصویر است، که یک تصویر را به قسمت‌هایی بر پایه مقدار پیکسل‌ها و به مقادیر آستانه تقسیم می‌کنند. با این روش ارزش شدت نیمه بالایی آستانه در سفید کامل و نیمه پایینی به سیاه تبدیل می‌شود.
۵. حذف بخش نادرست: گاهی برخی از بخش‌ها نادرست بوده که بایستی حذف شوند.
۶. تقسیم‌بندی تصویر: با تشکیل یک ماتریس رخداد سطح خاکستری از تصویر شکل می‌گیرد.

این ماتریس برای استخراج ویژگی استفاده می شود [۶].

راجش و همکاران با کمک تصاویر MRI و بخش بندی دقیق مغز، تومور مغزی را تشخیص دادند. تقسیم بندی تصویر به طور عمده با استفاده از روش فیلتر میانه، خوشه بندی K-mean و تقسیم بندی FCM انجام می شود. این روش نتایج دقیق تر و کارآمدتر نسبت به روش های دیگر دارد. از این روش یک تصویر تقسیم شده به مراتب بهتر به دست می آید. سیستم بسیار مقیاس پذیر و کاربر پسند است. تقریباً تمام اهداف سیستم را برآورده و تحت همه معیارها تست شده است و مشکلات ناشی از سیستم دستی را به حداقل رسانده است [۷].

یوگیتا شارما و همکاران در این مقاله به جای الگوریتم های موجود در فضای اصلی ارائه شده، از مشتق الگوریتم K-means مبتنی بر کرنل متناوب استفاده کردند. نتایج حاصل از این روش پیشنهادی می تواند برای تقسیم بندی تصاویر پزشکی با کنتراست کم بکار رود. این روش دارای مزایای استفاده از محاسبه پارامترهای مختلف و کاهش زمان است. اعتبار الگوریتم جدید در روند سخت جزئیات تصاویر تأیید شده است. مراحل جزئیات طرح پیشنهادی به صورت زیر است:

۱. تصویر اصلی به عنوان ورودی وارد شود.

۲. تصویر بصورت مقیاس خاکستری تبدیل شود.

۳. پیدا کردن مقدار شیب،

۴. علامت گذاری اجزاء پیش زمینه^{۱۰}،

۵. برآورد حوضچه تبدیل^{۱۱} [۸].

پروین و همکاران از روش ترکیبی استفاده نموده اند. به عنوان مثال روش مبتنی بر اساس منطقه تومور با روش مبتنی بر بافت، برای تشخیص و طبقه بندی تومور ارائه شده است. به عنوان روشی مبتنی بر بافت برای استخراج ویژگی از تصاویر MRI استفاده شده است. طبقه بندی LS-SVM^{۱۲} با تابع کرنل MLP^{۱۳} برای طبقه بندی تصاویر توموری و غیر توموری استفاده شده است. روش پیشنهادی، کارآمدتر و با دقت تقسیم بندی خوب تر از روش های موجود است. این روش دقت ۹۶/۶۳٪ را نشان می دهد [۹].

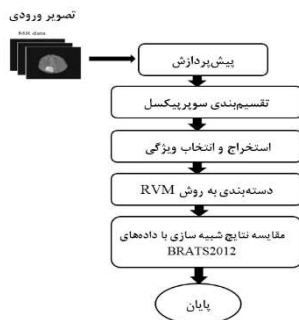
شیونگ جی و همکاران الگوریتم MSFCM را برای بخش بندی تصاویر MRI استفاده کردند که شامل روش سوپر پیکسل و روش FCM می باشد. در ابتدا تصویر به چند سوپر پیکسل تجزیه می شود و سپس تقسیم بندی عمیق برای مناطقی با واریانس خاکستری بزرگ تر برای تنظیم آستانه انجام می شود. برای گرفتن عضوهای فازی هر سوپر پیکسل، الگوریتم FCM برای دسته بندی، از سوپر پیکسل بجای پیکسل استفاده می کنند. در نهایت تصاویر بخش شده MRI مغز با سوپر پیکسل با دسته بندی مشابه ادغام می شود. آزمایش نشان می دهد روش ارائه شده از روش FCM کارآمدتر است و نتایج خوبی در بخش بندی تصاویر MRI که دارای نویز و غیر همگن می باشد، به دست آمده است. این مزیت امکان آن را فراهم می کنند که بخش بندی تصاویر MRI مغز انسان با دقت و اثربخشی بالا در مقایسه با روش FCM توسط کارشناسان و با توجه به معیارهای شباهت، انجام شود. علاوه بر این، نتایج تجربی نشان داده شده است که

بهره برداری محلی از روش پخش به طبقه بندی صحیح بر حسب سوپر پیکسل ها و تابع باتروث برای اندازه گیری شباهت بین سوپر پیکسل ها بسیار مناسب برای کاربرد در تصاویر پزشکی از جمله بخش بندی مجموعه داده از تصاویر پزشکی متوالی، در یک زمان مناسب است [۱۰]. سلطانی نژاد و همکاران با استفاده از محاسبه ویژگی Texton، تحلیل فراکتال، انحنای و ویژگی های شدت آماری از سوپر پیکسل ها، یک روش کاملاً خود کار برای تشخیص و تقسیم تومور مغزی از تصاویر MRI FLAIR ارائه نموده اند. سپس برای طبقه بندی هر سوپر پیکسل به تومور یا بافت مغز سالم از روش ERT استفاده کرده اند. نتایج تجربی نشان می دهد عملکرد تشخیص و تقسیم بندی بالا روش پیشنهادی با استفاده از طبقه بندی ERT، با حساسیت متوسط ۰/۸۹/۴۸، BER ۶ و نسبت همپوشانی Dice برابر ۰/۸۷ می باشد. برای ارزیابی بهتر روش، این روش بیشتر در مجموعه داده های BRATS 2012 مورد ارزیابی قرار گرفت [۱۱].

گوپتا و همکاران قسمت عمده کارشان، پیشنهاد یک سیستم CAD است که از سه جهت از تصویر MRI مغز تهیه شده است و منطقه مورد نظر قابل مشاهده در وسط قرار می گیرد. به دلیل تقسیم بندی مبتنی بر بلوک و الگوریتم پردازش بلوک دارای سرعت خوبی است، در ضمن روشی است برای رسیدن به TNR و TPR بالا. این روش نسبت به روش های K-mean و C-mean فازی دارای اثربخشی و بهره وری بالاتر است [۱۲]. سانگامیترا و همکاران ابتدا تصاویر ورودی را پیش پردازش کرده که این پیش پردازش آثار ناخواسته را حذف می کنند. سپس با استفاده از روش تقسیم بندی استفاده شده، تومور را بخش کرده اند. برای نتایج تقسیم بندی بهتر از الگوریتم K-means و برای گرفتن نتیجه بهتر و دقیق تر از الگوریتم EK-means استفاده نمودند. سپس ویژگی های تصاویر تقسیم شده مشکوک به تومور، استخراج می شود. ویژگی هایی مانند آنتروپی، همبستگی، همگن، PSNR^{۱۴} و SSIM^{۱۵} که می توانند در طبقه بندی تصاویر استفاده شود. برای طبقه بندی از شبکه پس انتشار استفاده می شود و تصاویر به عنوان تصویر طبیعی یا تصویر تومور طبقه بندی می شود. دقت در این مورد ۹۰/۸۷٪ است [۱۳].

۲- روش کار

در شکل (۲) مراحل انجام کار به صورت فلوجارت نشان داده شده است.



شکل (۲): روش پیشنهادی

Fig. (2): The Proposed method flowchart

۲-۱- تصاویر ورودی و مجموعه داده‌ها

تصویر MRI مورد استفاده در این تحقیق از پروتکل FLAIR می‌باشد که می‌تواند پسوند JPG یا mha داشته باشد. تصاویر با پسوند mha از ۱۸۱ تصویر از مقاطع مختلف مغز می‌باشد که در این تحقیق از تصویر ۱۱۰م به دلیل کامل تر بودن استفاده شده است. ابتدا همه تصاویر گرفته شده را به سایز ۲۰۰×۲۰۰ تبدیل کرده و روشنایی تصاویر را برای همه تنظیم می‌کنیم. در این تحقیق برای ارزیابی بهتر روش ارائه شده، بیش تر بر روی مجموعه داده‌های آموزشی بالینی BRATS2012 عمومی تأکید شده است. در این بخش، داده‌ها شرح داده شده و نتایج تقسیم‌بندی ارائه شده و مورد بحث قرار می‌گیرد. شرح مجموعه داده‌های BRATS2012. تفسیر مجموعه داده‌های آموزشی بالینی که شامل اطلاعات متشکل از چندین کانون MRI از ۳۵ بیمار مبتلا به گلیوما (۱۳ درجه پایین و ۲۲ درجه بالا) استفاده می‌شود. برای این مجموعه آموزشی، درستی پایه، توسط یک پزشک متخصص آموزش دیده ارائه شده است. برای هر یک از اطلاعات بیمار، تصاویر T1، T2، FLAIR در دسترس هستند. داده‌ها از چند مرکز و با استفاده از اسکنرهای مختلف با شدت میدان‌های مختلف (T ۱/۵ و T ۳) به دست آمد. در این مطالعه، فقط از تصاویر FLAIR برای ارزیابی روش پیشنهادی استفاده شده است [۱۴]. پس از تقسیم‌بندی سوپرپیکسل، در هر تصویر، سوپرپیکسل‌ها با دو روش طبقه بندی SVM و RVM، به تومور و غیر تومور طبقه‌بندی شده‌اند.

۲-۲- پیش پردازش

ابتدا مجموعه از تمامی تصاویر MRI با استفاده از نرم‌افزار FSL^{۱۷} حذف می‌شود. این نرم‌افزار مجموعه‌ای از نرم‌افزارهای تحلیلی است که برای کاربردهای پژوهش مغز ساخته شده است. البته این نرم‌افزار تحت سیستم عامل لینوکس کار می‌کند [۱۴]. برای آنکه تصاویر از یک اندازه مشخص و ثابت برخوردار باشند همه تصاویر گرفته شده را به سایز ۲۰۰×۲۰۰ تبدیل کرده و روشنایی تصاویر را برای همه تنظیم می‌کنیم.

۲-۳- تقسیم‌بندی سوپرپیکسل

روش خوشه‌بندی تکرار شونده خطی ساده (SLIC) تصاویر را به تکه‌هایی با حدود و اندازه مشابه تقسیم‌بندی می‌کند. هر تکه از تصویر بصورت مربعی مشبک است که اندازه آن می‌تواند توسط کاربر مشخص شود. اندازه اولیه از طرف شبکه برای این سوپر پیکسل d_s در نظر گرفته می‌شود. مرکز هندسی هر بخش به عنوان مرکز سوپرپیکسل در نظر گرفته می‌شود. مختصات این مرکزها در هر تکرار بروز می‌شود. پیکسل‌ها بر اساس فضای خود و شدت و فاصله گروه‌بندی می‌شود. فاصله مکانی d_s بین آمین و λ آمینپیکسل از رابطه زیر محاسبه می‌شود:

$$d_s = \sqrt{(x_j - x_i)^2 + (y_j - y_i)^2} \quad (1)$$

x و y مختصات مکانی پیکسل هستند شدت فاصله d_c بین دو پیکسل این طور تعریف می‌شود:

$$d_c = \sqrt{(I_j - I_i)^2} \quad (2)$$

که I_j و I_i مقادیر شدت نرمال آمین و λ آمین پیکسل است. اندازه‌گیری

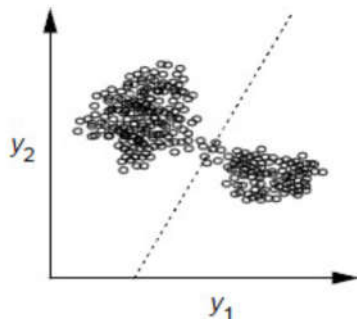
فاصله به طور کلی ترکیبی از فواصل فضایی و شدت است و سپس D به صورت زیر محاسبه می‌شود:

$$D = \sqrt{d_c^2 + \left(\frac{d_s}{s}\right)^2 m^2} \quad (3)$$

که در آن m ضریب فشردگی است که قابلیت انعطاف پذیری مرزهای سوپر پیکسل را نشان می‌دهد. مقادیر بالای m نشان‌دهنده بخش‌های فشرده تر و مقادیر پایین m مرزهای قابل انعطاف تر را ایجاد می‌کند. برای آموزش یک طبقه‌بندی قوی برای تشخیص و تقسیم تومور مغزی انواع مختلفی از ویژگی‌ها وجود دارد که می‌توان در نظر گرفت، همانطوری که سوپرپیکسل در این تحقیق بیان می‌کند. یافت مغز دارای ساختارهای پیچیده است بنابراین ویژگی‌های شدت برای تقسیم‌بندی تومور کافی نیست، بنابراین از ویژگی‌های مکمل برای بهبود صحت تقسیم‌بندی استفاده می‌شود.

۲-۴- طبقه‌بندی ماشین بردار رابط (RVM)

در سال‌های اخیر ماشین بردار رابط به دلیل داشتن مزایای متفاوتی مورد توجه بسیاری از محققان قرار گرفته است. این روش بر پایه معادلات بیز مربوط به معادلات خطی استوار است. RVM در عین سادگی محاسبات، قادر است نتایج مطلوبی در زمینه‌ی طبقه‌بندی و رگرسیون ارائه دهد. از بین کاربردهای RVM در حل مسائل متفاوت، استفاده از آن در حل مسائل مربوط به یادگیری با نظارت مورد توجه است. شکل (۳) یک فضای ویژگی دو بعدی را نشان می‌دهد که به دو قسمت تقسیم شده است.



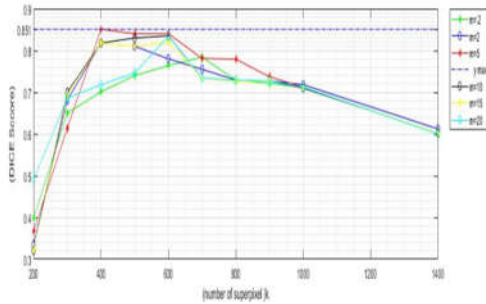
شکل (۳): یک فضای ویژگی دو بعدی [۱۵]

Fig. (3): A two-dimensional property space [15]

همه پیکسل‌هایی که ویژگی متناظرشان در سمت چپ قرار گرفته‌اند در یک دسته و بقیه پیکسل‌ها در دسته دیگر قرار می‌گیرند. یکی از متداول ترین طبقه‌بندی کننده‌های پارامتری، طبقه‌بندی کننده بیشترین احتمال^{۱۸} یا بیز^{۱۹} می‌باشد. این طبقه‌بندی کننده فرض می‌کند که شدت روشنایی پیکسل‌ها نمونه‌های مستقلی از مخلوط یک سری توزیع‌های آماری، معمولاً گوسی، هستند. داده‌های آموزشی با مشخص شدن نماینده هر یک از مؤلفه‌های مخلوط و سپس تخمین زدن بر اساس آن به دست می‌آیند که روش RVM مبتنی بر همین روش است.

۳- پیاده‌سازی الگوریتم

در تقسیم‌بندی سوپرپیکسل، تصاویر اختصاص یافته به تکه‌های تقریباً منظم که ارزش و شدت روشنایی تقریباً مشابه دارند تقسیم می‌شود. این



شکل (۴): نمودار تأثیر تغییرات اندازه سوپراپیکسل و ضریب فشردگی بر روی ضریب هم‌پوشانی

Fig. (4): Effect of superpixel size variations and compression coefficients on the overlap coefficient

۳-۲- بدست آوردن مقادیر بهینه m

یکی دیگر از پارامترهای مهم در مرحله تقسیم‌بندی سوپراپیکسل، فاکتور فشردگی (m) است. مقدار بیشتر این پارامتر منجر به پارتیشن‌های سخت‌تر است که پایدارتر و معمولاً دارای نویز کمتر هستند (به عنوان مثال سوراخ‌ها و پیکسل‌های با تراکم پایین). با این حال، تقسیم‌بندی ممکن است از مرزهای بافت خیلی خوب پیروی نکند، به خصوص در مواردی که مرزهای شفاف و روشن وجود نداشته باشد. درحالی‌که مقادیر فشرده‌سازی پایین‌تر منجر به مرزهای انعطاف‌پذیرتر و دقیق‌تر می‌شود، اما تقسیم‌بندی ممکن است پیکسل‌های جداگانه و جدا از هم تولید کند. همچنین ممکن است سوپراپیکسل‌های بسیار محدودی را تولید کنند که برای تحلیل بافت مناسب نیستند. در این تحقیق، ضریب فشردگی علاوه بر بررسی بصری، با تغییر و اندازه‌گیری معیارهای هم‌پوشانی به مقدار بهینه $m=5$ می‌رسیم که این مقدار انعطاف‌پذیری خوبی برای تصاویر مختلف دارد.

برای مقایسه این روش در داده BRATS، می‌توان به تحقیق منتشر شده در [۱۶] اشاره کرد. با توجه به این واقعیت که این مطالعه بر اساس طبقه‌بندی دوتایی (یعنی هسته تومور فعال در برابر بافت طبیعی مغز) بر اساس پروتکل FLAIR تکیه می‌شود، در مقایسه با روش‌های فعلی منتشر شده در داده‌های BRATS دشوار است. این حائز اهمیت است که روش پیشنهادی بر روی داده‌های BRATS اعمال شده است؛ داده‌هایی که از چند مرکز آمده و از اسکن‌های مختلف استفاده شده است.

برای بررسی اثر فاکتور فشردگی m که در معادله تعریف شده است، در مرزهای سوپراپیکسل، مقادیر مختلفی از ۰ تا ۲۰ اعمال شده و نتایج در جدول (۲) آمده است. ضریب فشردگی در مرزهای سخت‌تر $m=20$ به دست می‌آید، درحالی‌که در مرزهای بسیار انعطاف‌پذیر $m=0$ است. اما تغییرات و بی‌نظمی‌های شکل سوپراپیکسل را افزایش می‌دهد.

برای به دست آوردن مقدار بهینه m، با وجود اینکه در نمودار شکل (۳) به مقدار ۵ رسیده است ولی با این حال تعداد سوپراپیکسل را ۴۰۰ در نظر گرفته و با مقادیر مختلف m شبیه‌سازی تکرار شده و نتایج آن در جدول (۲) آمده است و با بررسی نتایج و نمودار شکل (۵) و با بررسی بصری مرزها در ناحیه سوپراپیکسل $m=5$ انتخاب شده است که حاوی

تکه‌ها بر اساس دو پارامتر مهم S و m به وجود می‌آیند که ابتدا مقادیر بهینه این دو بایستی به دست آید. برای هر سوپراپیکسل، ویژگی‌های میانگین، انحراف معیار، واریانس، میانگین انحراف مطلق، انحراف مطلق میانه، ضریب واریانس، ناهموازی، متوسط و حالت‌های شدت، لحظات مرکزی، دامنه، محدوده بین مقیاس و آنتروپی محاسبه می‌شود. پس از انتخاب ویژگی برای پیدا کردن مهم‌ترین ویژگی، از روش طبقه‌بندی RVM برای تقسیم‌بندی تصویر MRI به تومور و غیرتومور استفاده شده است.

۳-۱- به دست آوردن مقادیر بهینه S

یکی از پارامترهای تأثیرگذار در روش تقسیم‌بندی سوپراپیکسل مساحت هر سوپراپیکسل (S) می‌باشد. اندازه سوپراپیکسل بزرگ می‌تواند محاسبات را سریع‌تر کند و ممکن است اطلاعات کافی برای استخراج ویژگی مانند ویژگی‌های بافت پایدار فراهم کند ولی با این حال، اندازه بزرگ سوپراپیکسل ممکن است شامل بیش از یک کلاس از پیکسل‌ها باشد که منجر به محاسبه اشتباه ویژگی‌ها (مانند مناطق کوچکی از لخته خون یا خونریزی) می‌شود و همچنین برای ضایعات کوچک مناسب نیست. در حالی که اندازه کوچک سوپراپیکسل احتمال بیشتری دارد که صرفاً شامل یک کلاس از پیکسل‌ها باشد و برای تقسیم‌بندی ضایعات کوچک‌تر، ترجیح داده می‌شود ولی با این حال، سوپراپیکسل‌های کوچک ممکن است برای اندازه‌گیری ویژگی‌های پایدار به اندازه کافی پیکسل نداشته باشند و همچنین زمان برای تولید قسمت‌های کوچک بسیار زیاد است. بنابراین بایستی یک مقدار بهینه برای S که بتوان بهترین نتیجه هم‌پوشانی را به دست آورد را پیدا نمود و برای این کار در یک جامعه آماری از ۲۰ تصویر MRI تومور را با مقادیر مختلف S به دست آورده و میانگین ضرایب هم‌پوشانی را محاسبه کرده که در جدول (۱) آمده است. با توجه به جدول اگر تعداد سوپراپیکسل‌ها ۴۰۰ در نظر گرفته شود بهترین نتیجه حاصل می‌گردد. نتایج به دست آمده به صورت نمودار در شکل (۴) نمایش داده شده است.

Table (1): The relationship of superpixel S size with overlapping criteria

جدول (۱): رابطه اندازه سائز سوپراپیکسل S با معیارهای هم‌پوشانی

معیارهای هم‌پوشانی			تعداد سوپراپیکسل
Jaccard	BF Score	Dice	
۰/۲۲۰	۰/۰۰۱	۰/۳۹۹	۲۰۰
۰/۵۵۵	۰/۱۵۶	۰/۶۵۰	۳۰۰
۰/۸۴۹	۰/۹۱۵	۰/۷۰۱	۴۰۰
۰/۷۸۷	۰/۷۷۱	۰/۷۴۰	۵۰۰
۰/۷۸۷	۰/۷۶۴	۰/۷۶۴	۶۰۰
۰/۷۴۱	۰/۷۱۲	۰/۷۸۴	۷۰۰
۰/۷۶۷	۰/۷۱۲	۰/۷۲۹	۸۰۰
۰/۷۶۵	۰/۷۰۱	۰/۷۲۱	۹۰۰
۰/۷۳۸	۰/۹۶۷	۰/۷۱۲	۱۰۰۰

۳-۳- پارامترهای ارزیابی

در این تحقیق از سه پارامتر برای ارزیابی روش تحقیقی استفاده شده است. با توجه به تعاریف جدول (۳) می‌توان پارامترها را به صورت زیر تعریف نمود.

Table (3): Introduction of evaluation parameters
جدول (۳): معرفی پارامترهای ارزیابی

توضیحات	پارامتر
تعداد پیکسل‌هایی که در هر دو تصویر مقدارشان ۲۵۵ است (وجود تومور در هر دو عکس)	a
تعداد پیکسل‌هایی که در هر دو عکس مقدارشان متفاوت است (اشتباه در تشخیص تومور)	b
تعداد پیکسل‌هایی که در هر دو عکس مقدارشان ۰ است (عدم وجود تومور در هر دو عکس)	c
تعداد پیکسل‌هایی که تومور دارند	TP(True Positive)
تعداد پیکسل‌هایی که تومور ندارند	TN(True Negative)
تعداد پیکسل‌هایی که تومور ندارند ولی تومور تشخیص داده شده‌اند	FP(False Positive)
تعداد پیکسل‌هایی که تومور دارند ولی تومور تشخیص داده نشده‌اند	FN(False Negative)

فرمول‌های ارزیابی ضرایب شباهت بر اساس پارامترهای جدول (۳) به صورت زیر است [۱۷]:

$$\text{Dice} = \frac{2 * TP}{(2 * TP + FP + FN)} \quad (۴)$$

$$\text{jaccard} = \frac{TP}{(TP + FP + FN)} \quad (۵)$$

$$\text{Recall} = \left(\frac{TP}{(TP + FN)} \right) \quad (۶)$$

$$\text{Precision} = \left(\frac{TP}{FP} \right) \quad (۷)$$

$$\text{BF} = \frac{2 * \text{Recall} * \text{Precision}}{(\text{Recall} + \text{Precision})} \quad (۸)$$

برای مقایسه بهتر الگوریتم ارائه شده، علاوه بر روش SVM، روش طبقه بندی SVM نیز برای داده‌ها اجرا گردیده است. در جدول (۴) میانگین ضرایب هم‌پوشانی جهت تشخیص تومور مغزی برای ۳۵ بیمار مبتلا به سرطان با دو روش SVM و SVM آورده شده است.

Table (4): Average values of overlapping parameters
جدول (۴): مقادیر متوسط پارامترهای هم‌پوشانی

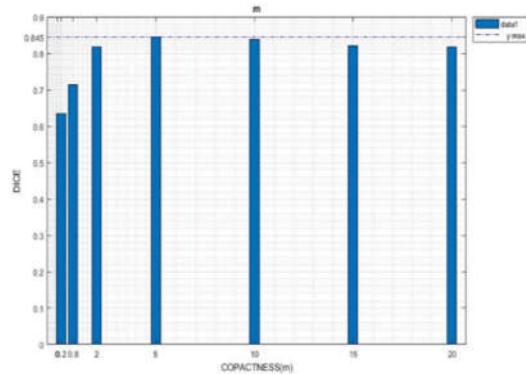
ضریب هم‌پوشانی	DICE		BFscore		Jaccard	
	SVM	RVM	SVM	RVM	SVM	RVM
مقدار متوسط	۰/۸۰	۰/۹۰	۰/۶۱	۰/۷۵	۰/۶۶	۰/۷۸

مرزهای منسجم است. بنابراین ضریب فشردگی در تمام آزمایشات ۵ در نظر گرفته شده است؛ و برای ارزیابی عملکرد تقسیم‌بندی سوپرپیکسل از اندازه‌گیری ضرایب Dice score، BF score و Jaccard استفاده شده است.

Table (2): The relationship between the size of the compression coefficient and the overlapping criteria

جدول (۲): رابطه اندازه ضریب فشردگی با معیارهای هم‌پوشانی

معیارهای هم‌پوشانی			اندازه ضریب فشردگی m
Jaccard	BF Score	Dice	
۰/۵۵۶	۰/۶۰۹	۰/۶۳۵	۰/۲
۰/۶۱۲	۰/۷۲۹	۰/۷۱۴	۰/۸
۰/۷۸۰	۰/۸۶۸	۰/۸۱۸	۲
۰/۸۴۹	۰/۹۱۵	۰/۸۴۵	۵
۰/۸۲۱	۰/۹۰۱	۰/۸۳۸	۱۰
۰/۷۸۸	۰/۸۴۴	۰/۸۲۲	۱۵
۰/۷۴۹	۰/۷۲۶	۰/۸۱۸	۲۰

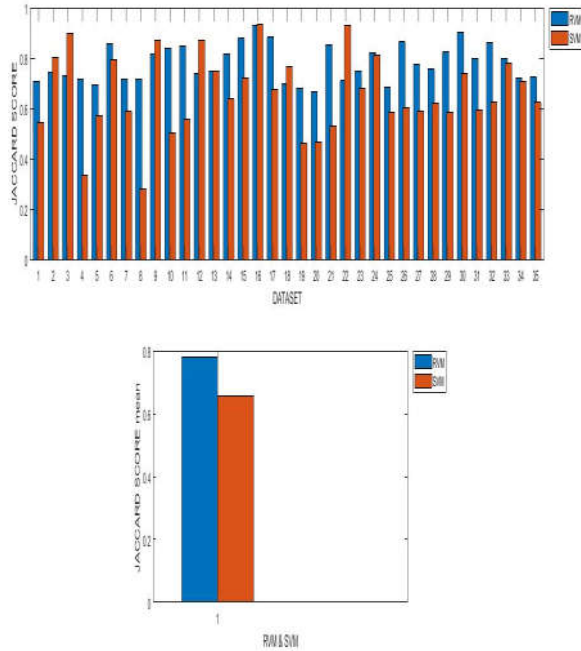


شکل (۵): نمودار تأثیر تغییرات ضریب فشردگی بر روی ضریب هم‌پوشانی DICE

Fig.(5): Chart of the effect of compression coefficient variations on the DICE overlap factor

بنابراین در این تحقیق تعداد سوپرپیکسل‌ها ۴۰۰ و ضریب فشردگی ۵ در نظر گرفته شده است. بعد از اجرای الگوریتم سوپرپیکسل، برای هر سوپرپیکسل بایستی ۱۳ ویژگی استخراج گردیده که در یک ماتریس ۴۰۰×۱۳ ذخیره گشته است که هر سطر معرف ویژگی‌های یک سوپرپیکسل می‌باشد. این ویژگی‌ها عبارت‌اند از کنتراست، همبستگی، همگنی، متوسط، انحراف معیار، آنتروپی، واریانس، همواری، کورتوز، ناهمواری، RMS و IDM.

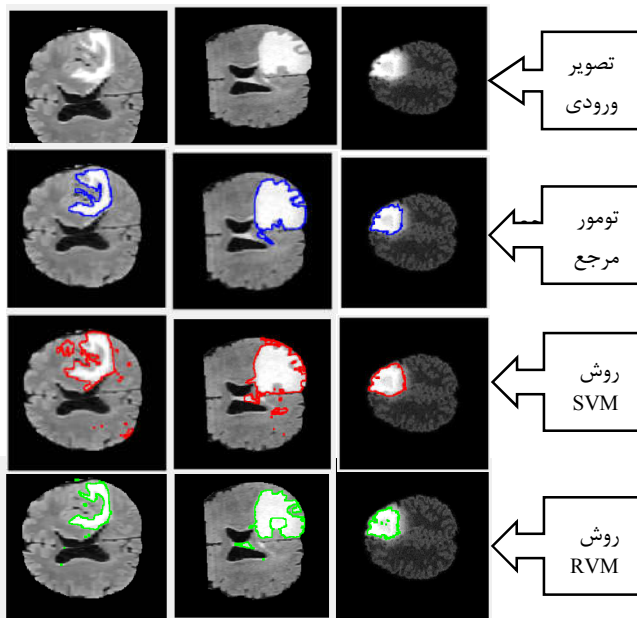
با توجه به این ۱۳ ویژگی تصویر به خاکستری تبدیل می‌شود و از طریق آستانه‌بندی به پیکسل‌های تومور عدد یک و به پیکسل‌های غیر تومور عدد صفر اختصاص داده می‌شود که حاصل استخراج تومور به صورت یک تصویر سیاه و سفید است. سپس پیکسل‌های برچسب زده را با تصویر اصلی مطابقت داده و اطراف ناحیه تومور را با مرز آبی رنگ مشخص کرده و در یک شکل نشان داده می‌شود.



شکل (۸): (الف) نمودار مربوط به مقایسه پارامتر Jaccard score برای تمام نمونه‌ها. (ب) میانگین پارامتر Jaccard score

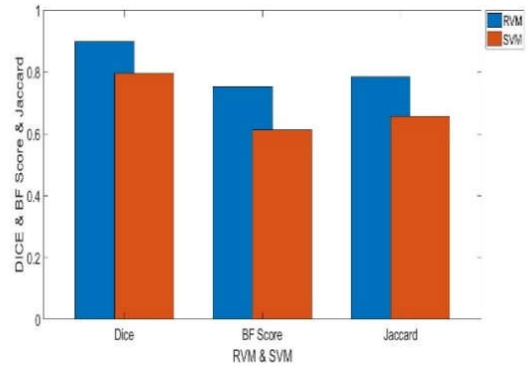
Fig. (8): (a) Comparison of the Jaccard score parameter for all samples (b) The average parameter of Jaccard score

در شکل (۹) تصاویر مربوط به استخراج تومور به سه روش دستی، SVM و RVM نشان داده شده است.



شکل (۹): سه تصویر از داده‌های BRATS2012 و تقسیم‌بندی تصاویر به روش SVM و RVM

Fig. (10): BRATS2012 data images and manually subdivided images, using SVM and RVM

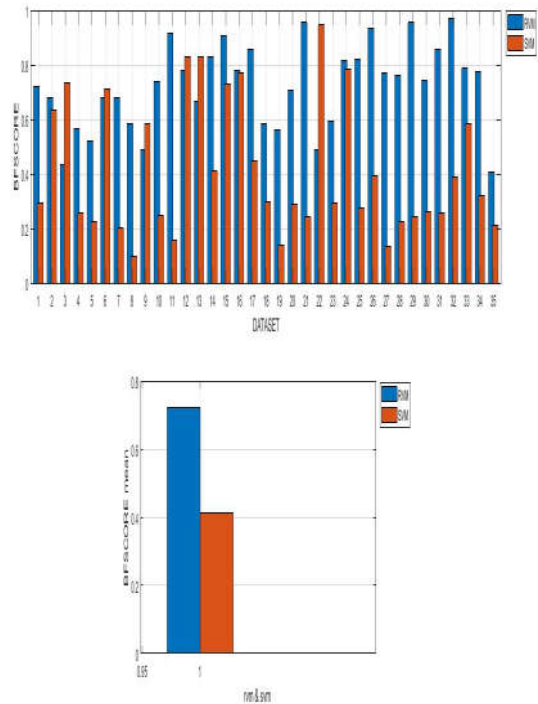


شکل (۶): مقایسه ضرایب هم‌پوشانی در دو روش SVM و RVM

Fig. (6): Comparison of overlap coefficients in RVM and SVM methods

در تمام نمونه‌ها سه پارامتر هم‌پوشانی اندازه‌گیری شده است. در شکل‌های (۶)، (۷) و (۸) نمودار نتایج مقایسه این سه پارامتر برای الگوریتم SVM و RVM آورده شده است. در شکل (۴) نتایج به صورت نمودار نمایش داده شده است.

در شکل‌های (۷)، (۸) و نتایج تشخیص تومور برای ۳۵ نمونه تصویر MRI با دو روش SVM و RVM به صورت نمودار ترسیم شده است و میانگین ضرایب هم‌پوشانی نمایش داده شده است.



شکل (۷): (الف) نمودار مربوط به مقایسه پارامتر BFSCORE برای تمام نمونه‌ها (ب) میانگین پارامتر BFSCORE

Fig. (7): (a) Comparison graph for the BFSCORE parameter for all samples (b) The mean of the BFSCORE parameter

و دیگری ضریب فشردگی (m) است. این دو پارامتر بر اساس آزمایش انجام شده در تحقیق، برای K مقدار ۴۰۰ و برای m مقدار ۵ به دست آمده است. برای هر سوپریکسل ۱۳ ویژگی آماری و شدت، محاسبه می‌شود که برای طبقه‌بندی سوپریکسل‌ها به تومور و غیرتومور، در الگوریتم طبقه‌بندی RVM از آن استفاده می‌گردد. برای ارزیابی بهتر، الگوریتم RVM برای داده‌های BRATS2012 اجرا شده است و با توجه به نتایج به دست آمده، پارامترهای هم‌پوشانی Dice، BFscore و Jaccard در الگوریتم RVM به ترتیب، ۰/۹۰ و ۰/۷۵ و ۰/۷۸ و برای الگوریتم SVM به ترتیب ۰/۸۰ و ۰/۶۱ و ۰/۶۶ به دست آمده‌اند.

پی‌نوشت:

1. Magnetic Resonance Imaging
2. Simple Linear Iterative Clustering
3. Relevance Vector Machine
4. Mathematical Morphology
5. Wavelet Transforms
6. Fuzzy C-Means
7. Artificial Neural Network
8. Robust Fuzzy C-Means
9. Improved Fuzzy C-Means
10. Foreground Objects
11. Watershed Transform
12. Gray Level Co-Occurrence Matrix
13. Least Squares Support Vector Machines
14. Multi-Layer Perceptron
15. Peak Signal-To-Noise Ratio
16. Structural Similarity
17. FMRI Software Library
18. Likelihood Maximum
19. Bayes

برای مقایسه بهتر نتایج به دست آمده در این روش، در جدول (۵) تحقیق‌هایی که با داده‌های BRATS در این زمینه انجام شده است، آورده شده است.

Table (5): Comparison of similar studies in this field with this research

جدول (۵): مقایسه تحقیق‌های مشابه در این زمینه با این تحقیق

ضریب هم‌پوشانی DICE	روش استفاده شده	محقق
۰/۸۷	جنگل‌های تصادفی (RF)	توستیسون و همکاران [۱۸]
۰/۸۸	درختان بسیار تصادفی (ERT) و سوپریکسل	سلطانی نژاد و همکاران [۱۱]
۰/۹۰	سوپریکسل و ماشین بردار رابط (RVM)	روش پیشنهادی

۴- نتیجه‌گیری

در این مقاله به منظور بهبود در تشخیص تومور سرطانی مغز، از تلفیق روش قطعه‌بندی سوپریکسل با الگوریتم طبقه‌بندی RVM استفاده شده است. با توجه به این‌که پیکسل‌های یک بافت در مغز در تصاویر MRI از سطح خاکستری یکسان برخوردار نیستند، از روش سوپریکسل برای ناحیه‌بندی تصویر استفاده شده است تا بتواند با استفاده از ویژگی‌های استخراج شده از هر سوپریکسل، کلاس‌بندی صحیحی را انجام دهد. در این تحقیق از الگوریتم SLIC برای روش سوپریکسل استفاده شده است. دو پارامتر تأثیرگذار در این الگوریتم وجود دارد که یکی اندازه سوپریکسل (S) و یا تعداد سوپریکسل‌های یک تصویر (K)

References

- [1] L. Vincent, P. Soille, "Watersheds in digital spaces: an efficient algorithm based on immersion simulations", IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol. 13, No. 16, pp. 583-598, June 1991.
- [2] A. Kharrat, N. Benamrane, M.B. Messaoud, M. Abid, "Detection of brain tumor in medical images", Proceeding of the IEEE/SCS, pp. 1-6, Medenine, Tunisia, Nov. 2009.
- [3] K. Sheikh, V. Sutar, S. Thigale, "Clustering based segmentation approach to detect brain tumor from MRI scan", International Journal of Computer Applications, Vol. 118, No. 8, pp. 36-39, May 2015.
- [4] S. Shen, "MRI fuzzy segmentation of brain tissue using neighborhood attraction with neural-network optimization", IEEE Trans. on Information Technology in Biomedicine, Vol. 9, No. 3, pp. 459-467, Sept. 2005.
- [5] J. Selvakumar, A. Lakshmi, "Brain tumor segmentation and its area calculation in brain MR images using K-mean clustering and Fuzzy C-mean algorithm", Proceeding of the IEEE/ICAESM, pp. 186-190, 30-31 March 2012.
- [6] A. Hussain, M. Ansari, S. Gawas, "Lung cancer detection using artificial neural network & fuzzy clustering", International journal of advanced research in computer and communication engineering, Vol. 4, No. 3, March 2015.
- [7] V. Rajesh, "Brain tumor segmentation and its area calculation in brain MR images using K-mean clustering and fuzzy C-mean algorithm", Fuzzy Systems, Vol. 7, No. 3, pp. 103-107, 2015.
- [8] Y. Sharma, p. Kaur, "Detection and extraction of brain tumor from MRI images using k-Means clustering and watershed algorithms", International Journal of Computer Science Trends and Technology, Vol. 3, No. 2, pp. 8-32, 2015.
- [9] G. Praveen, A. Agrawal, "Hybrid approach for brain tumor detection and classification in magnetic resonance images", Proceeding of the IEEE/CCIS, pp. 162-168, Mathura, India, Nov. 2015.
- [10] S. Ji, "A new multistage medical segmentation method based on superpixel and fuzzy clustering", Computational and Mathematical Methods in Medicine, Vol. 2014, pp. 1-13, March 2014.

- [11] M. Soltaninejad, G. Yang, "Automated brain tumour detection and segmentation using superpixel-based extremely randomized trees in FLAIR MRI", *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery*, Vol. 12, No. 2, pp. 183-203, 2017.
- [12] N. Gupta, P. Khanna, "A fast and efficient computer aided diagnostic system to detect tumor from brain magnetic resonance imaging", *International Journal of Imaging Systems and Technology*, Vol. 25, No. 2, pp. 123-130, 1 Jan. 2015.
- [13] P. Sangamithraa, S. Govindaraju, "Lung tumour detection and classification using EK-Mean clustering", *Proceeding of the IEEE/WiSPNET*, pp. 2201-2206, 23-25, Chennai, India, March 2016.
- [14] BRATS, "The virtual skeleton database project", [Online]. Available: <https://www.smir.ch/BRATS/Start2012>. [Accessed 21 2018].
- [15] D.L Pham, C. Xu, J.L Prince, "A survey of current methods in medical image segmentation", *Annual Review of Biomedical Engineering*, Vol. 2, pp. 315-337, Aug. 2000.
- [16] B.H Menze, A Jakab, S Bauer, "The multimodal brain tumor image segmentation benchmark (BRATS)", *IEEE Trans. on Medical Imaging*, Vol. 34, No. 10, pp. 1993-2024, Oct. 2015.
- [17] A. Islam, S.M.S. Reza, K.M. Iftekharuddin, "Multifractal texture estimation for detection and segmentation of brain tumors", *IEEE Trans. on Biomedical Engineering*, Vol. 60, No. 11, pp. 3204-3215, Nov. 2013.
- [18] Nicholas J. Tustison, K. L. Shrinidhi, Max Wintermark, Brian B. Avants, "Optimal symmetric multimodal templates and concatenated random forests for supervised brain tumor segmentation", *Neuroinform*, Vol. 13, No. 2, pp. 209-225, April 2015.

