X. FIATAL MŰSZAKIAK TUDOMÁNYOS ÜLÉSSZAKA

Kolozsvár, 2005. március 18-19.

GENETIKUS ALGORITMUSOK ALKALMAZÁSA AZ ORVOSI KÉPFELDOLGOZÁS TERÉN

SZÁSZ Zoltán Elemér, SZILÁGYI Sándor Miklós

Abstract

Nowadays the biomedical engineering is one of the most evolving research fields. Due to the complexity of the biological processes the various signal processing directions tends toward stochastic analysis. This fact increases the importance of genetic algorithms. This paper presents the processing of MRI images using complex structures developed by genetic algorithm.

Összefoglalás

Napjaink egyik legdinamikusabban fejlődő irányzata az orvosbiológiai mérnöki kutatás. Tekintettel az élettani folyamatok összetettségére, a különféle jelfeldolgozási irányzatok egyre inkább a sztochasztikus feldolgozás irányába terelődnek. Ez maga után vonja a genetikus algoritmusok egyre szélesebb körben való alkalmazását. Jelen dolgozatban az MRI felvételek feldolgozását mutatjuk be összetett genetikus szerkezetekkel.

Kulcsszavak

Genetikus algoritmusok, MRI képfeldolgozás, sztochasztikus módszerek, evolúciós modellek, automatikus fejlődés

1. Bevezetés

Az általunk fejlesztett program célkitűzése, hogy olyan általánosan megfogalmazott algoritmust fejlesszünk ki, amelyet a hatékonyság, létjogosultság, egyszerűség és mérhetőség jellemezzon. Természetesen léteznek ezen az elven alapuló megvalósítások, viszont a felületes megfigyelőnek nem látható ezeknek a programoknak a szerkezeti felépítésük. A kitűzött probléma megoldását olyan szemszögből kívánjuk tárgyalni, ahol a hagyományos módszerek nem hatékonyak. Abban az esetben, ha a kitűzött probléma megoldási halmazáról keveset tudunk, vagy a rendelkezésre álló információ bizonytalansági tényezőket tartalmaz, az alkalmazott módszernek sok szemszögből kell tanulmányoznia a lehetséges megoldásokat.

Konkrét alkalmazásként MRI képek (mágneses rezonancia elvén készített orvosi képek) alapján

meghatározzuk a páciens agyának térbeli modelljét. Ahhoz, hogy ezt a térbeli rekonstrukciót megoldhassuk, szükséges a különböző képkockákon meghatározni a síkbeli struktúra-hálózatot. Jelen dolgozatban a képkockákon értelmezett szerkezet meghatározását ismertetjük.

2. Módszerek

2.1 Általános leírás

Az értelmező és feldolgozó algoritmustól azt várjuk el, hogy az iterációk során olyan generációkat fejlesszen ki, amelynek tagjai egyre hatékonyabbak a kritériumunk értelmében. Az algoritmus szempontjából ez azt jelenti, hogy kiértékeli a populáció összes tagját, majd az új iterációban csak az életképesebb egyedek vesznek részt. Az program futását vagy egy előre meghatározott iteráció-szám elérése, vagy a legalacsonyabb számított kritériumfüggvény érték egy előre definiált küszöbszám alá csökkenése szakítja meg.

A kitűzött célunk az volt, hogy egy előre kiértékelt képsorozat alapján genetikus algoritmussal [1]-[4] kifejlesztett programegyed (több elemi műveletből álló kis programmodul) képes legyen az előre nem ismert szituációkban is boldogulni.

A képek feldolgozására alkalmazott programmodul (genetikus algoritmussal kifejlesztett) olyan elemi operátorokat tartalmaz (ezek lehetnek szűrők, különféle transzformációs műveletek, összegzők, interpolátorok, stb...), amelyek segítségével a bemeneti kép a referencia képhez közel álló szerkezetet fog mutatni. Ez nagymértékben megkönnyíti a további feldolgozó modulok (például objektum vagy régióazonosító modulok, vektorizáló algoritmusok) feladatát.

2.2. Szűrőtechnika

Az általunk alkalmazott elemi szűrőkre jellemző, hogy nem egy adott szabály szerint hozzuk őket létre, mint például a Laplace vagy Sobel szűrőket, amelyekre jellemző, hogy lehetnek 3x3 vagy 5x5, hanem lehetővé tettük egy ésszerű tartományon belül a méret kikísérletezését (genetikus algoritmus automatikusan határozza meg) és valós időben való változathatóságát. Ez a lehetőség annak ellenére fontos, hogy a legtöbb nagyméretű szűrő kialakítható kisebb szűrők lineáris kombinációjaként. A legnagyobb probléma ott merül fel, hogy ez a leképezés a kis szűrők sorozata és a nagyobb méretű szűrők között nem bijektív.

2.3. Az egyedek belső felépítése

Az egyed belső architektúráját meghatározó operátorok lehetnek szűrők, különféle transzformációs műveletek, összegzők, interpolátorok.

Az általunk alkalmazott szűrők mérete 3x3-tól 11x11-ig terjedhet. Kísérleti számításaink azt mutatták, hogy az ennél nagyobb szűrőméret alkalmazása nem járult hozzá szignifikánsan értelmezhető előnyhöz. Tekintettel arra, hogy az interneten szabadon elérhető függvénykönyvtárak

egész- vagy lebegőpontos- értékekkel dolgoznak, szükségessé vált a saját szűrőmechanizmus kialakítása. Az egész értéken alapuló módszer túlságosan célorientált, míg a lebegőpontos ábrázoláson alapuló megoldás sebessége miatt nem elfogadható. Ezért az általunk kifejlesztett modul tört értékekkel dolgozik. Természetesen a legkisebb egység mértéke szabadon beállítható (nem lehet kisebb, mint 2^{-24}).

A transzformátorok tulajdonképpen egy sáv-áteresztő szűrőként viselkednek azzal a megszorítással, hogy a kiszűrt értéktartományt egy paraméterben megadott értékkel helyettesíti. Ennek a műveletnek a segítségével ki tudjuk küszöbölni a kép szélén található nem releváns információt (ezt a lehetőséget a számítógép teljesen automatikusan képes megoldani).

Az összegzők, interpolátorok és extrapolátorok két szűrővégeredmény lineáris kombinációjaként értelmezhetőek. A nem-lineáris összefüggések természetesen több lehetőséget teremtenek, viszont jelen pillanatban még nincsenek implementálva.

Minden egyed a külső szemlélő számára fekete dobozként viselkedik. Természetesen lehetőségünk van a tervező és megfigyelő modul segítségével az egyed belső struktúrájának megfigyelésre és változtatására. Amennyiben egy ilyen szabadon kialakított szerkezetet tanulmányozunk, akkor megfigyelhető a fent említett komponensek hálózata (ez a hálózat automatikusan alakul ki a szimulációs program futása közben).

3. Feldolgozási módszerek

A kísérletet három lépésre lehet felosztani:

- az első részben a probléma tanulmányozása a klasszikus szélsőérték módszerével vagy gradiens módszerrel történik
- második részben a genetikus algoritmus segítségével tanulmányozzuk az objektumok felismerését a képen
- grafikus szerkesztő segítségével tetszőleges feldolgozó programstruktúrát szerkeszthetünk, amelyet azután letesztelünk és kiértékelünk.

4. Eredmények, elemzések és következtetések

Az 5. ábrán egy MRI síkmetszet feldolgozását szemléltetjük. Az 5.a kép a bemeneti adatot (eredeti MRI felvétel) vizualizálja. Az 5.b kép egy 20 egyedből álló populáció legjobb egyedének paraméterei alapján transzformált képet mutatja be. Az 5.c ábra ugyanazt a feldolgozást szemlélteti egy 100 fős populáció esetén. Az 5.d ábra az elméletileg optimálisnak tartott referencia képet ábrázolja. Mivel a jelen kísérleti eredményeit csupán két alkomponensből álló egyedekkel értük el, ezért jelentős javulás érhető el összetettebb egyedek alkalmazása esetén.

A jobb átláthatóság érdekében táblázatos formába is összegeztük az eddigi szimulációs eredményeket. Kiinduló referencia értéként a gradiens módszer által kapott *fitness* összeget vettük,

amelyet 1000 alapegységként reprezentáltunk (a felbontás 4 bit). Az 1. táblázatban található értékek ehhez a számhoz voltak viszonyítva (amennyiben a feldolgozás során a *fitness* érték a gradiens módszerrel elért érték fele, akkor azt 500-as értékkel jelenítettük meg a táblázatban). A sorok az egyedben található komponensek számát jelölik. Az oszlopok két paramétert – a populáció méretét és az operátor paramétereinek felbontását – reprezentálják.

5. ábra: Egy MRI síkmetszet feldolgozásának fázisai.

Komponensek Száma/ Populáció mérete - felbontás	20 / 4 bit	50 / 4 bit	100 / 4 bit	200 / 4 bit	1000 / 4 bit	20 / 8 bit	50 / 8 bit	100 / 8 bit	200 / 8 bit	1000 / 8 bit
1	832	823	811	799	767	829	819	806	793	761
2	447	435	429	423	410	444	432	426	420	407
3	298	290	285	281	274	296	288	283	279	272
4	199	194	191	188	183	197	193	189	186	181
5	152	150	147	145	141	150	149	146	143	140

1. Táblázat: A különböző beállítási paraméterek hatása a *fitness* függvény értékére.

A táblázatban található értékek elemzése során az alábbi következtetéseket vontuk le:

- A legfontosabb paraméter az egyedek architektúrális felépítése
- A populáció nagyobb mérete elősegíti a lokális minimumpontokon való áthaladást. Ez sokkal fontosabb, mint a paraméterek felbontása.

Könyvészet

- [1] J. Holland: Evolúcióra képes számítógép-algoritmusok, Tudomány 1992. szeptember
 [2] (Darwin 1859) C. R. Darwin. *The Origin of Species*. Dent, London, 1859.
 [3] Thomas Bäck. *Evolutionary algorithms in theory and practice*. Oxford University Press, New York, 1996.
 [4] R. K. Belew and M. D. Vose: *Foundations of Genetic Algorithms IV*. Morgan Kaufmann, 1997.

Szász Zoltán Elemér – Hallgató
 EMTE Sapientia – Marosvásárhely, Piata Trandafirilor 61
 Tel.: 0740-532912 E-mail: szasz_zoltan@yahoo.com
 Szilágyi Sándor Miklós – Egyetemi Adjunktus
 EMTE Sapientia – Marosvásárhely, Piata Trandafirilor 61
 Tel.: 0265-264490 E-mail: szsander@hotmail.com