



ایجاد تصویر با استفاده از الگوریتم ژنتیک در توموگرافی با فوتون‌های کامپتون

صالح اشرفی*، اختای جهانبخش، داود علیزاده، سمیه اعلائی

دانشگاه تبریز، دانشکده فیزیک

چکیده:

توموگرافی بوسیله فوتونهای پراکنده شده کامپتون بطور گسترده‌ای در صنعت و پزشکی برای تصویربرداری از درون اجسام مورد استفاده قرار می‌گیرد. در این مقاله الگوریتم جدیدی بر پایه الگوریتم ژنتیک برای بازسازی تصاویر از داده‌های ثبت شده توسط آشکارساز پیشنهاد نموده‌ایم. نتایج بدست آمده نشانگر قابل استفاده بودن این الگوریتم در تصویربرداری داخلی از اجسام می‌باشد.

کلمات کلیدی: الگوریتم ژنتیک، توموگرافی کامپیوتری، پراکندگی کامپتون

۱- مقدمه

یکی از روشهای متداول در انجام تستهای غیر مخرب (NDT) و انجام توموگرافی صنعتی استفاده از فوتونهای کامپتون پراکنده شده از ماده می‌باشد. با این روش می‌توان هرگونه غیر یکنواختی موضعی موجود در جسم را مطالعه نمود و با استفاده از فوتونهای پراکنده شده، تصویری از درون اجسام تهیه نمود [۱-۲]. الگوریتم‌های مختلفی برای بازسازی تصاویر از اطلاعات گرفته شده از آشکارساز و بهبود کیفیت تصاویر ایجاد شده اند و تلاشهای زیادی برای توسعه و افزایش راندمان این الگوریتم‌ها صورت می‌پذیرد [۳-۴]. در این مقاله ما روشی بر اساس الگوریتم ژنتیک را برای ایجاد تصاویر توموگرافیک از درون اجسام پیشنهاد کرده‌ایم. بسیاری از الگوریتم‌های مورد استفاده برای بازسازی تصاویر، بر پایه تکنیک‌های بهینه‌سازی ایجاد شده‌اند که یکی از ایرادات عمده این روش‌ها امکان افتادن در بهینه‌های محلی است. الگوریتم‌های بر پایه روشهای تحلیلی بسیار پیچیده بوده و هنگامی که تعداد متغیرهای مسئله زیاد باشد حل آنها بسیار زمان‌بر و در برخی موارد غیر قابل حل می‌باشد. الگوریتم‌هایی بر پایه روشهای تصادفی به علت ساختار ساده آن و امکان درک آسان توسط کامپیوتر گزینه مناسبی برای اینگونه مسائل با متغیرهای زیاد می‌باشد. الگوریتم ژنتیک یکی از روشهای آماری جستجو است که از یک جمعیت اولیه تصادفی از جواب‌ها شروع کرده و بر پایه تئوری تکامل تدریجی و با بکارگیری عملگرهای ژنتیک به جواب بهینه می‌رسد. این روش توانایی حل مسائل بهینه‌سازی غیرخطی با متغیرهای پیوسته و گسسته را دارد و بر خلاف بسیاری از روشهای کلاسیک، قابلیت دستیابی به جواب بهینه سراسری را نیز دارد [۵].



۲- پراکندگی کامپتون:

فرآیند پراکندگی کامپتون برهمکنشی است ما بین فوتون و یک الکترون آزاد. در این واکنش فوتون فرودی قسمتی از انرژی خود را به الکترون داده و فوتون جدیدی با انرژی کمتر و در مسیر متفاوتی ایجاد می‌شود. تعداد فوتون‌های یکبار پراکنده شده از حجم dV در زاویه فضایی $d\Omega$ از رابطه زیر به دست می‌آید:

$$\psi = \Phi \cdot \rho N_A \frac{Z}{A} \exp\left(-\int_{l_1} \rho \sigma_c(E) dl\right) \frac{d\sigma^{KN}}{d\Omega} \exp\left(-\int_{l_2} \rho \sigma_c(E) dl\right) dV d\Omega \quad (1)$$

Φ شار فوتونی اولیه، N_A عدد آووگادرو، ρ ، Z و A چگالی، عدد اتمی و جرمی ماده پراکنده، $\frac{d\sigma^{KN}}{d\Omega}$ سطح مقطع کلین‌نشینا و $\sigma_c(E)$ و $\sigma_c(E_0)$ سطح مقطع پراکندگی کامپتون در انرژی اولیه و انرژی پس از پراکندگی می‌باشد [۶]. برای یک چیدمان معین از چشمه، هدف، آشکارساز و حفاظ، سطح مقطع کلین-نشینا، عدد اتمی و جرمی و سطح مقطع پراکندگی کامپتون ثابت هستند، پس رابطه فوق را می‌توان بصورت زیر نوشت

$$[\psi] = [A(\rho)] [\rho] \quad (2)$$

یعنی تعداد فوتونهای پراکنده شده از المان مورد بررسی مستقیماً به چگالی ماده وابسته است

۳- اندازه گیری تجربی:

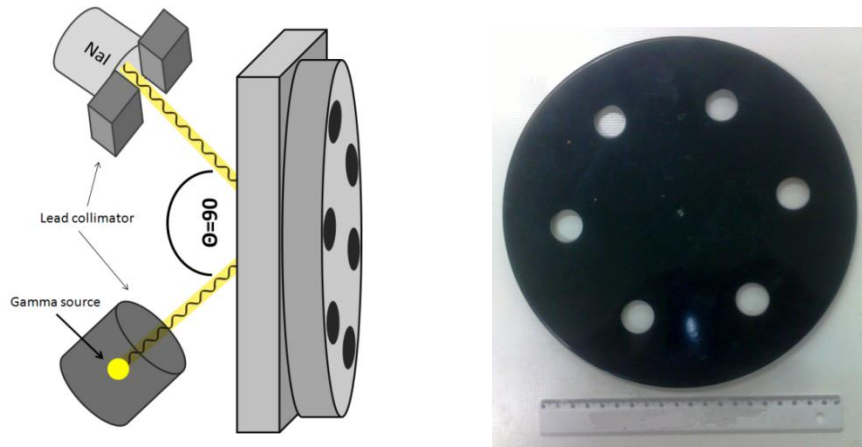
در این کار از یک چشمه ^{137}Cs با اکتیویته ۶ mCi استفاده شده است. سیستم آشکارسازی شامل یک سوسوزن یدور سدیم NaI(Tl) به ابعاد $3 \text{ in} \times 3 \text{ in}$ می‌باشد که به منظور ثبت پرتوهای پراکنده شده از نمونه بکار رفته است. سیستم تجربی آزمایش را مطابق شکل ۱ شبیه سازی و برپا نموده و طیف حاصل از فوتون‌های پراکنده شده، تحت زاویه ۹۰ درجه را اندازه گیری می‌کنیم. نمونه مورد آزمایش یک دیسک آلومینیومی به ضخامت ۱۰ میلیمتر بود که شش سوراخ به شعاع یک سانتیمتر در آن ایجاد شده بود و در پشت یک ورق آلومینیومی به ضخامت ۱۰ mm قرار داشت. هدف در این آزمایش تصویر برداری از محل و اندازه حفره ها بود.

۴- بازسازی تصویر:

در مواردی که هدف توموگرافی پیدا کردن ماده‌ای با چگالی معلوم ρ_1 درون ماده‌ای با چگالی معلوم ρ_2 باشد (حفره درون قطعات ریخته‌گری شده یا استخوان درون بافت) چگالی متوسط برای هر المان بصورت زیر تعیین می‌شود:

$$\rho_i = \beta_i \rho_1 + (1 - \beta_i) \rho_2 \quad (3)$$

که در آن β کسری از حجم المان مورد بررسی است که توسط ماده با چگالی ρ_2 پر شده است. این پارامتر بین صفر تا یک تغییر می‌کند و $\beta = 1$ به این معنی است که تمامی ماده درون المان مورد نظر از نوع ρ_2 می‌باشد.



شکل ۱: چیدمان تجربی آزمایش و قطعه مورد آزمایش

در اینصورت برای مقادیر معین ρ_1 و ρ_2 ، ماتریس A فقط به پارامتر β بستگی خواهد داشت و رابطه ۲ بصورت زیر تبدیل خواهد شد:

$$[\psi] = [A(\beta)] [\beta\rho_1 + (1 - \beta)\rho_2] \quad (4)$$

که β و 1 بردارهای ستونی هستند. برای داشتن پروفایلی از چگالی از درون اجسام، باید پارامتر β برای تمامی نقاط محاسبه شود. تابع باقیمانده را بصورت زیر تعریف می کنیم:

$$r_i = f_i - A_i(\beta) [\beta\rho_1 + (1 - \beta)\rho_2] \quad (0 \leq \beta_i \leq 1) \quad (5)$$

که اختلاف بین تعداد فوتونهای اندازه گیری شده f_i و مقادیر پیش بینی شده توسط مدل ψ_i ، است. بهترین مقادیر β هنگامی بدست می آید که مجموع مربع خطاها $R(\beta)$ کمینه مقدار شود:

$$R(\beta) = \sum_i r_i^2 \quad (6)$$

برای کمینه کردن $R(\beta)$ و تعیین مقادیر بهینه β ، ما از الگوریتم ژنتیک استفاده نمودیم.

الگوریتم ژنتیک رهیافتی است که تکامل طبیعی موجودات را الگو قرار می دهد. این روش تقلیدی از فرایند تکامل با استفاده از الگوریتم های کامپیوتری است. ورودی الگوریتم ژنتیک تعداد ثابتی از جمعیت اولیه کروموزوم ها است که بصورت تصادفی ایجاد شده اند. تعدادی از این کروموزوم ها به عنوان والدین انتخاب می شوند و بعد از تزویج تولید نسل جدیدی می کنند. برای جلوگیری از افتادن در بهینه های محلی، عملگر جهش برای تعدادی از فرزندان اعمال می شود که بصورت تصادفی تعدادی از ژن های کروموزوم را تغییر می دهد. اعضای جدید با اعضای قدیمی مقایسه شده و اعضای ضعیفتر حذف می شوند و دوباره همین عمل برای اعضای باقی مانده تکرار می شود تا جایی که تابع هزینه برای کروموزوم ها به کمینه مقدار برسد.

در این کار الگوریتم ژنتیک پیوسته (CGA) و گسسته (BGA) با پارامترهای یکسان مانند جمعیت اولیه، نحوه انتخاب والدین، نحوه تزویج استفاده گردید که نحوه تعریف متغیرها و نحوه ادغام و نوع جهش در آنها متفاوت بود [۷]. در CGA هر ژن در کروموزوم یک عدد حقیقی است و در BGA متغیرها بصورت زیر ساخته می شوند:

$$\beta_i = \beta_{imin} + (\beta_{imax} - \beta_{imin}) \times d_{g_i} / (2^{N_g} - 1) \quad (7)$$

که N_g تعداد بیت ها در هر ژن، d_{g_i} ژن i ام رمزگشایی شده که از صفر تا $2^{N_g} - 1$ تغییر می کند، β_{imax} و β_{imin} مقادیر کمینه و بیشینه پارامتر β هستند [۱۹]. در این مقاله مقدار $N_g=10$ انتخاب گردیده است. در BGA صد بیت از والدین جفت شده تعویض شده و دو فرزند جدید بوجود آمدند. در CGA فرزندان بطریق زیر ایجاد شدند:

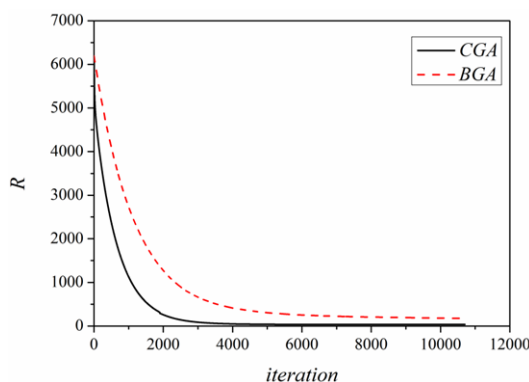
$$Offspring_1 = parent_1 - [\tau_1 (\beta_{m_1} - \beta_{d_1}), \tau_2 (\beta_{m_2} - \beta_{d_2}), \dots, \tau_{N_{var}} (\beta_{m_1} - \beta_{d_1})] \quad (8)$$

$$Offspring_2 = parent_1 + [\tau_1 (\beta_{m_1} - \beta_{d_1}), \tau_2 (\beta_{m_2} - \beta_{d_2}), \dots, \tau_{N_{var}} (\beta_{m_1} - \beta_{d_1})] \quad (9)$$

که β_{dn} و β_{mn} متغیر n ام در کروموزومهای مادر و پدر هستند و τ_n یک عدد تصادفی مستقل است. برای ایجاد جهش تعدادی از اعضا بطور تصادفی انتخاب شدند و برای BGA یکی از بیتها بطور تصادفی از یک به صفر یا برعکس تغییر یافت و برای CGA یک عدد تصادفی به متغیر انتخاب شده اضافه گردید [۸].

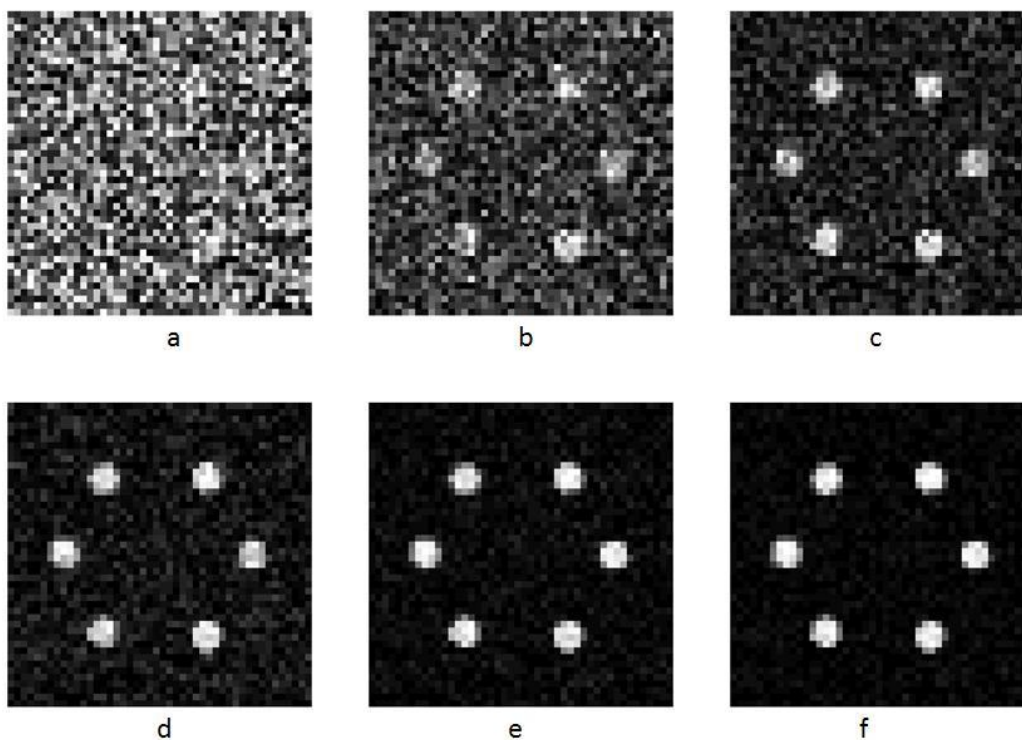
۵- نتایج:

مقادیر بهینه برای β از کمینه کردن پارامتر R بدست می آید بنابراین مقادیر R برای هر تکرار در BGA و CGA محاسبه گردید. همانطور که در شکل ۲ نشان داده شده است برای تعداد تکرار مساوی خطای CGA کمتر BGA بوده و خطا در CGA سریعتر به صفر همگرا می شود لذا بهتر است برای ادامه کار این الگوریتم انتخاب شود.



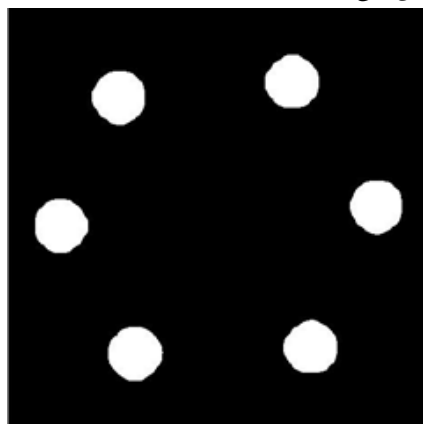
شکل ۲: مقادیر پارامتر R در هر تکرار برای CGA و BGA

در فرایند بازسازی تصویر پارامترهای معلوم طیف اندازه گیری شده توسط آشکارساز و پارامترهای مجهول، مقدار β برای هر المان است. مقدار β برای هر المان از نمونه توسط الگوریتم CGA محاسبه گردید. شکل ۳ تصویر بدست آمده را برای تکرارهای مختلف نشان می دهد. تصویر مشاهده شده از ۲۱۱۶ طیف اندازه گیری شده ایجاد شده است.



شکل ۳: تصاویر بدست آمده در تکرار (a) ۵۰۰ (b) ۱۰۰۰ (c) ۲۰۰۰ (d) ۳۰۰۰ (e) ۴۰۰۰ (f) ۵۰۰۰

رنگ سفید نشان‌دهنده چگالی صفر و رنگ سیاه چگالی بیشینه که در اینجا $2/\sqrt{\text{gr cm}^{-3}}$ می‌باشد و سایر رنگهای خاکستری عددی در این بازه می‌باشد. این نتایج نشان‌دهنده امکان استفاده از این روش در توموگرافی با تابش گاما است. همانطور که در شکل ۳ دیده می‌شود حفره‌های موجود در ماده کاملاً قابل تشخیص می‌باشد. با توجه به اینکه تعدادی عوامل مخرب مانند پراکندگی‌های چندگانه و نویزهای الکتریکی وجود دارند که باعث خرابی تصویر می‌شوند لذا از الگوریتم واپیچش کور (blind deconvolution) نرم افزار MATLAB برای بهبود کیفیت تصویر استفاده کردیم که نتیجه در شکل ۴ نشان داده شده است. این الگوریتم بدون داشتن اطلاعاتی از نوع نویز موجود، کیفیت تصویر را افزایش می‌دهد.



شکل ۴: تصویر بازسازی شده پس از اعمال الگوریتم واپیچش کور

۶- بحث و نتیجه گیری:

در این مقاله مایک روش جدید برای بازسازی تصاویر برپایه الگوریتم ژنتیک پیشنهاد کردیم. مشاهده شد که برای تعداد تکرار یکسان، الگوریتم ژنتیک پیوسته خطای کمتری دارد و مقدار خطا سریعتر به صفر میل می‌کند. نتایج بدست آمده نشان از کاربردی و عملی بودن این الگوریتم در تصویر برداریهای صنعتی و پزشکی می‌باشد.

۷- منابع:

- [۱] Arvind D. Sabharwal, B.S. Sandhu, B. Singh, " Investigations of effect of target thickness and detector collimation on ۶۶۲ keV multiply backscattered gamma photons" Radiat. Meas. ۴۴, ۴۱۱-۴۱۴, ۲۰۰۹.
- [۲] Wang, J. Wang, Y. Chi, Z. "Continuous reconstruction of density image from Compton scattered spectra with neural network " IEE Proc.-Sci. Meas. Technol. ۱۴۶, ۲۳۵ - ۲۳۹, ۱۹۹۹.
- [۳] G. N. Ramachandran and A. V. Lakshminarayanan. Three dimensional reconstruction from radiographs and electron micrographs: Application of convolution instead of Fourier transforms. Proc. Nat. Acad. Sci, Vol. ۶۸, pp. ۲۲۳۶-۲۲۴۰, ۱۹۷۱.
- [۴] S.M. Kim, J.S. Lee and S.J. Lee "Fully Three-Dimensional Image Reconstruction for Compton Imaging Using Ordered Subsets of Conical Projection Data", IEEE Nuclear Science Symposium Conference Record, M۱۳-۲۷۳, ۲۰۰۷.
- [۵] S.N. Sivanandam · S.N. Deepa 'Introduction to Genetic Algorithms" Springer-Verlag Berlin Heidelberg, ۲۰۰۸.
- [۶] Evans RD, "The Atomic nucleus" McGraw-Hill, New-York, ۱۹۵۵.
- [۷] H. Aytug, G.J. Koehler, Stopping criteria for finite length genetic algorithms, ORSA Journal on Computing, ۸, ۱۸۳-۱۹۱, ۱۹۹۶.
- [۸] Aleksandra B. Djurisc "Elite genetic algorithms with adaptive mutations for solving continuous optimization problems - application to modeling of the optical constants of solids" Optics Communications, ۱۵۱, ۱۴۷-۱۵۹, ۱۹۹۸.