Femoral Bone Segmentation from MRI Using an Entropy-Adaptive Gustafson–Kessel Fuzzy Clustering Algorithm for Osteoporosis Assessment

Mohammad Kiumarsi Oskuii[1], Mousa Shamsi[*2], Ali Fahmi Jafargholkhanloo[3]

[1, 2] Department of Biomedical Engineering, Sahand University of Technology, Tabriz, Iran
[3] Department of Engineering Sciences, Faculty of Advanced Technologies, University of Mohaghegh Ardabili, Namin, Iran
* Corresponding author email: shamsi@sut.ac.ir

Abstract
In this study, the Entropy-Adaptive Gustafson–Kessel (EAGK) fuzzy clustering algorithm is proposed for automated segmentation of the femoral bone from MRI images, with the aim of quantitative assessment of bone microstructure for osteoporosis diagnosis. The proposed approach comprises three innovative components: (1) preprocessing based on anisotropic diffusion filtering to reduce inherent MRI noise while preserving anatomical edge structures; (2) an adaptive mutual-information-based weighting coefficient to suppress the influence of noisy and uncertain pixels; and (3) dynamic regulation of the controlling parameter through membership matrix entropy at each iteration, enabling automatic balance between soft and hard clustering. The EAGK algorithm was evaluated on a dataset of 284 proximal femur images, and compared against three reference methods. The EAGK achieved the highest scores across all three evaluation metrics: Dice Similarity = 86.89%, Jaccard Similarity = 76.82%, and Contour Similarity = 67.54%. A Kruskal–Wallis test confirmed statistically significant overall differences among all algorithms across all metrics ($p < 0.001$). Operating without labeled training data or advanced computational hardware, EAGK provides a practical solution for clinical environments with limited resources, while enabling extraction of quantitative bone biomarkers directly relevant to early osteoporosis detection and monitoring.

Keywords
MRI segmentation, proximal femur, osteoporosis, Gustafson–Kessel fuzzy clustering, adaptive entropy regularization.

1. Short Introduction

Quantitative analysis of bone microstructure plays an important role in osteoporosis assessment and fracture-risk evaluation. Although MRI provides valuable information about bone architecture and surrounding soft tissues, intensity inhomogeneity, imaging noise, and complex anatomical boundaries make accurate femoral segmentation challenging. Conventional fuzzy clustering methods, particularly Fuzzy C-Means (FCM), have limitations in modeling anisotropic structures, whereas deep-learning approaches generally require extensive labeled datasets and substantial computational resources. These challenges motivate the development of an adaptive, unsupervised segmentation framework capable of providing accurate and reliable femoral bone extraction.

2. Proposed Work (including design, simulation/experimental results and discussion)

An Entropy-Adaptive Gustafson–Kessel (EAGK) fuzzy clustering algorithm is developed for automated segmentation of the proximal femur in MRI images. The proposed framework extends conventional Gustafson–Kessel clustering through three complementary mechanisms. First, anisotropic diffusion filtering based on the Perona–Malik model is employed to reduce image noise while preserving important anatomical edges. Second, an adaptive weighting coefficient derived from mutual information is incorporated into the clustering objective function to reduce the contribution of noisy and uncertain pixels. Third, the clustering control parameter (ζ) is dynamically adjusted according to the entropy of the membership matrix at each iteration. This mechanism enables the algorithm to adaptively balance local information and global cluster structure throughout the optimization process.

Following clustering, morphological post-processing based on connected-component analysis and geometric descriptors is applied to identify the femoral bone region and eliminate irrelevant structures. The proposed method was evaluated using a dataset of 284 proximal femur MRI images, including 198 T1-weighted and 86 T2-weighted images, acquired from individuals aged 21–83 years. Its performance was assessed against manually segmented reference images using Dice Similarity (DS), Jaccard Similarity (JS), and Contour Similarity (CS). Three reference algorithms, namely FCM optimized by Particle Swarm Optimization (FCM-PSO), Fast and Robust FCM (FRFCM), and Residual FCM (RFCM), were used for comparison.

Experimental results demonstrated the superior overall performance of EAGK across all three evaluation metrics. The proposed method achieved median DS, JS, and CS values of 86.89%, 76.82%, and 67.54%, respectively, outperforming all reference methods. Compared with the closest-performing competitor (RFCM), EAGK improved the median scores by 0.94%, 1.90%, and 2.31% for DS, JS, and CS, respectively. The Kruskal–Wallis test revealed statistically significant overall differences among the four algorithms across all evaluation metrics ($p < 0.001$). However, after Bonferroni correction, the improvement over RFCM in CS did not reach statistical significance ($p = 0.027$). Furthermore, EAGK achieved a DS standard deviation of 6.02, indicating a favorable balance between segmentation accuracy and consistency. These findings demonstrate the effectiveness of combining information-theoretic weighting, entropy-based adaptation, and anisotropic diffusion for robust segmentation of heterogeneous femoral structures.

3. Conclusion

An entropy-adaptive Gustafson–Kessel fuzzy clustering framework was proposed for automated femoral bone segmentation from MRI images. By integrating anisotropic diffusion filtering, mutual-information-based adaptive weighting, and entropy-driven parameter regulation, the proposed method achieved superior overall performance compared with three reference algorithms. Its unsupervised nature and limited computational requirements make it a promising approach for quantitative bone analysis, particularly in resource-constrained clinical environments. Future work will focus on extending the framework to three-dimensional MRI data, improving automatic parameter optimization, and integrating extracted bone biomarkers into osteoporosis assessment systems.

بخش‌بندی استخوان فمور از روی تصاویر MRI با الگوریتم گستافسون-کسل بهبودیافته مبتنی بر تئوری اطلاعات و تنظیم تطبیقی آنتروپی جهت تشخیص پوکی استخوان

محمد کیومرثی اسکویی[1]، موسی شمسی[2*]، علی فهمی جعفرقلخانلو[3]

[1و2] دانشکده مهندسی پزشکی، دانشگاه صنعتی تبریز ، تبریز، ایران

[3] گروه علوم مهندسی، دانشکده فناوری های نوین، دانشگاه محقق اردبیلی، نمین، ایران

* آدرس پست الکترونیکی نویسنده مسئول: shamsi@sut.ac.ir

چکیده

در این پژوهش، الگوریتم خوشه‌بندی فازی گستافسون–کسل تطبیقی مبتنی بر آنتروپی (EAGK) برای بخش‌بندی خودکار استخوان فمور از تصاویر MRI با هدف ارزیابی کمی ریزساختار استخوان در تشخیص پوکی استخوان ارائه شده است. رویکرد پیشنهادی دارای سه مؤلفه نوآورانه است: (۱) پیش‌پردازش مبتنی بر فیلتر انتشار ناهمسانگرد برای کاهش نویز ذاتی MRI با حفظ لبه‌های آناتومیکی، (۲) معرفی ضریب وزنی تطبیقی مبتنی بر اطلاعات متقابل برای کاهش تأثیر پیکسل‌های نامطمئن و نویزی، و (۳) تنظیم پویای پارامتر کنترل‌کننده از طریق آنتروپی ماتریس عضویت در هر تکرار، به‌منظور تعادل خودکار میان خوشه‌بندی نرم و سخت. این مکانیزم تطبیقی موجب می‌شود الگوریتم بدون نیاز به تنظیم دستی پارامتر فازی‌شدگی، در مقابل تغییرات شدت و ناهمگنی بافتی مقاوم باشد. الگوریتم EAGK بر روی مجموعه‌ای با ۲۸۴ تصویر ناحیه پروگزیمال فمور ارزیابی و با سه روش مرجع مقایسه شد. الگوریتم پیشنهادی با کسب تشابه دایس ۸۶/۸۹٪، تشابه جاکارد ۷۶/۸۲٪، و تشابه کانتور ۶۷/۵۴٪ در هر سه معیار رتبه اول را کسب کرد. آزمون کروسکال–والیس تفاوت کلی میان الگوریتم‌ها را معنی‌دار نشان داد (p<۰/۰۰۱).

این الگوریتم بدون نیاز به داده‌ی برچسب‌دار و سخت‌افزار محاسباتی پیشرفته، قابلیت استخراج ویژگی‌های کمی استخوان را فراهم کرده و گزینه‌ای مناسب برای محیط‌های بالینی با منابع محدود است.

کلمات کلیدی
بخش‌بندی MRI؛ استخوان فمور؛ پوکی استخوان؛ خوشه‌بندی فازی گستافسون–کسل؛ تنظیم تطبیقی آنتروپی

۱- مقدمه

پردازش تصاویر پزشکی به یکی از مؤلفه‌های کلیدی در علوم و فناوری‌های سلامت تبدیل شده و پیشرفت‌های قابل‌توجهی در تشخیص، پایش و مدیریت بیماری‌های گوناگون به همراه داشته است. انواع روش‌های تصویربرداری مانند اشعه ایکس، مقطع‌نگاری محاسباتی[۱] (CT) و تصویربرداری تشدید مغناطیسی[۲] (MRI) امکان مشاهده دقیق و تحلیل کمی ساختارهای آناتومیک و شرایط پاتولوژیک را فراهم می‌کند. در اختلالات اسکلتی، روش‌های تصویربرداری اطلاعات ارزشمندی درباره یکپارچگی ساختاری، تراکم و تغییرات مورفولوژیکی استخوان فراهم می‌کنند و از این طریق امکان تشخیص زودهنگام و مداخلات درمانی به‌موقع در بیماری‌های مؤثر بر سلامت سیستم اسکلتی را فراهم می‌سازند. استخوان فمور[۳]، به‌عنوان بزرگ‌ترین و مستحکم‌ترین استخوان بدن انسان، از ساختارهای مهم در بررسی و مطالعه اختلالات اسکلتی–عضلانی به‌شمار می‌رود. بررسی استخوان فمور در تصویربرداری پزشکی نقش مهمی در تشخیص طیفی از بیماری‌ها ایفا می‌کند؛ از جمله نکروز آواسکولار سر فمور[۴] (AVNFH) که یک اختلال ایسکمیک محسوب شده و در صورت پیشرفت می‌تواند به تخریب و فروپاشی سر فمور و در نهایت نیاز به تعویض کامل مفصل لگن منجر شود [۱، ۲].

[1] Computed Tomography
[2] Magnetic Resonance Imaging
[3] Femur Bone
[4] AVascular Necrosis of the Femoral Head

تصویربرداری MRI قادر است شاخص‌هایی نظیر ادم مغز استخوان [1] در ناحیه گردن فمور، شکستگی‌های زیرغضروفی و افیوژن مفصلی را آشکار سازد که وجود و شدت آن‌ها می‌تواند به‌عنوان نشانگرهایی برای ارزیابی و پیش‌بینی روند پیشرفت بیماری مورد استفاده قرار گیرد [۳]. تومورهای استخوانی و ضایعات شبه‌توموری نیز در استخوان فمور شایع بوده و MRI با توانایی تشخیص ضایعات مغز استخوان، تعیین مرحله موضعی و برنامه‌ریزی جراحی، ابزار برتری نسبت به سایر روش‌های تصویربرداری است [۴]. بیماری پاژه در ناحیه پروگزیمال فمور نیز گزارش شده و تصویربرداری پزشکی نقش کلیدی در شناسایی تغییرات بازسازی استخوان دارد [۵]. در کودکان، بیماری لگ–کالوه–پرتس [2] (LCPD) به‌عنوان یکی از علل درد مفصل فمور شناخته شده و MRI قادر است ناهنجاری‌های ناحیه پروگزیمال فمور را پیش از بروز تغییرات قابل مشاهده در رادیوگرافی آشکار سازد و همچنین در ارزیابی وضعیت خون‌رسانی مجدد و بررسی عوارض احتمالی بیماری نقش مهمی ایفا کند [۶]. آسیب‌های استرسی دیافیز فمور در ورزشکاران، به‌ویژه با علائم مبهم درد قدامی یا داخلی فمور، با MRI با حساسیت [3] و اختصاصیت [4] بالا قابل تشخیص بوده و سیستم درجه‌بندی آن به مدیریت درمانی کمک می‌کند [۷]. همچنین، در ورزشکاران با فعالیت‌های پرضربه، گیرافتادگی فمور و استابولار و ویژگی‌های اولیه آرتروز لگن با MRI شناسایی شده و با درد لگن یا کشاله فمور مرتبط است [۸]. هیپرپاراتیروئیدیسم [5] اولیه نیز با تأثیر بر بازسازی استخوان، تغییراتی در فمور ایجاد می‌کند که تصویربرداری به تمایز آن از دیگر بیماری‌های متابولیک استخوان کمک می‌کند. شناسایی زودهنگام این ناهنجاری‌ها در فمور برای درمان به‌موقع ضروری است، به‌ویژه برای بیماری‌های پیش‌رونده‌ای که ساختار استخوان را تضعیف کرده و خطر شکستگی را افزایش می‌دهند [۹].

[1] Bone Marrow Edema
[2] Legg–Calvé–Perthes Disease
[3] Sensitivity
[4] Specificity
[5] Primary Hyperparathyroidism

پوکی استخوان نوعی اختلال سیستمیک اسکلتی بوده که با کاهش توده استخوانی و تخریب ریزساختار بافت استخوان مشخص می‌شود و در نتیجه می‌تواند استحکام و یکپارچگی ساختاری استخوان فمور را به طور قابل‌توجهی به خطر بیاندازد. این بیماری اجزای ترابکولار و کورتیکال استخوان فمور را تضعیف کرده و منجر به افزایش شکنندگی، به‌ویژه در ناحیه گردن فمور و مناطق پروگزیمال می‌شود. ماهیت پیش‌رونده پوکی استخوان نیاز به ابزارهای تشخیصی دقیق برای ارزیابی سلامت استخوان و پیش‌بینی خطر شکستگی را برجسته می‌کند [۱۰].

روش‌های رایج برای تشخیص و ارزیابی پوکی استخوان شامل جذب‌سنجی پرتو ایکس دوگانه انرژی[1] (DEXA)، مقطع‌نگاری محاسباتی کمی[2] (QCT) و تصویربرداری MRI هستند. در میان این روش‌ها، DEXA به‌عنوان استاندارد مرجع برای اندازه‌گیری چگالی معدنی استخوان[3] (BMD) شناخته شده و به‌طور گسترده در غربالگری و پایش پوکی استخوان مورد استفاده قرار می‌گیرد. با این حال، این روش عمدتاً اطلاعاتی در سطح تراکم استخوان ارائه داده و توانایی محدودی در ارزیابی کیفیت استخوان، سازمان‌یافتگی ریزساختار ترابکولار و ویژگی‌های مغز استخوان دارد. در مقابل، MRI با فراهم‌کردن کنتراست بالای بافت نرم و امکان بررسی ترکیب و وضعیت مغز استخوان، قادر است اطلاعات ساختاری و عملکردی ارزشمندی درباره معماری ترابکولار و تغییرات ریزساختاری استخوان بدون استفاده از پرتوهای یونیزه‌کننده ارائه دهد. علاوه بر این، پیشرفت‌های اخیر در توالی‌های تصویربرداری و روش‌های پردازش تصویر مبتنی بر MRI امکان تحلیل دقیق‌تر مورفولوژی و ریزساختار استخوان‌های پروگزیمال فمور را فراهم کرده است. در نتیجه، این روش به‌عنوان ابزاری مکمل و امیدبخش برای ارزیابی جامع سلامت استخوان، شناسایی تغییرات اولیه مرتبط با پوکی استخوان و بهبود دقت تشخیص زودهنگام مورد توجه پژوهشگران قرار گرفته است [۱۱، ۱۲].

[1] Dual-energy X-ray Absorptiometry
[2] Quantitative Computed Tomography
[3] Bone Mineral Density

بخش‌بندی استخوان فمور در تصاویر پزشکی یکی از مراحل بنیادین در تحلیل کمی ساختار استخوان و ارزیابی شاخص‌های مرتبط با پوکی استخوان محسوب می‌شود. روش‌های کلاسیک نظیر آستانه‌گذاری شدت و آشکارسازی لبه، اگرچه از نظر محاسباتی ساده‌اند، اما در مواجهه با نویز تصویر، ناهمگنی شدت سیگنال و پیچیدگی مورفولوژی استخوان کارایی محدودی دارند. در مقابل، رویکردهای پیشرفته‌تری همچون مدل‌های کانتور فعال[1] (ACM) و الگوریتم‌های خوشه‌بندی فازی، با درنظرگرفتن پیوستگی فضایی و ویژگی‌های آماری داده‌ها، توانایی خوبی در استخراج مرزهای پیچیده و ساختارهای غیرخطی نشان داده‌اند. در میان روش‌های خوشه‌بندفازی، خوشه‌بند[2] (FCM) به‌طور گسترده در بخش‌بندی تصاویر پزشکی به‌کار گرفته شده است. با این وجود، این الگوریتم مبتنی بر معیار فاصله اقلیدسی بوده و به‌طور ضمنی خوشه‌هایی با شکل کروی و پراکندگی یکنواخت را فرض می‌کند. درنتیجه، این الگوریتم در مدل‌سازی ساختارهای ناهمسانگرد و بیضوی با محدودیت‌هایی مواجه است. برای غلبه بر این محدودیت، الگوریتم خوشه‌بند فازی گستافسون–کسل[3] (GK) معرفی شده است که با بهره‌گیری از ماتریس‌های کوواریانس تطبیقی برای هر خوشه، امکان شناسایی و مدل‌سازی خوشه‌هایی با شکل‌های بیضوی و توزیع‌های آماری ناهمگن را فراهم می‌کند. این ویژگی‌ها سبب شده است که این روش در بخش‌بندی ساختارهای پیچیده استخوانی در تصاویر پزشکی، به‌ویژه در شرایطی با ناهمگنی شدت و تغییرات مورفولوژیک، عملکرد مؤثری از خود نشان دهد [۱۳، ۱۴].

برای تشخیص و ارزیابی پوکی استخوان، می‌توان مجموعه‌ای از ویژگی‌های کمی را از تصاویر بخش‌بندی‌شده استخوان فمور استخراج کرد. این ویژگی‌ها شامل شاخص‌هایی نظیر BMD، ضخامت ترابکولار، ضخامت لایه کورتیکال و میزان تخلخل استخوان هستند. هر یک از این شاخص‌ها بازتابی از وضعیت ریزساختار و استحکام مکانیکی استخوان محسوب شده و در کنار یکدیگر اطلاعات

[1] Active Contour Model
[2] Fuzzy C-Means
[3] Gustafson–Kessel

ارزشمندی درباره یکپارچگی ساختاری استخوان فراهم می‌کنند. درنتیجه، این شاخص‌ها می‌توانند در برآورد و پیش‌بینی خطر شکستگی‌های مرتبط با پوکی استخوان نقش مؤثری ایفا کنند [۱۵، ۱۶].

استخراج ناحیه استخوان فمور از تصاویر پزشکی به‌عنوان یک مرحله تحلیلی مهم، امکان مطالعه کمی ویژگی‌های ساختاری استخوان را فراهم می‌کند. تفکیک دقیق این ساختار در تصاویر، زمینه را برای محاسبه شاخص‌هایی نظیر تراکم معدنی استخوان، ویژگی‌های ترابکولار، ضخامت لایه کورتیکال و میزان تخلخل مهیا می‌سازد. تحلیل این شاخص‌ها می‌تواند در شناسایی و ارزیابی اختلالاتی مانند پوکی استخوان، آرتروز مفصل فمور و برخی ناهنجاری‌های مورفولوژیک مؤثر باشد و در نهایت به برآورد خطر شکستگی و تصمیم‌گیری‌های درمانی کمک کند [۱۷]. در مطالعات اخیر، رویکردهای متنوعی برای بخش‌بندی تصاویر پزشکی پیشنهاد شده است که هر یک دارای قابلیت‌ها و محدودیت‌های خاصی هستند. در این بخش، مهم‌ترین روش‌های به‌کاررفته در بخش‌بندی و تحلیل استخوان فمور بر پایه تکنیک‌های پیشرفته تصویربرداری مرور شده و عملکرد آن‌ها با رویکرد پیشنهادی در این پژوهش مورد مقایسه قرار می‌گیرد.

مالمان و همکاران [۱۸] روشی را برای اندازه‌گیری پارامترهای هندسی فمور پروگزیمال، مانند قطر سر فمور، قطر گردن و طول محور لگن، از رادیوگرافی‌های قدامی–خلفی لگن ارائه کردند. این مطالعه با استفاده از نرم‌افزار Weasis برای اندازه‌گیری این پارامترها، دقت بالایی (۸۱/۳٪) در تخمین جنسیت نشان داد. این روش، اگرچه مستقیماً به بخش‌بندی خودکار نمی‌پردازد، اما با ارائه داده‌های دقیق هندسی می‌تواند به بهبود فرآیندهای بخش‌بندی در کاربردهای پزشکی قانونی و طراحی پروتز کمک کند. با این حال، این روش به دلیل اتکا به تصاویر رادیوگرافی دوبعدی، اطلاعات محدودی درباره ریزساختار سه‌بعدی استخوان فراهم کرده و همچنین به مداخله دستی در فرایند تحلیل نیاز دارد که می‌تواند موجب افزایش زمان پردازش شود. ممیش و همکاران [۱۹] روشی نوین برای تحلیل کمی ناهنجاری‌های شکل فمور پروگزیمال در تصاویر MRI دوبعدی با استفاده از تقارن مفصل لگن ارائه کردند. در این روش، هر دو استخوان

فمور با استفاده از الگوریتم تکراری کمینه‌سازی فاصله نزدیک‌ترین نقاط[1] (ICP) ثبت شده و ناهنجاری‌های شکل با اندازه‌گیری نواحی غیرهمپوشان پس از ثبت، کمی‌سازی شدند. این روش در بیماران مبتلا به LCPD دقت بالایی در کمی‌سازی ناهنجاری‌ها نشان داد. با این حال، این روش به فرض وجود فمور سالم متقابل وابسته بوده که ممکن است در مواردی مانند بیماری‌های دوطرفه یا فقدان تصویر فمور سالم محدودیت ایجاد کند. ممیش و همکاران [۲۰] رویکرد خود را به فضای سه‌بعدی گسترش دادند و ناهنجاری‌های شکل فمور پروگزیمال را با استفاده از ساختار سالم متقابل و ثبت سه‌بعدی کمی‌سازی کردند. این روش، که در بیماران LCPD آزمایش شد، نرخ‌های ناهنجاری را در مراحل مختلف بیماری با دقت بالا گزارش کرد. این رویکرد با حذف نیاز به مدل‌های آماری شکل[2] (SSM)، پیچیدگی محاسباتی را کاهش داد، اما همچنان به وجود فمور سالم متقابل وابسته است و در مواردی که هر دو فمور آسیب‌دیده باشند، کاربرد محدودی دارد. ممیش و همکاران [۲۱] روشی سریع‌تر برای ثبت فمورهای پروگزیمال دوطرفه با استفاده از نقاط زیرنمونه تصادفی[3] (RPS) و الگوریتم ICP پیشنهاد کردند. این روش با کاهش تعداد نقاط مورد استفاده (تا ۲۵٪)، زمان ثبت را ۳۰–۴۰٪ کاهش داد و نرخ خطای کمتر از ۱٪ را حفظ کرد. این رویکرد به‌ویژه برای کاربردهای بالینی که در آن‌ها سرعت پردازش از اهمیت بالایی برخوردار است، گزینه‌ای مناسب به شمار می‌رود، اما همچنان به تقارن دوطرفه وابسته بوده و ممکن است در تصاویر با کیفیت پایین چالش برانگیز باشد. هیروانییمی و همکاران [۲۲] از تحلیل امضای فرکتال[4] (FSA) و یادگیری ماشینی (Elastic Net) برای پیش‌بینی آرتروز رادیوگرافیک لگن در تصاویر رادیوگرافی استفاده کردند. این روش با بهبود پیش‌بینی آرتروز و تنگ شدن فضای مفصلی، اطلاعات تکمیلی برای تحلیل بافت استخوان فراهم کرد. اگرچه این روش به‌طور مستقیم بخش‌بندی را هدف قرار نمی‌دهد، اما تحلیل بافت استخوان

[1] Iterative Closest Point
[2] Statistical Shape Models
[3] Random Point Sampling
[4] Fractal Signature Analysis

می‌تواند به شناسایی مناطق بحرانی برای بخش‌بندی دقیق‌تر کمک کند. محدودیت این روش وابستگی به تصاویر رادیوگرافی دوبعدی و عدم ارزیابی مستقیم میکروساختار استخوان است.

دنیز و همکاران [۲۳] روشی خودکار برای بخش‌بندی فمور پروگزیمال از تصاویر MRI با استفاده از شبکه‌های کانولوشنی عمیق [۱] (CNN) ارائه کردند. این روش با دستیابی به امتیاز شباهت دایس ۰/۹۵، دقت بالایی در بخش‌بندی نشان داد. با این حال، نیاز به مجموعه داده‌های برچسب‌دار گسترده و منابع محاسباتی بالا، کاربرد آن را در محیط‌های بالینی با منابع محدود چالش‌برانگیز می‌کند.

گوپتا و همکاران [۲۴] تحلیل مورفومتریک فمور پروگزیمال را با اندازه‌گیری پارامترهایی مانند قطر سر، ضخامت گردن، و زاویه گردن-شفت در استخوان‌های خشک انجام دادند. این روش برای طراحی پروتز و تخمین قد در پزشکی قانونی مفید است، اما به‌دلیل وابستگی به اندازه‌گیری‌های دستی و داده‌های دوبعدی، محدودیت‌هایی در بخش‌بندی خودکار دارد. در این مطالعه، جهت حل چالش‌های مطرح‌شده در بخش‌بندی استخوان فمور از تصاویر MRI برای تشخیص پوکی استخوان، از الگوریتم خوشه‌بندی فازی گستافسون-کسل بهینه‌شده با بهینه‌سازی ازدحام ذرات [۲] (PSO) و الگوریتم ژنتیک [۳] (GA) استفاده شد. این رویکرد با هدف بهبود دقت و کارایی بخش‌بندی، به‌ویژه در شرایطی که داده‌های برچسب‌دار محدود و منابع محاسباتی کم هستند، طراحی شده است. این روش با خوشه‌بندی فازی و تنظیم تطبیقی ماتریس‌های کوواریانس، بخش‌بندی دقیق فمور را حتی با مجموعه داده‌ای متوسط شامل ۲۸۴ تصویر MRI امکان‌پذیر می‌سازد. نتایج مورد انتظار نشان می‌دهند که این روش می‌تواند ویژگی‌های ساختاری مهم مانند چگالی معدنی استخوان، ضخامت ترابکولار، و تخلخل را با دقت بالا استخراج کند. علاوه بر این، این روش نسبت به روش‌های سنتی و مبتنی بر یادگیری عمیق،

[1] Convolutional Neural Network
[2] Particle Swarm Optimization
[3] Genetic Algorithm

مزایایی مانند سرعت بالاتر، نیاز کمتر به داده‌های آموزشی، و کاهش وابستگی به سخت‌افزارهای پیشرفته دارد. بنابراین، این رویکرد می‌تواند ابزار قدرتمندی برای تحلیل تصاویر پزشکی و تشخیص زودهنگام پوکی استخوان به‌ویژه در محیط‌های بالینی با منابع محدود باشد.

در این مقاله، به‌منظور بهبود دقت بخش‌بندی استخوان فمور در تصاویر MRI، روش خوشه‌بند گستافسون-کسل تطبیقی مبتنی بر آنتروپی[1] (EAGK) ارائه شده است. با توجه به اینکه شدت سیگنال استخوان فمور در بسیاری از نواحی با بافت‌های مجاور نظیر عضله و سایر ساختارهای نرم هم‌پوشانی دارد و مرزهای شدت‌محور به‌طور واضح قابل تفکیک نیستند، در گام نخست از فیلتر انتشار ناهمسانگرد[2] استفاده شده است. این فیلتر با کاهش نویز و هموارسازی درون‌ناحیه‌ای، ضمن حفظ لبه‌های ساختاری، کنتراست مؤثر بین نواحی استخوانی و بافت‌های اطراف را تقویت می‌کند و بدین‌ترتیب شرایط مناسب‌تری برای مرحله خوشه‌بندی فراهم می‌سازد. در ادامه، یک نسخه توسعه‌یافته از الگوریتم خوشه‌بندی فازی گستافسون-کسل به‌کار گرفته شده که با بهره‌گیری از ماتریس‌های کوواریانس تطبیقی، قابلیت مدل‌سازی ساختارهای ناهمسانگرد و بیضوی را دارد. در چارچوب پیشنهادی، با تعریف یک معیار فاصله اصلاح‌شده، فرآیند محاسبه فاصله میان داده‌ها و مراکز خوشه‌ها به‌گونه‌ای انجام می‌شود که توزیع‌های ناهمگن و ساختارهای کشیده موجود در داده‌های تصویری بهتر مدل‌سازی شوند. یکی از مؤلفه‌های نوآورانه روش پیشنهادی، تنظیم تطبیقی پارامتر کنترل‌کننده شدت خوشه‌بندی در فرآیند به‌روزرسانی ماتریس عضویت است. بدین منظور، در هر تکرار الگوریتم، میزان عدم‌قطعیت توزیع عضویت‌ها از طریق آنتروپی ماتریس عضویت محاسبه شده و مقدار پارامتر کنترل‌کننده به‌صورت پویا و وابسته به این آنتروپی تنظیم می‌شود. به‌عبارت‌دیگر، هنگامی که آنتروپی بالا بوده و عدم‌قطعیت در تخصیص عضویت‌ها بیشتر است، پارامتر کنترلی به‌گونه‌ای تنظیم می‌شود که انعطاف‌پذیری

[1] Entropy-Adaptive Gustafson–Kessel
[2] Anisotropic Diffusion Filtering

خوشه‌بندی افزایش یابد؛ در مقابل، با کاهش آنتروپی و مشخص‌تر شدن ساختار خوشه‌ها، مقدار این پارامتر به‌صورت خودکار تغییر کرده و موجب تقویت تفکیک‌پذیری نواحی می‌شود. این سازوکار تطبیقی باعث می‌شود الگوریتم بتواند خود را با ساختار داده‌ها در طول فرایند تکرار سازگار کرده و در نتیجه پایداری همگرایی و دقت بخش‌بندی بهبود یابد. علاوه بر این، استفاده هم‌زمان از مدل فاصله مبتنی بر ماتریس‌های کوواریانس و مکانیزم تنظیم تطبیقی مبتنی بر آنتروپی، چارچوبی انعطاف‌پذیر و مقاوم در برابر نویز فراهم می‌آورد که بدون نیاز به داده‌های برچسب‌دار گسترده، قادر است ساختارهای پیچیده استخوان فمور را در تصاویر MRI با ناهمگنی شدت و تغییرات مورفولوژیکی قابل توجه، به‌طور مؤثر استخراج کند.

ساختار کلی این مقاله به این صورت سازماندهی می‌شود که در بخش ۲ الگوریتم پیشنهادی مورد بررسی قرار می گیرد.در بخش ۳ نتایج الگوریتم پیشنهادی و مقایسه عملکرد آنها با سایر روش ها انجام می پذیرد و در بخش ۴ بحث و سر انجام در بخش ۵ به نتیجه گیری و ارائه پیشنهاد پرداخته می شود.

۲- مواد و روش‌ها

در این بخش، چارچوب کلی روش پیشنهادی برای بخش‌بندی استخوان فمور در تصاویر MRI ارائه می‌شود. ابتدا مبانی نظری الگوریتم‌های FCM و GK به‌عنوان روش‌های پایه مورد بررسی قرار می‌گیرد. این الگوریتم‌ها به‌دلیل قابلیت مدل‌سازی عضویت فازی داده‌ها در خوشه‌های مختلف، در بسیاری از کاربردهای بخش‌بندی تصاویر پزشکی مورد استفاده قرار گرفته‌اند. با این حال، محدودیت‌هایی نظیر حساسیت به نویز، هم‌پوشانی شدت بافت‌ها و دشواری در مدل‌سازی ساختارهای ناهمسانگرد می‌تواند عملکرد آن‌ها را در تصاویر MRI تحت تأثیر قرار دهد. در ادامه، با تکیه بر این مبانی، الگوریتم پیشنهادی پژوهش ارائه می‌شود که با هدف بهبود دقت

بخش‌بندی و افزایش پایداری همگرایی توسعه یافته است. این روش با بهره‌گیری از پیش‌پردازش مناسب، اصلاح معیار فاصله و به‌کارگیری رویکرد تطبیقی مبتنی بر آنتروپی ماتریس عضویت و اصول تئوری اطلاعات، تلاش می‌کند محدودیت‌های روش‌های متداول را کاهش داده و تفکیک دقیق‌تری از ساختار استخوان فمور در تصاویر MRI فراهم آورد.

۲-۱- مروری بر الگوریتم‌های FCM و GK

الگوریتم خوشه‌بندی FCM برای اولین بار توسط بزدک و همکاران [۲۵] جهت بهبود عملکرد خوشه‌بند K-میانگین براساس رویکرد به‌کارگیری ماتریس عضویت M_{ij} ارائه شد. برای یک تصویر $I(x,y)$ با مقادیر خاکستری χ_i $(i = 1, 2, \dots, N)$ و مراکز خوشه $\pi =$ $\{\pi_1, \pi_2, \dots, \pi_C\}$ یک مقدار عضویت برای هر پیکسل i در jامین خوشه $(j=1, 2, \dots, c)$ وجود دارد. تابع هزینه در الگوریتم FCM با میزان فازی شدگی q (q>۱) به‌صورت رابطه (۱) تعریف می‌شود:

$$\mathcal{L}_{FCM} = \sum_{i=1}^{N}\sum_{j=1}^{c} {M_{ij}}^{q}\left(\chi_i - \pi_j\right)^2 \qquad (۱)$$

تابع عضویت و مراکز خوشه در یک فرآیند تکراری در الگوریتم FCM به‌صورت روابط ۲ و ۳ به‌روزرسانی می‌شوند:

$${M_{ij}}^{t+1} = \frac{1}{\sum_{j=1}^{c}\left(\frac{\|\chi_i - {\pi_k}^{t}\|^2}{\|\chi_i - {\pi_j}^{t}\|^2}\right)^{\frac{2}{q-1}}} \qquad (۲)$$

$${\pi_j}^{t+1} = \frac{\sum_{i=1}^{N}\left(\left({M_{ij}}^{q}\right)^{t}\chi_i\right)}{\sum_{i=1}^{N}\left({M_{ij}}^{q}\right)^{t}} \qquad (۳)$$

در الگوریتم FCM، خوشه‌ها به‌صورت کروی فرض می‌شوند. بنابراین، عملکرد این الگوریتم زمانی مناسب خواهد بود که خوشه‌ها در داده تقریباً دارای ریخت و اندازه‌ی یکسانی باشند، اما الگوریتم GK برای تشخیص خوشه‌های ابر بیضوی شکل با اندازه و جهت‌گیری‌های

متفاوت مناسب است [۲۶، ۲۷]. ویژگی اصلی الگوریتم GK تطبیق مکانی معیار فاصله با ریخت خوشه از طریق تخمین ماتریس کواریانس است [۲۸]. گستافسون کسل [۲۹] یک مدل توسعه یافته از الگوریتم FCM را جهت شناسایی شکل‌های هندسی مختلف از طریق فاصله‌ی ماهالانوبیس به‌جای فاصله‌ی اقلیدسی پیشنهاد کردند. تابع هزینه‌ی این الگوریتم به‌صورت رابطه (۴) بیان می‌شود:

$$\mathcal{L}_{GK} = \sum_{i=1}^{N}\sum_{j=1}^{c} {M_{ij}}^{q}.\left(\chi_i - \pi_j\right)^{T}.\Theta_j.\left(\chi_i - \pi_j\right) \tag{۴}$$

که در آن Θ_j یک ماتریس مثبت متقارن است. با به‌کارگیری روش حاصل‌ضرب لاگرانژ، رابطه (۴) را می‌توان به یک مسئله بهینه‌سازی نامحدود تبدیل کرد که تابع هزینه رابطه (۵) را کمینه می‌کند:

$$\mathcal{L}_{GK} = \sum_{i=1}^{N}\sum_{j=1}^{c} {M_{ij}}^{q}.\left(\chi_i - \pi_j\right)^{T}.\Theta_j.\left(\chi_i - \pi_j\right) - \sum_{i=1}^{N}\lambda_i\left(\sum_{j=1}^{c} M_{ij} - 1\right) + \sum_{j=1}^{c}\beta_j.\left(det\left(\Theta_j\right) - \rho_j\right) \tag{۵}$$

که در آن β_j نشان دهنده‌ی مجموعه ضرایب لاگرانژ است. همچنین، ρ_j نشان دهنده‌ی حجم خوشه بوده که معمولاً برای هر خوشه مقدار یک درنظر گرفته می‌شود. ماتریس عضویت، مراکز خوشه و ماتریس کواریانس در یک فرآیند تکراری از طریق روابط ۶ تا ۹ به‌روزرسانی می‌شوند:

$${M_{ij}}^{t+1} = \left(\frac{(\chi_i - {\pi_r}^{t})^{T}.{\Theta_r}^{t}.(\chi_i - {\pi_r}^{t})}{\sum_{j=1}^{c}\left(\chi_i - {\pi_j}^{t}\right)^{T}.{\Theta_j}^{t}.\left(\chi_i - {\pi_j}^{t}\right)}\right)^{1/q-1} \tag{۶}$$

$${\pi_j}^{t+1} = \frac{\sum_{i=1}^{N}\left({M_{ij}}^{q}\right)^{t}.\chi_i}{\sum_{i=1}^{N}\left({M_{ij}}^{q}\right)^{t}} \tag{۷}$$

$${\Phi_i}^{t+1} = \frac{\sum_{i=1}^{N}\left({M_{ij}}^{q}\right)^{t}.\left(\chi_i - {\pi_j}^{t}\right)^{T}.\left(\chi_i - {\pi_j}^{t}\right)}{\sum_{i=1}^{N}\left({M_{ij}}^{q}\right)^{t}} \tag{۸}$$

$${\Theta_j}^{t+1} = \lambda_i.\left(det\left({\Phi_i}^{t}\right)\right)^{\frac{1}{n}}.\left({\Phi_i}^{-1}\right)^{t} \tag{۹}$$

تابع هزینه‌ی ارائه شده برای الگوریتم GK در رابطه (۵) به مقدار q وابسته است. جهت اجتناب از این اثر تابع هزینه رابطه (۱۰) معرفی می‌شود:

$$\mathcal{L}_{GK'} = \sum_{i=1}^{N}\sum_{j=1}^{c} M_{ij}.\left(\chi_i - \pi_j\right)^T.\Theta_j.\left(\chi_i - \pi_j\right) + \frac{1}{\zeta}\sum_{i=1}^{N}\sum_{j=1}^{c} M_{ij}.\ln\left(M_{ij}\right) \tag{۱۰}$$

که در آن پارامتر ζ کنترل کننده‌ی انتقال از خوشه‌بندی نرم به خوشه‌بندی سخت در طول فرآیند خوشه‌بندی است. با به‌کارگیری روش حاصل‌ضرب لاگرانژ، رابطه (۱۰) را می‌توان به یک مسئله بهینه‌سازی نامحدود تبدیل کرد که تابع هزینه رابطه (۱۱) را کمینه می‌کند:

$$\begin{aligned}\mathcal{L}_{GK'} = &\sum_{i=1}^{N}\sum_{j=1}^{c} M_{ij}.\left(\chi_i - \pi_j\right)^T.\Theta_j.\left(\chi_i - \pi_j\right) \\ &+ \frac{1}{\zeta}\sum_{i=1}^{N}\sum_{j=1}^{c} M_{ij}.ln\left(M_{ij}\right) - \sum_{i=1}^{N}\lambda_i\left(\sum_{j=1}^{c} M_{ij} - 1\right) + \sum_{j=1}^{c}\beta_j.\left(det\left(\Theta_j\right) - \rho_j\right)\end{aligned} \tag{۱۱}$$

با گرفتن مشتق از رابطه (۱۱) نسبت به ماتریس عضویت، مراکز خوشه، ماتریس کواریانس و مساوی صفر قرار دادن رابطه‌های به‌دست آمده، توابع ذکر شده در یک فرآیند تکراری تحت روابط (۱۲) تا (۱۵) به‌روزرسانی خواهند شد:

$$M_{ij}{}^{t+1} = \frac{e^{-\zeta\left(\chi_i - \pi_r{}^t\right)^T.\Theta_r{}^t.\left(\chi_i - \pi_r{}^t\right)}}{\sum_{j=1}^{c} e^{-\zeta\left(\chi_i - \pi_j{}^t\right)^T.\Theta_j{}^t.\left(\chi_i - \pi_j{}^t\right)}} \tag{۱۲}$$

$$\pi_j{}^{t+1} = \frac{\sum_{i=1}^{N}\left(M_{ij}{}^q\right)^t.\chi_i}{\sum_{i=1}^{N}\left(M_{ij}{}^q\right)^t} \tag{۱۳}$$

$$\Phi_i{}^{t+1} = \frac{\sum_{i=1}^{N}\left(M_{ij}{}^q\right)^t.\left(\chi_i - \pi_j{}^t\right)^T.\left(\chi_i - \pi_j{}^t\right)}{\sum_{i=1}^{N}\left(M_{ij}{}^q\right)^t} \tag{۱۴}$$

$$\Theta_j{}^{t+1} = \lambda_i.\left(det\left(\Phi_i{}^t\right)\right)^{\frac{1}{n}}.\left(\Phi_i{}^{-1}\right)^t \tag{۱۵}$$

۲-۲- الگوریتم خوشه بندی پیشنهادی EAGK

اگرچه نسخه اصلاح‌شده الگوریتم GK ارائه‌شده در رابطه (۱۰) با افزودن جمله آنتروپی توانسته است وابستگی تابع هزینه به پارامتر فازی q را کاهش دهد، اما این مدل همچنان در حضور نویز، ناهمگنی شدت‌ها و عدم قطعیت موجود در تصاویر پزشکی با چالش‌هایی مواجه است. در تصاویر MRI، تغییرات موضعی شدت، نویز ذاتی سیستم تصویربرداری و هم‌پوشانی آماری بافت‌ها می‌تواند موجب کاهش دقت تخمین درجات عضویت و در نتیجه افت کیفیت بخش‌بندی شود. علاوه بر این، پارامتر تنظیم کننده‌ی ζ که نقش کنترل‌کننده تعادل میان ساختار محلی داده‌ها و ساختار کلی خوشه‌ها را ایفا می‌کند، در روش‌های متداول به‌صورت ثابت در نظر گرفته می‌شود؛ در حالی‌که مقدار بهینه این پارامتر می‌تواند در طول فرآیند خوشه‌بندی و با توجه به میزان عدم قطعیت موجود در داده‌ها تغییر کند.

به‌منظور غلبه بر این محدودیت‌ها، در این پژوهش یک نسخه توسعه‌یافته از الگوریتم (EAGK) ارائه می‌شود. در این چارچوب، یک ضریب وزنی تطبیقی برای هر نمونه داده تعریف می‌شود که با بهره‌گیری از معیار اطلاعات متقابل میان داده‌ها و ماتریس عضویت محاسبه شده و امکان کاهش تأثیر پیکسل‌های نویزی و نامطمئن را فراهم می‌آورد. علاوه بر این، پارامتر ζ به‌صورت تطبیقی و مبتنی بر آنتروپی ماتریس عضویت تنظیم می‌شود تا تعادل مناسبی میان اطلاعات محلی و ساختار کلی خوشه‌ها برقرار گردد. این رویکرد تطبیقی باعث می‌شود الگوریتم پیشنهادی بتواند در شرایط مختلف نویزی و در حضور عدم قطعیت داده‌ها، پایداری همگرایی و دقت بخش‌بندی بالاتری را نسبت به روش‌های متداول ارائه دهد. براین‌اساس، تابع هزینه الگوریتم پیشنهادی برای بخش‌بندی تصاویر MRI به‌صورت رابطه (۱۶) تعریف می‌شود:

$$\mathcal{L}_{EAGK} = \sum_{i=1}^{N}\sum_{j=1}^{c} \xi_i . M_{ij} . (\chi_i - \pi_j)^T . \Theta_j . (\chi_i - \pi_j) + \frac{1}{\zeta}\sum_{i=1}^{N}\sum_{j=1}^{c} M_{ij} . \ln(M_{ij}) \qquad (۱۶)$$

که در آن ξ_i ضریب وزنی اضافی بوده که نمونه‌های نویز را حذف می‌کند. این ضریب احتمال پیکسل‌های تصویر بوده و از طریق بیشینه‌سازی اطلاعات متقابل بین مقدار پیکسل‌ها و مراکز خوشه در فرآیند تکراری محاسبه می‌شود. با استفاده از روش حاصل‌ضرب لاگرانژ، رابطه (۱۶) را می‌توان به یک مسئله بهینه‌سازی نامحدود تبدیل کرد که تابع هزینه رابطه (۱۷) را کمینه می‌کند:

$$\mathcal{L}_{EAGK} = \sum_{i=1}^{N}\sum_{j=1}^{c} \xi_i . M_{ij} . \left(\chi_i - \pi_j\right)^T . \Theta_j . \left(\chi_i - \pi_j\right) + \frac{1}{\zeta}\sum_{i=1}^{N}\sum_{j=1}^{c} M_{ij} . \ln\left(M_{ij}\right) - \sum_{i=1}^{N} \lambda_i \left(\sum_{j=1}^{c} M_{ij} - 1\right) + \sum_{j=1}^{c} \beta_j . \left(det\left(\Theta_j\right) - \rho_j\right) \quad (۱۷)$$

با صفر قرار دادن مشتق J_{EAGK} نسبت به ماتریس عضویت خواهیم داشت:

$$\frac{\partial J_{EAGK}}{\partial M_{ij}} = \xi_i . \left(\chi_i - \pi_j\right)^T . \Theta_j . \left(\chi_i - \pi_j\right) + \frac{1}{\zeta}\left(1 + \ln\left(M_{ij}\right)\right) - \lambda_i = 0 \quad (۱۸)$$

از طرف دیگر می‌دانیم که:

$$\sum_{j=1}^{c} M_{ij} = 1 \rightarrow \sum_{j=1}^{c} e^{-1} . e^{-\zeta \lambda_i} . e^{-\zeta . \xi_i . \left(\chi_i - \pi_j\right)^T . \Theta_j . \left(\chi_i - \pi_j\right)} = 1 \quad (۱۹)$$

با ترکیب روابط (۱۸) و (۱۹)، ماتریس عضویت الگوریتم پیشنهادی در یک فرآیند تکراری به‌صورت رابطه (۲۰) به‌روزرسانی خواهد شد:

$${M_{ij}}^{t+1} = \frac{e^{-\zeta . \xi_i . \left(\chi_i - {\pi_r}^t\right)^T . {\Theta_r}^t . \left(\chi_i - {\pi_r}^t\right)}}{\sum_{j=1}^{c} e^{-\zeta . \xi_i . \left(\chi_i - {\pi_j}^t\right)^T . {\Theta_j}^t . \left(\chi_i - {\pi_j}^t\right)}} \quad (۲۰)$$

جهت به‌دست آوردن مراکز خوشه، از $\mathcal{L}_{EAGK}$ نسبت به π_j مشتق گرفته و برابر صفر قرار داده می‌شود. با حل معادله (۲۱)، رابطه (۲۲) به‌منظور به‌روزرسانی مراکز خوشه به‌کار گرفته می‌شود:

$$\frac{\partial \mathcal{L}_{EAGK}}{\partial \pi_j} = -2 \sum_{i=1}^{N} \xi_i . M_{ij} . \left(\chi_i - \pi_j\right) . \Theta_j = 0 \quad (۲۱)$$

$$\pi_j{}^{t+1} = \frac{\sum_{i=1}^{N} \xi_i . (M_{ij})^t . \chi_i}{\sum_{i=1}^{N} \xi_i . (M_{ij})^t} \quad (۲۲)$$

در گام بعدی جهت به‌روزرسانی ماتریس عضویت، از $\mathcal{L}_{EAGK}$ نسبت به Θ_j مشتق گرفته و برابر صفر قرار داده می‌شود:

$$\frac{\partial \mathcal{L}_{EAGK}}{\partial \Theta_j} = \sum_{i=1}^{N} \xi_i . M_{ij} . \left(\chi_i - \pi_j\right)^T . \left(\chi_i - \pi_j\right) - \sum_{i=1}^{N} \left(\lambda_i . \frac{\partial}{\partial \Theta_j} \left(det\left(\Theta_j\right) \right) \right) = \sum_{i=1}^{N} \xi_i . M_{ij} . \left(\chi_i - \pi_j\right)^T . \left(\chi_i - \pi_j\right) - \sum_{i=1}^{N} \left(\lambda_i . M_{ij} . \Theta_j{}^{-1} \right) = 0 \quad (۲۳)$$

با حل رابطه (۲۳)، جواب متناظر برای ماتریس کواریانس به‌صورت روابط (۲۴) و (۲۵) به‌روزرسانی می‌شود:

$$\Phi_i{}^{t+1} = \frac{\sum_{i=1}^{N} \xi_i \left(M_{ij}\right)^t . \left(\chi_i - \pi_j{}^t\right)^T . \left(\chi_i - \pi_j{}^t\right)}{\sum_{i=1}^{N} \left(M_{ij}\right)^t} \quad (۲۴)$$

$$\Theta_j{}^{t+1} = \lambda_i . \left(det\left(\Phi_i{}^t\right) \right)^{\frac{1}{n}} . \left(\Phi_i{}^{-1}\right)^t \quad (۲۵)$$

در مرحله‌ی بعدی، اطلاعات متقابل بین توزیع ماتریس عضویت (M) و داده‌ی ورودی (X) جهت تخمین ξ_i به‌کار گرفته می‌شود. اطلاعات متقابل براساس تئوری اطلاعات می‌تواند به‌صورت زیر بیان شود [۳۰]:

$$F(X, M) = F\left(\mathcal{E}(X), \mathcal{E}(X|M)\right) = \sum_{i=1}^{N} \sum_{j=1}^{c} \mathcal{E}_i \, \mathcal{E}_{j|i} \log\left(\frac{\mathcal{E}_{j|i}}{\sum_{i=1}^{N} \mathcal{E}_i \mathcal{E}_{j|i}} \right) \quad (۲۶)$$

که در آن $\mathcal{E}_i$ احتمال iامین پیکسل بوده و معادل با ξ_i است. همچنین، $\mathcal{E}_{j|i}$ معادل با M_{ij} است. درنتیجه، رابطه (۲۶) می‌تواند به‌صورت زیر اصلاح شود:

$$F(X, M) = \sum_{i=1}^{N} \sum_{j=1}^{c} \xi_i . M_{ij} . \log\left(\frac{M_{ij}}{\sum_{i=1}^{N} \xi_i . M_{ij}} \right) \quad (۲۷)$$

با به‌کارگیری روش حاصل‌ضرب لاگرانژ و درنظر گرفتن شرط $\sum_{i=1}^{N} \xi_i = 1$، رابطه (۲۷) می‌تواند به یک مسئله‌ی بهینه‌سازی نامحدود تبدیل شده که تابع هزینه‌ی زیر را کمینه می‌کند:

$$\mathcal{L} = \sum_{i=1}^{N}\sum_{j=1}^{c} \xi_i . M_{ij} . log\left(\frac{M_{ij}}{\sum_{i=1}^{N} \xi_i . M_{ij}}\right) + \lambda\left(\sum_{i=1}^{N} \xi_i - 1\right) \quad (۲۸)$$

جهت به‌دست آوردن ξ_i، معادله‌ی دیفرانسیل جزئی $\mathcal{L}$ نسبت به ξ_i محاسبه شده و برابر صفر قرار داده می‌شود:

$$-log(\xi_i) - 1 + \sum_{j=1}^{c} M_{ij} . log\left(M_{ij}\right) + \lambda = 0 \quad (۲۹)$$

سرانجام، براساس رابطه (۲۹) و شرط محدودکننده، ξ_i در یک فرآیند تکراری می‌تواند از طریق رابطه (۳۰) به‌روزرسانی شود:

$$\xi_i{}^{t+1} = \frac{exp\left(\sum_{j=1}^{c} M_{ij}{}^{t} . log\left(\frac{M_{ij}{}^{t}}{\sum_{i=1}^{N} \xi_i . M_{ij}{}^{t}}\right)\right)}{\sum_{i=1}^{N} exp\left(\sum_{j=1}^{c} M_{ij}{}^{t} . log\left(\frac{M_{ij}{}^{t}}{\sum_{i=1}^{N} \xi_i . M_{ij}{}^{t}}\right)\right)} \quad (۳۰)$$

با به‌کارگیری رابطه (۳۰)، الگوریتم EAGK پیشنهادی نسبت به نویز مقاوم می‌شود. این فرآیند تا زمان برقراری شرط رابطه (۳۱) اجرا می‌شود:

$$\begin{cases} \xi_i{}^{t+1} = \dfrac{f_i{}^{t}}{\sum_{i=1}^{N} f_i{}^{t}} \\ f_i{}^{t} = exp\left(\sum_{j=1}^{c} M_{ij}{}^{t} . log\left(\dfrac{M_{ij}{}^{t}}{\sum_{i=1}^{N} \xi_i{}^{t} . M_{ij}{}^{t}}\right)\right) \\ ln\left(\sum_{i=1}^{N} \xi_i{}^{t+1} . f_i{}^{t}\right) - ln\left(max\left(f_i{}^{t}\right)\right) < \delta \end{cases} \quad (۳۱)$$

که در آن δ یک مقدار کوچک بوده که معادل *1e-5* است.

در بسیاری از روش‌های خوشه‌بندی فازی، پارامتر ζ نقش تنظیم‌کننده‌ی میان ساختار محلی داده‌ها و ساختار کلی خوشه‌ها را ایفا می‌کند. انتخاب دستی پارامتر ζ ممکن است در شرایط مختلف نویز، تغییرپذیری داده و تعداد خوشه‌ها باعث افت دقت و پایداری

الگوریتم پیشنهادی شود. برای حل این مشکل، رویکرد تطبیقی مبتنی بر آنتروپی ماتریس عضویت جهت انتخاب پویا و خودکار پارامتر ζ پیشنهاد می‌شود.

ابتدا ماتریس عضویت به‌صورت رابطه (۳۲) بیان می‌شود:

$$H = -\frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N}\sum_{j=1}^{c} M_{ij}\ln(M_{ij}) \quad (۳۲)$$

با توجه به اینکه حداکثر مقدار آنتروپی زمانی رخ می‌دهد که توزیع عضویت برای تمام خوشه‌ها یکنواخت باشد، حداکثر آنتروپی به صورت رابطه (۳۳) محاسبه می‌شود:

$$H_{max} = \ln(N_c) \quad (۳۳)$$

که در آن N_c تعداد مراکز خوشه است. سپس مقدار پارامتر ζ به‌صورت خطی از طریق رابطه (۳۴) بیان می‌شود:

$$\zeta = \zeta_{min} + (\zeta_{max} - \zeta_{min}).\left(1 - \frac{H}{H_{max}}\right) \quad (۳۴)$$

که در آن ζ_{min} و ζ_{max} به‌ترتیب نشان دهنده‌ی کفمورهای پایین و بالای پارامتر ζ هستند.

مقدار آنتروپی بالا نشان‌دهنده‌ی آن است که توزیع درجات عضویت میان خوشه‌ها پراکنده و نامطمئن است. درنتیجه، مقدار پارامتر ζ به سمت مقدار حداقلی خود میل کرده تا از تأثیر بیش از حد ساختار محلی داده جلوگیری شود. این فرآیند باعث می‌شود الگوریتم بیشتر بر ویژگی‌های کلی و ساختار سراسری داده تکیه کرده و در نتیجه، اثر نویز و عدم قطعیت کاهش یابد. در مقابل، زمانی که مقدار آنتروپی پایین است و تخصیص خوشه‌ای از قطعیت و وضوح بالایی برخوردار است، مقدار پارامتر ζ به‌طور تطبیقی افزایش می‌یابد. در این شرایط، تأکید الگوریتم بر اطلاعات محلی تقویت شده و توانایی آن در شناسایی دقیق مرزهای خوشه‌ها بهبود می‌یابد. این رویکرد باعث می‌شود که پایداری الگوریتم پیشنهادی در شرایط متنوع داده افزایش یافته و در داده‌های نویزی تاثیر مقدار پارامتر ζ کاهش یابد.

وجود نویز گاوسی و تصادفی در تصاویر MRI یک چالش اساسی محسوب شده که می‌تواند منجر به کاهش دقت الگوریتم‌های خوشه‌بندی شود. به‌منظور حل این مشکل، فیلتر انتشار ناهمسانگرد [۳۱] به‌کار گرفته می‌شود که قادر است نویز را در نواحی همگن تصویر با حفظ ساختارهای لبه‌ای و مرزهای مهم آناتومیکی به‌طور موثر کاهش دهد. این ویژگی باعث افزایش نسبت سیگنال به نویز می‌شود. این فرآیند در شناسایی دقیق مرز استخوان فمور اهمیت زیادی دارد؛ زیرا مرزهای استخوانی دارای کنتراست بالایی هستند و حفظ آن‌ها امکان انجام بخش‌بندی مبتنی بر الگوریتم پیشنهادی را با دقت و پایداری بالاتر فراهم می‌آورد.

ترتیب مراحل الگوریتم پیشنهادی جهت بخش‌بندی استخوان فمور در تصاویر MRI به‌صورت زیر است:

مرحله ۱: به‌کارگیری فیلتر انتشار ناهمسانگرد به‌عنوان مرحله‌ی پیش‌پردازش.

مرحله ۲: تنظیم تعداد مراکز خوشه، مقداردهی اولیه برای ماتریس عضویت و مراکز خوشه از طریق الگوریتم K–میانگین.

مرحله ۳: به‌روزرسانی ماتریس کواریانس از طریق رابطه (۲۴).

مرحله ۴: به‌روزرسانی نرم ماتریس از طریق رابطه (۲۵).

مرحله ۵: محاسبه مقدار پارامتر ζ از طریق رابطه (۳۴).

مرحله ۶: به‌روزرسانی ماتریس عضویت از طریق رابطه (۲۰).

مرحله ۷: به‌روزرسانی مراکز خوشه طریق رابطه (۲۲).

مرحله ۸: به‌روزرسانی مقدار ξ_i از طریق رابطه (۳۰) تا زمان برقراری شرط موجود در رابطه (۳۱).

مرحله ۹: اگر $max\{U^{(It)} - U^{(It+1)}\} < \varepsilon$، الگوریتم متوقف شده و در غیر این صورت به **مرحله ۳** بازگردد.

مرحله ۱۰: اعمال فیلتر میانه بر روی ماتریس عضویت جهت حذف نویز مکانی در ساختار ماتریس عضویت و حفظ ساختار محلی و

مرزها.

۲-۳- استخراج استخوان فمور

در مرحله پس‌پردازش، به‌منظور تفکیک اختصاصی استخوان فمور از سایر ساختارهای استخوانی و بافتی استخراج‌شده، از تحلیل اجزای متصل و ویژگی‌های مورفولوژیک ناحیه‌ای استفاده شد. برای این منظور، ابتدا روی تصویر دودویی حاصل از بخش‌بندی، عمل استخراج مؤلفه‌های هم‌بند[1] اعمال شد تا هر ناحیه متصل به‌عنوان یک کاندید مستقل برای استخوان فمور شناسایی شود. سپس برای هر مؤلفه، مجموعه‌ای از توصیفگرهای شکلی و هندسی شامل مرکز جرم، طول و عرض محور اصلی و فرعی بیضی معادل، مساحت ناحیه و خروج از مرکز محاسبه شد. با تکیه بر این ویژگی‌ها، یک فرآیند انتخاب مبتنی بر هندسه استخوان فمور طراحی شد که در آن، تنها اجزای متصل دارای اندازه و کشیدگی سازگار با ساختار فمور در میدان دید تصویر حفظ شده و سایر نواحی کوچک، تقریباً مدور یا نامتناسب (نظیر قطعات استخوانی کوچک، نویزهای باقیمانده یا ساختارهای عضلانی با شدت مشابه) حذف می‌شوند. به‌طور مشخص، ترکیب معیارهای مساحت، طول محور اصلی و نسبت کشیدگی، امکان تمایز ناحیه فمور از سایر اجزای استخوانی و بافتی را فراهم می‌آورد و از ادغام نواحی نامرتبط در ماسک نهایی جلوگیری می‌کند. در گام نهایی، ناحیه یا نواحی منتخب به‌عنوان ماسک دودویی نهایی استخوان فمور بازساخته شده و برچسب‌گذاری مجدد روی آن‌ها انجام می‌شود تا یک نقشه ناحیه‌ای منسجم و قابل استفاده در مراحل بعدی تحلیل (مانند استخراج ویژگی یا ارزیابی کمی) به‌دست آید. این رویکرد مبتنی بر ویژگی‌های مورفولوژیک، نقش مهمی در حذف پاسخ‌های کاذب بخش‌بندی و تضمین تمرکز الگوریتم بر ساختار واقعی استخوان فمور ایفا می‌کند.

[1] Connected Components

۳- نتایج پیاده‌سازی

به‌منظور ارزیابی عملکرد الگوریتم پیشنهادی و مقایسه آن با سایر روش‌های بخش‌بندی، از تصاویر پایگاه داده [۳۲] استفاده شد. این پایگاه داده در مجموع شامل ۲۸۴ تصویر MRI از ناحیه فمور است که از افراد ایرانی در بازه سنی ۲۱ تا ۸۳ سال و بدون سابقه شکستگی استخوان جمع‌آوری شده‌اند. تصاویر موجود در این مجموعه شامل دو نوع توالی تصویربرداری بوده و ۱۹۸ تصویر بر وزن T_1 و ۸۶ تصویر بر وزن T_2 است. افراد شرکت‌کننده در این مجموعه داده شامل ۱۳۵ مرد با میانگین سنی ۵۶ و انحراف معیار ۱۳ سال و میانگین شاخص توده بدنی[1] (BMI) برابر ۲۷/۸، و ۱۴۹ زن با میانگین سنی ۴۹ و انحراف معیار ۱۶ سال و میانگین BMI برابر ۲۴/۳ بودند. این تنوع در ویژگی‌های جمعیت‌شناختی و فیزیولوژیک نمونه‌ها، شرایط مناسبی را برای ارزیابی عملکرد الگوریتم در مواجهه با تغییرات طبیعی ساختار استخوانی فراهم می‌کند.

جهت ارزیابی عملکرد الگوریتم‌ها در فرآیند بخش‌بندی، سه معیار تشابه دایس[2] (DS)، تشابه جاکارد[3] (JS) و تشابه کانتور[4] (CS) [۳۳] به‌کار گرفته می‌شوند. ضریب تشابه دایس جهت اندازه‌گیری درجه‌ی هم‌پوشانی بین دو تصویر بخش‌بندی شده با استفاده از الگوریتم پیشنهادی (A) و بخش‌بندی شده به‌صورت دستی (B) به‌کار گرفته می‌شود. این معیار به‌صورت زیر تعریف می‌شود:

$$DS(A,B) = \frac{2|A \cap B|}{|A|+|B|} \qquad (۳۶)$$

ضریب تشابه جاکارد جهت محاسبه‌ی میزان تشابه بین دو تصویر به‌کار گرفته شده و به‌صورت زیر تعریف می‌شود:

$$JS(A,B) = \frac{|A \cap B|}{|A \cup B|} \qquad (۳۷)$$

[1] Body Mass Index
[2] Dice Similarity
[3] Jaccard Similarity
[4] Contour Similarity

ضریب تشابه کانتور جهت محاسبه‌ی امتیاز تطبیق کانتور بین تصویر بخش‌بندی شده با استفاده از الگوریتم پیشنهادی و تصویر بخش‌بندی شده به‌صورت دستی به‌کار گرفته می‌شود. این معیار در محدوده‌ی [۰،۱] بوده و به‌صورت زیر تعریف می‌شود:

$$CS = \frac{2.P^C.R^C}{P^C+R^C} \quad (۳۸)$$

که در آن P^c و R^c به‌ترتیب نشان دهنده‌ی دقت و پوشش است. الگوریتمی بهترین عمل‌کرد را دارد که از لحاظ معیارهای DS، JS و CS بالاترین مقدار را داشته باشد.

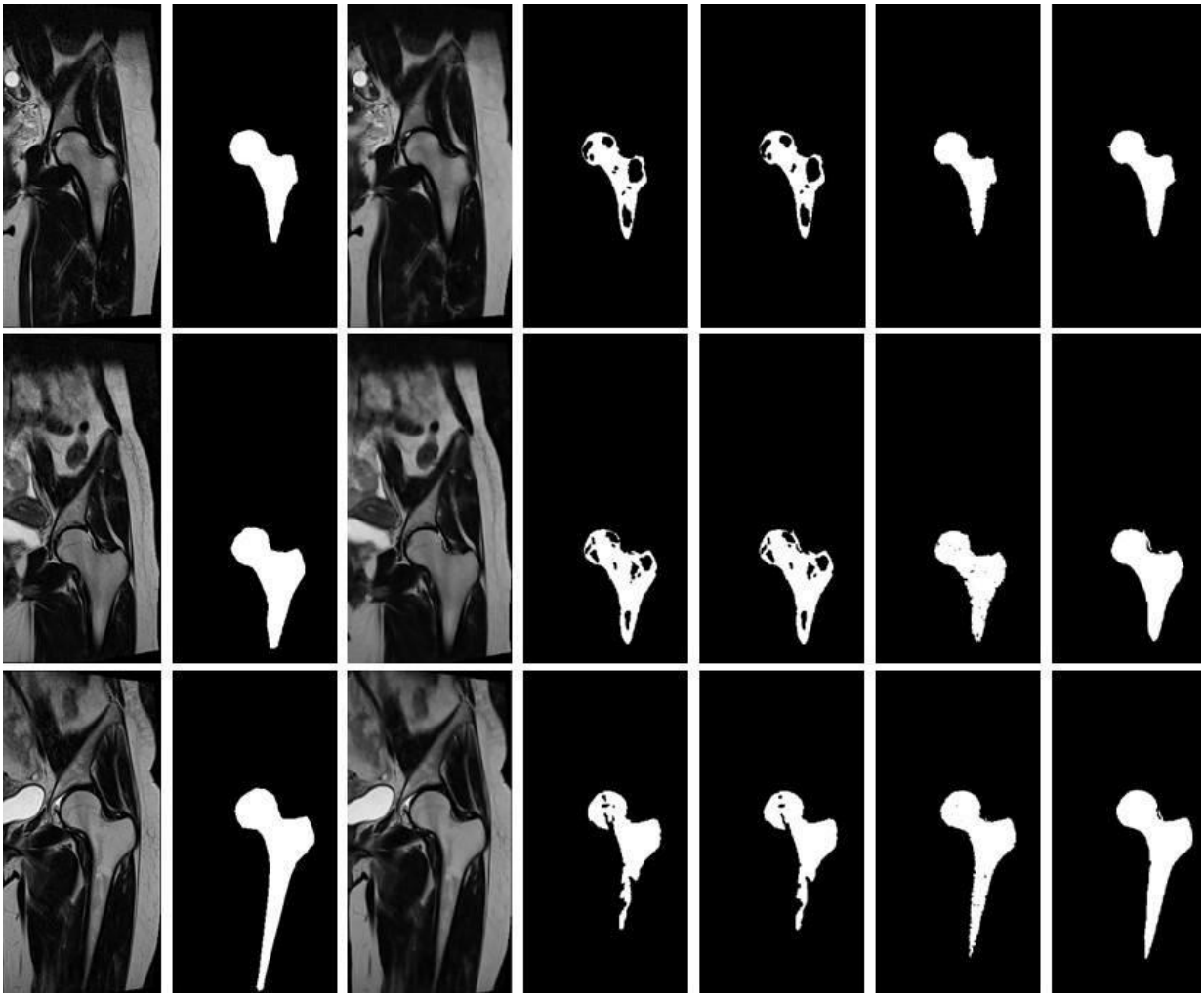
در این مقاله، مجموعه‌ای از پارامترهای ثابت برای مراحل پیش‌پردازش و اجرای الگوریتم خوشه‌بندی به‌گونه‌ای تنظیم شدند که تعادل مناسبی میان کاهش نویز، حفظ لبه‌ها و پایداری فرآیند همگرایی برقرار شود. در مرحله پیش‌پردازش، از فیلتر انتشار ناهمسانگرد با پارامترهای بیشینه تکرار، گام زمانی انتشار و آستانه گرادیان به‌ترتیب ۱۰، $\frac{۱}{۷}$، ۱۰ و تابع رسانایی Perona-Malik نوع دوم استفاده شد. این تنظیمات به‌صورت تجربی انتخاب شدند تا ضمن کاهش نویز ذاتی تصاویر MRI، مرزهای ساختاری مهم مانند لبه‌های استخوان فمور حفظ شوند. گام زمانی نرخ انتشار شدت در فرآیند انتشار ناهمسانگرد را تنظیم کرده و پارامتر آستانه گرادیان، میزان حساسیت فیلتر نسبت به تغییرات شدت تصویر را تعیین می کند و در نتیجه نقش مهمی در حفظ لبه‌ها خواهد داشت. در مرحله خوشه‌بندی، تعداد خوشه‌ها برابر با ۳ در نظر گرفته شد تا تفکیک مناسب میان نواحی اصلی تصویر شامل بافت استخوانی، مغز استخوان و پس‌زمینه فراهم گردد. همچنین حداکثر تعداد تکرارهای الگوریتم برابر با ۱۰۰ تعیین شد تا از همگرایی پایدار الگوریتم اطمینان حاصل شود. پارامتر کنترل‌کننده در تابع فاصله به‌صورت تطبیقی در بازه $\alpha \in [۰,۱]$ تنظیم شد تا در مراحل اولیه خوشه‌بندی انعطاف‌پذیری بیشتری فراهم شده و با کاهش آنتروپی ماتریس عضویت، تفکیک خوشه‌ها به‌تدریج تقویت شود. در مجموع، مقادیر این پارامترها بر اساس تنظیم تجربی و با در نظر گرفتن

ویژگی‌های آماری تصاویر MRI و رفتار همگرایی الگوریتم انتخاب شده‌اند تا عملکرد پایدار و دقت مناسب در فرآیند بخش‌بندی استخوان فمور حاصل شود.

الگوریتم FCM مقاوم و سریع[1] (FRFCM) [۳۴] یک نسخه بهبودیافته از خوشه‌بند FCM بوده که با ترکیب بازسازی مورفولوژیک برای کاهش نویز، تحلیل هیستوگرام برای کاهش پیچیدگی محاسباتی، و هموارسازی ماتریس عضویت با فیلتر میانه، توانایی بالایی در خوشه‌بندی تصاویر دارای نویز و ناهمگنی شدت ایجاد می‌کند. در مقابل، الگوریتم FCM باقی‌مانده[2] (RFCM) [۳۵] بر پایه مدل‌سازی فضایی-آماری عمل کرده و با استفاده از فیلترهای همسایگی وزن‌دار، تخمین خطای پیکسل و رویکردهای آستانه‌گذاری نرم و به‌روزرسانی تطبیقی وزن‌ها، مقاومت قابل توجهی در برابر نویز ساختاری و نوسانات محلی فراهم می‌آورد. انتخاب این دو الگوریتم به‌عنوان روش‌های مرجع مقایسه‌ای از آن جهت انجام شده است که هر دو از پیشرفته‌ترین نسخه‌های مقاوم به نویز خانواده FCM محسوب می‌شوند و برخلاف نسخه‌های مبتنی بر بهینه‌سازی تجمعی (مانند FCMPSO [۳] [۳۶]، FCMWOA [۴] [۳۷] یا ARKFCM [۵] [۳۸]) که در داده‌های MRI استخوان فمور رفتار ناپایدار یا عملکرد نامناسب نشان دادند، الگوریتم‌های FRFCM و RFCM قادر به مدل‌سازی مناسب وابستگی‌های فضایی و ناهمگنی‌های شدت در تصاویر MRI هستند. بنابراین، مقایسه الگوریتم پیشنهادی با این دو روش، امکان ارزیابی دقیق و منصفانه میزان بهبود حاصل‌شده در شرایطی که هم‌پوشانی بافتی و پیچیدگی آماری تصویر بالاست را فراهم می‌کند.

نمونه‌ای از نتایج انواع الگوریتم‌ها در بخش‌بندی استخوان فمور براساس تصاویر MRI در شکل ۱ نشان داده شده است. نتایج ارائه‌شده در تصویر نشان می‌دهد که هر یک از الگوریتم‌های مورد بررسی، بسته به ساختار نظری و فرضیات مدل خود، رفتار متفاوتی در

[1] Fast and Robust Fuzzy C-Means
[2] Residual Fuzzy C-Means
[3] Fuzzy C-Means and Particle Swarm Optimization
[4] Fuzzy C-Means Whale Optimization Algorithm
[5] Adaptively Regularized Kernel-Based Fuzzy C-Means Clustering



(الف) (ب) (ج) (د) (ه) (و) (ز)

شکل (۱): نمونه‌ای از نتایج انواع الگوریتم‌های مبتنی بر خوشه‌بند فازی در بخش‌بندی استخوان ران از تصاویر MRI. (الف): تصاویر اصلی، (ب): تصاویر برچسب‌گذاری شده، (ج): خروجی به‌کارگیری فیلتر انتشار آنیزوتروپیک، (د): خروجی الگوریتم FCMPSO [۳۶]، (ه): خروجی الگوریتم FRFCM [۳۴]، (و): خروجی الگوریتم RFCM [۳۵]، (ز): خروجی الگوریتم EAGK پیشنهادی.

بخش‌بندی استخوان فمور از تصاویر MRI دارند. الگوریتم FRFCM با استفاده از بازسازی مورفولوژیک و فیلتر میانه روی ماتریس عضویت، توانسته است مقدار زیادی از نویزهای ریز و نواحی با شدت نامنظم را حذف کند. با این حال همین ویژگی باعث شده بخش‌بندی نهایی بیش از حد هموار گردد، به‌طوری که مرزهای باریک استخوان فمور و نواحی کورتکس در برخی نمونه‌ها از بین رفته

یا به نواحی مجاور نفوذ کرده‌اند. بخش‌هایی از بافت نرم مجاور استخوان در قالب خوشه استخوان طبقه‌بندی شده و در برخی نواحی لایه کورتیکال دچار گسترش مصنوعی شده است. الگوریتم RFCM با درنظرگرفتن اطلاعات همسایگی و مدل‌سازی خطای پیکسلی رفتار متفاوتی از FRFCM و FCMPSO دارد. الگوریتم RFCM با افزودن فیلترهای وزن‌دار همسایگی، سعی می‌کند خوشه‌بندی را به وابستگی‌های فضایی تصویر نزدیک‌تر کند. نتایج نشان می‌دهد که این رویکرد توانسته است بسیاری از نویزهای ریز را حذف کند؛ اما به دلیل ماهیت وابستگی فضایی قوی، الگوریتم دچار افزایش بیش از حد هموارسازی فضایی شده و چسبندگی خوشه‌ها افزایش یافته است. این موضوع باعث شده بخشی از مرزهای استخوان از بین بروند، به‌ویژه در نواحی که کنتراست بین استخوان و مغز استخوان کم است. همچنین برخی مناطق نویزی با شدت مشابه مغز استخوان به اشتباه درون خوشه استخوان قرار گرفته‌اند.

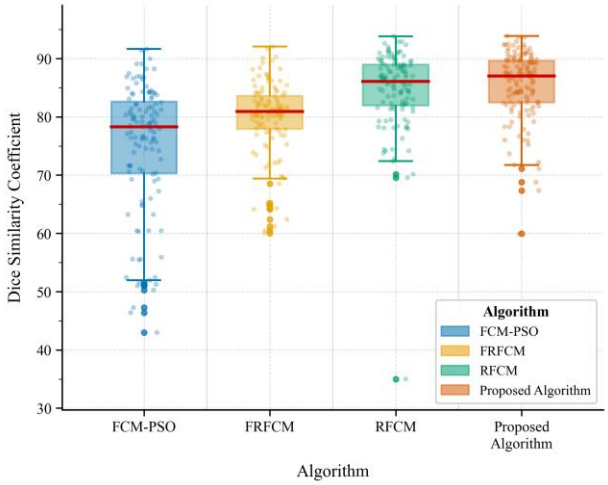
الگوریتم پیشنهادی با بهره‌گیری از مکانیزم ترکیبی فاصله تطبیقی مبتنی بر اطلاعات و تنظیم‌گر آنتروپی، عملکردی پایدارتر و دقیق‌تر نسبت به سایر روش‌ها نشان می‌دهد. دلیل این تفاوت آن است که روش پیشنهادی برخلاف FRFCM و RFCM، به‌صورت تطبیقی میان سختی خوشه‌بندی و میزان تفکیک مرزها تعادل برقرار کرده و بر اساس کاهش آنتروپی ماتریس عضویت، پارامتر α را تنظیم کرده و باعث افزایش جداسازی خوشه‌ها در مرحله همگرایی می‌شود. همچنین، با استفاده از ضریب وزنی مبتنی بر اطلاعات متقابل، اهمیت هر پیکسل را مطابق با میزان اطمینان عضویت اصلاح می‌کند. در نتیجه، همان‌طور که در تصاویر دیده می‌شود، مرزهای استخوان فمور با دقت بیشتری استخراج شده‌اند. ساختار کورتیکال با ضخامت واقعی خود حفظ شده و هیچ‌گونه گسترش مصنوعی یا چسبندگی غیرواقعی ایجاد نشده است. به بیان دیگر، الگوریتم پیشنهادی توانسته است تعادل ایده‌آل میان حذف نویز، حفظ لبه‌ها و تفکیک ساختار استخوانی را برقرار سازد.

در جدول ۱، نتایج حاصل از مقایسه چهار الگوریتم FCM-PSO، FRFCM، RFCM و الگوریتم پیشنهادی EAGK بر اساس سه *DS*، *JS* و *CS* مورد تحلیل و بررسی قرار می‌گیرد. نمودارهای جعبه‌ای ترسیم‌شده در شکل‌های ۲ الی ۴، توزیع داده‌ها را به همراه میانگین، میانه و انحراف معیار نمایش می‌دهند. همان‌طور که مشاهده می‌شود، الگوریتم پیشنهادی در هر سه معیار عملکرد برتری نسبت به سایر الگوریتم‌ها دارد. این برتری هم در مقادیر میانگین — *DS* ۸۴/۹۵، *JS* ۷۴/۲۸ و *CS* ۶۵/۷۱ — و هم در مقادیر میانه — *DS* ۸۶/۸۹، *JS* ۷۶/۸۲ و *CS* ۶۷/۵۴— مشهود است. از نظر پایداری نتایج، الگوریتم FRFCM با انحراف معیار ۷/۰۹ و IQR کمینه در معیار *DS*، بالاترین ثبات را در بین الگوریتم‌ها نشان می‌دهد؛ با این حال، این پایداری با کاهش دقت کلی همراه بوده و میانه *DS* آن تنها به ۸۰/۹۹ می‌رسد. در مقابل، الگوریتم FCM-PSO با انحراف معیار ۱۱/۸۲در معیار *DS*، بیشترین پراکندگی را دارد که حاکی از حساسیت بالای این روش به شرایط متفاوت تصویر است. الگوریتم RFCM با میانه *DS* ۸۵/۹۵ عملکرد نسبتاً مطلوبی دارد، اما وجود نقاط پرت متعدد (۳ نقطه پرت) و انحراف معیار ۷/۲۶، نوسانات بیشتری در عملکرد آن را نشان می‌دهد. الگوریتم پیشنهادی EAGK با انحراف معیار ۶/۰۲ در معیار *DS* — که از RFCM و FCM-PSO کمتر است — تعادل مناسبی بین دقت بالا و پایداری برقرار می‌کند. بهبود نسبی

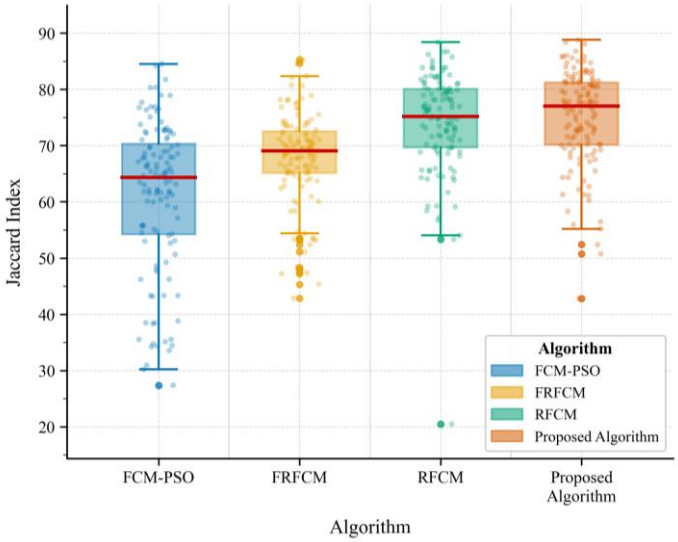
جدول (۱): مقایسه عملکرد الگوریتم EAGK با سایر الگوریتم‌ها در بخش‌بندی استخوان فمور

الگوریتم	تشابه دایس (*DS*)			تشابه جاکارد (*JS*)			تشابه کانتور (*CS*)		
	میانگین	میانه	انحراف معیار	میانگین	میانه	انحراف معیار	میانگین	میانه	انحراف معیار
FCM-PSO [۳۶]	۷۳/۴۶	۷۸/۰۹	۱۱/۸۲	۶۰/۴۸	۶۵/۹۴	۱۳/۶۴	۵۰/۵۸	۵۵/۱۰	۱۶/۴۳
FRFCM [۳۴]	۷۹/۶۳	۸۰/۹۹	۷/۰۹	۶۷/۸۱	۶۹/۵۵	۹/۰۲	۵۷/۹۸	۵۸/۸۱	۱۱/۴۹
RFCM [۳۵]	۸۴/۵۲	۸۵/۹۵	۷/۲۶	۷۳/۷۴	۷۴/۹۲	۹/۴۲	۶۴/۱۴	۶۵/۲۳	۱۶/۱۴
EAGK (Proposed) ★	**۸۴/۹۵**	**۸۶/۸۹**	**۶/۰۲**	**۷۴/۲۸**	**۷۶/۸۲**	**۸/۶۸**	**۶۵/۷۱**	**۶۷/۵۴**	**۱۴/۸۵**
توجه: مقادیر بولد بیانگر بهترین عملکرد در ستون مربوطه است. ★ بهترین عملکرد را نشان می‌دهد.									

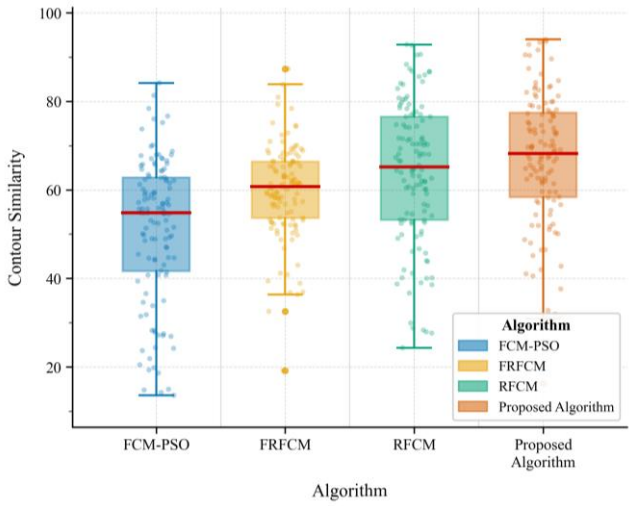
الگوریتم پیشنهادی نسبت به نزدیک‌ترین رقیب (RFCM) بر اساس مقادیر میانه به ترتیب ۰/۹۴٪، ۱/۹٪ و ۲/۳۱٪ برای معیارهای *DS*، *JS* و *CS* محاسبه شده است. آزمون کروسکال–والیس تفاوت کلی بین چهار الگوریت م را در هر سه معیار معنی‌دار نشان داد (p<۰/۰۰۱).



شکل (۲): نمودار جعبه‌ای توزیع داده‌ها، بر اساس معیار تشابه دایس برای هر چهار الگوریتم FCM-PSO، FRFCM، RFCM و پیشنهادی.



شکل (۳): نمودار جعبه‌ای توزیع داده‌ها، بر اساس معیار تشابه جاکارد برای هر چهار الگوریتم FCM-PSO، FRFCM، RFCM و پیشنهادی.



شکل (۴): نمودار جعبه‌ای توزیع داده‌ها، بر اساس معیار تشابه کانتور برای هر چهار الگوریتم FCM-PSO، FRFCM، RFCM و پیشنهادی.

لازم به ذکر است که بهبود الگوریتم پیشنهادی نسبت به RFCM در معیار *CS* پس از اعمال تصحیح بنفرونی از نظر آماری معنی‌دار نیست (W=۲۷۸۷ ، p=۰/۰۲۷)، در حالی که برتری نسبت به FCM-PSO و FRFCM در این معیار معنی‌داری آماری کامل دارد (p<۰/۰۰۰۱).

۴- بحث

رویکردهای مبتنی بر FCM به دلیل اتکا به فاصله اقلیدسی، به‌طور ضمنی خوشه‌هایی با شکل کروی و پراکندگی یکنواخت را فرض می‌کنند؛ درنتیجه توانایی محدودی در مدل‌سازی ساختارهای ناهمسانگرد و بیضوی دارند. این محدودیت در بخش‌بندی استخوان فمور از تصاویر MRI از اهمیت خاصی برخوردار است، زیرا ناهمگنی شدت بین لایه کورتیکال، مغز استخوان و بافت‌های مجاور ذاتاً ساختارهایی غیرکروی با توزیع‌های آماری ناهمگن ایجاد می‌کند. الگوریتم GK با جایگزین کردن فاصله اقلیدسی با فاصله ماهالانوبیس و به‌کارگیری ماتریس‌های کوواریانس تطبیقی، این محدودیت را تا حدودی برطرف می‌کند؛ اما حساسیت آن به پارامتر فازی‌شدگی q و ناپایداری در حضور نویز، کاربرد مستقیم آن را در تصاویر MRI بالینی با چالش‌هایی مواجه می‌سازد.

الگوریتم EAGK پیشنهادی با سه نوآوری مکمل این محدودیت‌ها را رفع می‌کند. در مرحله پیش‌پردازش، فیلتر انتشار ناهمسانگرد (Perona-Malik) با کاهش نویز در نواحی همگن و حفظ همزمان لبه‌های ساختاری، نسبت سیگنال به نویز مؤثر را بهبود داده و شرایط مناسب‌تری برای خوشه‌بندی فراهم می‌آورد. نتایج کیفی ارائه‌شده در شکل ۱ نشان می‌دهد که این مرحله به‌تنهایی تأثیر قابل توجهی در وضوح مرزهای استخوانی دارد. در سطح الگوریتم، معرفی ضریب وزنی ξ_i مبتنی بر اطلاعات متقابل، اهمیت هر پیکسل را متناسب با میزان اطمینان عضویت تنظیم کرده و تأثیر پیکسل‌های نویزی و نامطمئن را به‌صورت خودکار کاهش می‌دهد. این مکانیزم از منظر نظری با اصول تئوری اطلاعات پشتیبانی می‌شود و تفسیر آماری روشنی دارد. نوآوری سوم، تنظیم پویای پارامتر γ بر اساس آنتروپی ماتریس عضویت، موجب می‌شود الگوریتم در مراحل اولیه که عدم‌قطعیت بالاست به ساختار کلی داده تکیه کند و با کاهش تدریجی آنتروپی، تمرکز خود را به مرزهای دقیق خوشه‌ها معطوف سازد.

نتایج آزمایشی این مزایای نظری را به‌طور کمی تأیید می‌کنند. الگوریتم EAGK در هر سه معیار *DS*، *JS* و *CS* بهترین عملکرد را کسب کرد. مقایسه با الگوریتم RFCM — که از نظر نظری نزدیک‌ترین رویکرد به EAGK است — نشان می‌دهد که بهبودهای *DS* (+۰/۹۴) و *JS* (+۱/۹) از معنی‌داری آماری قوی برخوردارند. الگوریتم FRFCM با کمترین انحراف معیار (۷/۰۹ در *DS*) پایداری بالاتری نسبت به FCM-PSO دارد، اما این پایداری از طریق هموارسازی بیش از حد حاصل شده و با کاهش قابل‌توجه دقت (میانه *DS*=۸۰/۹۹) همراه است؛ این مبادله نشان‌دهنده آن است که FRFCM با حذف جزئیات مرزی، توانایی خود در تمایز لایه کورتیکال از مغز استخوان را کاهش می‌دهد. الگوریتم EAGK با انحراف معیار ۶/۰۲ در *DS* — پایین‌تر از RFCM (۷/۲۶) و FCM-PSO (۱۱/۸۲) — نشان می‌دهد که افزایش دقت در این روش با کاهش پایداری همراه نبوده است.

لازم به ذکر است که برتری EAGK نسبت به RFCM در معیار *CS* با اختلاف میانه ۲/۳۱ واحد، پس از اعمال تصحیح بنفرونی (آستانه تصحیح‌یافته α=۰/۰۱۷) از نظر آماری معنی‌دار نیست (W=۲۷۸۷ ، p=۰/۰۲۷). این یافته از دو منظر قابل تفسیر است: نخست، معیار *CS* ذاتاً واریانس بالاتری نسبت به *DS* و *JS* دارد (انحراف معیار ۱۵–۱۶ واحد در برابر ۶–۱۱ واحد)، که قدرت آماری آزمون را محدود می‌کند؛ دوم، بهبود کانتور نسبت به RFCM از نظر بالینی می‌تواند معنادار باشد اما برای تأیید آماری به حجم نمونه بزرگ‌تر نیاز است. این محدودیت در مقایسه با RFCM خاص است و برتری EAGK نسبت به FCM-PSO و FRFCM در همه معیارها کاملاً معنی‌دار است ($p<۰/۰۰۰۱$).

در مقایسه با رویکردهای یادگیری عمیق، الگوریتم CNN پیشنهادی توسط دنیز و همکاران [۲۳] با *DS* ۹۵٪ عملکرد بالاتری در معیار *DS* گزارش کرده است. با این حال، این روش به هزاران نمونه برچسب‌دار و پردازنده‌های گرافیکی پرقدرت نیاز دارد. الگوریتم EAGK با دستیابی به *DS* میانه ۸۶/۸۹٪ بدون نیاز به هیچ نمونه برچسب‌داری، گزینه‌ای رقابتی در شرایطی که داده‌های برچسب‌دار محدود یا سخت‌افزار تخصصی در دسترس نیست، محسوب می‌شود.

عیب اصلی الگوریتم پیشنهادی حساسیت عملکرد به محدوده $[\zeta_{min}, \zeta_{max}]$ است. در این مطالعه، مقادیر این محدوده بر اساس آزمون‌های تجربی و ویژگی‌های آماری تصاویر MRI مجموعه داده انتخاب شده‌اند. این وابستگی به تنظیم تجربی می‌تواند در انتقال الگوریتم به مجموعه‌داده‌های دیگر با پروتکل‌های تصویربرداری متفاوت، نیاز به کالیبراسیون مجدد ایجاد کند. همچنین، ارزیابی الگوریتم در این پژوهش محدود به تصاویر دوبعدی بوده و تعمیم آن به داده‌های سه‌بعدی نیازمند بررسی مستقل است.

جهت رفع محدودیت‌های فوق و توسعه کاربردی این رویکرد، مسیرهای زیر پیشنهاد می‌شود:

۱. بهینه‌سازی خودکار پارامتر ζ: استفاده از الگوریتم‌های فراابتکاری مانند PSO، GA یا بهینه‌سازی نهنگ برای تعیین خودکار محدوده $[\zeta_{min}, \zeta_{max}]$ به‌ازای هر تصویر، به‌منظور حذف وابستگی به تنظیم تجربی و افزایش قابلیت انتقال الگوریتم به مجموعه‌داده‌های جدید.

۲. توسعه به داده‌های سه‌بعدی: تعمیم چارچوب EAGK به تصاویر حجمی MRI برای بخش‌بندی کامل استخوان فمور، با هدف استخراج دقیق‌تر شاخص‌های ریزساختاری سه‌بعدی نظیر تراکم حجمی ترابکولار و ضخامت کورتیکال.

۳. ادغام با یادگیری نیمه‌نظارتی: استفاده از ماسک‌های بخش‌بندی‌شده توسط EAGK به‌عنوان داده برچسب‌دار اولیه برای پیش‌آموزش شبکه‌های عصبی کانولوشنی، به‌منظور ترکیب مزایای روش‌های بدون نظارت و یادگیری عمیق در شرایط کمبود داده.

۴. تشخیص خودکار پوکی استخوان: استخراج ویژگی‌های کمی BMD، ضخامت ترابکولار و تخلخل از ماسک‌های بخش‌بندی‌شده و آموزش طبقه‌بندهای ماشین بردار پشتیبان[1] (SVM) یا جنگل تصادفی برای تشخیص خودکار درجات مختلف پوکی استخوان با هدف پشتیبانی از تصمیم‌گیری بالینی.

۵- نتیجه‌گیری

در این مقاله، الگوریتم خوشه‌بندی فازی گستافسون–کسل تطبیقی مبتنی بر آنتروپی (EAGK) برای بخش‌بندی خودکار استخوان فمور از تصاویر MRI ارائه شد. این روش با ادغام سه مکانیزم مکمل — پیش‌پردازش مبتنی بر فیلتر انتشار ناهمسانگرد، وزن‌دهی تطبیقی مبتنی بر اطلاعات متقابل، و تنظیم پویای پارامتر ζ از طریق آنتروپی ماتریس عضویت — چارچوبی انعطاف‌پذیر و مقاوم در برابر نویز ارائه

[1] Support Vector Machines

می‌دهد که بدون نیاز به داده‌ی برچسب‌دار، ساختارهای پیچیده استخوانی را در حضور ناهمگنی شدت و تغییرات مورفولوژیکی به‌طور مؤثر استخراج می‌کند.

الگوریتم بر روی مجموعه‌ای با ۲۸۴ تصویر MRI از ناحیه پروگزیمال فمور ارزیابی شد. نتایج نشان می‌دهد EAGK در هر سه معیار کمی *DS*، *JS* و *CS* برترین عملکرد را دارد و با کسب میانه *DS*=۸۶/۸۹ ، *JS*=۷۶/۸۲ و *CS*=۶۷/۵۴ به‌ترتیب بهبود ۰/۹۴٪، ۱/۹٪ و ۲/۳۱ ٪ نسبت به RFCM — نزدیک‌ترین رقیب — حاصل کرده است. آزمون کروسکال–والیس تفاوت کلی میان چهار الگوریتم را در همه معیارها معنی‌دار نشان داد (p< ۰/۰۰۱). لازم به ذکر است که برتری EAGK نسبت به RFCM در معیار *CS* پس از تصحیح بنفرونی به آستانه معنی‌داری آماری نرسید (p=۰/۰۲۷)؛ این یافته نه‌تنها محدودیتی در تفسیر نتایج *CS* را نشان می‌دهد، بلکه ضرورت تکرار مطالعه با حجم نمونه بزرگ‌تر را نیز مطرح می‌سازد. افزون بر این، الگوریتم EAGK با انحراف معیار ۶/۰۲ در *DS* — پایین‌تر از تمام رقبا به جز FRFCM — نشان می‌دهد که بهبود دقت در این روش با کاهش پایداری همراه نبوده است؛ این ویژگی برای کاربردهای بالینی که قابلیت اطمینان نتایج اهمیت بالایی دارد، حائز اهمیت است.

از منظر کاربردی، EAGK بدون نیاز به داده برچسب‌دار و سخت‌افزار محاسباتی تخصصی، راه‌حلی عملی برای محیط‌های بالینی با منابع محدود ارائه می‌دهد. این ویژگی در مقایسه با رویکردهای یادگیری عمیق که به هزاران نمونه برچسب‌دار و GPU نیاز دارند، مزیت قابل توجهی محسوب می‌شود. خروجی بخش‌بندی این الگوریتم می‌تواند به‌عنوان پایه‌ای برای استخراج کمی شاخص‌های ریزساختاری استخوان نظیر BMD، ضخامت ترابکولار و تخلخل مورد استفاده قرار گیرد و بدین‌ترتیب نقشی مستقیم در پشتیبانی از تشخیص زودهنگام و پایش پوکی استخوان ایفا کند.

دسترسی داده‌ها و مواد

مجموعه داده و پیاده‌سازی‌های استفاده شده در این مطالعه به دلیل ملاحظات حریم خصوصی، سیاست‌های نهادی، و توسعه در حال انجام، به‌صورت عمومی در دسترس نیستند. درخواست‌های دسترسی و پرس‌وجوهای همکاری باید به نویسنده مسئول ارسال شود. هرگونه پرس‌وجو در مورد دسترسی به داده‌ها، جزئیات پیاده‌سازی، توضیحات روش‌شناسی، یا همکاری‌های تحقیقاتی بالقوه باید به نویسنده مسئول هدایت شود.

سپاسگزاری

نویسندگان استفاده از Claude Sonnet 4.6 (Anthropic، دسترسی در می ۲۰۲۶) را برای کمک در آماده‌سازی نسخه خطی، شامل پشتیبانی نگارش و کمک به قالب‌بندی، اعلام می‌کنند. تمامی محتوای تولید شده توسط هوش مصنوعی به‌دقت توسط نویسندگان بازبینی، ویرایش و اعتبارسنجی شده است تا از صحت و مناسب بودن آن برای زمینه علمی اطمینان حاصل شود.

تأمین مالی

این پژوهش هیچ‌گونه کمک مالی اختصاصی از سوی سازمان‌های تأمین اعتبار در بخش‌های دولتی، تجاری یا غیرانتفاعی دریافت نکرده است.

تعارض منافع

نویسندگان اعلام می‌کنند که هیچ‌گونه تعارض منافعی ندارند.

مراجع

[1] T. T. Martin-Carreras, H. Li, and P.-H. Chen, “Interpretative Applications of Artificial Intelligence in Musculoskeletal Imaging: Concepts, Current Practice, and Future Directions,” *Journal of Medical Artificial Intelligence*, vol. 3, pp. 13–13, Sep. 2020, doi: 10.21037/jmai-20-30.

[2] G. Dean Deyle, “The Role of MRI in Musculoskeletal Practice: A Clinical Perspective,” *Journal of Manual & Manipulative Therapy*, vol. 19, no. 3, pp. 152–161, Aug. 2011, doi: 10.1179/2042618611y.0000000009.

[3] M. Väänänen, O. Tervonen, and M. T. Nevalainen, “Magnetic Resonance Imaging of Avascular Necrosis of the Femoral Head: Predictive Findings of Total Hip Arthroplasty,” *Acta radiologica open*, vol. 10, no. 4, pp. 205846012110083–205846012110083, Apr. 2021, doi: 10.1177/20584601211008379.

[4] D. Nascimento, G. Suchard, M. Hatem, and A. de Abreu, “The Role of Magnetic Resonance Imaging in the Evaluation of Bone Tumours and Tumour-Like Lesions,” *Insights into Imaging*, vol. 5, no. 4, pp. 419–440, Jul. 2014, doi: 10.1007/s13244-014-0339-z.

[5] F. Sabooniha, “A Case Report of Bone Paget’s Disease With Concurrent Psoriasis and Positive Celiac Serology,” *Curr Med Imaging*, vol. 20, p. e270323214978, 2024, doi: 10.2174/1573405620666230327111326.

[6] J. R. Dillman and R. J. Hernandez, “MRI of Legg-Calvé-Perthes Disease,” *American Journal of Roentgenology*, vol. 193, no. 5, pp. 1394–1407, Nov. 2009, doi: 10.2214/ajr.09.2444.

[7] B. Hwang, M. Fredericson, C. B. Chung, C. F. Beaulieu, and G. E. Gold, “MRI Findings of Femoral Diaphyseal Stress Injuries in Athletes,” *American Journal of Roentgenology*, vol. 185, no. 1, pp. 166–173, Jul. 2005, doi: 10.2214/ajr.185.1.01850166.

[8] J. J. Heerey *et al.*, “Prevalence of Early Hip OA Features on MRI in High-Impact Athletes. The Femoroacetabular Impingement and Hip Osteoarthritis Cohort (FORCe) Study,” *Osteoarthritis and Cartilage*, vol. 29, no. 3, pp. 323–334, Mar. 2021, doi: 10.1016/j.joca.2020.12.013.

[9] J. Bennett, J. W. Suliburk, and F. E. Morón, “Osseous Manifestations of Primary Hyperparathyroidism: Imaging Findings,” *International Journal of Endocrinology*, vol. 2020, pp. 1–10, Feb. 2020, doi: 10.1155/2020/3146535.

[10] M. Bittner-Frank, A. G. Reisinger, O. G. Andriotis, D. H. Pahr, and P. J. Thurner, “Cortical and Trabecular Mechanical Properties in the Femoral Neck Vary Differently With Changes in Bone Mineral Density,” *JBMR Plus*, vol. 8, no. 6, Apr. 2024, doi: 10.1093/jbmrpl/ziae049.

[11] M. Petrantonaki, T. Maris, and J. Damilakis, “MRI Techniques for the Examination of Trabecular Bone Structure,” *Current Medical Imaging Reviews*, vol. 1, no. 1, pp. 35–41, Jan. 2005, doi: 10.2174/1573405052953038.

[12] Y. Li, B. Hou, Y. Zhang, Y. Wang, Y. Chu, and X. Li, “In Vivo Quantitative Assessment of Proximal Femoral Cortical Bone Microstructure Using Double-Echo Ultrashort Echo Time Magnetic Resonance Imaging,” *Quantitative Imaging in Medicine and Surgery*, vol. 14, no. 12, pp. 9323–9334, Dec. 2024, doi: 10.21037/qims-24-1230.

[13] M. Kakar, H. Nystrom, T. Nøttrup, Ø. Bruland, and D. Olsen, “MO-E-330A-03: Automated Texture Based CT Segmentation by Gabor Filtering and Fuzzy Clustering,” *Medical physics on CD-ROM/Medical physics*, vol. 33, no. 6Part15, pp. 2170–2170, Jun. 2006, doi: 10.1118/1.2241451.

[14] J. Pang, J. Driban, T. McAlindon, J. Tamez-Pena, J. Fripp, and E. Miller, “On the Use of Coupled Shape Priors for Segmentation of Magnetic Resonance Images of the Knee,” *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*, pp. 1–1, 2014, doi: 10.1109/jbhi.2014.2329493.

[15] D.-W. Kim, K. H. Lee, and D. Lee, “Detecting Clusters of Different Geometrical Shapes in Microarray Gene Expression Data,” *Bioinformatics*, vol. 21, no. 9, pp. 1927–34, May 2005, doi: 10.1093/bioinformatics/bti251.

[16] L. A. Ahmed *et al.*, “Measurement of Cortical Porosity of the Proximal Femur Improves Identification of Women With Nonvertebral Fragility Fractures,” *Osteoporos Int*, vol. 26, no. 8, pp. 2137–46, Aug. 2015, doi: 10.1007/s00198-015-3118-x.

[17] C. Falcinelli, V. S. Cheong, L. M. Ellingsen, and B. Helgason, “Segmentation Methods for Quantifying X-Ray Computed Tomography Based Biomarkers to Assess Hip Fracture Risk: A Systematic Literature Review,” *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, vol. 12, Oct. 2024, doi: 10.3389/fbioe.2024.1446829.

[18] R. S.-E. Maalman *et al.*, “Sex Estimation Using Proximal Femoral Parameters of Adult Population in the Volta Region of Ghana,” *Forensic Science International: Reports*, vol. 7, p. 100323, Jul. 2023, doi: 10.1016/j.fsir.2023.100323.

[19] A. Memiş, S. Varlı, and F. Bilgili, “A Novel Approach for Computerized Quantitative Image Analysis of Proximal Femur Bone Shape Deformities Based on the Hip Joint Symmetry,” *Artificial Intelligence in Medicine*, vol. 115, p. 102057, May 2021, doi: 10.1016/j.artmed.2021.102057.

[20] A. Memiş, S. Varlı, and F. Bilgili, “Image Based Quantification of the Proximal Femur Shape Deformities in 3D by Using the Contralateral Healthy Shape Structure: A Preliminary Study,” *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 71, p. 103079, Jan. 2022, doi: 10.1016/j.bspc.2021.103079.

[21] A. Memiş, S. Varlı, and F. Bilgili, “Fast and Accurate Registration of the Proximal Femurs in Bilateral Hip Joint Images by Using the Random Sub-Sample Points,” *IRBM*, vol. 43, no. 2, pp. 130–141, Apr. 2022, doi: 10.1016/j.irbm.2021.04.001.

[22] J. Hirvasniemi *et al.*, “Bone Texture Analysis for Prediction of Incident Radiographic Hip Osteoarthritis Using Machine Learning: Data From the Cohort Hip and Cohort Knee (CHECK) Study,” *Osteoarthritis and Cartilage*, vol. 27, no. 6, pp. 906–914, Jun. 2019, doi: 10.1016/j.joca.2019.02.796.

[23] C. M. Deniz *et al.*, “Segmentation of the Proximal Femur From MR Images Using Deep Convolutional Neural Networks,” *Scientific Reports*, vol. 8, no. 1, Nov. 2018, doi: 10.1038/s41598-018-34817-6.

[24] M. Gupta, D. Devadas, C. Sahni, A. Nayak, P. K. Tiwari, and A. Mishra, “Morphometric Analysis of the Proximal Femur With Its Clinical Correlation in Eastern Uttar Pradesh Region,” *Cureus*, vol. 14, no. 9, Sep. 2022, doi: 10.7759/cureus.28780.

[25] J. C. Bezdek, R. Ehrlich, and W. Full, “FCM: The Fuzzy C-Means Clustering Algorithm,” *Computers & Geosciences*, vol. 10, no. 2, pp. 191–203, Jan. 1984, doi: 10.1016/0098-3004(84)90020-7.

[26] R. Krishnapuram and J. Kim, “A Note on the Gustafson-Kessel and Adaptive Fuzzy Clustering Algorithms,” *IEEE Transactions on Fuzzy Systems*, vol. 7, no. 4, pp. 453–461, 1999, doi: 10.1109/91.784208.

[27] D. Dovžan and I. Škrjanc, “Recursive Clustering Based on a Gustafson–Kessel Algorithm,” *Evolving Systems*, vol. 2, no. 1, pp. 15–24, Dec. 2010, doi: 10.1007/s12530-010-9025-7.

[28] R. Babuka, P. J. van der Veen, and U. Kaymak, “Improved Covariance Estimation for Gustafson-Kessel Clustering,” in *2002 IEEE World Congress on Computational Intelligence. 2002 IEEE International Conference on Fuzzy Systems. FUZZ-IEEE’02. Proceedings (Cat. No.02CH37291)*, IEEE, pp. 1081–1085. Accessed: Nov. 14, 2026. [Online]. Available: https://ieeexplore.ieee.org/document/1006654

[29] D. Gustafson and W. Kessel, “Fuzzy Clustering With a Fuzzy Covariance Matrix,” in *1978 IEEE Conference on Decision and Control including the 17th Symposium on Adaptive Processes*, IEEE, Jan. 1978, pp. 761–766. Accessed: Nov. 14, 2026. [Online]. Available: https://ieeexplore.ieee.org/document/4046215

[30] Z. Wang, Q. Song, Y. C. Soh, and K. Sim, “An Adaptive Spatial Information-Theoretic Fuzzy Clustering Algorithm for Image Segmentation,” *Computer Vision and Image Understanding*, vol. 117, no. 10, pp. 1412–1420, Oct. 2013, doi: 10.1016/j.cviu.2013.05.001.

[31] P. Perona and J. Malik, “Scale-Space and Edge Detection Using Anisotropic Diffusion,” *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 12, no. 7, pp. 629–639, Jul. 1990, doi: 10.1109/34.56205.

[32] M. Najafi, T. Yousefi Rezaii, S. Danishvar, and S. N. Razavi, “Qualitative Classification of Proximal Femoral Bone Using Geometric Features and Texture Analysis in Collected MRI Images for Bone Density Evaluation,” *Sensors*, vol. 23, no. 17, p. 7612, Sep. 2023, doi: 10.3390/s23177612.

[33] A. Fahmi Jafargholkhanloo and M. Shamsi, “Quantitative Analysis of Facial Soft Tissue Using Weighted Cascade Regression Model Applicable for Facial Plastic Surgery,” *Signal Processing: Image Communication*, vol. 121, p. 117086, Feb. 2024, doi: 10.1016/j.image.2023.117086.

[34] T. Lei, X. Jia, Y. Zhang, L. He, H. Meng, and A. Nandi, “Significantly Fast and Robust Fuzzy C-Means Clustering Algorithm Based on Morphological Reconstruction and Membership Filtering,” *IEEE Transactions on Fuzzy Systems*, vol. 26, no. 5, 2018, doi: 10.1109/TFUZZ.2018.2796074.

[35] C. Wang, W. Pedrycz, Z. Li, and M. Zhou, “Residual-Driven Fuzzy C-Means Clustering for Image Segmentation,” *IEEE/CAA Journal of Automatica Sinica*, vol. 8, no. 4, pp. 876–889, Apr. 2021, doi: 10.1109/jas.2020.1003420.

[36] H. Verma, D. Verma, and P. K. Tiwari, “A Population Based Hybrid FCM-PSO Algorithm for Clustering Analysis and Segmentation of Brain Image,” *Expert Systems with Applications*, vol. 167, p. 114121, Apr. 2021, doi: 10.1016/j.eswa.2020.114121.

[37] S. Tongbram, B. A. Shimray, L. S. Singh, and N. Dhanachandra, “A Novel Image Segmentation Approach Using Fcm and Whale Optimization Algorithm,” *Journal of Ambient Intelligence and Humanized Computing*, Jan. 2021, doi: 10.1007/s12652-020-02762-w.

[38] A. Elazab, C. Wang, F. Jia, J. Wu, G. Li, and Q. Hu, “Segmentation of Brain Tissues From Magnetic Resonance Images Using Adaptively Regularized Kernel-Based FuzzyC-Means Clustering,” *Computational and Mathematical Methods in Medicine*, vol. 2015, pp. 1–12, 2015, doi: 10.1155/2015/485495.