

Detecção de bordas em imagens de Ressonância Magnética por meio de Processamento de Imagens com Algoritmos Genéticos

Lucas Sorano

Aledir S. Pereira

Norian Marranghello

Alex F. de Araújo

Tiago Tafari Catelam

lucas.sorano@gmail.com

aledir@ibilce.unesp.br

norian@ibilce.unesp.br

fa.alex@gmail.com

tiago16tc@yahoo.com.br

Departamento de Ciências da Computação e Estatística - IBILCE - UNESP,
15054-000, São José do Rio Preto, SP, Brasil

João Manuel R. S. Tavares

tavares@fe.up.pt

Departamento de Engenharia Mecânica (DEMec), Faculdade de Engenharia da Universidade do Porto (FEUP) / Instituto de Engenharia Mecânica e Gestão Industrial (INEGI),
Porto, Portugal

Acrísio J. do Nascimento Jr.

acrisio@catalao.ufg.br

Departamento de Ciências da Computação - UFG - CaC, 75705-220, Catalão, GO, Brasil

Resumo. *A detecção de bordas em imagens digitais é uma etapa importante do processamento e análise de imagens, pois permite a localização dos objetos presentes nas mesmas, bem como a extração de características importantes para o seu reconhecimento, tais como rugosidade da borda e dimensões e forma do objeto. Na tentativa de obter resultados mais precisos, vários métodos de detecção de bordas têm sido propostos. Neste trabalho, aborda-se a aplicação de algoritmos genéticos para detectar bordas de regiões anormais em imagens de ressonância magnética, com o objetivo de auxiliar no diagnóstico de tumores cerebrais. Os algoritmos genéticos são métodos de busca e otimização baseados na evolução dos seres vivos proposta por Charles Darwin, que declarou que os seres vivos adaptados ao seu ambiente são os que possuem maiores chances de sobreviver e gerar descendência. Estes algoritmos possuem duas estruturas básicas (genes e cromossomos) e três operações (seleção, cruzamento e mutação). Para ser aplicado em processamento de imagens, cada pixel é considerado um gene e os cromossomos um grupo de genes, ou seja, uma região com um determinado número de pixels. Os resultados obtidos neste trabalho mostraram-se animadores na detecção de tumores cerebrais de difícil diagnóstico visual, melhorando a visualização do mesmo pelo especialista médico.*

Keywords: *Palavras Chave*

1. Introdução

Os algoritmos genéticos (aqui abreviados por AGs), desenvolvidos por John Holland, são métodos de busca e otimização baseados nos mecanismos de evolução dos seres vivos [Goldberg (1989)]. Estes algoritmos baseiam-se na teoria do naturalista Charles Darwin (1859), que afirma que os indivíduos mais adaptados ao seu ambiente são os que possuem maior chance de sobreviver e gerar descendentes.

Os AGs incorporam uma solução potencial para um problema específico em uma estrutura semelhante à de um cromossomo e aplicam operadores de seleção e cruzamento a essas estruturas de forma a preservar informações críticas relativas à solução do problema. Normalmente, os AGs são vistos como otimizadores de funções, com aplicação na solução de uma grande quantidade de problemas, como na detecção de bordas em processamento e análise de imagens digitais.

A aplicação dos AGs para detectar bordas em Imagens de Ressonância Magnética (IRMs) aumenta a precisão da extração de informações e conseqüentemente, leva a um maior detalhamento no diagnóstico e a um ganho de tempo no tratamento da doença. Vale ressaltar que a utilização de algoritmos genéticos pode ainda diminuir a presença de ruídos na imagem original, aumentando a percepção visual do profissional responsável pelo diagnóstico e, assim, ser de grande utilidade na atividade de encontrar uma possível formação estranha na imagem.

A ressonância magnética é um exame que permite a formação de imagens de qualquer parte do corpo humano, produzindo imagens que permitem o diagnóstico de doenças fatais, como o câncer [Jones and Mulloy (1993)]. Porém, como a análise do exame é feita visualmente, o diagnóstico médico pode ser impreciso, devido à possível presença de formações estranhas muito pequenas, praticamente imperceptíveis a olho nu.

Por se tratar de algoritmos de aprendizado, os AGs podem ajudar na solução de problemas de qualquer classe, sempre evoluindo para o melhor resultado. Tratando-se de processamento de imagens, não é diferente: pode-se utilizar a técnica para a obtenção de resultados que talvez antes não seriam possíveis.

Neste trabalho, fez-se o levantamento dos conceitos de algoritmos genéticos, juntamente com as técnicas de detecção de bordas mais utilizadas atualmente. Propondo-se na seqüência, um algoritmo para detecção de bordas em IMRs, efetuando-se testes com a aplicação do mesmo, a fim de aumentar o detalhamento na procura de bordas na imagem original. O foco aqui é auxiliar no diagnóstico de formações cancerígenas em IRMs cerebrais.

Este trabalho está organizado da seguinte forma: na seção a seguir aborda-se os fundamentos e as operações básicas dos algoritmos genéticos. Na seção 3 é descrito o método de detecção de bordas proposto neste trabalho, na seção 4 são apresentados alguns resultados obtidos a partir da aplicação deste método em imagens de ressonância magnética e as conclusões na seção 5.

2. Algoritmos genéticos (AGs)

2.1 Fundamentos

Algoritmos genéticos são métodos de otimização global, baseados nos mecanismos de seleção natural e da genética. Eles empregam uma estratégia de busca paralela e estruturada, mas aleatória, que é voltada em direção ao reforço da busca de pontos de "alta aptidão", ou seja, pontos nos quais a função a ser minimizada (ou maximizada) tem valores relativamente baixos (ou altos). Apesar de aleatórios, eles são caminhadas direcionadas, pois exploram informações históricas para encontrar novos pontos de busca onde são esperados melhores desempenhos. Isto é feito através de processos iterativos, onde cada iteração é chamada de geração [Mitchell

(1998)].

Durante cada iteração, os princípios de seleção e reprodução são aplicados a uma população de candidatos que pode variar, dependendo da complexidade do problema e dos recursos computacionais disponíveis. Através da seleção, determinam-se quais indivíduos conseguirão se reproduzir, gerando um número determinado de descendentes para a próxima geração, com uma probabilidade determinada pelo seu índice de aptidão [Mühlenbein (1992)]. Em outras palavras, os indivíduos com maior adaptação relativa têm maiores chances de se reproduzir. O ponto de partida para a utilização de AGs como ferramenta para solução de problemas, é a representação destes problemas de maneira que os AGs possam trabalhar adequadamente sobre eles. A maioria das representações são genotípicas, utilizam vetores de tamanho finito em um alfabeto finito.

Tradicionalmente, os indivíduos são representados genotipicamente por vetores binários, onde cada elemento de um vetor denota a presença (1) ou ausência (0 (zero)) de uma determinada característica: o seu genótipo. Os elementos podem ser combinados formando as características reais do indivíduo, ou o seu fenótipo. Esta representação é independente do problema, pois uma vez encontrada a representação em vetores binários, as operações padrão podem ser utilizadas, facilitando o seu emprego em diferentes classes de problemas. Em [Mitchell (1998)], é observado que o princípio básico do funcionamento dos AGs é que um critério de seleção vai fazer com que, depois de muitas gerações, o conjunto inicial de indivíduos gere indivíduos mais aptos. A maioria dos métodos de seleção é projetada para escolher preferencialmente indivíduos com maiores notas de aptidão, embora não exclusivamente, a fim de manter a diversidade da população. Um método de seleção muito utilizado é o Método da Roleta, onde indivíduos de uma geração são escolhidos para fazer parte da próxima geração, através de um sorteio de roleta.

Neste método, cada indivíduo da população é representado na roleta, proporcionalmente ao seu índice de aptidão. Assim, aos indivíduos com alta aptidão é dada uma porção maior da roleta, enquanto aos de aptidão mais baixa é dada uma porção relativamente menor. Finalmente, a roleta é girada um determinado número de vezes, dependendo do tamanho da população, e são escolhidos, como indivíduos que participarão da próxima geração, aqueles sorteados neste processo.

As operações de cruzamento e mutação são necessárias para que, dada uma população, se consiga gerar populações sucessivas que melhorem sua aptidão com o tempo. Estas operações são utilizadas para assegurar que a nova geração seja totalmente nova, mas mantém características de seus pais, ou seja, a população se diversifica e mantém características de adaptação adquiridas pelas gerações anteriores. Para prevenir que os melhores indivíduos não desapareçam da população pela manipulação dos operadores genéticos, eles podem ser automaticamente colocados na próxima geração, através da reprodução elitista [Mühlenbein (1992)].

2.2 Operações básicas de um AG simples

Tem-se no diagrama de fluxo da Figura 1, as fases que compõem um AG básico. Durante a inicialização da população, n indivíduos são gerados aleatoriamente. Cada um destes indivíduos representa uma possível solução para o problema, ou seja, um ponto no espaço de soluções. Com a população inicial gerada, calcula-se a aptidão de cada indivíduo através do cálculo da função objetivo, que depende das especificações de projeto. Nesta etapa, cada indivíduo é uma entrada para uma ferramenta de análise de desempenho, cuja saída fornece medidas que permitem ao algoritmo genético o cálculo da aptidão do indivíduo. Ainda nesta fase os indivíduos são ordenados conforme a sua aptidão.

Caso a solução do problema não tenha sido encontrada dentro da população atual, os indivíduos mais aptos da geração atual são selecionados e utilizados para gerar uma nova

população por cruzamento. Cada indivíduo tem uma probabilidade de ser selecionado proporcional à sua aptidão. Portanto, a seleção de indivíduos pode conter várias cópias de um mesmo indivíduo enquanto outros podem desaparecer.

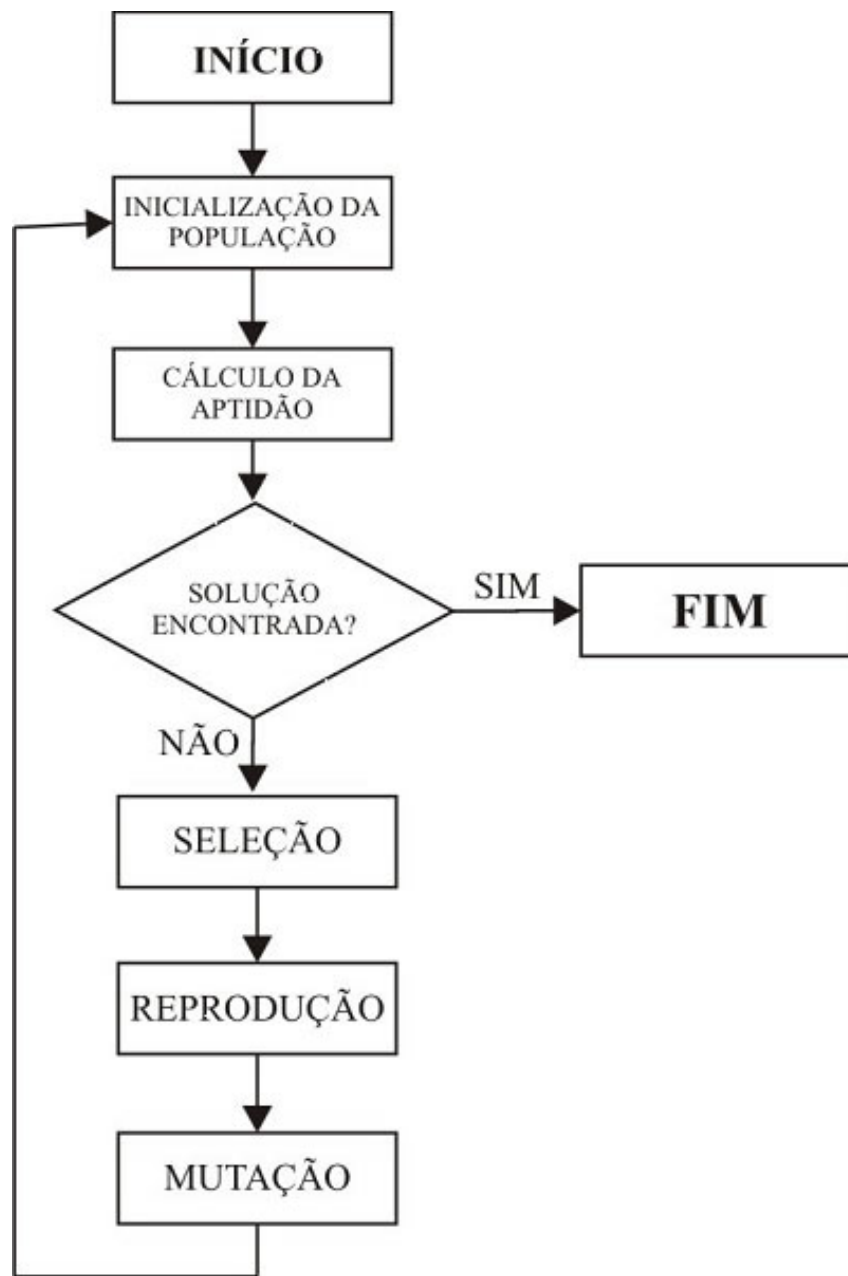


Figura 1: Diagrama de fluxo de um algoritmo genético.

Os indivíduos selecionados na etapa de seleção são cruzados da seguinte forma: a lista de indivíduos selecionados é embaralhada aleatoriamente criando-se, desta forma, uma segunda lista, chamada lista de parceiros, ilustrada na Figura 2. Cada indivíduo selecionado é então cruzado com o indivíduo que ocupa a mesma posição na lista de parceiros. A forma como se realiza este cruzamento é ilustrado na Figura 3 (cruzamento entre os indivíduos da primeira linha). Os cromossomos de cada par de indivíduos a serem cruzados são particionados em um ponto, chamado ponto de corte, sorteado aleatoriamente. Um novo cromossomo é gerado permutando-se a metade inicial de um cromossomo com a metade final do outro. Deve-se notar que caso o cromossomo for representado por uma cadeia de bits, o ponto de corte pode incidir

em qualquer posição (ou seja, em qualquer bit) no interior de um gene, não importando os limites do mesmo. No caso de genes representados por números reais, a menor unidade do cromossomo que pode ser permutada é o gene.

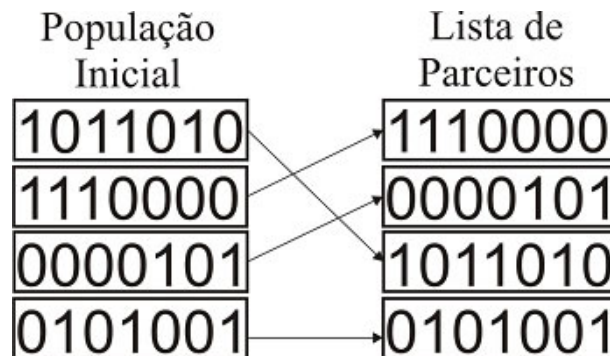


Figura 2: Lista de parceiros.

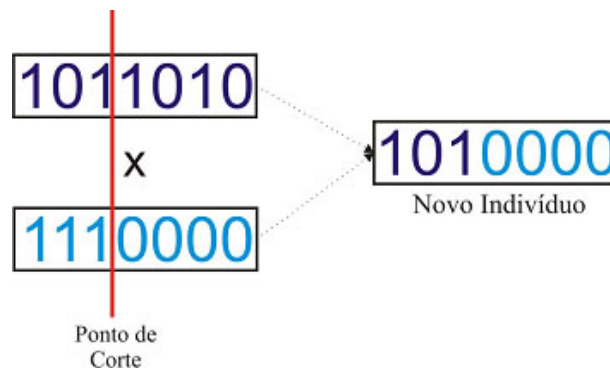


Figura 3: Exemplo de cruzamento (ou reprodução).

A última operação do algoritmo é a mutação. Ilustrada na Figura 4, é utilizada para garantir uma maior varredura do espaço de estados e também para evitar que o algoritmo genético converja muito cedo para mínimos locais. A mutação é efetuada alterando-se o valor de um gene de um indivíduo sorteado aleatoriamente com uma determinada probabilidade, denominada probabilidade de mutação, ou seja, vários indivíduos da nova população podem ter um de seus genes alterado aleatoriamente. Se a probabilidade de mutação é 100%, todos os indivíduos terão seus genes alterados. Por outro lado, se a probabilidade for 0%, todos os indivíduos permanecerão com seus genes sem ocorrer nenhuma mudança.

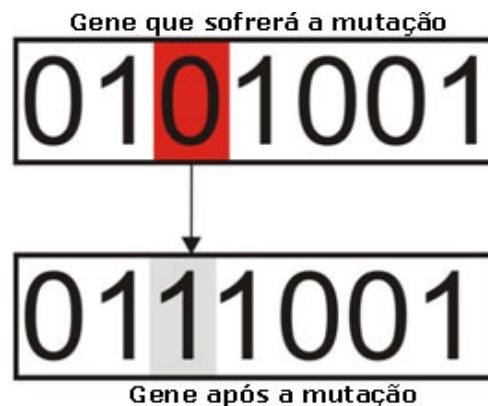


Figura 4: Exemplo de mutação.

3. Método de detecção de bordas

Em processamento de imagens, onde lida-se com uma quantidade grande de valores (representados pelos pixels da imagem), um novo método foi adotado para tornar viável a aplicação dos AGs, como pode-se ver em [Bhandarkar (1993)], [Ayala-Ramirez et al. (2006)], [Wang Min (2005)] e [Sappa (2001)]. A grande diferença da utilização de AGs em processamento de imagens, comparado a outras áreas, é a necessidade do relacionamento entre as soluções que compõem a solução ótima. Outra adaptação é em relação aos genes, que não são mais bits, mas sim valores que são compreendidos entre 0 (zero) e 1. A causa disso é a necessidade do tratamento da IRM em tons de cinza, uma vez que com o processo de binarização perde-se muitas características e informações da imagem original.

No método de detecção de bordas, a população inicial do AG não pode ser definida por um ponto num conjunto de coordenadas x e y , mas sim por uma imagem que deve estar dentro do espaço de soluções. Normalmente, imagina-se que a população inicial é a própria imagem de entrada. No entanto, segundo Bhandarkar [Bhandarkar (1993)], utilizando como população inicial esta imagem, tem-se o risco de duplicar a quantidade de gerações até a solução ótima (tornando o algoritmo mais lento e mais custoso) e, em alguns casos, tal imagem sequer se encontra dentro do espaço de soluções do problema, tornando impossível a otimização da mesma. Por estes dois motivos costuma-se usar a imagem pré-processada com o filtro high-boost. Este filtro pode ser considerado uma extensão do passa-alta, com a diferença de manter algumas componentes de baixa frequência para ajudar na interpretação da imagem. Então, para obter a filtragem high-boost, multiplica-se a imagem original por uma constante de amplificação A e a seguir subtrai-se desta, a imagem processada com o filtro passa-baixa:

$$\begin{aligned} HighBoost &= A * Original - PassaBaixa, \\ HighBoost &= (A - 1).Original + Original - PassaBaixa, \\ HighBoost &= (A - 1).Original + PassaAlta. \end{aligned} \quad (1)$$

Neste caso, se $A = 1$ tem-se um filtro passa-alta. Quando $A \neq 1$, parte da imagem original é apresentada na saída, o que permite recuperar parte das componentes de baixa-frequência perdidas na operação de filtragem passa-alta. Na Figura 5 tem-se um exemplo de aplicação dos filtros passa-alta (b) e high-boost (c). Nota-se que na filtragem high-boost manteve-se mais detalhes da imagem original.

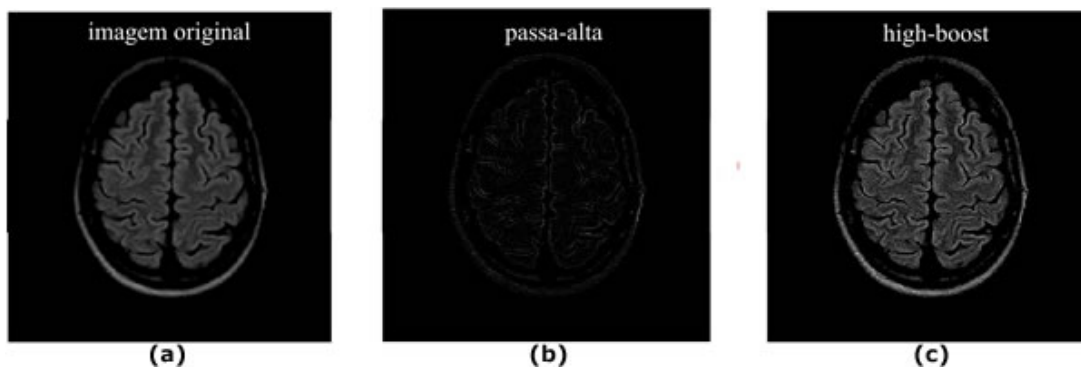


Figura 5: Imagem original (a) filtrada com passa-alta (b) e *high-boost* (c).

Espera-se do método de segmentação de IRMs, que a solução deve evoluir para um caminho que leve ao melhor resultado. Diante disso, no método proposto neste trabalho, considera-se

o retorno do operador de Prewitt [Gonzalez et al. (2003)], como a possível solução para o problema.

O fato de trabalhar com imagens em tons de cinza (e não binarizadas), tornou necessário estabelecer parâmetros de controle para permitir o uso de AG no processamento das imagens originais. O ARM (Aptidão Relativa Máxima) e o VMD (Valor Máximo Destoante) são dois parâmetros que relacionam-se entre si. O VMD é o valor máximo que um pixel x,y da imagem de entrada pode se diferenciar do pixel x,y da imagem de possível solução. O ARM é o número máximo de pixels que pode ter excedido o VMD em um cromossomo, sem que haja a necessidade de se fazer a operação de cruzamento. O VMD foi obtido calculando-se a maior diferença de valores entre dois pixels de uma mesma coordenada (um da população inicial e outro da possível solução, no primeiro passo do algoritmo) e então se dividindo por 2.

O cruzamento e a mutação dos indivíduos em algoritmos genéticos é sem dúvida a parte mais importante no funcionamento do algoritmo. Estas duas atividades são responsáveis pela criação dos novos indivíduos que formarão a solução ótima no futuro. O cruzamento entre dois indivíduos é definido por [Gudmundsson (1998)] como "a alma do Algoritmo Genético". A partir dele novas gerações são obtidas e novas possibilidades são exploradas, sempre com o intuito de se chegar à solução ótima do problema. Em se tratando de processamento de imagens, existem várias maneiras de se cruzar dois indivíduos, mas todas consistem na troca de pixels entre os envolvidos.

Na Figura 6 tem-se o resultado do modo de cruzamento utilizado neste trabalho. A partir do primeiro pixel da imagem de entrada, os valores são trocados pelo valor do pixel de um cromossomo selecionado randomicamente, caminhando de 2 em 2 pixels até o fim do cromossomo. O novo cromossomo 106 (c) já faz parte da nova geração de indivíduos. O mesmo procedimento é feito com todos os outros cromossomos da imagem que obtiverem o valor de AR maior que o valor de ARM. Após isso, é chamada uma função probabilística que define a ocorrência ou não de mutação.

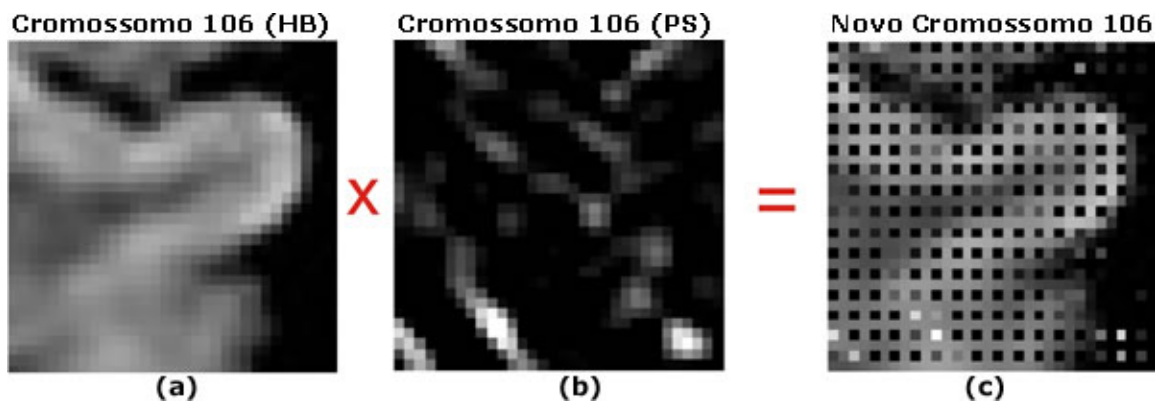


Figura 6: Função de cruzamento.

A mutação consiste em uma operação definida por probabilidade que tem dois objetivos claros: manter a diversidade da população e evitar que as soluções converjam rapidamente para os mínimos locais. O número de pixels a sofrerem mutação está associado à resolução da imagem em questão. Uma alternativa é usar como limite o número da quantidade de cromossomos em uma dimensão da imagem, como proposto por Wang [Wang Min (2005)]. No caso deste trabalho, todas as imagens utilizadas têm 16 x 16 cromossomos. Portanto foi usado o número de 16 genes mutantes. No caso de imagens retangulares, é aconselhável usar o menor número das duas dimensões da imagem, ou seja: se a imagem for de 10 x 20 cromossomos, seriam utilizados 10 genes mutantes. Um exemplo de mutação é mostrado na Figura 7. Neste caso, o

cromossomo 170 é selecionado randomicamente e 16 de seus pixels são invertidos.

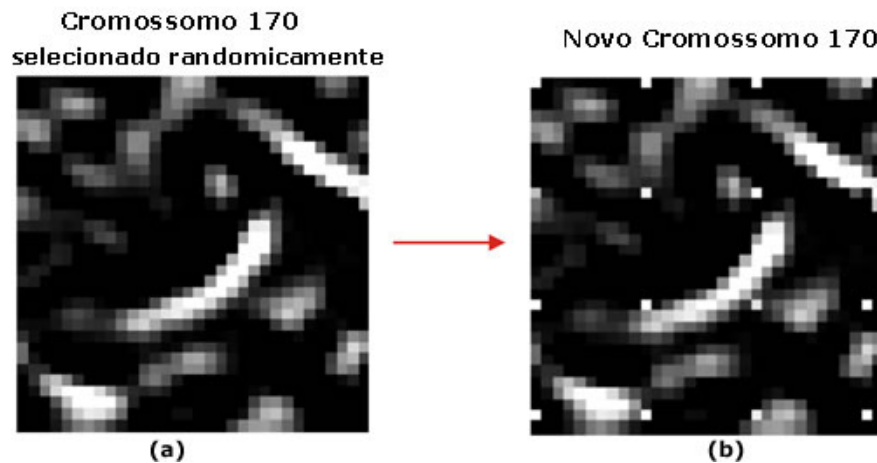


Figura 7: Exemplo de mutação.

4. Testes e resultados

Neste trabalho, usou-se áreas com dimensões de 32x32 pixels para cada cromossomo, e todas as imagens de IRMs usadas possuem resolução espacial de 512x512 pixels; um total de 256 cromossomos foram utilizados. Os testes foram feitos sobre imagens de ressonância magnética cerebral retiradas do banco de dados da clínica de radiologia Miranda e Wiermann Diagnóstico por Imagem S/C LTDA de São Caetano do Sul/SP. Todos os testes realizados obtiveram entre 400 e 440 gerações até ser atingido a solução ótima. A solução foi escolhida dentre uma amostragem de 10 imagens. O número de genes mutantes manteve-se inalterado (16 genes para todo e qualquer cromossomo). A probabilidade de mutação foi definida por uma função randômica.

Na Figura 8 tem-se o resultado da aplicação dos métodos de Prewitt e o proposto em uma imagem com tumor cerebral bem definido. Analisando os estes resultados, pode-se verificar que o método proposto obteve bom desempenho na detecção do tumor bem identificado ao passo que o operador de Prewitt também identificou o tumor, mas não em sua totalidade.

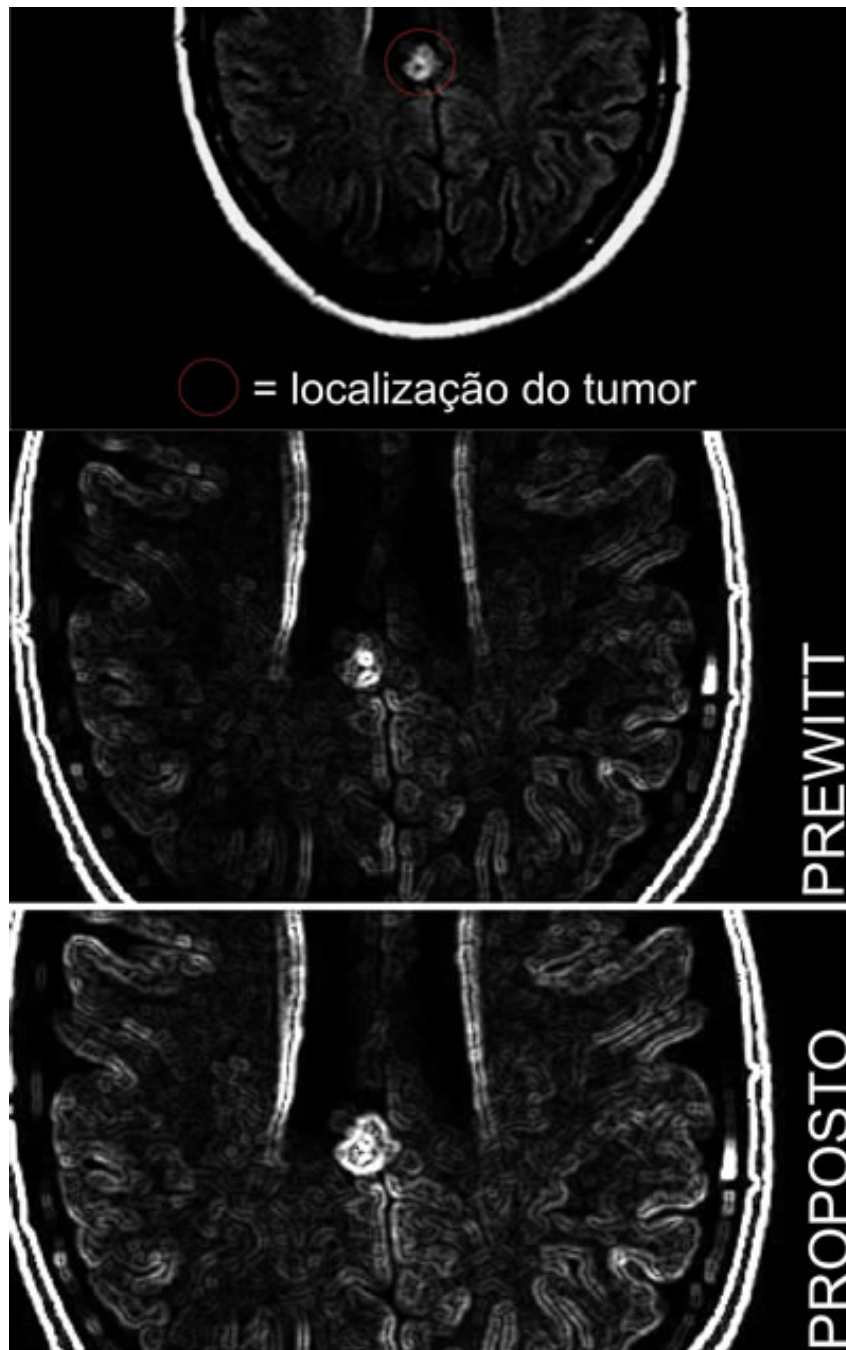


Figura 8: Resultado de aplicação do método proposto e do operador de Prewitt em uma imagem com tumor cerebral bem definido.

Na Figura 9 tem-se o resultado do método de segmentação aplicado em uma IRM com uma formação cancerígena de difícil diagnóstico. O tumor se encontra na parte superior da imagem e pode passar despercebido em um diagnóstico clínico. Após observar as imagens resultantes pode-se notar que o algoritmo se portou muito bem nesta IRM. Além de obter um nível melhor de detalhamento das estruturas cerebrais, detectou o tumor muito mais precisamente do que o método de Prewitt. Este último obteve uma fraca detecção do tumor e uma boa detecção das estruturas cerebrais.

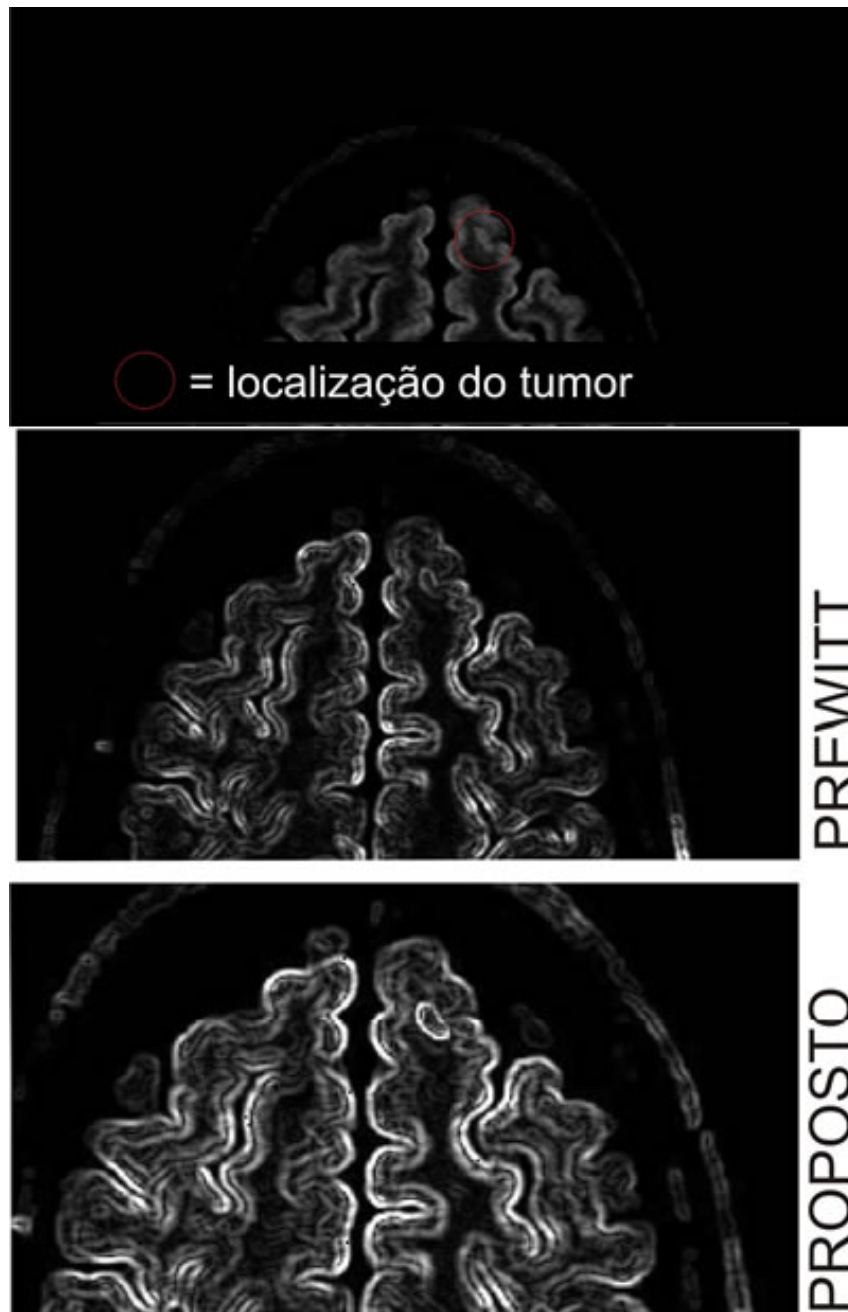


Figura 9: Resultado de aplicação do método proposto e do operador de Prewitt em uma imagem com tumor cerebral de difícil diagnóstico.

5. Conclusões

Os resultados obtidos com o método proposto foram animadores. Nas imagens com tumor bem definido, a detecção das estruturas cerebrais pelo método proposto obteve praticamente o mesmo nível da detecção por Prewitt. No entanto, nas imagens com formações cancerígenas de difícil diagnóstico, o resultado foi muito bom, pois atendeu o objetivo de detectar o tumor de difícil diagnóstico. Comparando-se com o método de Prewitt, observou-se uma grande melhora no realce da formação cancerígena, além de se portar melhor no campo da detecção das outras estruturas do cérebro.

Agradecimentos

Os autores agradecem o suporte financeiro da CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) e da FAPESP (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo).

Referências

Ayala-Ramirez, V., Garcia-Capulin, C. H., Perez-Garcia, A., & Sanchez-Yanez, R. E., 2006. Circle detection on images using genetic algorithms. *Pattern Recogn. Lett. Vol. 27*, , n. 6, pp. 652–657.

Bhandarkar, Suchenda M., Z. Y. P. W., 1993. A genetic algorithm-based edge detection technique. In *Proceedings of 1993 International Joint Conference. Vol. 3*, pp. 2995–2999.

Goldberg, D. E., 1989. *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*. Addison-Wesley Longman Publishing Co., Inc., Boston, MA, USA.

Gonzalez, R. C., Woods, R. E., & Eddins, S. L., 2003. *Digital Image Processing Using MATLAB*. Prentice-Hall, Inc., Upper Saddle River, NJ, USA.

Gudmundsson, M. El-Kwae, E. K. M., 1998. Edge detection in medical images using a genetic algorithm.

Jones, C. & Mulloy, B., 1993. Introduction to nuclear magnetic resonance.

Mühlenbein, H., 1992. How genetic algorithms really work: mutation and hillclimbing. pp. 15–26.

Mitchell, M., 1998. *An Introduction to Genetic Algorithms*. MIT Press, Cambridge, MA, USA.

Sappa, Bevilacqua V, D. M., 2001. Improving a genetic algorithm segmentation by means of a fast edgedetection technique. In *Image Processing, 2001. Proceedings. 2001 International Conference. Vol. 1*, pp. 754–757.

Wang Min, Y. S., 2005. A hybrid genetic algorithm-based edge detection method for sar image. In *Nat. Lab. of Radar Signal Process. Xidian Univ., Xi'an, China*.