

# Primerjava razčlenjevanja magnetnoresonančnih slik z uporabo postopkov $k$ -tih in mehkih $c$ -tih povprečij rojenja

**Tomaž Finkšt**

*Univerza v Ljubljani, Fakulteta za strojništvo, Aškerčeva 6, 1000 Ljubljana, Slovenija  
E-pošta: tomaz.finkst@fs.uni-lj.si*

**Povzetek.** Pri obdelavi medicinskih slik se v zadnjih letih čedalje pogosteje uporabljajo različne slikovne tehnike za razpoznavanje objektov. Pri obdelavi slik je razčlenjevanje ključni postopek, pomemben za pravilno izločanje, analizo in interpretacijo slikovne vsebine. Informacijska vsebina medicinskih slik je ključnega pomena za odkrivanje in razumevanje normalnih in bolezenskih stanj človeškega organizma. Raziskave se nanašajo na dva pogosta postopka rojenja, in sicer na postopek  $k$ -tih povprečij in mehki postopek  $c$ -tih povprečij. Ta dva postopka smo izvedli na bazi magnetnoresonančnih slik možganov in jih primerjali z ročno razčlenjenimi. Pri primerjavi obeh postopkov smo prišli do sklepa, da je mehki postopek  $c$ -tih povprečij v vseh pogledih boljši od postopka  $k$ -tih povprečij. Prednost tega postopka je tako imenovana mehkoza oziroma da lahko vzorci pripadajo roju z določeno stopnjo pripadnosti.

**Ključne besede:** razčlenjevanje slik, mehka metoda  $c$ -tih povprečij, metoda  $k$ -tih povprečij, magnetnoresonančne slike

## Evaluation of Segmentation in Magnetic Resonance Images using K-Means and Fuzzy C-Means Clustering Algorithms

The purpose of cluster analysis is to partition a data set into a number of disjoint groups or clusters. Members within a cluster are more similar to each other than to members from different clusters. This research work deals with two of the most delegated clustering algorithms, which are centroid based  $k$ -means and representative object based fuzzy  $c$ -means. These two algorithms are implemented and the performance is analyzed based on the quality of their clustering results. The behaviors of both algorithms depend on the number of data points as well as on the number of clusters. The algorithms are implemented in MATLAB for the two-dimensional multispectral magnetic resonance (MRI) image segmentation.

## 1 UVOD

Slikovne tehnike so postale temeljno orodje v sodobni medicini. Njihova uporaba pomaga v zdravniški praksi na različne načine, od diagnosticiranja zlomov kosti, odkritja rakastih tvorbo do slikovno vodenih kirurških posegov. V uporabi so številne slikovne tehnike, kjer vsaka od njih prikazuje slikani objekt na drugačen način. Čeprav različne slikovne modalnosti, dobljene z različnimi tehnikami slikanja, v osnovi prikazujejo različne informacije, med njimi ostajajo tudi nekatere podobnosti. Na primer, medicinske slike so bolj ali manj pošumljene svetlostne slike na črnem ozadju, ki predstavlja okoliški zrak. Torej je na tako rekoč vseh

medicinskih slikah opazen zunanji obris med slikanim objektom in okolico.

Z uvedbo slikovnih postopkov [1], kot so: magnetna resonanca (MR), ultrazvok (US), računalniška tomografija (CT) in druge, je omogočen boljši vpogled v zgradbo anatomskih struktur.

Pomemben korak postopkov razčlenjevanja medicinskih slik je definicija področja, na podlagi katere sliko razčlenjujemo. Razčlenjevanje slik lahko temelji na analizi prostora značilik slikovnih elementov, analizi homogenosti povezanih slikovnih elementov, iskanju robov med različnimi območji v prostoru slike ali na analizi fizikalnih lastnosti površin, ki jih predstavlja slika [2].

Magnetnoresonančno (MR) slikanje [3, 4, 5] spada med anatomske slikovne tehnike in je v nasprotju s CT za človeško telo neinvazivna slikovna tehnika. Nastane kot odziv vodikovih atomov v telesu na zunanje magnetno vzbujanje. Slikano telo se mora nahajati v močnem stalnem magnetnem polju, tako da gostota magnetnega polja doseže od 0.04 do 4 Tesla. Obstaja več različnih postopkov magnetnoresonančnega zajemanja slik, ki dajo različno informacijo o slikanem tkivu in tako predstavljajo različne modalnosti. Uveljavljene modalnosti MR slikanja so T1, T2 in PD.

MR slikanje odlikuje dober kontrast med različnimi tipi tkiv in je zato primerno za podroben prikaz anatomije. Uporablja se predvsem za diagnosticiranje tumorjev in drugih nepravilnosti možganskega tkiva. Za

pravilno vrednotenje rezultatov razčlenjevanja MR-slik je treba imeti tako ročno obrisana območja kot tudi območja, ki jih obrišejo različni postopki. Glede na primerjavo subjektivne presoje zdravnikov specialistov in samodejnih postopkov razčlenjevanja lahko vrednotimo samodejne postopke razčlenjevanja MR slik.

Spoznavanje področja uporabe vzorcev objektov temelji na samodejnem razvrščanju (rojenju, samoorganizaciji) vzorcev iz dane množice in njihovem označevanju glede na pripadnost rojem (angl. *clustering*) [6]. S tem dano množico vzorcev preslikamo v učno množico vzorcev, ki jo pregleda in prilagodi še kompetentna oseba – učitelj oziroma strokovnjak za določeno področje uporabe. V našem primeru je namen omenjenih postopkov ugotavljanje rojenja vzorcev. S temi postopki preslikamo oziroma razbijemo dano množico vzorcev v podmnožice, kjer preslikava temelji na merjenju podobnosti vzorcev. Pri tem pričakujemo, da so v posameznem roju med seboj čim bolj podobni vzorci. Podobnost med dvema vzorcema merimo s preslikavo, ki primerjana vzorca preslika v realno število. Podobnost med vzorci, ki so predstavljeni s krajevnimi vektorji značilik, ponavadi merimo z razdaljami, med katerimi se najpogosteje uporablja Evklidova razdalja. Pri teh razdaljah manjše realno število pomeni večjo podobnost med primerjanima vzorcema.

V obeh postopkih, tako  $k$ -tih povprečij (angl. *k-means* (kM)) in mehkih  $c$ -tih povprečij (angl. *fuzzy c-means* (FcM)) je treba na začetku nastaviti središče rojev [7]. Vhodni vektorji (podatkovne točke) so nato dodeljeni v enega od obstoječih rojev glede na kvadrat evklidske razdalje od roja, ki je najbližji. Povprečje (sredino) vsakega roja nato izračunamo tako, da dopolnimo središče roja. Ta posodobitev je posledica spremembe v pripadnosti za vsak roj. Združevanje vhodnih vektorjev in posodobitev središč rojev ponavljamo, dokler ni več sprememb vrednosti katerih koli središč rojev.

V zadnjem času se postopek  $c$ -tih povprečij uporablja v nenadzorovanih postopkih rojenja na podlagi vidnih rezultatov pri samodejnem razčlenjevanju medicinskih slik [7,8,9,10]. Rojenje z mehkim postopkom  $c$ -tih povprečij [11,12,13] uspešno uporabljamo na številnih področjih, kot so astronomija, geologija, medicinsko slikanje in razčlenjevanje slik. Omenjena mehka razčlenjevalna metoda ima precejšnje prednosti, ker lahko ohrani veliko več informacij iz prvotne slike kot klasične razčlenjevalne metode [11].

Dva preprosta pristopa za začetno nastavitvev središča roja sta naključna izbira začetne vrednosti ali izbira prvih  $k$ -vzorcev iz podatkovnih točk. Različne množice začetnih vrednosti so izbrane (zunaj podatkovnih točk) in izbrana je množica, ki je najbližja optimalni. Vendar pa je testiranje različnih začetnih vrednosti množic praktično neizvedljivo zaradi velikega števila rojev [9].

V literaturi [7,14,15,16] so bile predlagane različne metode. Rojenje je učinkovito orodje pri razčlenjevanju medicinskih slik in za nadaljnje načrtovanje zdravljenja. V MR slikah možganov je možgansko tkivo zapletena struktura in s tem je pravilna diagnoza številnih bolezni možganov v veliki meri odvisna od natančnega razčlenjevanja treh možganskih tkiv, in sicer belega tkiva (WM), sivega tkiva (GM) in cerebrospinalne tekočine (CSF).

## 2 RAZČLENJEVANJE SLIK

Proces razčlenjevanja je razdelitev slike na neprekrivajoča se območja, tako da vsako območje ustreza kriteriju homogenosti [17], ki jo definiramo takole: naj bo  $f(x, y)$  množica vrednosti značilik v različnih točkah koordinatnega sistema slike in  $P()$  predikat homogenosti, definiran nad skupino povezanih slikovnih elementov.

Razčlenjevanje je razdelitev slike  $f(x, y)$  na  $n$  povezanih podmnožic oziroma območij  $(S_1, S_2, \dots, S_n)$ , tako da velja:

$$\bigcup_{i=1}^n S_i = f(x, y) \quad ; \quad S_i \cap S_j = 0, \quad i \neq j. \quad (1)$$

Predikat homogenosti ima za vsako območje  $S_i$  vrednost  $P(S_i) = 1$ , medtem ko je vrednost predikata za povezani sosednji območji  $P(S_i \cup S_j) = 0$ . Ta definicija je splošna za vse tipe slik. Tako predikat homogenosti pomeni pri svetlostnih sivinskih slikah kriterij homogenosti svetlostne intenzitete, pri globinskih slikah pa kriterij homogenosti globinskega reliefa površin. Pri vektorskih slikah pa predikat definira homogenost barve ali teksture.

V literaturi zasledimo veliko postopkov razčlenjevanja slik, vendar noben od njih ni optimalen za razčlenjevanje vseh tipov slik, pa tudi vse metode ne dajejo enakih rezultatov razčlenjevanja za isti tip slike. Podroben pregled metod razčlenjevanja sivinskih slik je podan v literaturi [17]. Postopki, razviti za določen tip slik, na primer svetlostne sivinske slike, niso vedno uporabni za magnetnoresonančne slike. Zato si v takšnem primeru pomagamo pri razčlenjevanju slike z modelom nastanka slike. Izbira primerne metode razčlenjevanja je zahtevna, ker ni splošne metode vrednotenja razčlenjene slike.

Pavlidis [18] meni, da je razčlenjevanje vizualnih slik problem psihofizičnega zaznavanja. Vsak matematični postopek je ponavadi dopolnjen s hevrstiko, ki vključuje znanje o vhodni sliki. Na splošno obstajata dva pristopa razčlenjevanja slik [17]: klasični in mehki matematični pristop.

Opazno je pomanjkanje metod za objektivno vrednotenje rezultatov razčlenjevanja. Objektivna primerjava metod razčlenjevanja je bila podana za

globinske slike [19]. V tem primeru je primerjalna referenca za razčlenjevanje globinskih slik dobro definirana.

Bistvo razčlenjevalnih postopkov je združevanje delov slike z dovolj sorodnimi lastnostmi v en oziroma v isti objekt [6]. Obstaja množica razčlenjevalnih postopkov, katerih uporabnost je od primera do primera različna. Ni pa univerzalnega razčlenjevalnega postopka.

V našem primeru smo uporabili za razčlenjevanje slik postopek rojenja [6]. Najbolj znana postopka rojenja sta postopek  $k$ -tih povprečij in mehki postopek  $c$ -tih povprečij.

Obstaja še vrsta drugih razčlenjevalnih metod, ki pa že poznajo in upoštevajo določene lastnosti anatomije razčlenjenih slik.

Postopke rojenja [6] na splošno razdelimo po načelu: objektivni, grafično-teoretični, hierarhični, ali po vrsti vzorcev: deterministični, statistični, mehki. V nadaljevanju bosta uporabljeni neskončni družini objektivnih funkcij postopkov rojenja, imenovani metoda rojenja  $k$ -tih povprečij in mehka metoda rojenja  $c$ -tih povprečij.

Vse to kaže velik napredek tako teorije kot uporabe teh dveh postopkov v zadnjih letih [12].

### 2.1 Postopek $k$ -tih povprečij

Postopek  $k$ -tih povprečij, ki ga uvrščamo med parametrične postopke rojenja, temelji na minimizaciji kriterijske funkcije  $J$ . V vsaki iteraciji izračuna srednjo intenziteto za vsak razred in potem razčleni sliko tako, da vsak slikovni element dodeli v razred, ki ima intenziteti slikovnega elementa najbližjo srednjo vrednost intenzitete. Ena najpogosteje uporabljenih kriterijskih funkcij je vsota kvadratov razdalj med vzorci v roju (enačba (2)) in aritmetična sredina roja (enačba (3)):

$$J = \sum_{j=1}^{N_c} \sum_{i=1}^N \|\mathbf{x}_i - \mathbf{c}_j\|^2 \quad (2)$$

$$\mathbf{c}_j = \frac{1}{N_j} \sum_{i=1}^N \mathbf{x}_i, \quad (3)$$

kjer je  $\mathbf{x}$   $n$ -dimenzionalni vzorec,  $N_c$  število rojev,  $S_j$   $j$ -ti roj vzorcev,  $\mathbf{c}_j$  aritmetična sredina vzorcev  $j$ -tega roja,  $N_j$  pa je število vzorcev v roju  $S_j$ . Postopek  $k$ -tih povprečij lahko strnemo v naslednje korake:

- (1) V prvi iteraciji izberemo  $N_c \leq N$ ,  $N$  je število vseh vzorcev, središč rojev  $\mathbf{c}_1(1), \mathbf{c}_2(1), \dots, \mathbf{c}_{N_c}(1)$ .

- (2) V  $k$ -ti ponovitvi postopka razdelimo vzorce v  $N_c$  rojev. Vzorec  $\mathbf{x}$  uvrstimo v roj  $j$ , če:

$$\begin{aligned} \|x - m_j(k)\| &< \|x - m_i(k)\| \\ \forall i &= 1, 2, \dots, N_c \wedge i \neq j. \end{aligned}$$

- (3) Izračunamo nova središča rojev  $\mathbf{c}_j(k+1)$ ,  $j = 1, 2, \dots, N_c$ .

- (4) Če je  $\mathbf{c}_j(k+1) = \mathbf{c}_j(k)$  za  $j = 1, 2, \dots, N_c$ , je postopek končan.

Uporaba tega postopka na splošno zahteva eksperimentiranje z različnimi začetnimi središči rojev in če vnaprejšnje število rojev ni znano, tudi z različnim številom rojev. Začetna središča rojev smo poiskali s pomočjo hierarhičnega postopka rojenja: najnižji nivo v hierarhiji rojenja je sistem, kjer je vsak vzorec sam zase v svojem roju, najvišji nivo pa rojenje vseh vzorcev v en sam roj [9]. Na vsakem nivoju rojenja, začeni z najnižjim, združimo dva najbolj podobna roja v en sam večji roj. Združena roja se na poznejših – višjih nivojih ne razdružita več. Postopek združevanja smo prekinili pri nivoju s tremi roji (tri vrste možganskih tkiv) in središča teh rojev smo uporabili kot začetna središča v postopku  $k$ -tih povprečij.

### 2.2 Mehki postopek $c$ -tih povprečij

Z mehkim rojenjem želimo podatke razdeliti na več mehkih rojev. Tako vsak vzorec pripada posameznemu mehkeemu roju z določeno stopnjo pripadnosti, ki se izračuna glede na razdaljo vzorca do središč posameznih mehkih rojev, ki jih postopek določa v vsakem koraku sproti.

Metoda mehkega rojenja  $c$ -tih povprečij temelji na minimizaciji kriterijske funkcije, ki jo podaja enačba (4)

$$J_{MR} = \sum_{j=1}^{N_c} \sum_{i=1}^N (\mu_{ij})^m \|\mathbf{x}_i - \mathbf{c}_j\|^2 \quad (4)$$

V enačbi (4) je  $m$  izbrano realno število, pri čemer mora veljati  $1 \leq m \leq \infty$ .  $N$  je število vzorcev,  $N_c$  je število rojev,  $\mu_{ij}$  je vrednost pripadnostne funkcije  $j$ -tega roja za  $i$ -ti vzorec  $\mathbf{x}_i$ .  $\mathbf{c}_j$  označuje središče roja  $j$ ,  $\|\mathbf{x}_i - \mathbf{c}_j\|$  pa razdaljo, s katero je določena podobnost med središčem roja  $\mathbf{c}_j$  in vzorcem  $\mathbf{x}_i$ .

V praksi najpogosteje uporabljamo Evklidsko razdaljo, ki jo podaja enačba (5).

$$\|x\| = \sqrt{x^T \cdot x} \quad (5)$$

Mehko rojenje se izvaja iterativno, pri čemer se v vsakem koraku sproti izračunavajo vrednosti pripadnostnih funkcij  $\mu_{ij}$ , kot kaže enačba (6), in središča rojev  $\mathbf{c}_j$ , kot kaže enačba (7).

$$\mu_{ij} = \frac{1}{\sum_{k=1}^{N_c} \left( \frac{\|x_i - c_j\|}{\|x_i - c_k\|} \right)^{\frac{2}{m-1}}}, \quad (6)$$

pri čemer za vsak  $i \in \{1, \dots, N\}$  velja  $\sum_{j=1}^{N_c} \mu_{ij} = 1$

$$\mathbf{c}_j = \frac{\sum_{i=1}^N (\mu_{ij})^m x_i}{\sum_{i=1}^N (\mu_{ik})^m} \quad \text{za } \forall i. \quad (7)$$

V enačbah (6) in (7) je  $i$  indeks posameznega vzorca,  $j$  in  $k$  pa označujeta indeks posameznega mehkega roja oziroma njegovega središča. Vrednost parametra  $m$  določa mehkost oz. ostrost porazdelitve pripadnostnih funkcij v prostoru.

Za skrajni primer  $m=1$  velja, da so pripadnostne funkcije, ki so definirane nad prostorom, degenerirane v ostre stopnje pripadnosti. Pripadnostne funkcije lahko torej v vsaki točki prostora zavzamejo samo eno od vrednosti  $\mu_{ij} \in \{0,1\}$ .

Iz enačbe (6) vidimo, da je  $\mu_{ij}=1$ , če je norma  $\|x_i - c_j\|$  za  $i$ -ti vzorec in središče  $j$ -tega roja najmanjša glede na vsa središča rojev. Za preostale roje pa velja  $\mu_{ij}=0$ , kjer je  $k \in \{1, \dots, N_c\}$ .

Za drugo skrajnost,  $m=\infty$ , pa velja, da so pripadnostne funkcije degenerirano zmeščane, kar pomeni, da so vrednosti pripadnostnih funkcij po vsem prostoru enake:  $\mu_{ij}=1/N_c$ , in sicer za vsak  $j \in \{1, \dots, N_c\}$ .

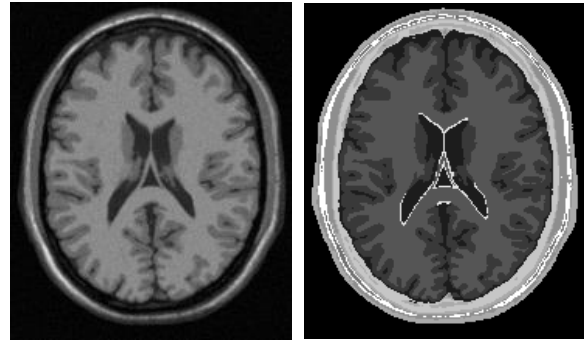
V praksi sta najpogosteje uporabljeni vrednosti parametra  $m=1,25$  ali  $m=2$  [20].

Postopek mehkega rojenja  $c$ -tih povprečij je opisan v nadaljevanju.

- (1) Izberemo število rojev  $N_c$  in parameter  $m$  ter določimo začetno matriko pripadnosti  $\Upsilon(0) = [\mu_{ij}]$ .
- (2) V  $k$ -ti iteraciji določimo središča rojev  $\mathbf{c}_j$  za  $j=1, \dots, N_c$  glede na  $\Upsilon(k)$ .
- (3) Določimo novo matriko pripadnosti  $\Upsilon(k+1)$ .
- (4) Če je  $\|\Upsilon(k+1) - \Upsilon(k)\| < \varepsilon$ , končamo postopek, sicer se vrnemo na 2. korak.

### 3 REZULTATI

Ker razčlenjevalni postopek začetne točke izbere naključno, tudi končni rezultati razčlenjevanja niso bili vedno povsem enaki, bili pa so si zelo podobni. Neponovljiva je bila izbira posameznih segmentov za posamezna tkiva. Na slikah možganov, ki so posnete z različnimi modalnostmi in v različnih okoliščinah, smo iskali tri območja različnih tkiv. Ta tkiva so belo možgansko tkivo (WM), sivo možgansko tkivo (GM) in možganska tekočina (CSF). Po primerjavi dobljenih rezultatov s sliko, ki je predstavljala normo razčlenjevanja (ang. ground truth), smo se odločili, katera razčlenjena površina na sliki pripada kateremu tkivu. Slika 1 prikazuje MR sliko in referenčno razčlenjeno sliko. V raziskave smo vključili 30 MRI slik možganov modalnosti T1 v axialni projekciji [21].



Slika 1: Vhodna slika za in referenčno razčlenjena slika

#### 3.1 Ocenjevanje delovanja razčlenjevalnih postopkov

Ocenjevanje učinkovitosti in pravilnosti delovanja razčlenjevalnih postopkov je pomembno, saj lahko s pomočjo ocen izberemo najučinkovitejši postopek. Za primerjavo posameznih postopkov pa moramo dobiti posamezne postopke v posameznih primerih delovanja. Najbolje je, da so te ocene preproste skalarne vrednosti, ki so primerljive med seboj. Torej rešujemo problem transformacije ujemanja razčlenjene slike z objektom v realnosti v preprosto številko. Povedano z drugimi besedami: za primerjavo rezultatov potrebujemo definirano metriko [22], ki pa jo je zaradi zapletene mnogodimenzionalne narave razčlenjevalnih podatkov težko definirati. Poleg problema o metriki pa smo postavljeni še pred en problem - pogosto ni idealno razčlenjene slike, ki bi jo lahko uporabili kot referenco za popolnoma pravilno razčlenjeno sliko. Približki idealne razčlenjene slike, ki so ponavadi uporabljeni, so v večini primerov narejeni kot ročno razčlenjena slika. Slika je ponavadi ročno razčlenil strokovnjak za območje, ki ga prikazuje slika.

To pomeni, da je za nastanek razčlenjevalnih norm potrebnega veliko naporega in monotonega dela. Zaradi lastnosti tega dela pa tudi pri ročno razčlenjenih slikah nastajajo napake. Ena od metod, kako te napake odpraviti, je uporaba več strokovnjakov [22], ki razčlenijo isto sliko, in uporaba statističnih metod, s katerimi dobljene rezultate združimo v boljše sliko.

Ena od metod za dobivanje normalnih razčlenitev za določeno sliko pa ne uporabi naravne slike, ampak umetno generirano [22]. V tem primeru generiramo umetno sliko, ki vsebuje objekte, ki jih bomo potem iskali. Iz tako generirane slike simuliramo nastanek slike, ki jo običajno dobimo iz diagnostičnih naprav (rentgen, MR, CT, ultrazvok,...), ker bolj ali manj dobro poznamo karakteristike prenosne poti original – naprava za zajem slik – slika. Tako lahko bolj ali manj natančno posnemamo popačenja, ki jih na sliko vneseta naprava in metoda zajema. Rezultat te metode je par slik – prva je vhodni podatek v naš postopek, in druga slika, ki je idealno razčlenjena, se uporabi za preverjanje pravilnosti delovanja postopka.

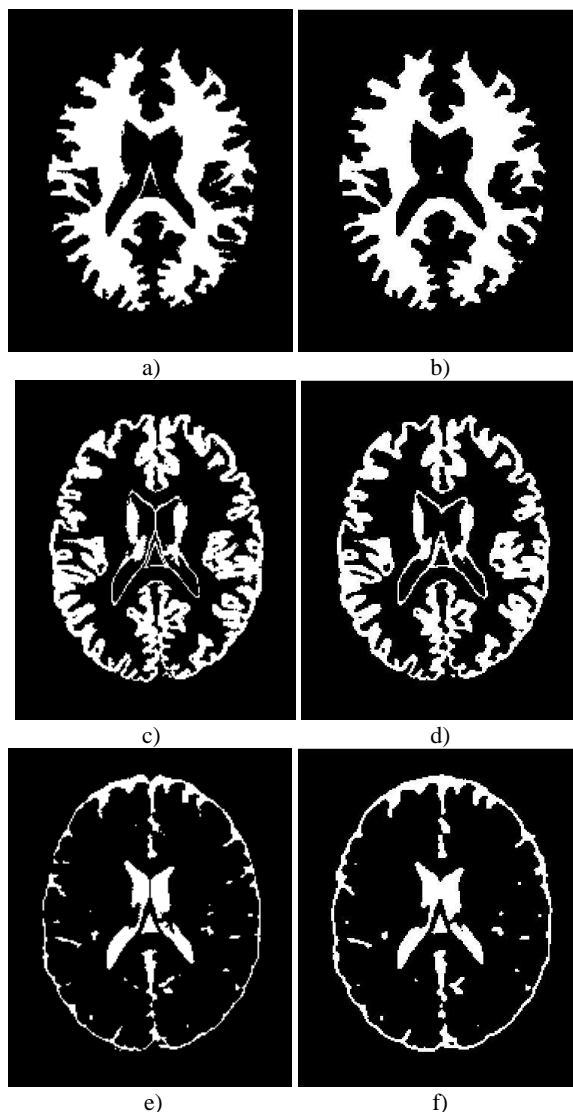
Pri ocenjevanju smo primerjali rezultate, ki smo jih dobili z obema postopkoma, z rezultati, pridobljenimi iz norme razčlenjevanja. Ocenjevanje in merjenje učinkovitosti je bilo zelo poenostavljeno, ker smo imeli na voljo idealne poravnane slike. Tako smo morali preprosto primerjati ujemanje deleža slikovnih elementov na sliki, ki je bil rezultat našega razčlenjevanja, s slikovnimi elementi norme razčlenjevanja.

Kot merilo za oceno je bila vzeta preslikava  $p$ , ki jo prikazuje enačba (8).  $z(x, y)$  je število slikovnih elementov razčlenjene slike z omenjenima postopkoma,  $z_n(x, y)$  pa pomeni število slikovnih elementov norme razčlenjevanja.

$$p = \frac{z(x, y) \cap z_n(x, y)}{z(x, y) \cup z_n(x, y)} \quad (8)$$

### 3.2 Rezultati učinkovitosti obeh postopkov

Sklep, do katerega lahko pridemo pri pregledu rezultatov ujemanja razčlenjevanja, podaja tabela 1. Omenimo, da smo imeli nabor 20 slik. Mehki postopek  $c$ -tih povprečij je učinkovitejši od postopka  $k$ -tih povprečij. Pri postopku  $c$ -tih povprečij smo si izbrali vrednost parametra  $m=2$ . Pri tej vrednosti parametra  $m$  smo dobili najboljše rezultate. Prav tako ugotavljamo, da smo dobili za belo možgansko tkivo pri razčlenjevanju najboljše ujemanje, najmanj pa se je ujemala možganska tekočina (SCF) glede na referenčno razčlenjeno sliko.



Slika 2: Rezultat razčlenjevanja magnetnoresonančne slike modalnosti T1 s postopkom  $k$ -tih povprečij a) belo tkivo, c) sivo tkivo in e) možganska tekočina in s postopkom mehkih  $c$ -tih povprečij b) belo tkivo, d) sivo tkivo in f) možganska tekočina

Tabela 1: Učinkovitost razčlenjevalnih postopkov  $k$ -tih povprečij in mehkih  $c$ -tih povprečij

Tkivo/Postopek	Belo možgansko tkivo	Sivo možgansko tkivo	Možganska tekočina (CSF)
$k$ -tih povprečij	0,8446	0,6644	0,7045
mehkih $c$ -tih povprečij	0,9402	0,8295	0,7815

#### 4 RAZPRAVA

Prispevek opisuje izvedbo postopkov in primerjavo za razčlenjevanje magnetnoresonančnih slik (MR) možganov.

Naš postopek razčlenjevanja je zasnovan tako, da po začetni nastavitvi rojev opravlja celotno razčlenjevanje popolnoma avtomatsko, brez interakcije z uporabnikom. Popolna avtomatizacija je v smislu razbremenitve rutinskega dela uporabnika-zdravnika zaželeno, vendar pa hkrati tudi pomeni, da s tem popolnoma izgubimo nadzor nad potekom razčlenjevanja. Tako napake, ki jo naredimo pri razčlenjevanju v določenem koraku, ne moremo več odstraniti, ampak se skozi vse nadaljnje faze razpoznavanja le še povečuje. Zato tudi predlagamo, da medicinske razčlenjevalne postopke raje zasnujemo kot polavtomatske. S to zahtevo vnesemo veliko večji nadzor in povečamo pravilnost razčlenjevanja. Tako omogočimo, da strokovnjak v kritičnih trenutkih poseže v razčlenjevanje in dobljene rezultate zavrne ali pa jih popravi. Ta interakcija je še posebej pomembna, kadar imamo po razčlenjevanju združene objekte. Problem reševanja združenih objektov je izjemno zahteven. Če pa omogočimo poseg strokovnjakov, lahko le-ti razveljavijo razčlenjevanje tega dela slike ter zahtevajo ponovitev ali pa na tem delu slike opravijo razčlenjevanje ročno.

V omenjenih postopkih omenimo še problem, da po končanem razčlenjevanju iste slike nismo dobili vsakič istih rezultatov. Ista vrsta tkiva je namreč v zaporednih zagonih metode razvrščena v poljubni razred, kar je odvisno od začetne izbire točk.

#### 5 SKLEP

Razčlenjevalne metode lahko ob predpostavki, da so uporabljene pravilno, bistveno olajšajo diagnosticiranje in druge medicinske raziskave. Med raziskavami smo spoznali, da se metode za razčlenjevanje medicinskih slik ne razlikujejo bistveno od metod, namenjenih za razčlenjevanje drugih slik. Kljub tej podobnosti med metodami pa obstajajo med njimi tudi bistvene razlike. Razčlenjevalne metode za medicinske slike morajo imeti zelo nizek odstotek napačno razpoznanih objektov (bolan ali deformiran organ ne sme biti razpoznan kot zdrav), saj je lahko vsaka takšna napaka usodna. Takšna razčlenjevalna metoda pa mora biti v vseh fazah načrtovanja plod dela strokovnjakov s področja digitalne obdelave slik in s področja medicine.

#### LITERATURA

- [1] P. Suetens. *Fundamentals of Medical Imaging*, Cambridge University Press, New York, (2009).
- [2] J. C. Russ. *The Image Processing Handbook*, 6ed, CRC Press, Boca Raton, 2011.
- [3] D. Hoa, A. Micheau. *Magnetic Resonance Imaging physics and technique course on the web*. <http://www.imaio.com/en/e-Courses/e-MRI>, zadnji dostop: 15/05/2012.
- [4] J. P. Hornak. *The Basics of MRI*. on-line book: <http://www.cis.rit.edu/htbooks/mri/>, zadnji dostop: 15/05/2012.
- [5] C. Guy, D. Ffytche. *Introduction to the Principles of Medical Imaging*. Imperial College Press, London, 2005.
- [6] N. Pavešič. *Razpoznavanje vzorcev: Uvod v analizo in razumevanje vidnih in slušnih signalov*, Fakulteta za elektrotehniko, Ljubljana, 2000.
- [7] S. Deelers, S. Auwatanamongkol. »Enhancing K-Means Algorithm with Initial Cluster Centers Derived from Data Partitioning along the Data Axis with the Highest Variance«, *Proceedings of world Academy of Science, Engineering and Technology*. Vol. 26, p. 43–48, 2007.
- [8] A. M. Fahim, A. M. Salem, F. A. Torkey, M. A. Ramadan. »An Efficient enhanced k-means clustering algorithm«, *Journal of Zhejiang University*, Vol. 10, no. 7, p. 1626–1633, 2006.
- [9] K. Arai, A. R. Barakbah. »Hierarchical K-means: an algorithm for Centroids initialization for k-means«, department of information science and Electrical Engineering Politechnique in Surabaya, Faculty of Science and Engineering, Saga University, Vol. 36, No.1, p. 25–31, 2007.
- [10] R. J. Hathaway, J. C. Bezdek. »Extending fuzzy and probabilistic clustering to very large datasets«, *Computational Statistical and Data Analysis*, Vol. 51, p. 215–234, 2006.
- [11] F. Yuan, Z. H. Meng, H. X. Zhang, C. R. Dong. »A New Algorithm to Get the Initial Centroids«, *proceedings of the 3rd International Conference on Machine Learning and Cybernetics*, p. 26–29, 2004.
- [12] J. C. Bezdek. *Pattern Recognition with Fuzzy Objective Function Algorithms*, New York, Plenum Press, 1981.
- [13] M. S. Yang, Y. J. Hu, K. C. R. Lin. »Segmentation techniques for tissue differentiation in MRI of Ophthalmology using fuzzy clustering algorithms«, *Magnetic Resonance Imaging*, Vol. 20, p. 173–179, 2002.
- [14] L.-H. Juanga, M.-N. Wub. »MRI brain lesion image detection based on color-converted K-means«, *Measurement*, Vol. 43, p. 941–949, 2010.
- [15] J. C. Bezdek, L. Hall, L. Clarke. »Review of MR image segmentation using pattern recognition«, *Medical Physics*, Vol. 20, p. 1033–1048, 1993.
- [16] W. Chen, L. G. Maryellen, U. Bick. »A fuzzy C-means (FCM)-based approach for computerized segmentation of breast lesions in dynamic contrast-enhanced MR images«, *Academic Radiology*, Vol. 13, No. 1, p. 63–72, 2006.
- [17] N. R. Pal, S. K. Pal. »A review on image segmentation techniques«, *Pattern Recognition*, Vol. 26, No. 9, p. 1277–1294, 1993.
- [18] T. Pavlidis, *Structural Pattern Recognition*, Springer, New York, 1977.
- [19] M. Alata, M. Molhim, A. Ramin., »Optimizing of Fuzzy C-Means Clustering Algorithm Using GA«, *World Academy of Science, Engineering and Technology*, 2008.
- [20] A. Hoover, G. Jean-Baptiste, X. Jiang, P. J. Flynn, H. Bunke, D. B. Goldgof, K. Bowyer, D. W. Eggert, A. Fitzgibbon, R.B. Fisher. »An experimental comparison of range image segmentation algorithms«, *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol. 18, No.7, p. 673–689, 1996.
- [21] FMRIB's Automated Segmentation Tool Brain Segmentation and Bias Field Correction. <http://www.fmrib.ox.ac.uk/analysis/research/fast/>, zadnji dostop: 15/05/2012.
- [22] V. Chalana, K. Yongmin. A methodology for evaluation of boundary detection algorithms on medical images, *IEEE Transaction on medical imaging*, vol. 16 no.5, 1997.

**Tomaž Finkšt** je diplomiral leta 2002 in magistriral leta 2008 na Fakulteti za elektrotehniko v Ljubljani. Zaposlen je kot asistent na Fakulteti za strojništvo Univerze v Ljubljani za področje elektrotehnike. Njegova raziskovalna zanimanja vključujejo obdelavo slik.