

Parçacık süzgeci ile biyomedikal görüntü zaman serisi çakıştırma

Biomedical image time series registration with particle filtering

A. Murat Yağcı*, Ertunç Erdil†, A. Özgür Argunşah§, Devrim Ünay‡, Müjdat Çetin†, Lale Akarun* ve Fikret Gürgeç*

*Bilgisayar Mühendisliği, Boğaziçi Üniversitesi, İstanbul, Türkiye

†Mühendislik ve Doğa Bilimleri Fakültesi, Sabancı Üniversitesi, İstanbul, Türkiye

§Champalimaud Neuroscience Programme, Champalimaud Centre for the Unknown, Lizbon, Portekiz

‡Biyomedikal Mühendisliği, Bahçeşehir Üniversitesi, İstanbul, Türkiye

{murat.yagci, akarun, gurgec}@boun.edu.tr, {ertuncerdil, mjetin}@sabanciuniv.edu, ali.argunshah@neuro.fchampalimaud.org, devrim.unay@bahcesehir.edu.tr

Özetçe —Bu çalışmada, biyomedikal görüntü zaman serilerinin çakıştırılması için Parçacık süzgecini esas alan bir dizi yöntem önerilmiştir. Önem ağırlıklarını hesaplamak için bilgi kuramı ve parlaklık temelli bir yaklaşımla beraber, en parlak veya SIFT nirengi noktalarının bulunması temelli etkili ikinci bir tür yaklaşım daha uygulanmıştır. Kaba kuvvet çakışma arama, uygun amaç fonksiyonları kullanıldığında genellikle iyi sonuçlar üretmesine rağmen, arama uzayı büyüdükçe hesaplamaya elverişsiz hale gelir. Tepe tırmanışı en iyileme yaklaşımları ise yerel en iyi çözümleri arar. Parçacık süzgeci rassallık kullanılarak olası çözümleri temsil eden sonsal dağılımı ardışık olarak günceller. Böylece yerel en iyilerden kaçabilir ve görüntü zaman serilerinin çakıştırılmasında daha gürbüz davranabilir. Dendrit görüntüsü zaman serileri üzerinde olumlu ön sonuçlar elde edilmiştir.

Anahtar Kelimeler—Biyomedikal görüntü çakıştırma; Bayesçi süzgeçleme; Sinir görüntüsü analizi.

Abstract—We propose a family of methods for biomedical image time series registration based on Particle filtering. The first method applies an intensity-based information-theoretic approach to calculate importance weights. An effective second group of methods use landmark-based approaches for the same purpose by automatically detecting intensity maxima or SIFT interest points from image time series. A brute-force search for the best alignment usually produces good results with proper cost functions, but becomes computationally expensive if the whole search space is explored. Hill climbing optimizations seek local optima. Particle filtering avoids local solutions by introducing randomness and sequentially updating the posterior distribution representing probable solutions. Thus, it can be more robust for the registration of image time series. We show promising preliminary results on dendrite image time series.

Keywords—Biomedical image registration, Bayesian filtering, Neural image analysis.

I. GİRİŞ

Biyomedikal görüntü zaman serilerinin çakıştırılması bir çok görüntü analizi çalışmasında gerekli olan bir adımdır. Parlaklık esaslı yöntemler aynı veya farklı modalitelerden alınmış iki biyomedikal görüntünün çakıştırılmasında sıklıkla uygulanmaktadır [1], [11]. Bu tür yaklaşımlarda parlaklık esaslı bir amaç fonksiyonu, seçilen dönüşüm değıştirgelerine göre en iyilenmeye çalışılarak, görüntüler arası doğru bir hizalama bulunması amaçlanır. Elle seçilen veya otomatik olarak bulunan nirengi noktaları üzerinden görüntü çakıştırma da biyomedikal görüntülere uygulanmıştır. Otomatik görüntü zaman serisi analizinde bu noktaların da otomatik olarak tespiti ve görüntü çiftlerindeki nokta eşleşmelerinin doğru olarak bulunması önemlidir.

Parçacık süzgeci (PS), Bayesçi karar kuramına dayalı, çok doruklu dağılımları ifade edebilen istatistiki bir benzetim yöntemidir [2]. Herhangi bir andaki gizli durum dağılımının gözlemlere dayalı olarak tahmin edilmesinde etkili bir yaklaşımdır. PS yerel en iyi çözümlerden kaçabilen rassal bir algoritma kullanır. Hareket takibi [3] ve görüntü çakıştırma [4] problemlerine uygulanmıştır.

Bu çalışmada, biyomedikal görüntü zaman serilerinin çakıştırılması için Parçacık süzgecini esas alan, parlaklık ve nirengi noktası temelli bir dizi yöntem önerilmiştir. Bu yöntemler global en iyi çözümlere yöneldiklerinden, art arda çakıştırmalar sırasında iki zaman diliminin yanlış çakışma riskini azaltarak, görüntü zaman serilerinin çakıştırılması için elverişli hale gelirler. Ayrıca, problem tanımına göre, bir önceki çakışmada elde edilen parçacıklar, takip eden zaman diliminde başlangıç parçacık dağılımı olarak kullanılabilir. Çakıştırma işlemi için temel ve önerilen yöntemler bir sonraki kısımda detaylandırılmış ve PS önem ağırlığı hesabı için değışik yaklaşımlar önerilmiştir. Yöntemler floresan mikroskopi dendrit görüntüleri özelinde test edilmiş, deney sonuçları kısmında kaba kuvvet arama ve literatürdeki tepe tırmanışı yaklaşımlarına göre görüntü zaman serilerinin çakıştırılmasında daha elverişli olabilecekleri gösterilmiştir.

II. YÖNTEMLER

A. Kaba kuvvet arama ve tepe tırmanışı yaklaşımları

Kaba kuvvet (KK) bir yaklaşımla iki biyomedikal görüntü arasındaki doğru çakışmayı bulmak mümkündür. Problem tanımına göre ardışık veya iki farklı zaman diliminde olabilen sabit ve hareketli görüntü çifti, bir amaç fonksiyonunun değışkenleri olarak düşünülebilir. Önceden belirlenen bir dönüşüm aralığında bu fonksiyon en iyilenir. Uygun bir amaç fonksiyonu seçilebilirse yöntem doğru ve gürbüz sonuçlar üretmektedir. Ancak uygulamaya bağlı olarak hesaplama açısından çok çabuk verimsiz hale gelebilmektedir.

Biyomedikal görüntü işlemede kullanılan iyi bir amaç fonksiyonu bilgi kuramı temelli karşılıklı bilgi miktarıdır (mutual information veya MI) [1]. Sabit ve hareketli görüntünün parlaklıklarını temsil eden iki rassal değışken arasındaki MI, entropi (H), cinsinden şu şekilde ifade edilir; $MI(X, Y) = H(X) + H(Y) - H(X, Y)$. Karşılıklı bilgi miktarının en büyüklenmesi için marjinal entropilerin en yüksek, ortak entropinin en düşük olması gerekliliği biyomedikal görüntüler için istenen bir durumdur [5].

MI fonksiyonunun normalize edilmiş bir hali olan entropi iltintı katsayısı (ECC), $[0, 1]$ aralığında değerler ürettiğinden

daha kolay yorumlanabilir ve uygulamalarda sık olarak kullanılır.

$$ECC(X, Y) = \frac{2 \cdot MI(X, Y)}{H(X) + H(Y)} \quad (1)$$

Literatürde MI fonksiyonunun dönüşüm değiştirgelerine göre türevlenebilir yazımlarını kullanarak tepe tırmanışı (TT) yapan en iyileme yöntemleri de bulunmaktadır [6], [7]. Bu yaklaşımlar, örnekleme ve parametrik olmayan yöntemlerle marjinal ve ortak entropileri tahmin ederek, gradyan inişi veya çıkışı ile dönüşüm vektörünü en iyilemeye çalışır. Tepe tırmanışı yaklaşımları çakıştırma işlemini hızlandırır da, prensip olarak yerel en iyi çözümleri ararlar. Bu ise gürbüzlüğü etkilediğinden, görüntü zaman serilerinin çakıştırılmasında istenmeyen bir durumdur.

B. Parçacık süzgeci

Yukarıda bahsi geçen yaklaşımlardaki sorunları gidermek için PS temelli bir dizi çakıştırma yöntemi önermekteyiz. Bu yöntemler makul sayıda döngü yaparak hızlı sonuçlar üretebilmekle beraber, başlangıç değerlerine takılmadan global en iyi çözüme yönelebilmektedir.

PS, $p(s_t|z_{1:t})$ ile temsil edilen saklı bir çözümün t anındaki sonsal dağılımını tahmin etmek için rassal bir algoritma kullanmaktadır. Bu dağılım, hareketli parçacıklar (s_t^i) kullanılarak modellenmekte ve bir dizi ölçüm verisiyle izlenebilmektedir. Bizim yaklaşımımızda, olası bir çözüm vektörünü temsil eden her bir parçacık Gauss rassal adımlarıyla ilerleyerek hareketini geliştirmektedir;

$$s_t^i = s_{t-1}^i + \epsilon_{t-1}, \epsilon \sim \mathcal{N}(\mu, \Sigma). \quad (2)$$

Gözlemlerimiz, $z_t = g(s_t, \eta_t)$, gizli bir çözümün gürültülü ölçüm verisi olarak düşünülebilir. Sonsal dağılımı güncelleyen Bayes yaklaşımı ise aşağıdaki gibi yazılabilir;

$$p(s_t|z_{1:t}) \propto p(z_t|s_t)p(s_t|z_{1:t-1}). \quad (3)$$

Bu dağılımı benzetim ile belirlemenin bir yolu parçacıkların önemine göre ağırlıklandırıldığı PS yaklaşımıdır. Önem ağırlıkları kullanılarak, parçacık dağılımı belli bir yakınsamaya kadar döngüsel olarak güncellenmektedir. PS algoritması, parçacık kümesi, rassal hareket fonksiyonu ve parçacık önem ağırlıklarına bağlı olarak hareket ve ölçüm güncellemeleri yapan iki aşamalı döngüsel bir algoritmadır.

Çakıştırma işlemi için PS temelli bir algoritma, Algoritma 1'de verilmiştir. Her bir parçacık, s_t^i , olası bir katı dönüşüm vektörünü, $\mathbf{t} = [t_x \ t_y \ \theta]^T$, temsil etmekte ve \mathbf{S} matrisinin sütunları ile gösterilmektedir. Farklı bir dönüşüm istenirse bu vektöre ilgili parametreler eklenebilir. Önem ağırlıkları ise ilerleyen alt bölümlerde ifade edileceği gibi parlaklık ve nokta temelli olarak farklı şekillerde tasarlanabilir. Algoritmada ağırlıklar bir olabilirlik fonksiyonu gibi davranan ve $[0, 1]$ arası değerler alan buluşsal $f(\cdot, \cdot)$ fonksiyonu ile hesaplanmıştır. Her bir döngüde parçacıklar ağırlıkların birikimli olasılığından evirme (inversion) yöntemi ile yeniden örneklenmiştir. Algoritma 1 doğru çakışmayı sağlayan dönüşüm vektörünü, nihai olarak

yakınsamış parçacık dağılımının beklenen değeri olarak tahmin etmektedir.

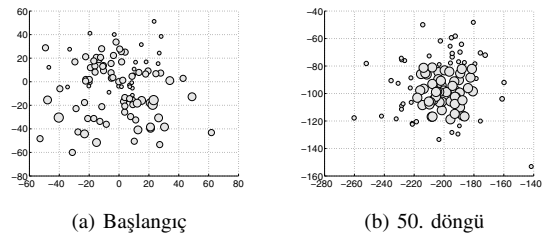
```

Girdi:  $\mathbf{I}_f$ : sabit görüntü,  $\mathbf{I}_m$ : hareketli görüntü,  $nPar$ : parçacık sayısı,  $nIter$ : döngü sayısı,  $\mathbf{M}$ : Gauss hareket modeli matrisi
Çıktı:  $\hat{\mathbf{t}}$ : kestirilen dönüşüm vektörü
// Parçacıkları ilklendir, her bir sütun bir dönüşüm vektörüdür
 $\mathbf{S} = \begin{bmatrix} s_{11} & s_{12} & \dots \\ s_{21} & s_{22} & \dots \\ s_{31} & s_{32} & \dots \end{bmatrix}_{3 \times nPar}$ ;
1  $\mathbf{w}$  önem ağırlıklarını ilklendir;
3 for  $it = 1$  to  $nIter$  do
// hareket güncellemesi
4 foreach parçacık  $s^i$  in  $\mathbf{S}$  do
// rassal hareket
5  $\mathbf{m} = \text{rand}(\mathbf{M})$ ;
6  $s^i = s^i + \mathbf{m}$ ;
// ölçüm güncellemesi
7 foreach parçacık  $s^i$  in  $\mathbf{S}$  do
8  $\mathbf{I}_m^* = \text{dönüştür}(\mathbf{I}_m, s^i)$ ;
9  $w^i = f(\mathbf{I}_f, \mathbf{I}_m^*)$ ;
// ağırlıkları normalize et
10  $\mathbf{w} = \mathbf{w} / \text{sum}(\mathbf{w})$ ;
// parçacıkları ağırlık dağılımına göre yeniden örnekle
11  $\mathbf{S} = \text{örnekle}(\mathbf{S}, \mathbf{w}, nPar)$ 
// Parçacık dağılımının beklenen değerini döndür
12 return  $\hat{\mathbf{t}} = \mathbf{wS}^T$ 

```

Algoritma 1: 2B katı dönüşüm için parçacık süzgeçli çakıştırma algoritması

Şekil 1 önem ağırlığı yüksek parçacıkların kısa sürede çözüm etrafında uzlaşma haline geldiklerini göstermektedir. Algoritma 1'deki önem ağırlıklarını farklı şekilde hesaplayan, biyomedikal görüntü işleme için uygun parlaklık ve nirengi noktası temelli yaklaşımlarımız ise aşağıda açıklanmıştır.



Şekil 1. Aralarında $t_x = 100$ ve $t_y = 200$ piksel öteleme olan iki görüntü için parçacık dağılımı ve ağırlıkları sırasıyla başlangıçta ve 50. döngü sonrasında kabarcık grafiği ile gösterilmiştir.

1) *Parlaklık temelli Parçacık süzgeci (PPS):* MI fonksiyonunu kullanan parlaklık temelli bir önem ağırlığı fonksiyonu tanımlamak mümkündür. Böyle bir fonksiyon [4]'de aşağıdaki gibi önerilmiştir;

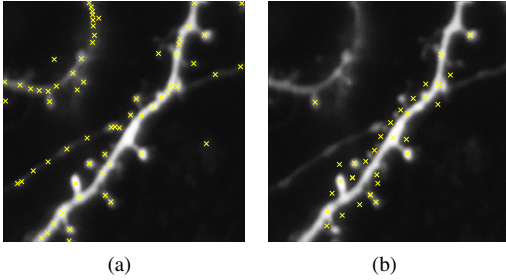
$$f(\mathbf{I}_f, \mathbf{I}_m) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} e^{-\frac{(H(\mathbf{I}_f) - MI(\mathbf{I}_f, \mathbf{I}_m))^2}{2\sigma^2}}. \quad (4)$$

MI normalize edilmemiş olduğundan ve σ değıştirgesini

belirleme zorluğundan dolayı, biz bu fonksiyon yerine, denklem (1)'de verilen ve deneysel olarak daha iyi sonuçlar elde ettiğimiz ECC fonksiyonunun karesini kullanarak $f(I_f, I_m)$ fonksiyonunu tahmin ettik.

2) *En parlak nirengi noktaları temelli Parçacık süzgeci (PNPS)*: Zaman serilerindeki görüntülerde nirengi noktalarının bulunması, önem ağırlıklarının çıkarılacak görüntü çiftindeki nokta eşleşmeleri cinsinden yazılmasına olanak sağlar. Bu yaklaşım parlaklık temelli yöntemden daha hızlı çalışmaktadır. Ancak, nirengi noktalarının otomatik olarak bulunup, doğru şekilde eşleştirilmesi problemi çözümlenmelidir. Biz bu aşamada, en parlak bölgelerin bulunması ve SIFT temelli iki farklı yöntem geliştirdik.

Nirengi noktaların bulunması için ilk yöntemimiz, verilen bir görüntüde en parlak bölgeleri temsil eden noktaların bulunmasına dayalıdır. Örneğin, dendrit floresan mikroskopi görüntülerinde, floresan seviyeleri görüntü zaman serisi boyunca değişse bile, diken (spine) gibi kısımlar çoğu zaman en parlak bölgeler olarak görülmektedir. Bölgesel en parlak noktalar basit bir eşikleme ile bulunamayabilir. Bunun yerine, dögüsel morfolojik bir geriçatma algoritması olan Genişletilmiş en parlak bölge dönüşümünü (Extended maxima transform veya *EMAX*) [8] önermekteyiz. Bu dönüşüm I parlaklık görüntüsünün, seçilen bir zıtlık değerine (h) bağlı olarak en parlak bölgelerini seçer [9]. Geriçatmalı genişleme (δ) kullanarak ifade edilir; $HMAX_h(I) = R_I^\delta(I - h)$. *EMAX*, *HMAX* dönüşümünün yerel en parlak bölgeleridir. Bu bölgeler, uygulamaya göre, örneğin, piksel alanı veya en-boy oranına göre seçilerek merkez noktalarına (centroid) indirgenebilir. Bu noktalar Şekil 2(a)'da gösterildiği gibi önemli nirengi noktaları olarak kabul edilebilir.



Şekil 2. (a) En parlak nirengi noktaları (b) SIFT nirengi noktaları

Sabit ve hareketli görüntüdeki en parlak nirengi noktalarının eşleştirilmesi için şöyle bir yaklaşım kullandık; Algoritma 1'in 8. satırında, hareketli görüntüyü temsil eden nirengi noktalarına, i 'nci parçacığın temsil ettiği dönüşüm uygulandıktan sonra, her iki görüntüde belli bir komşulukta bulunan en yakın nirengi noktaları eşleştirdi kabul edilir. n_f ve n_m sırasıyla sabit ve hareketli görüntüdeki nirengi noktası sayıları ve n_{fm} eşleşen nokta sayısı olmak üzere, PS için parçacık önem ağırlığı aşağıdaki gibi tahmin edilebilir;

$$f(I_f, I_m) = \frac{n_{fm}}{\min(n_f, n_m)}. \quad (5)$$

3) *SIFT nirengi noktaları temelli Parçacık süzgeci (SNPS)*: Diğer bir nirengi noktası temelli yaklaşım olarak, Şekil 2(b)

de gösterildiği gibi anlamlı nirengi noktaları bulabilen SIFT nokta bulucusunu [10] kullandık.

Sabit ve hareketli görüntüde bulunan SIFT noktaları 128 boyutlu bir tanımlama vektörü ile temsil edilmektedir. İki görüntü arasında eşleşen noktaları bulmak amacıyla ilk olarak sabit görüntüdeki her bir nokta (p_k) için, hareketli görüntüde ona en yakın nokta (p_l) ve ikinci en yakın nokta (p_m), tanımlama vektörleri arasındaki kosinüs (*cos*) benzerliğine bakılarak bulunur. Eğer $r \cdot \cos(p_k, p_l) \geq \cos(p_k, p_m)$ ise p_k ve p_l eşleştirilmektedir. Burada r , $[0, 1]$ aralığında değer alan ve kullanıcı tarafından belirlenen bir uzaklık kabul oranını temsil etmektedir. Bu işlem sonucunda hala kalmış olması muhtemel aykırı eşleşmeler ise en iyi n eşleşme seçilerek giderilir.

PS algoritmasına dönersek, parçacığın temsil ettiği dönüşüm hareketli görüntüye uygulandığında, daha evvelden sabit görüntü ile eşleşmiş noktalar arasındaki toplam uzaklığın minimum olmasını beklemekteyiz. Bu sebeple $d(\cdot, \cdot)$ Manhattan uzaklığı olmak üzere, ilgili parçacığın ağırlığını aşağıdaki şekilde tahmin eden bir fonksiyon tanımlanmıştır;

$$f(I_f, I_m) = \frac{1}{1 + \sum_{j=1}^n d(p_k^j, p_l^j)}. \quad (6)$$

III. DENEY SONUÇLARI

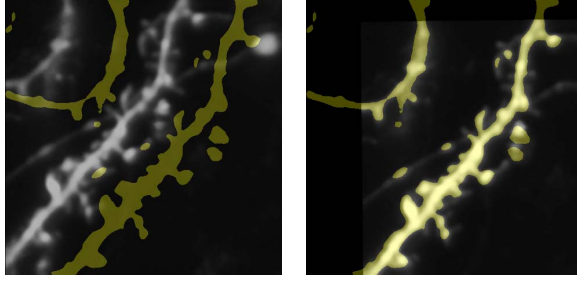
Bahsi geçen tüm temel ve önerilen yöntemler Matlab'da yazılarak test edildi. Tepe tırmanışı yöntemi ise C++ ve ITK [11] fonksiyonları kullanarak yazıldı.

Bu çalışmadaki deney sonuçları iki fotonlu floresan mikroskobundan elde edilen dendrit kesit görüntülerinin çıkarılmasıyla elde edilmiştir. Görüntü veritabanı Champalimaud Center for the Unknown kurumu tarafından sağlanmıştır. Deneyler için sırasıyla 54, 42 ve 38 adet $1024 \times 1024 \times 30$ görüntü yığını içeren 3 adet zaman serisi veri kümesi kullanılmıştır. Görüntüler yığına eksen boyuna en parlak değer seçilerek $2B$ 'ye dönüştürülmüştür. Nihai deney girdileri ortanca süzgeci uygulaması 8 bitlik gri tonlamalı görüntülerdir. Dendrit görüntüleri özelinde $2B$ 'ye indirgeme ve katı dönüşüm varsayımı pratik sonuçlar üretirken, diken gibi kısımların analizine olanak sağlamaktadır.

Kaba kuvvet karşılaştırma yöntemi, ECC temelli amaç fonksiyonu kullanarak doğru ve gürbüz sonuçlar üretmektedir. Algoritma yeniden görüntü boyutlandırılmalı ve iki aşamalı olarak koşuturulmuştur. Kaba arama aşamasında, geniş bir aralıkta ve geniş adımlarla sadece öteleme için en iyi dönüşüm aranmakta, hassas aramada ise daha dar bir aralıkta tam arama yapılmaktadır. Ancak, bu algoritma en doğru sonuçları üretse de çok yavaş çalışabilmektedir. Algoritmanın sonuçlarını diğer elde ettiğimiz sonuçlarla kıyaslama amaçlı kullandık.

Tepe tırmanışı algoritması olarak ITK'da yazılmış etkili bir yaklaşım kullanılmıştır [7]. Sonuçlar, 10000 örnekleme sayısı ve 500 döngü ile elde edilmiştir. Özellikle sabit ve hareketli görüntü arasında dönüşümün fazla olduğu durumlarda yerel en iyi karşılaştırmalar bulunduğu görülmüştür. Bu durum Tablo 1'deki standart sapma değerlerine yansımıştır. Durumun aşılması için kullanılabilecek aşamalı çözümler algoritmanın koşma süresini daha da arttıracaktır.

PS yaklaşımı yüksek doğruluklu ve gürbüz ön sonuçlar üretmiştir. Doğru çakışmayı üreten dağılıma kısa sürede yakınsamaktadır. Tüm deneylerde 100 parçacık ve 50 döngü ilkendirme değerleri kullanılmıştır. Parçacık hareketi sıfır ortalamalı bir Gauss dağılımı ile rassal yürüyüş olarak modellenmiş ve deney veri kümelerinin geneline uygun sabit standart sapma değerleri seçilmiştir. SIFT nirengi noktalı yaklaşımda n eşleşmelerin %20'si ve $r = 0.9$ olarak belirlenmiştir. PS kullanarak örnek bir hizalama Şekil 3'te gösterilmiştir.



(a) Çakışmamış

(b) Çakışmış

Şekil 3. PS ile çakıştırmaya örneği. Görüntü çiftlerinden biri görsellik amacıyla Otsu yöntemiyle eşiklenmiş ikili görüntüdür.

Algoritmaların geometrik çakışma doğruluğu ve koşma süreleri ile ilgili sonuçlar her üç veri kümesi için Tablo I'de karşılaştırılmıştır. t_x ve t_y piksel, θ derece cinsinden olmak üzere, her bir yöntem için dönüşüm değıştirgelerinin kaba kuvvet çakıştırmaya sonuçları ile arasındaki ortalama mutlak değeri farkı hata ölçüsü (MAE) olarak verilmiştir. MAE üzerinden standart sapma da belirtilmiştir. Ayrıca her bir veri kümesindeki amaca uygun çakışma oranı (RP) yüzde olarak alan uzmanı tarafından belirtilmiştir. Koşma süreleri (T), 2GHz çift çekirdek işlemcili 32-bitlik sistemde Matlab R2011b, gcc 4.4.3 ve ITK 3.20 kullanarak ölçülmüştür. Herhangi bir yazılım paralelleştirmesi kullanılmamıştır. Kaba kuvvet çakıştırmaya süresi, seçilen arama aralığına göre dramatik olarak değışebilmektedir. Aralıklar deneylerde tam doğruluğu sağlamak amacıyla yeterince geniş tutulmuştur. Zaman serilerinden 30'ar çakıştırmaya örneği alınmış ve $\alpha = 0.025$ seçilerek tek kuyruklu eşli t -testi uygulanmıştır. Genel olarak PNPS ve SNPS hataları arasındaki fark istatistikî olarak anlamlı olmamakla beraber, TT ve PPS ile karşılaştırıldıklarında bu yöntemlerden daha üstün olabildikleri görülmektedir.

IV. VARGILAR

Parçacık süzgecini esas alan, parlaklık ve nirengi noktası temelli bir dizi biyomedikal görüntü çakıştırmaya yöntemi önerilmiştir. Sunulan ön sonuçlar, PS temelli yöntemin görüntü zaman serilerinin çakıştırmaya yüksek doğruluklu ve gürbüz bir yaklaşım olarak kullanılabilirliğini göstermektedir.

Bu çalışmada PS yaklaşımı en temel hali ile kullanılmış olup, yaklaşım örneğin genetik algoritma ve sürü en iyilemesi gibi yöntemlerden esinlenerek daha da güçlü hale

Dendrit zaman serisi 1

Yöntem	t_x		t_y		θ		RP	T (sn)
	MAE	σ	MAE	σ	MAE	σ		
KK	0	0	0	0	0	0	%100	126.31
TT	18.37	20.63	9.90	12.39	0.36	0.76	%81	32.05
PPS	6.47	5.10	10.77	7.14	0.45	0.37	%91	16.42
PNPS	10.21	7.53	6.34	5.08	0.82	0.60	%83	4.65
SNPS	5.47	4.51	5.21	4.01	0.61	0.47	%94	6.66

Dendrit zaman serisi 2

Yöntem	t_x		t_y		θ		RP	T (sn)
	MAE	σ	MAE	σ	MAE	σ		
KK	0	0	0	0	0	0	%100	121.13
TT	11.73	27.97	21.18	59.74	0.65	2.42	%83	31.52
PPS	19.95	15.39	8.95	5.63	0.41	0.29	%83	16.25
PNPS	5.44	5.98	5.88	5.88	0.88	1.15	%98	2.94
SNPS	5.61	5.94	7.17	5.79	0.90	1.02	%93	6.34

Dendrit zaman serisi 3

Yöntem	t_x		t_y		θ		RP	T (sn)
	MAE	σ	MAE	σ	MAE	σ		
KK	0	0	0	0	0	0	%100	128.74
TT	14.36	35.80	9.87	13.75	0.37	1.01	%95	30.29
PPS	7.68	6.47	8.35	8.26	0.42	0.36	%95	17.12
PNPS	3.35	2.31	3.32	2.42	0.40	0.30	%100	4.88
SNPS	2.32	1.76	2.41	2.34	0.30	0.22	%100	9.17

Tablo I. ÜÇ DEĞİŞİK GÖRÜNTÜ ZAMAN SERİSİ İÇİN KATI DÖNÜŞÜMLÜ ÇAKIŞTIRMA DOĞRULUK ÖLÇÜMÜ VE KOŞMA SÜRELERİ

getirilebilir [2]. Ayrıca deney sonuçları varsayılan ilkendirme değerleri ile elde edilmiş olup, veriye özel ilkendirme yapıldığında çakıştırmaya hatalarının azaldığı gözlemlenmiştir.

Yaptığımız deneylerde, nirengi noktası temelli yöntemler daha yüksek doğruluklu sonuçları daha hızlı üretmiştir. Bu yöntemlerin, 3B analiz ve daha fazla değıştirtgenli dönüşümler için de daha uygun olabileceği düşünülmektedir.

TEŞEKKÜR

Analiz verilerini sağlayan Champalimaud Centre for the Unknown araştırmacıları Dr. Yazmin Ramiro-Cortes ve Dr. Inbal Israely'ye teşekkür ederiz.

KAYNAKÇA

- [1] Bankman, I., "Handbook of Medical Image Processing and Analysis", Academic Press, 2008.
- [2] X. Zhang, X., Hu, W., ve Maybank S., "A Smarter Particle Filter", LNCS, Computer Vision - ACCV, Cilt 5995, Sayfa 236-246, 2009.
- [3] Yılmaz, A., Javed, O. ve Shah, M., "Object tracking: A survey", ACM Comput. Surv., Cilt 38-4, art. no. 13, 2006.
- [4] Arce-Santana, Edgar R. and Campos-Delgado, D. U. ve Alba, A., "Image Registration Guided by Particle Filter", Springer LNCS Advances in Visual Computing, Cilt 5875, Sayfa 554-563, 2009.
- [5] Wells III W. M., Maes F. ve Pluim J. P. W., "Information theoretic similarity measures for image registration and segmentation", MICCAI 2009 Tutorial, 2009.
- [6] Wells III W. M., Viola P., Atsumi H., Nakajima S. ve Kikinis R., "Multi-modal volume registration by maximization of mutual information", Medical Image Analysis, Cilt 1, Sayfa 35-51, 1996.
- [7] Mattes D., Haynor, D. R., Vesselle, H., Lewellen, T. K. ve Eubank, W., "PET-CT image registration in the chest using free-form deformations", IEEE Transactions on Medical Imaging, Cilt 22 (1), Sayfa 120-128, 2003.
- [8] Soille, P., Morphological Image Analysis: Principles and Applications, 2. baskı, Springer-Verlag, NY, 2003.
- [9] Erdil, E., Yagci, A.M., Argunsah, A.O., Ramiro-Cortes, Y., Hobbiss, A.F., Israely, I. ve Unay, D., "A tool for automatic dendritic spine detection and analysis. Part I: Dendritic spine detection using multi-level region-based segmentation", In proc. Image Processing Theory, Tools and Applications, IPTA, 2012.
- [10] Lowe, D.G., "Distinctive image features from scale-invariant keypoints", Int. Journal of Computer Vision, Cilt 60(2), Sayfa 91-110, 2004.
- [11] Ibanez, L. ve Schroeder, W., The ITK Software Guide 2.4, Kitware Inc., 2005.