

## بخش بندی پوتامن با استفاده از ممان های تغییرناپذیر هندسی و شبکه عصبی

مصطفی جبروتی مقدم<sup>1</sup> و حمید سلطانیان زاده<sup>2</sup>،<sup>3</sup> و<sup>4</sup>

<sup>1</sup> گروه مهندسی پزشکی، دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، دانشگاه تهران،  
m.jabarouti@ut.ac.ir

<sup>2</sup> گروه مهندسی پزشکی، دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، دانشگاه تهران،  
hszadeh@ut.ac.ir

<sup>3</sup> قطب علمی کنترل و پردازش هوشمند، دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر،  
دانشگاه تهران.

<sup>4</sup>Image Analysis Lab., Department of Radiology, Henry Ford Hospital, Detroit, Michigan, USA.

چکیده - در این مقاله یک روش اتوماتیک بخش‌بندی پوتامن در تصاویر تشدید مغناطیسی مغز انسان درحالت سه بعدی ارائه شده است. روش پیشنهادی شامل دو مرحله است: در مرحله اول شکل ساختار با استفاده از چند شبکه عصبی به عنوان تخمین‌گر تابع، کمی می‌شوند. در این راستا ممان‌های تغییرناپذیر هندسی استفاده می‌شود. برای این منظور، یازده ممان تغییرناپذیر از ممان‌های درجه اول، درجه دوم و درجه سوم در حالت سه بعدی محاسبه می‌گردند. خروجی مرحله اول به صورت تابع فاصله علامت‌دار است که این تابع نیز برای در نظر گرفتن شکل ساختار استفاده می‌شود. در مرحله دوم، خروجی‌های شبکه‌های مرحله اول با استفاده از شبکه عصبی دیگری با یکدیگر ترکیب می‌شوند. هدف در این مرحله طبقه بندی واکسل‌ها به دو کلاس- درون پوتامن و خارج از آن است. روش ارائه شده به قدر کافی سریع همراه با کارایی بالا است. الگوریتم ارائه شده می‌تواند برای دیگر ساختارهای مغز از قبیل کادت و هیپوکمپوس استفاده شود.

کلید واژه- پوتامن، ممان‌های تغییرناپذیر هندسی، شبکه عصبی، تابع فاصله علامت‌دار

کنترل حرکت ایفا می‌کند. تعداد زیادی از بیماریها روی پوتامن اثر می‌گذارند. این اثرات می‌تواند منجر به کاهش حجم پوتامن و نقص در شکل ساختار آن شود. بنابراین روشی با صحت و دقت بالا و اتوماتیک می‌تواند تشخیص و درمان را بهبود سازد. اما بخش‌بندی دستی توسط متخصصین بسیار زمان‌بر و ناکارآمد است. بنابراین وجود یک روش اتوماتیک کارآمد می‌تواند مشکل‌گشا باشد.

دشواری شناسایی و تشخیص ساختارهای مغز، کنتراست پایین و ناپیوسته بودن مرزهای آنها با محیط اطراف (ازجمله مایع نخاعی) است. ازطرفی ساختارهای مغز بسته به شخص، در مکان‌های مغزی و اندازه‌های متفاوت در تصویر ظاهر می‌شوند. در چنین شرایطی وجود الگوریتمی که نسبت به تبدیلات

### 1- مقدمه

تشخیص و بازشناسایی ساختارهای مهم مغز از روی تصاویر تشدید مغناطیسی (MRI) از جهات گوناگون حایز اهمیت است. شناسایی ساختارهای آناتومیکی مهم مغز یک روش غیر تهاجمی برای تشخیص، بررسی، پیشرفت بیماری، ارزیابی و درمان است. تغییرات ساختارهای مغز می‌تواند نشان از بیماری‌های مغزی از قبیل آلزایمر، پارکینسون، خیال‌پردازی، وسواس و افسردگی باشد. توانایی شناخت این بیماری‌ها و کنترل پیشرفت آنها قدم مهمی در جهت درمان خواهد بود. یکی از ساختارهای مهم مغز، پوتامن است. پوتامن قسمتی از مثلث خارجی سیستم موتوری است که نقش مهمی را در

تغییر ناپذیر باشد ضروری است. در سالهای اخیر، روشهای اتوماتیک زیادی برای شناسایی ساختارهای مغز ارائه شده است: روشهایی بر پایه اطلس واحد [1, 2, 9]، بر پایه احتمالات [3, 4, 13]، بر پایه مرز [13] و روشهایی بر پایه شکل [7, 8]. برای مثال، گوتارد و همکارانش [14] با استفاده از اطلس احتمالاتی به بخشبندی ساختارهای مغز پرداخته اند. روشهایی دیگری بر پایه روشهای فازی [13] و شبکه عصبی [4, 5, 6] ارائه شده است. در روشهای بر پایه شبکه عصبی عموماً شدت روشنایی تصاویر به عنوان ورودی شبکه عصبی استفاده می‌شود. استفاده تنها از شدت روشنایی تصاویر به علت کنتراست پایین و طبیعت نویزی تصاویر تشدید مغناطیسی نمی‌تواند کارآمد باشد [4]. برای غلبه به این مشکل، الگوریتم‌ها سعی در استفاده از روشهای شناسایی الگو می‌کنند. در [4] با استفاده از شبکه عصبی کادت، پوتامن و کل مغز بخشبندی شده است. در [5]، ابتدا تمام داده های آموزشی به اطلس واحد نگاشته می‌شوند. ورودی هر شبکه به صورت شدت روشنایی واکسل‌ها در همسایگی هر واکسل جزء داده‌های آموزشی در نظر گرفته می‌شود. خروجی شبکه به صورت  $\{-1, 1\}$  است که 1 به معنای آن است که واکسل درون ساختار و -1 به معنای آن است که واکسل بیرون ساختار است. شبکه عصبی سه لایه‌ای برای هر ساختار آموزش داده می‌شود. در [4] پاول و همکارانش الگوریتم قبلی خود را ([5]) گسترش دادند. ویژگی‌های ورودی استفاده شده در [2]، یک مؤلفه مقدار احتمال قرارگیری واکسل در ساختار مورد نظر، سه مؤلفه مربوط به مختصات هر واکسل در مختصات کروی، نه مؤلفه مربوط به شدت روشنایی در جهت ماکزیمم گرادیان، دوازده مقدار مربوط به مقادیر شدت روشنایی در 6 جهت، است. نویسنده استفاده از مقادیر ماکزیمم گرادیان را علت کم شدن تعداد مقادیر شدت روشنایی در جهت عمود بر واکسل‌ها در داده آموزشی بیان کرده است. در [15] ما استفاده از یک ویژگی ورودی جدید-

ممان‌های تغییرناپذیر هندسی را پیشنهاد کرده ایم. ممان‌های هندسی از ممان‌های درجه اول، دوم و سوم محاسبه می‌شوند. ممان‌های تغییرناپذیر هندسی همراه با شدت روشنایی واکسل‌های مجاور بردار ویژگی ورودی به شبکه عصبی را تشکیل می‌دهند. این ممان‌ها برای یک مقیاس محاسبه می‌شوند. در این تحقیق ما الگوریتم را به دو مرحله تقسیم کرده ایم. در مرحله اول ممان‌ها در شش مقیاس  $\{3, 4, 6, 8, 10, 12\}$  محاسبه می‌شوند. در هر مقیاس، این ممان‌ها همراه با شدت روشنایی واکسل‌ها به عنوان ورودی به یک شبکه عصبی استفاده می‌شوند. برای در نظر گرفتن شکل ساختار، خروجی در مرحله اول به صورت تابع فاصله علامت‌دار تعریف می‌شود. در مرحله دوم خروجی سه شبکه مرحله اول، با داده‌های مکانی بار دیگر ترکیب می‌شوند و به عنوان ورودی، به شبکه عصبی دیگری داده می‌شوند. در این مرحله خروجی به صورت  $\{-1, 1\}$  است. نتایج بدست آمده، نشان از کارایی بالای الگوریتم دارد. داده‌های استفاده شده برای آموزش شبکه نیز تعداد 10 تصویر است.

روش ارائه شده، قابلیت اعمال به دیگر ساختارهای مغز همچون هیپوکمپوس و کادت را دارد. بعلاوه سرعت بالا، صحت و دقت بالای این روش، می‌توان از آن برای پردازش تصاویر پزشکی استفاده کرد. این مقاله به صورت زیر سازماندهی شده است: در ابتدا، مرحله اول الگوریتم شرح داده شده است. سپس مرحله دوم و در انتها نتایج و جمع بندی ارائه شده است.

## 2- روش پیشنهادی

روش پیشنهادی شامل دو مرحله می‌باشد: در مرحله اول، ما شکل ساختار را با چندین شبکه عصبی کمی می‌کنیم. در این مرحله از ویژگی ورودی جدیدی به نام ممان‌های تغییرناپذیر هندسی که قادر به نمایاندن شکل ساختار است، استفاده می‌کنیم. در مرحله دوم نتایج

مرحله اول الگوریتم را بوسیله شبکه عصبی دیگری با یکدیگر ترکیب می‌کنیم، ساختار مود نظر بخش‌بندی می‌شود.

## 2-1- پیش پردازش

روش پیشنهادی نیاز به انطباق مجموعه داده‌ها به اطلس واحد دارد. ما تمام حجم‌های مجموعه داده را به اطلس MNI توسط نرم-افزار FSL [12] منطبق می‌کنیم. تمام حجم‌های منطبق شده به دو قسمت ماده سفید و ماده خاکستری توسط نرم-افزار SPM بخش‌بندی می‌شوند. ما از مجموعه داده IBSR [11] به عنوان داده‌های آموزشی و آزمایشی استفاده کرده ایم.

استفاده از اطلس در الگوریتم این امکان را به ما می‌دهد که ماسکی حاوی مجموعه واکسل‌ها با احتمال حضور بالا در ساختار مورد نظر را تعریف کنیم. برای ایجاد این ماسک، تمام داده‌های آموزشی را با یکدیگر جمع و سپس روی نتیجه یک فیلتر میانگین با شعاع 3 در فضای سه بعدی اعمال می‌کنیم. تمام واکسل‌ها با مقادیر مثبت جزء ماسک محسوب می‌شوند.

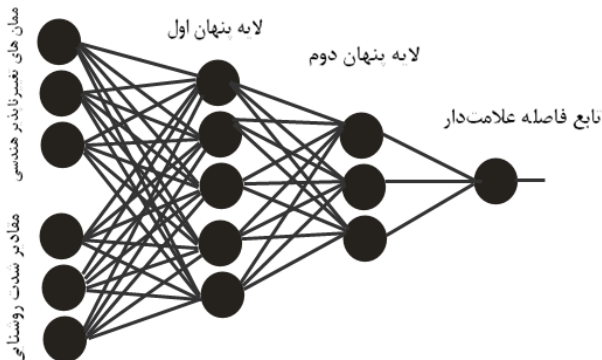
## 2-2- مرحله اول- شکل ساختار

در مرحله اول، ممان‌های تغییرناپذیر هندسی در کنار شدت روشنایی واکسل‌ها به عنوان ویژگی‌های ورودی و تابع فاصله علامت‌دار از ساختار مورد نظر به عنوان خروجی شبکه عصبی، برای شکل ساختار استفاده می‌شود. برای طراحی سیستمی که رابطه پیچیده بین ورودی و خروجی بیان شده را بدست آورد، استفاده از شبکه عصبی در راستای کار این تحقیق قرار گرفته است.

## 2-2-1- ساختار شبکه عصبی

شبکه عصبی به کار رفته در این تحقیق یک شبکه چند لایه است. برای ساختار شبکه عصبی چند لایه تعداد زیادی پیکره‌بندی موجود می‌باشد. برای مرحله اول الگوریتم برای هر مقیاس، یک شبکه عصبی با

دو لایه پنهان؛ 38 نرون در لایه ورودی (بعد فضای ویژگی ورودی)، 18 نرون در لایه پنهان اول، 8 نرون در لایه پنهان دوم و یک نرون در لایه خروجی شبکه قرار دارد (شکل 1). در مرحله اول، از شبکه عصبی به عنوان تخمین‌گر تابع استفاده می‌شود. خروجی نیز به صورت تابع فاصله علامت‌دار است که هر شبکه عصبی در یک مقیاس سعی در تخمین تابع فاصله علامت‌دار در همان مقیاس را می‌کند.



شکل 1- ساختار شبکه عصبی با دو لایه پنهان، 38 نرون در لایه ورودی، 18 نرون در لایه پنهان اول، 8 نرون در لایه پنهان دوم و یک نرون در لایه خروجی. نرون خروجی به صورت تخمینی از تابع فاصله علامت‌دار در نظر گرفته شده است.

## 2-2-2- بردار ویژگی ورودی

همانطور که قبلاً بیان شد، بردارهای ویژگی برای هر واکسل در ناحیه مورد نظر محاسبه می‌شوند. هر بردار ویژگی شامل مقادیر شدت روشنایی و ممان‌های تغییرناپذیر هستند. به طور تفصیلی، برای واکسل  $x$ ، بردار ورودی  $a(x)$  سه بردار  $[a_1(x) \ a_2(x) \ a_3(x)]$  تشکیل می‌شود که در آن  $a_1(x)$  شدت روشنایی‌ها،  $a_2(x)$  مختصات واکسل  $x$  و  $a_3(x)$  بردار ممان‌ها است.

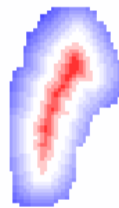
بردار  $a_1(x)$  مقادیر شدت روشنایی واکسل‌ها در همسایگی واکسل  $x$  را در بر دارد. این بردار با در نظر گرفتن واکسل‌ها در همسایگی واکسل  $x$  در جهت بردارهای عمود بر هم  $(\pm 2)$  واکسل در سه جهت  $(x, y, z)$  تشکیل می‌شود. بعد این ویژگی با احتساب شدت روشنایی خود واکسل 13 می‌باشد.

بردار  $a_2(x)$  شامل مختصات

مؤلفه برای تصاویر ماده خاکستری و 11 مؤلفه برای تصاویر ماده سفید، برابر 38 خواهد شد.

### 2-2-3- ویژگی خروجی

در این تحقیق، از ترفند دیگری برای نمایاندن شکل ساختار استفاده شده است. این ترفند استفاده از تابع فاصله علامت‌دار است. تابع فاصله علامت‌دار یک مجموعه از توابع تفصیلی برای در نظر گرفتن شکل ساختار است. این تابع به صورت مثبت در بیرون ساختار، منفی در درون ساختار و صفر بروی مرز تعریف می‌شود. مقدار آن برای هر نقطه به صورت فاصله اقلیدوسی آن نقطه تا نزدیکترین نقطه روی مرز است. در شکل 2 نمونه‌ای از این تابع نشان داده شده است.



شکل 2- تابع فاصله علامت‌دار یکی از داده‌های آموزشی. قرمز نمایانگر منفی و آبی نمایانگر مثبت است. مقادیر مثبت بین [0 1] و مقادیر منفی بین [-1 0] مقیاس شده‌اند.

### 2-2-4- آموزش شبکه عصبی

شبکه‌های عصبی در مرحله اول توسط تمام واکسل‌های در داخل ماسک آموزش می‌بینند. جذر میانگین مربعات خطا محاسبه می‌شود و آموزش تا هنگامی که این معیار به حالت حدی خود نزدیک شود، ادامه می‌یابد. آموزش هر شبکه عصبی در حدود 1 روز طول می‌کشد. اما این زمان زیاد برای یک بار است. بعد از آموزش شبکه‌ها جواب نهایی در چند دقیقه محاسبه می‌شود.

### 2-3- مرحله دوم - طبقه بندی

هر خروجی مرحله اول الگوریتم، توانایی در شناسایی قسمتی از پوتامن را دارا می‌باشند. این 6 خروجی در مرحله بعد

واکسل در مختصات کارتیزین می‌باشد. بعد این ویژگی بالطبع 3 می‌باشد. بردار  $a_3(x)$  شامل ممان‌های

تغییرناپذیر هندسی می‌باشد. در [10] به صورت صریح، یازده ممان تغییرناپذیر معرفی شده است که از ممان‌های درجه اول، درجه دوم و درجه سوم بدست می‌آیند. آنها از ممان‌های مختلط استفاده می‌کنند. ممان‌های مختلط به صورت ترکیب خطی ممان‌ها با ضرایب مختلط است.

ممان‌های تغییرناپذیر به صورت زیر بدست می‌آیند. فرض کنید مرکز سیستم مختصات به واکسل  $x$  منتقل شود. تحت این فرض، ممان منظم در حالت سه‌بعدی از مرتبه  $(p+q+r)$  از تابع عضو

$$f_{tissue}(x_1, x_2, x_3) = \{gray\ matter, white\ matter\}$$

صورت زیر تعریف می‌شود:

$$M_{p,q,r} = \iiint_{(x_1)^2+(x_2)^2+(x_3)^2 < R^2} x_1^p x_2^q x_3^r f_{tissue}(x_1, x_2, x_3) dx_1 dx_2 dx_3 \quad (1)$$

که در آن  $R$  شعاع کره‌ی حول واکسل- $x$  است. به علت پیچیدگی فرمولها، فقط ممان‌های مرتبه اول و دوم نشان داده شده است:

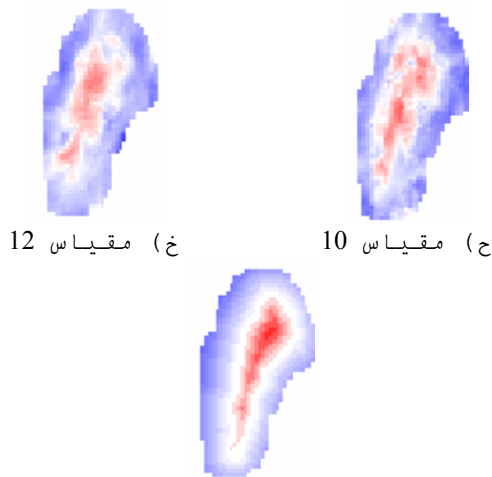
$$I_1 = M_{2,0,0} + M_{0,2,0} + M_{0,0,2} \quad (2)$$

$$I_2 = M_{2,0,0}M_{0,2,0} + M_{2,0,0}M_{0,0,2} + M_{0,2,0}M_{0,0,2} - M_{1,0,1}^2 - M_{1,1,0}^2 - M_{0,1,1}^2 \quad (3)$$

$$I_3 = M_{2,0,0}M_{0,2,0}M_{0,0,2} - M_{0,0,2}M_{1,1,0}^2 + 2M_{1,1,0}M_{1,0,1}M_{0,1,1} - M_{0,2,0}M_{1,0,1}^2 - M_{2,0,0}M_{0,1,1}^2 \quad (4)$$

در این تحقیق، 6 مقدار {3, 4, 6, 8, 10, 12} برای  $R$  در نظر گرفته شده است. در نظر گرفتن تعداد بیشتری مقیاس می‌تواند اطلاعات بیشتری را نسبت به ساختار مورد نظر به ما بدهد. ما در این تحقیق شش مقیاس برای در نظر گرفتن قسمت‌های مختلف پوتامن در نظر گرفتیم برای مثال مقیاس 4 برای شناسایی قسمت انتهایی پوتامن و مقیاس 12 برای شناسایی نواحی پرت‌ر پوتامن استفاده شده است.

بعد ویژگی ورودی با احتساب مؤلفه برای شدت روشنایی‌ها، 3 مؤلفه برای مختصات واکسل، 11



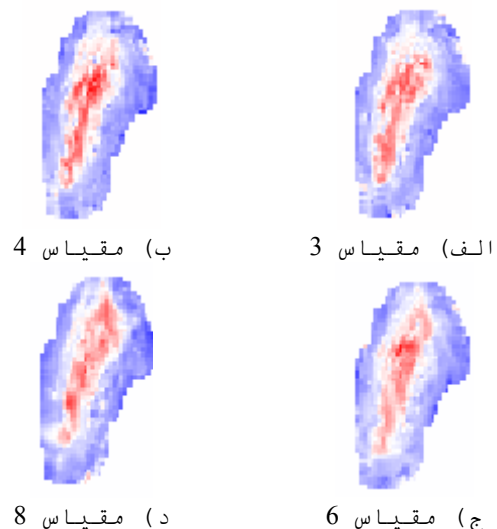
باید به گونه ای ترکیب شوند. در این تحقیق این 6 خروجی با مقادیر شدت روشنایی بار دیگر توسط یک شبکه عصبی ترکیب می‌شوند. خروجی این شبکه به صورت  $\{-1,1\}$  است که -1 به معنای آن است که واکسل بیرون از پوتامن است و 1 به معنای آن است که واکسل درون پوتامن است. شبکه عصبی آموزش داده می‌شود. سپس خروجی توسط آستانه گذاری روی مقدار صفر بدست می آید. بدین ترتیب ساختار شناسایی می شود.

## 2-4- نرم افزار

آموزش شبکه‌های عصبی توسط نرم افزار MATLAB صورت گرفته است. محاسبه ممان‌ها بعلت وقتگیر بودن توسط برنامه نویسی C انجام شده است.

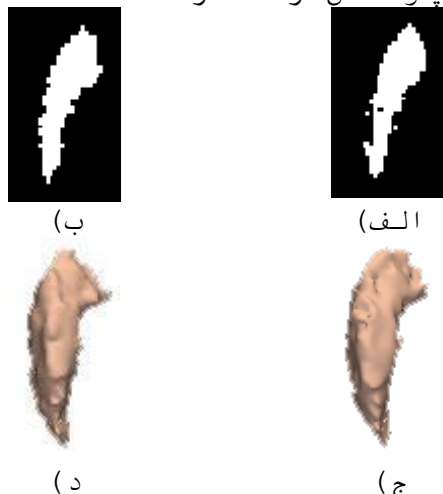
## 3- نتایج

در این تحقیق 10 داده از داده‌های IBSR برای آموزش و 8 داده برای آزمایش استفاده شده است. شایان ذکر است که ماسک ناحیه مورد نظر تقریباً 40/000 واکسل را شامل می‌شود. در نتیجه در حدود 400/000 واکسل برای داده‌های آموزشی و در حدود 320/000 واکسل برای داده‌های آزمایشی وجود دارد. از تکنیک Cross Validation برای داشتن بهترین عمومی سازی استفاده شده است. شکل 3 خروجی الگوریتم برای یکی از داده‌های آزمایش را نشان می‌دهد.



شکل 3- خروجی مرحله اول الگوریتم برای 6 مقیاس. مقیاس‌های پایین‌تر در استخراج جزئیات ساختار مناسب‌تر است. شکل آخر تابع فاصله علامت‌دار برای ساختار بخش-بندی شده توسط متخصص است.

در شکل 3 دیده می‌شود که مقیاس‌های پایین‌تر در استخراج جزئیات، مناسب‌تر هستند. در حقیقت بنابر شکل، ساختار مورد نظر هر کدام روی مقیاس خاص و در مکان خاصی از ساختار مناسب عمل می‌کنند. بعد از محاسبه خروجی مرحله اول، این خروجی‌ها با مقادیر شدت روشنایی توسط یک شبکه عصبی ترکیب می‌شوند. نتایج پایانی الگوریتم در شکل 4 نشان داده شده است. خروجی، نشان از توانایی الگوریتم در بخش-بندی پوتامن را دارد.



شکل 4- خروجی مرحله دوم الگوریتم. (الف) خروجی یک مقطع از پوتامن. (ب) تصویر بخش-بندی شده توسط متخصص. (ج) حجم پوتامن ایجاد شده توسط الگوریتم. (د) حجم بخش-بندی شده توسط متخصص.

برای ارزیابی کمی کارایی

		پیشنهادی
0.78	-	گوتارد و همکاران
-	0.77	مگنوتا و همکاران
0.92(0.02)	0.91(0.03)	پاول و همکاران

#### 4- نتیجه گیری

در این مقاله روش جدیدی برای بخش‌بندی پوتامن با استفاده از شبکه عصبی و استفاده از ویژگی ورودی جدیدی (ممان‌های تغییرناپذیر هندسی) معرفی گردید و بیان شد که روشهای مبتنی بر شدت روشنایی به تنهایی کارایی بالایی ندارند.

تابحال روشهای زیادی برای ترکیب روشهای مبتنی بر شدت روشنایی و مبتنی بر شکل برای غلبه بر ضعف الگوریتم‌های مبتنی بر شدت روشنایی ارائه شده است. در این تحقیق ما با استفاده از ممان‌های تغییرناپذیر هندسی و تابع فاصله علامت‌دار در ابتدا سعی بر یافتن شکل ساختار و سپس شناسایی آن کردیم.

روش پیشنهادی قابلیت اعمال بر روی سایر ساختارهای مغز از جمله هیپوکمپوس و کاتد را دارا است. البته، برای هر ساختار باید به طور جداگانه شبکه‌های عصبی مرحله اول و دوم را آموزش داد. بهبود دیگر افزایش تعداد مقیاس‌ها در محاسبه ممان‌ها است. در این حالت اطلاعات بدست آمده توسط مرحله اول بیشتر خواهد شد.

#### مراجع

- [1] Y. Nakazawa, and T. Saito, "Region extraction with standard brain atlas for analysis of MRI brain images", *Image Process, Proceedings of the IEEE International Conference on ICIP*, 1, 1994, pp. 387-391.
- [2] Dan V. Iosifescu, Martha E. Shenton, Simon K. Warfield, Ron Kikinis, Joachim Dengler, Ferenc A. Jolesz and Robert W. McCarley, "An automated registration algorithm for measuring MRI subcortical brain structures". *NeuroImage* 6 (1), 2002, pp. 13-25.

الگوریتم و مقایسه آن با الگوریتم‌های دیگر ما از دو معیار شباهت و تطبیق مکانی استفاده می‌کنیم. تعاریف این دو معیار در زیر آمده است:

$$\text{Similarity index} = \frac{\text{Volume}(A \cap B)}{\left\{ \frac{\text{Volume}(A) + \text{Volume}(B)}{2} \right\}} \quad (5)$$

$$\text{Spatial overlap} = \frac{\text{Volume}(A \cap B)}{\text{Volume}(A)} \quad (6)$$

این دو معیار، معیار رایج برای مقایسه کمی الگوریتم‌ها می‌باشد.

جدول 1 نتایج حاصل از 8 داده آزمایشی را ارائه می‌کند. نتایج مگنوتا و همکارانش و پاول و همکارانش نیز آورده شده‌اند. متأسفانه مجموعه داده استفاده شده توسط آنها IBSR نبوده است. با توجه به مطالب اظهار شده در مقاله تصاویر آنها با تصاویر با رزولوشن بالا است که این خود یک وجه تمایز با داده استفاده شده در الگوریتم پیشنهادی است. نکته دیگر اینکه تعداد داده‌های آموزشی آنها در حدود 30 حجم برای پوتامن بوده است. الگوریتم پیشنهادی فقط از 10 حجم استفاده می‌کند. همچنین الگوریتم ما با روش گوتارد و همکارانش مقایسه شده است. آنها از مجموعه داده IBSR استفاده کردند. نتایج کارایی بالاتر روش پیشنهادی را نشان می‌دهد. الگوریتم پیشنهادی با روش قبلی نیز مقایسه شده است. گرچه تطبیق مکانی اندکی کمتر است اما معیار شباهت و تطبیق مکانی به یکدیگر نزدیکتر شده‌اند و معیار شباهت از الگوریتم قبلی بهتر شده است. علاوه بر آن، در الگوریتم پیشنهادی آستانه‌گذاری در مقدار صفر به طور خودکار انجام شده است، در صورتی که در روش قبلی آستانه‌گذاری به طور تجربی بدست آمده بود.

جدول 1- معیارهای مقایسه کمی الگوریتم

معیار	تطبیق مکانی	شباهت
الگوریتم قبلی	0.88(0.05)	0.85(0.02)
الگوریتم	0.86(0.04)	0.87(0.02)

- [14] S. Gouttard, M. Styner, S. Joshi, R.G. Smith, H. Cody, G. Gerig, "Subcortical Structure Segmentation using Probabilistic Atlas Priors", *Proc. SPIE*, 6512, 2007.
- [15] M. Jabarouti Moghaddam, R. Rahmani, H. Soltanian-Zadeh, "Automatic Segmentation of Putamen using Geometric Moment Invariants", *the 15<sup>th</sup> Iranian Conference on Biomedical Engineering*, Mashad, Iran, 2009.
- [3] B. Fischl, D. Salat, E. Busa, M. Albert, M. Dieterich, C. Haselgrove, A. van der Kouwe, R. Killiany, D. Kennedy, S. Klaveness, "Whole brain segmentation: automated labeling of neuroanatomical structures in the human brain", *Neuron* 33 (3), 2002, pp. 341–355.
- [4] Stephanie Powell, Vincent A. Magnotta, Hans Johnson, Vamsi K. Jammalamadaka, Ronald Pierson and Nancy C. Andreasen, "Registration and machine learning-based automated segmentation of subcortical and cerebellar brain structures", *NeuroImage* 39, 2008, pp. 238–247.
- [5] Vincent A. Magnotta, D. Heckel, N.C. Andreasen, T. Cizadlo, P.W. Corson, J.C. Ehrhardt, W.T. Yuh, "Measurement of brain structures with artificial neural networks: two- and three-dimensional applications", *Radiology* 211 (3), 1999, pp. 781–790.
- [6] Yang Li, T.S. Tan, I. Volkau and Wieslaw L. Nowinski, "Model-Guided Segmentation of 3D Neuroradiological Image Using Statistical Surface Wavelet Model", *Computer Vision and Pattern Recognition CVPR*, 2007, pp. 1-7.
- [7] N. Duta and M. Sonka, "Segmentation and Interpretation of MR Brain Images: An Improved Active Shape Model", *IEEE Trans. Med. Imag.* 17(6), 1998, pp. 1049–1062.
- [8] G.J. Grevera and J.K. Udupa, "Shape-based interpolation of multidimensional grey-level images", *IEEE Trans. Med. Imaging* 15, 1996, pp. 881–892.
- [9] Talairach, J., P. Tournoux, *Co-Planar Stereotaxic Atlas of the Human Brain*, Stuttgart, Germany, 1998.
- [10] C.H. Lo, H.S. Don. "3-D Moment Forms: Their Construction and Application to Object Identification and Positioning". *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 11(10): 1053-1064, Oct. 1989.
- [11] The Internet Brain Segmentation Repository (IBSR), <http://www.cma.mgh.harvard.edu/ibsr/>.
- [12] A.J. Bartsch, M. Bendszus, N. De Stefano, G. Homola, and S. Smith., "Extending SIENA for a multi-subject statistical analysis of sample-specific cerebral edge shifts: Substantiation of early brain regeneration through abstinence from alcoholism", *In Tenth Annual Meeting of the Organization for Human Brain Mapping*, 2004.
- [13] Amini, L. Soltanian-Zadeh, H. Lucas, C. and M. Gity, "Automatic segmentation of thalamus from brain MRI integrating fuzzy clustering and dynamic contours" *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 51, 2004, pp. 800–811.