

## قطعه بندی تومور ضایعه مغزی با استفاده از شبکه عصبی کانولوشن

فروغ سیدمعصومی<sup>۱</sup>، منوچهر کاظمی<sup>۲</sup>، عباس زمانی شورابی<sup>۳</sup>

<sup>۱</sup> گروه مهندسی کامپیوتر، واحد آشتیان، دانشگاه آزاد اسلامی، آشتیان، ایران

<sup>۲</sup> عضو هیات علمی گروه مهندسی کامپیوتر، واحد آشتیان، دانشگاه آزاد اسلامی، آشتیان، ایران

<sup>۳</sup> عضو هیات علمی گروه مهندسی کامپیوتر، واحد آشتیان، دانشگاه آزاد اسلامی، آشتیان، ایران

---

### چکیده

در این مقاله روش جدیدی مبتنی بر شبکه‌های عصبی کانولوشن برای قطعه‌بندی تومورهای مغزی در تصاویر ام آر آی ارائه می‌شود که کار را با مرحله پیش‌پردازش شامل اصلاح میدان بایاس، شدت و عادی‌سازی قطعات شروع می‌شود پس از آن طی روند آموزش، تعداد قطعات آموزشی به طور مصنوعی به کمک چرخش قطعات آموزشی و نیز استفاده از نمونه‌های HGG برای قطعه‌بندی تعداد دسته‌های کمیاب LGG افزایش می‌یابد. شبکه عصبی کانولوشن روی لایه‌های کانولوشن با ابعاد هسته کوچک  $3 \times 3$  ساخته می‌شود تا امکان انجام معماری‌های عمیق‌تر را فراهم نماید. در پایان نشان داده می‌شود که تابع فعال‌سازی LReLU نسبت به تابع ReLU نقش مهم‌تری در آموزش کارآمد شبکه‌های عصبی کانولوشن دارد.

واژه‌های کلیدی: تصاویر MRI، مغز، قطعه بندی، شبکه عصبی کانولوشن.

---

## ۱. مقدمه

استفاده از روش‌های پردازش تصویر در سال‌های اخیر به سرعت افزایش یافته است. امروزه، ثبت و ذخیره‌سازی تصاویر پزشکی دیجیتال انجام می‌شود؛ اما تفسیر جزئیات تصاویر پزشکی همچنان زمان‌بر است. این موضوع به طور خاص در مناطق دارای رنگ و شکل عادی مشاهده می‌شود که متخصصان رادیولوژی باید در مطالعات آتی آن‌ها را شناسایی کنند (چانگ و تنگ ۲۰۰۷). قطعه‌بندی تصویر در بسیار از فرآیندهای تصویر و برنامه‌های کاربرد بصری کامپیوتر امر مهمی به حساب می‌آید. قطعه‌بندی تصویر بدین منظور انجام می‌شود که تصویر بر مبنای معیارهای داده شده مربوط به فرآیند آتی به مناطق مختلفی تقسیم شود (باور و همکارانش، ۲۰۱۳).<sup>۱</sup>

قطعه‌بندی تصاویر پزشکی در بسیار از برنامه‌های کاربردی پزشکی نظیر برنامه‌ریزی جراحی، ارزیابی پس از جراحی، آشکارسازی ناهنجاری و... امر مهمی به شمار می‌رود (ژانگ و همکارانش، ۲۰۰۷).<sup>۲</sup> ابزارهای زیادی برای قطعه‌بندی خودکار و نیمه خودکار تصاویر وجود دارد، ولی اکثر آن‌ها به دلیل نویز نامشخص، کنتراست (درجه خاکستری) ضعیف تصویر، ناهمگونی و کرانه‌های ضعیف معمول در تصاویر پزشکی معمولاً ساختارهای پیچیده‌ای دارند و قطعه‌بندی دقیق آن‌ها در تشخیص بالینی امری ضروری می‌باشد (هال، همکارانش، ۱۹۹۲). یکی از این موارد قطعه‌بندی تصاویر مغز است که کاری نسبتاً پیچیده و دشوار است، باینهمه، قطعه‌بندی صحیح آن برای آشکارسازی تومورها، ورم و بافت‌های مرده بسیار مهم می‌باشد. آشکارسازی صحیح این بافت‌ها در سیستم‌های تشخیصی بسیار حایز اهمیت می‌باشد، در ضمن، تصویربرداری با تشدید مغناطیسی که به اختصار  $MRI^3$  گفته می‌شود، روش تصویربرداری مهمی جهت آشکارسازی تغییرات غیرعادی بخش‌های مختلف مغز در مرحله اولیه به شمار می‌رود. تصویربرداری  $MRI$  روش شناخته شده‌ای است که برای دستیابی به تصویر مغز با کنتراست بالا استفاده می‌شود. پارامترهای اکتساب ام. آر. آی را می‌توان با هدف تعیین سطوح خاکستری مختلف بافت‌های متفاوت و انواع گوناگون آسیب‌شناسی اعصاب تنظیم کرد (تیان و فان ۲۰۰۷). تصاویر  $MRI$  در مقایسه با مغرنگاری کامپیوتری (CT) کنتراستی مناسبی دارند؛ بنابراین، بیشتر تحقیقات قطعه‌بندی تصاویر پزشکی از تصاویر  $MRI$  استفاده می‌کنند.

شناسایی ساختارهای مغز در تصویربرداری با تشدید مغناطیسی یا همان  $MRI$  در علم اعصاب بسیار مهم بوده و کاربردهای زیادی دارد که از جمله آن‌ها می‌توان به نگاشت فعال‌سازی کارکرد تشریحی یا کالبدشناختی مغز، بررسی رشد مغز و نیز تجزیه و تحلیل قابلیت تغییر کالبدشناختی اعصاب در مغزهای عادی اشاره کرد (هان و فیشل ۲۰۰۷). قطعه‌بندی تصاویر مغز در تشخیص بالینی اختلالات زایل‌کننده اعصاب و روان‌پزشکی، ارزیابی درمان و برنامه‌ریزی جراحی نیز کارایی دارند (هان و فیشل ۲۰۰۷). به رغم این که روش‌های زیادی برای قطعه‌بندی خودکار و نیمه‌خودکار تصاویر وجود دارد، ولی اکثر آن‌ها به دلیل وجود نویز نامشخص، کنتراست پایین تصویر و کرانه‌های ضعیف معمول در تصاویر پزشکی ناموفق هستند (وان میر و همکارانش، ۲۰۱۰).<sup>۴</sup>

## ۲. روش پیشنهادی

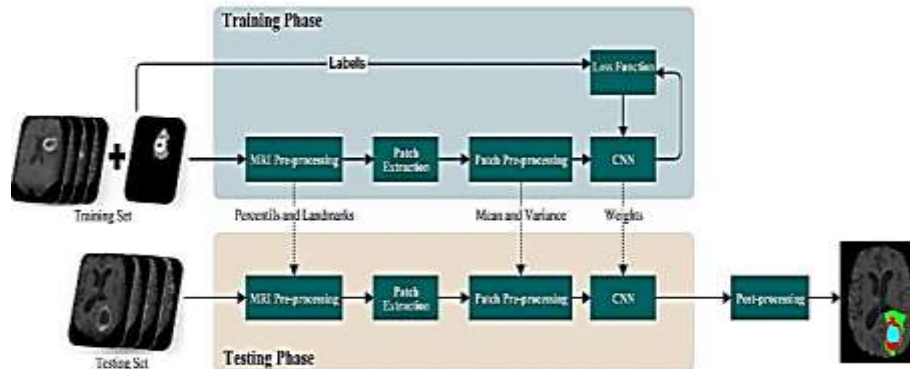
شکل ۱ نمای کلی از روش پیشنهادی ارائه می‌کند. سه مرحله اصلی این روش عبارتند از: پیش‌پردازش، دسته‌بندی به وسیله شبکه عصبی کانولوشن و پس‌پردازش.

<sup>1</sup> S. Bauer et al

<sup>2</sup> L. G. Nyúl, J. K. Udupa, and X. Zhang

<sup>3</sup> Magnetic Resonance Imaging

<sup>4</sup> E. G. Van Meir et al



شکل ۱: نمای کلی از روش پیشنهادی

## الف. پیش پردازش

تصاویر ام آر آی همراه با انحراف میدان بایاس تغییر می‌کنند که این باعث تغییر شدت بافت‌های یکسان در کل تصویر نیز می‌شود. ما برای تصحیح این مشکل از روش N4ITK استفاده کرده‌ایم (تاستزن و همکارانش، ۲۰۱۰).<sup>۱</sup> با این حال، این روش به حد کافی تضمین نمی‌کند که توزیع شدت یک نوع بافت در اشیا مختلف با توالی ام آر آی یکسان، مقیاس شدت مشابهی داشته باشد، زیرا این یک فرضیه صریح یا ضمنی در اکثر روش‌های قطعه‌بندی محسوب می‌شود. در واقع، این روش حتی در صورتی که تصویر یک بیمار با یک اسکالر واحد در فواصل زمانی متفاوت یا در حضور یک پاتولوژی گرفته شده باشد، ممکن است متغیر باشد (نایول و آداپو ژانگ، ۲۰۰۰).<sup>۲</sup> بنابراین، برای ایجاد شباهت بیشتر دامنه‌های کنتراست و شدت در بیماران و نمونه‌های گرفته شده از روش عادی‌سازی شدت (نایول و آداپو ژانگ، ۲۰۰۰) در هر توالی یا سکانس استفاده می‌کنیم. در این روش، مجموعه‌ای از علائم مرزی شدت  $I_L = \{pc_1, i_{p_{10}}, i_{p_{20}}, \dots, i_{p_{90}}, pc_2\}$  از مجموعه آموزشی برای هر سکانس در نظر گرفته می‌شود.  $pc_1$  و  $pc_2$  همانطور که در مرجع بیان شده است، برای هر سکانس ام آر آی انتخاب می‌شود.  $i_{p_1}$  مقدار شدت را در درصد  $I$  نشان می‌دهد. عادی‌سازی شدت پس از آموزش از طریق تبدیل خطی مقادیر شدت اصلی بین علائم مرزی به علائم مرزی فرا گرفته متناظر انجام می‌شود. بدین ترتیب، هیستوگرام هر سکانس شباهت بیشتری با اشیا پیدا می‌کند.

پس از عادی‌سازی تصاویر ام آر آی به محاسبه مقدار شدت میانگین و انحراف معیار در تمام قطعات آموزشی استخراج شده برای هر توالی یا سکانس روی می‌آوریم. سپس، برای دستیابی به میانگین صفر و واریانس واحد این قطعات را در هر توالی عادی‌سازی می‌کنیم.

## ب. شبکه عصبی کانولوشن

شبکه عصبی کانولوشن با علامت اختصاری CNN<sup>۳</sup> برای رسیدن به نتایج پیشرفت و پیروزی در رقابت‌های مشهور بکار گرفته شد. بکارگیری از لایه‌های کانولوشن منوط به پیچیدن یک سیگنال یا تصویر با هسته‌ها برای دستیابی به نقشه‌های ویژگی می‌باشد؛ بنابراین، یک واحد در نقشه ویژگی از طریق وزن هسته‌ها به لایه قبلی متصل می‌شود. سپس، برای تقویت ویژگی‌های معین ورودی، وزن هسته‌ها طی فاز آموزشی مطابقت داده می‌شود. از آنجایی که هسته‌ها میان تمام واحدهای با نقشه‌های ویژگی یکسان مشترک هستند، لایه‌های کانولوشن برای آموزش وزن کمتری نسبت به لایه‌های تمام بسته فشرده دارند که این

<sup>1</sup> N. J. Tustison et al

<sup>2</sup> L. G. Nyúl, J. K. Udupa, and X. Zhang

<sup>3</sup> Conoloution Neural Network

امر آموزش شبکه عصبی کانولوشن را ساده‌تر نموده و از تمایل آن به تطابق اضافی می‌کاهد. علاوه بر این، از آنجایی که یک هسته واحد در تمام تصویر پیچیده می‌شود، ویژگی یکسان یعنی تغییرناپذیری انتقال فارغ از جایابی آشکار می‌شود. اطلاعات همسایگی که منبع مفید اطلاعات بافتی است، با استفاده از هسته‌ها مد نظر قرار می‌گیرد. معمولاً، تابع فعالسازی غیرخطی در خروجی هر واحد عصبی بکار گرفته می‌شود.

اگر چند لایه کانولوشن انباشته کنیم، ویژگی‌های استخراجی با افزایش عمق، بیشتر فشرده می‌شوند. لایه‌های اول، ویژگی‌هایی مانند لبه‌ها را تقویت می‌کنند و در لایه‌های بعدی به صورت موضوع اصلی، بخش یا شیء جمع می‌شوند. مفاهیم زیر در چارچوب شبکه عصبی کانولوشن حائز اهمیت می‌باشند:

(۱) **مقداردهی اولیه:** این مفهوم برای رسیدن به همگرایی اهمیت دارد. ما در اینجا از مقداردهی اولیه خاویر استفاده می‌کنیم. بدین وسیله، نمونه‌های فعالسازی و گرادیان در سطوح کانتور شده حفظ می‌شود، در غیراینصورت ممکن است گرادیان‌های منتشر شده به عقب، از بین رفته یا منفجر شوند.

(۲) **تابع فعالسازی:** این تابع مسئولیت تبدیل غیرخطی داده‌ها را برعهده دارد. واحدهای خطی یکسو کننده (ReLU) به صورت زیر تعریف می‌شود:

$$f(x) = \max(0, x),$$

این واحدها برای دستیابی به نتایج بهتر نسبت به توابع مماس هذلولی یا هلالی قدیمی‌تر و تسریع آموزش مشخص شدند [۲۶]، [۴۲]؛ اما اعمال یک ثابت 0 می‌تواند به گردش گرادیان و تطبیق متوالی وزن‌ها آسیب وارد کند. ما این محدودیت‌ها را به کمک متغیری به نام واحد خطی یکسوکننده (LReLU) که با شیب منحنی کوچکی در بخش منفی تابع شروع می‌شود، برطرف می‌کنیم. این تابع به صورت زیر تعریف می‌شود:

$$f(x) = \max(0, x) + \alpha \min(0, x) \quad (۲)$$

در این تابع  $\alpha$  پارامتر نامتراکمی می‌باشد. در لایه تمام بسته آخر از حداکثر نرمی استفاده می‌کنیم.

(۳) **ادغام:** ویژگی‌های اطراف نقشه‌های ویژگی را از نظر فضایی ترکیب می‌کند. این ترکیب ویژگی‌های زائد احتمالی نظیر جزئیات کم اهمیت، نمایش آن را برای تغییرات جزئی تصویر فشرده‌تر و ثابت‌تر کرده و بار محاسباتی مرحله‌های بعدی را نیز کاهش می‌دهد. برای پیوند ویژگی‌ها معمولاً از ادغام ماکزیمم یا میانگین استفاده می‌کنند.

(۴) **تنظیم:** برای کاهش تطابق اضافی مورد استفاده قرار می‌گیرد. ما در لایه‌های تمام بسته از روش کنارگذاری استفاده می‌کنیم. این روش در هر مرحله آموزش با احتمال  $p$  گره‌ها را شبکه مورد نظر برداشته و بدین شیوه تمام گره‌های لایه‌های تمام بسته را مجبور می‌کند تا نمایش بهتری از داده‌ها یاد بگیرند و با این کار از تطابق گره‌ها با یکدیگر جلوگیری می‌کند. در حین انجام آزمایش از تمام گره‌ها استفاده می‌شود. از آنجایی که آموزش هر شبکه با بخشی از داده‌های آموزشی صورت می‌گیرد، کنارگذاری را می‌توان مجموعه‌ای از شبکه‌های متفاوت و نوعی جاناندازی تلقی کرد.

(۵) **افزایش داده:** این روش برای افزایش اندازه مجموعه‌های آموزشی و کاهش تطابق اضافی بکار گرفته می‌شود. از آنجایی که دسته قطعه به وسیله وکسل مرکزی بدست می‌آید، افزایش داده‌ها را به خاطر عملیات‌های چرخشی محدود کرده‌ایم. برخی از محققان نیز تبدیل تصاویر را مد نظر قرار می‌دهند، ولی این در قطعه‌بندی می‌تواند باعث نسبت دادن یک دسته غلط به قطعه مورد نظر شود. از این رو، با ایجاد قطعات جدید از طریق چرخش قطعه اصلی، مجموعه داده‌ای مان را طی فرآیند آموزش افزایش داده‌ایم. ما در طرح پیشنهادی خود از چند زاویه ۹۰ درجه استفاده کرده‌ایم، ولی روش جایگزین دیگر را درآینده بررسی خواهیم کرد.

(۶) **تابع اتلاف:** تابعی است که طی فرآیند آموزش باید به کمترین حد خود برسد. در اینجا از انتروپی متقاطع رسته‌ای استفاده کرده‌ایم،

$$H = - \sum_{j \in \text{voxels}} \sum_{k \in \text{classes}} c_{j,k} \log(\hat{c}_{j,k}) \quad (۳)$$

در این معادله  $\hat{C}$  نشان‌دهنده پیش‌بین‌های احتمالی (پس از سافت‌مکس) و  $C$  نیز هدف مورد نظر می‌باشد. در زیربخش‌های بعدی درباره معماری و آموزش شبکه عصبی کانولوشن خود بحث می‌کنیم.

**۷) معماری:** در اینجا قصد داریم یک روش قطعه‌بندی مطمئن معرفی کنیم، ولی تومورهای مغزی تغییرپذیری زیادی را در ساختارهای داخل توموری نشان می‌دهند و این باعث ایجاد مشکل در قطعه‌بندی می‌شود. از این رو، برای کاهش این‌گونه پیچیدگی، یک شبکه عصبی کانولوشن طراحی و تبدیل عادی‌سازی شدت را برای هر دو درجه LGG و HGG تومورها تنظیم کرده‌ایم.

معماری‌های پیشنهادی در جداول ۱ و ۲ ارائه شده‌اند. معماری بکار رفته در درجه HGG نسبت به نمونه آن در LGG پیچیده‌تر است، زیرا فرورفتگی بیشتر باعث بهبود نتایج در نمونه بعدی نشده است.

**جدول ۱:** معماری شبکه عصبی کانولوشن HGG. در ورودی‌ها، بعد اول به تعداد کانال‌ها و دو بعد دیگر به اندازه قطعه یا نقشه‌های ویژگی اشاره دارد. CONV به لایه‌های کانولوشن و MAX-POOL با ماکزیمم ادغام اطلاق می‌شوند.

جدول ۱: معماری شبکه عصبی کانولوشن HGG

	Type	HGG			FC units	Input
		Filter size	Stride	# filters		
Layer 1	Conv.	3×3	1×1	64	-	4×33×33
Layer 2	Conv.	3×3	1×1	64	-	64×33×33
Layer 3	Conv.	3×3	1×1	64	-	64×33×33
Layer 4	Max-pool.	3×3	2×2	-	-	64×33×33
Layer 5	Conv.	3×3	1×1	128	-	64×16×16
Layer 6	Conv.	3×3	1×1	128	-	128×16×16
Layer 7	Conv.	3×3	1×1	128	-	128×16×16
Layer 8	Max-pool.	3×3	2×2	-	-	128×16×16
Layer 9	FC	-	-	-	256	6272
Layer 10	FC	-	-	-	256	256
Layer 11	FC	-	-	-	5	256

**جدول ۲:** معماری شبکه عصبی کانولوشن LGG. بعد اول به تعداد کانال‌ها و دو بعد دیگر به اندازه قطعه و یا نقشه‌های ویژگی اشاره دارند. CONV به لایه‌های کانولوشن و MAX-POOL به ماکزیمم ادغام اطلاق می‌شوند.

جدول ۲: معماری شبکه عصبی کانولوشن LGG

	Type	LGG			FC units	Input
		Filter size	Stride	# filters		
Layer 1	Conv.	3×3	1×1	64	-	4×33×33
Layer 2	Conv.	3×3	1×1	64	-	64×33×33
Layer 3	Max-pool.	3×3	2×2	-	-	64×33×33
Layer 4	Conv.	3×3	1×1	128	-	64×16×16
Layer 5	Conv.	3×3	1×1	128	-	128×16×16
Layer 6	Max-pool.	3×3	2×2	-	-	128×16×16
Layer 7	FC	-	-	-	256	6272
Layer 8	FC	-	-	-	256	256
Layer 9	FC	-	-	-	5	256

برای فرورفتگی بیشتر باید لایه‌های بیشتری در وزن‌ها منظور کرد که این می‌تواند تطابق اضافی را افزایش داده و مجموعه آموزشی کوچکتری از غده‌های با تراز پایین (LGG) ارائه نماید. این قضیه با نیاز به کنارگذاری تنظیمات با  $p = 0.5$  در LGG پشتیبانی می‌شود، حال آن که همین متغیر در HGG برابر با  $p = 0.1$  است، زیرا پایگاه داده‌های بکار رفته برای ارزیابی، نمونه‌های بیشتری HGG نسبت به LGG در اختیار داشته است. افزون بر این، ظاهر و الگوهای HGG و LGG با هم متفاوت هستند. در حین انجام قطعه‌بندی باید تشخیص دقیقی از موقعیت داشته باشیم. ادغام برای دستیابی به

تغییرناپذیری و حذف جزئیات غیرمرتبط می‌تواند مثبت باشد، ولی در عین حال با حذف جزئیات مهم نیز می‌تواند تأثیر منفی داشته باشد. از این گذشته، برای حفظ بیشتر اطلاعات موقعیت از ادغام هم‌پوشانی با میدان‌های گیرنده  $3 \times 3$  و گام‌های  $2 \times 2$  استفاده می‌کنیم. نقشه‌های ویژگی در لایه‌های کانولوشن قبل از پیچیدگی لایه‌گذاری می‌شود تا نقشه‌های ویژگی نهایی بتواند همین ابعاد را حفظ کند. در خصوص HGG یا غده‌های با تراز بالا تعداد ۲، ۱۱۸ و ۲۱۳ وزن برای آموزش وجود دارد، حال آن که در LGG یا غده‌های با تراز پایین به ۱، ۹۳۳ و ۷۰۱ وزن کاهش پیدا می‌کند، زیرا دو لایه کانولوشن کمتر دارد. تمام توالی‌ها به عنوان ورودی مورد استفاده قرار گرفتند. LReLU تابع فعالسازی است که در تمام لایه‌ها به جز لایه آخر که از سافت‌مکس استفاده می‌کند، دارای وزن می‌باشد.

۸) آموزش: برای آموزش شبکه عصبی کانولوشن، تابع اتلاف با وجود غیرخطی بودن باید به کمترین حد خود برسد. در اینجا از گرادیان نزولی تصادفی به عنوان الگوریتم بهینه‌سازی استفاده می‌کنیم. این الگوریتم متناسب با مقدار منفی گرادیان در جهت کمینه‌های محلی اقدام می‌کند، ولی با اینهمه در نواحی دارای انحنای کم ممکن است عمل نماید؛ بنابراین، برای تسریع الگوریتم در آن نواحی از گشتاور شتاب‌دار نستروف کمک می‌گیریم. در این گشتاور ۷ ثابت حفظ می‌شود، ولی سرعت یادگیری  $\epsilon$  پس از هر دوره به صورت خطی کاهش یافته است. کنارگذاری کامل کلیه نمونه‌های آموزشی را یک دوره تلقی می‌کنیم.

### ج. پس پردازش

بعضی از خوشه‌های کوچک ممکن است به اشتباه تومور قلمداد شود. برای حل این مشکل ابتدا خوشه‌های داخل قطعه‌بندی را که به وسیله شبکه عصبی کانولوشن بدست آمده‌اند و ابعاد کوچکتری نسبت به آستانه از پیش تعریف شده TVOL دارند، برمی‌داریم و سپس محدودیت‌های حجمی را اعمال می‌کنیم.

### ۳. محیط آزمایشگاهی

الف. پایگاه داده‌ها) روش پیشنهادی در پایگاه‌های داده‌ای BRATS 2013 و BRATS 2015 مورد تأیید واقع شد (منز و همکارانش، ۲۰۱۵).<sup>۱</sup> در پایگاه داده‌ای BRATS برای هر بیمار چهار توالی ام آر آی قابل دسترس می‌باشد: T1 وزنی (T1)، T1 با کنتراست تقویت‌کننده گادولینیوم (T1c)، T2 وزنی (T2) و FLAIR. تصاویر هر شخص قبلاً با T1c و T1c با T1 (هیئت رئیسه) و Challenge (چالش) در اختیار دارد که از ۶۵ اسکن MR گرفته شده از بیماران مختلف تشکیل شده است - تشخیص بافت‌شناختی: آستروسیتوما یا الیگواسیتوما، LGG و آستروسیتوما آناپلاستیک و تومورهای گلیوبلاستوما مالتیفورم، HGG. مجموعه Training حاوی ۲۰ غده با تراز بالا و ۱۰ غده با تراز پایین می‌باشد که با قطعه‌بندی دستی در دسترس قرار دارند. مجموعه Leaderboard از ۲۱ غده با تراز بالا و ۴ غده با تراز پایین تشکیل شده است، حال آن که مجموعه Challenge ۱۰ غده با تراز بالا را شامل می‌شود. با توجه به این که قطعه‌بندی‌های دستی در دسترس عموم قرار ندارند، متریک این دو مجموعه به کمک پایگاه ارزیابی برخط محاسبه می‌شود. در پایگاه BRATS 2015، مجموعه Training به ترتیب دارای ۲۲۰ و ۵۴ نمونه‌گیری HGG و LGG می‌باشد. مجموعه Challenge شامل ۵۳ نمونه از هر دو درجه می‌باشد. در این مورد، محاسبه متریک‌های ارزیابی توسط سازمان‌دهندگان مجموعه Challenge انجام شد. قطعه‌بندی دستی چهار دسته داخل توموری را شناسایی می‌کند: بافت‌مردگی، ورم، تومور افزایشی و غیرافزایشی. این حال، ارزیابی برای تومور افزایشی، هسته (بافت‌مردگی + تومور غیرافزایشی + تومور افزایشی) و تومور کامل (ترکیبی از تمام دسته‌ها) انجام می‌شود.

<sup>1</sup> B. Menze et al

ب. ساختار) برخی از فرآیندهای معماریها در جداول ۱ و ۲ نشان داده شده‌اند. تمام فرآیندها با استفاده از مجموعه اعتباریابی متشکل از یک موضوع در هر دو درجه HGG و LGG بدست آمده‌اند. ما به قطعه‌بندی تومورهای مغزی به شکل دسته‌بندی چندگانه با ۵ دسته (بافت سالم، بافت مردگی، ورم، تومور افزایشی و غیرافزایشی) دست یافتیم. با این حال، این دسته‌های در تومور مغزی نامتوازن هستند؛ بنابراین، از تمام نمونه‌های حاصل از دسته‌های معرفی نشده و نمونه‌برداری تصادفی شده از دیگر دسته‌ها استفاده کردیم. علاوه بر این، تعداد نمونه‌های بافت مردگی و تومور افزایشی در مجموعه آموزشی LGG کم است. برای حل این مسئله نیز مقادیر شدت HGG را با بهره‌گیری از علائم مرزی محاسبه شده با LGG عادی‌سازی نمودیم تا نمونه دسته‌های حاصل از HGG را جهت استفاده به عنوان نمونه‌های آموزشی در LGG استخراج کنیم. برای آموزش HGG و LGG به شبکه‌های عصبی کانولوشن به ترتیب حدود ۴۵۰۰۰ و ۳۳۵۰۰۰ قطعه استخراج کردیم. توجه داشته باشید، فزونی داده‌ها باعث می‌شود تقریباً چهار برابر این تعداد نمونه‌های آموزشی کارآمد داشته باشیم. این قطعات تقریباً ۴۰ درصد بافت سالم را در HGG و ۵۰ درصد در LGG نشان می‌دهند. نرخ یادگیری به طور خطی پس از هر دوره طی مرحله آموزش کاهش یافته بود. طراحی شبکه‌های عصبی کانولوشن با کمک تیانو و لاسان انجام شد.

ج. ارزیابی) در ارزیابی قطعه‌بندی‌ها سه متریک مد نظر قرار گرفت: ضریب شباهت دایس (DSC)، مقدار پیش‌بینی مثبت (PPV) و حساسیت. DSC هم‌پوشانی بین قطعه بندی دستی و خودکار را اندازه‌گیری می‌کند و به صورت زیر تعیین می‌شود:

$$DSC = \frac{2TP}{FP+2TP+FN} \quad (۴)$$

در این معادله TP، FP و FN به ترتیب اعداد نمونه‌های آشکارسازی مثبت درست، مثبت غلط و منفی غلط هستند. PPV معیار اندازه‌گیری مقدار FP و TP به صورت زیر تعریف می‌شود:

$$Sensitivity = \frac{TP}{TP+FN} \quad (۶)$$

#### ۴. نتایج آزمایشی و بحث

در این بخش، تأثیر اجزا کلیدی و انتخاب سطحی که بر روی آن قطعات مربوط به عملکرد روش پیشنهادی را استخراج می‌کنیم، مورد تجزیه و تحلیل قرار می‌دهیم. علاوه بر این، ما روش خود که روش‌های مبتنی بر یادگیری عمیق نحوه قطعه‌بندی تومورهای مغزی را نیز شامل می‌شود را به کمک یک پایگاه داده‌ای واحد با روش‌های بسیار پیشرفته تطبیق می‌دهیم. در پایان، نتیجه بررسی خود را طی شرکت در پایگاه داده‌ای BRATS 2015 Challenge گزارش می‌دهیم.

##### الف. معتبرسازی اجرا کلیدی

تأثیر هر جزء بر روش پیشنهادی را با بررسی افزایش عملکرد مورد ارزیابی قرار می‌دهیم. این افزایش عملکرد به عنوان بازده متوسط در متریک‌های (DSC، PPV و Sensitivity) ارزیابی می‌شود. ارزیابی بدین صورت انجام می‌شود: ابتدا تمام متریک‌ها را با کمک روش پیشنهادی برای مجموعه‌های داده‌ای محاسبه می‌کنیم، سپس، جزء تحت بررسی را حذف یا جایگزین می‌کنیم. در نهایت، با کسر هر واحد متری از دو سیستم، میانگین کسری‌ها را محاسبه کرده و بازده متوسط  $\mu_{gain}$  را بدست می‌آوریم. متریک هر آزمایش در جدول ۴ ارائه شده است. شکل‌های ۲ و ۳ به ترتیب نمودارهای جعبه‌ای داخل مجموعه داده‌های Challenge و Leaderboard را نشان می‌دهند و در شکل ۴ نیز تأثیر آزمایشات قطعه‌بندی تومور در دو بیمار (HGG و LGG) برای نمونه ارائه می‌دهیم. در این آزمایشات، برای حفظ شرایط یکسان، فرآیندهای ارائه شده در جدول ۳ را تا حد امکان ثابت نگه داشته‌ایم. در ضمن، تنها تصاویر داخل مجموعه داده‌ای آموزش در فاز یادگیری روش عادی‌سازی شدت بکار گرفته شده است. تمام آزمایشات صورت گرفته در این بخش از قطعات استخراج شده از سطوح قائم با محور اکسل تصویر MR بهره می‌برند و فقط در بخش ۴- ب انتخاب بهترین محور مورد ارزیابی قرار گرفته است.

(۱) **پیش‌پردازش:** تأثیر پیش‌پردازش بر قطعه‌بندی از طریق تطبیق با روش جایگزین مطرح شده در مرجع (کان و همکارانش، ۲۰۱۴)<sup>۱</sup> ارزیابی گردید. انتخاب این روش بدین دلیل بود که در روش قطعه‌بندی تومورهای مغزی بر مبنای شبکه‌های عصبی کانولوشن نیز مورد استفاده قرار گرفته است. پیش‌پردازش جایگزین با استفاده از وینسوریزه‌سازی ۱ درصد در مقادیر شدت داخل مغز آغاز می‌شود. سپس، پایگاه N4ITK برای تصحیح میدان بایاس در هر یک از توالی‌های ام آر آی بکار گرفته شده و مقادیر شدت به شکل خطی به  $[0, 1]$  تبدیل می‌شوند. در نهایت، برای رسیدن به میانگین صفر و واریانس واحد، هر یک از توالی‌های را عادی‌سازی نمودیم. علاوه بر این، طی مرحله آموزش شبکه‌های عصبی کانولوشن از طریق این پیش‌پردازش LGG متوجه شدیم که باید نرخ یادگیری ابتدایی و نهایی را به ترتیب به  $3 \times 10^{-5}$  و  $3 \times 10^{-7}$  کاهش دهیم، در غیر اینصورت بهینه‌سازی واگرا خواهد شد. با توجه به جدول ۴ تأیید می‌کنیم که پیش‌پردازش با روش عادی‌سازی شدت نیول و همکارانش بیشتر متریک‌ها را افزایش داده و بازده متوسط ۴/۶ درصدی (Leaderboard: 4/2%, Challenge: 4/9%) را بدست آورده است. میزان این افزایش در LGG بسیار بیشتر بوده و نشان دهنده این است که پیش‌پردازش پیشنهادی، آشکارسازی کامل و هم‌چنین هسته تومور که کار دشواری تلقی می‌شود (منز و همکارانش، ۲۰۱۵)<sup>۲</sup> را افزایش داده است. علاوه بر این، با مقایسه افت عملکرد حین برداشتن پیش‌پردازش و نمونه تأیید شده حین برداشتن اجزا دیگر اثبات می‌کنیم که این‌گونه پیش‌پردازش جزء کلیدی افزایش قطعه‌بندی در LGG بوده است. نتیجه این آزمایش در هر دو درجه جالب توجه است، زیرا می‌دانیم که به جای محاسبه ویژگی‌های نقطه به نقطه به عنوان مقدار شدت، ویژگی‌های آموخته شده به وسیله شبکه‌های عصبی کانولوشن در نواحی محلی از طریق بانک فیلترهای میان‌گذر در مقیاس‌های متفاوت محاسبه می‌شود. تحقیقی درباره قطعه‌بندی اسکروز چندگانه بر مبنای تصاویر ام آر آی ارائه نمود. این تحقیق نشان می‌دهد که دسته‌بندها براساس ویژگی‌های نقطه به نقطه مانند شدت پس از عادی‌سازی نیول افزایش یافته‌اند. این افزایش با به حداقل رسانی ناهمگونی داده‌های حاصل از تصویربرداری‌های ام آر آی در چند اسکنر و محل مختلف بدست آمد. با این حال، آزمایش ما شواهدی را ارائه می‌دهد که در موارد بکارگیری از ام آر آی، دسته‌بندهای مبتنی بر شبکه‌های عصبی کانولوشن حداقل در زمینه قطعه‌بندی تومورهای مغزی پس از عادی‌سازی نیول نیز افزایش می‌یابند. افزون بر این، تأثیر افزایش تعداد دوره‌های آموزشی را تا ۹۰ دوره بررسی نموده، اما در رابطه با انجام ساده‌تر پیش‌پردازش به پیشرفتی دست پیدا نکردیم. با رجوع به شکل ۴ می‌توانیم مشاهده کنیم که پیش‌پردازش پیشنهادی امکان آموزش بهتر شبکه‌های عصبی کانولوشن را به گونه‌ای فراهم می‌کند که قطعه‌بندی، طرحی بهتری از نواحی غیرافزایشی و بافت‌مردگی را در هر دو مجموعه داده به نمایش بگذارد.

**جدول ۳:** بررسی اجزا کلیدی روش پیشنهادی. در هر آزمایش تنها جزء مربوطه با روش پیشنهادی اصلاح شد. نتایجی که با حروف سیاه در جدول مشخص شده‌اند، متریک با مقدار  $p < 0.05$  را نشان می‌دهند که هنگام تطبیق نتایج با هر یک از اجزا روش پیشنهادی در هر درجه یا ترکیبی از درجه‌ها به وسیله آزمایش رده امضا شده جفتی و دوسویه ویلکاکسون محاسبه شده است. نتایجی که زیر آن‌ها خط کشیده شده است، یکی از بالاترین متریک مربوط به هر ناحیه در یک درجه یا ترکیبی از درجه‌ها را به نمایش می‌گذارند.

<sup>1</sup> D. Kwon et al<sup>2</sup> B. Menze et al

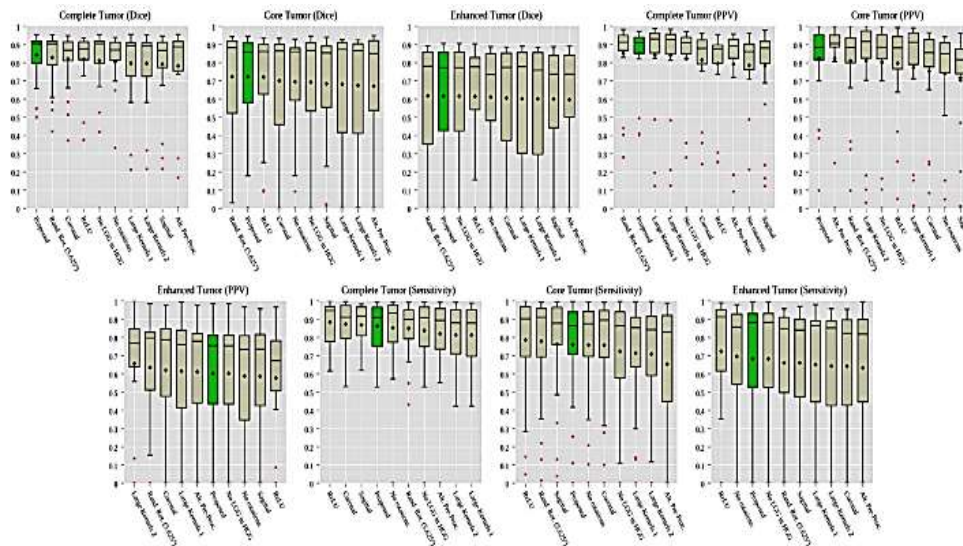


جدول ۳: بررسی اجزا کلیدی روش پیشنهادی.

Methods	DSC			PPV			Sensitivity			Relative Rank			Position
	Complete	Core	Enh.	Complete	Core	Enh.	Complete	Core	Enh.	Complete	Core	Enh.	
<b>Leaderboard</b>													
Proposed	0.84	0.72	0.62	0.85	0.82	0.60	0.86	0.76	0.68	3.67	3.33	1.67	1
Kwon et al. [11]	0.86	0.79	0.59	0.88	0.84	0.60	0.86	0.81	0.63	3.33	1.67	5.00	2
Zhao et al. <sup>‡</sup> [5]	0.83	0.73	0.55	0.77	0.67	0.46	0.94	0.89	0.78	4.67	4.00	9.33	3
agnm <sup>‡</sup>	0.83	0.71	0.54	0.85	0.73	0.59	0.84	0.82	0.58	6.00	4.33	10.33	4
havan2 <sup>‡</sup>	0.82	0.69	0.56	0.83	0.77	0.62	0.83	0.69	0.58	7.67	7.00	8.00	5
Urban et al. <sup>‡</sup> [30]	0.70	0.57	0.54	0.65	0.55	0.52	0.87	0.67	0.60	14.00	18.67	12.33	17
Hivaci et al. <sup>‡</sup> [32]	0.84	0.71	0.57	0.88	0.79	0.54	0.84	0.72	0.68	-	-	-	-
Davy et al. [31]	0.72	0.63	0.56	0.69	0.64	0.50	0.82	0.68	0.68	-	-	-	-
<b>Challenge</b>													
Proposed	0.88	0.83	0.77	0.88	0.87	0.74	0.89	0.83	0.81	7.00	3.33	5.33	1
Kwon et al. [11], [52]	0.88	0.83	0.72	0.92	0.90	0.74	0.84	0.78	0.72	9.33	5.00	13.00	2
Tusison et al. [19]	0.87	0.78	0.74	0.85	0.74	0.69	0.89	0.88	0.83	10.33	11.67	9.00	3
havan2 <sup>‡</sup>	0.88	0.78	0.73	0.89	0.79	0.68	0.87	0.79	0.80	8.33	10.67	13.33	4
al-sel <sup>‡</sup>	0.87	0.78	0.70	0.89	0.83	0.75	0.86	0.78	0.70	9.67	8.67	14.67	5
Urban et al. <sup>‡</sup> [30]	0.86	0.75	0.73	0.82	0.75	0.79	0.92	0.79	0.70	11.67	16.00	11.67	12
Hivaci et al. [32]	0.88	0.79	0.73	0.89	0.79	0.68	0.87	0.79	0.80	-	-	-	-
Davy et al. [31]	0.85	0.74	0.68	0.85	0.74	0.62	0.85	0.78	0.77	-	-	-	-

<sup>‡</sup> Results retrieved from [47] using the cited method.  
<sup>‡</sup> Results retrieved from [47], but the method or author are unknown.  
<sup>‡</sup> Results provided by the author using the cited method.

شکل ۲: نمودار جعبه‌ای مربوط به هر یک از آزمایشات جدول ۳ در مجموعه داده‌ی Leaderboard. نمودار جعبه‌ای آزمایش نمونه‌برداری نمونه‌های آموزشی از HGG به سمت LGG، کاهش تعداد بیماران را نشان نداده است (۴ غده با تراز پایین در ۲۵ بیمار در مجموعه داده‌ی Leaderboard). الماس، میانگین را ترسیم می‌کند.

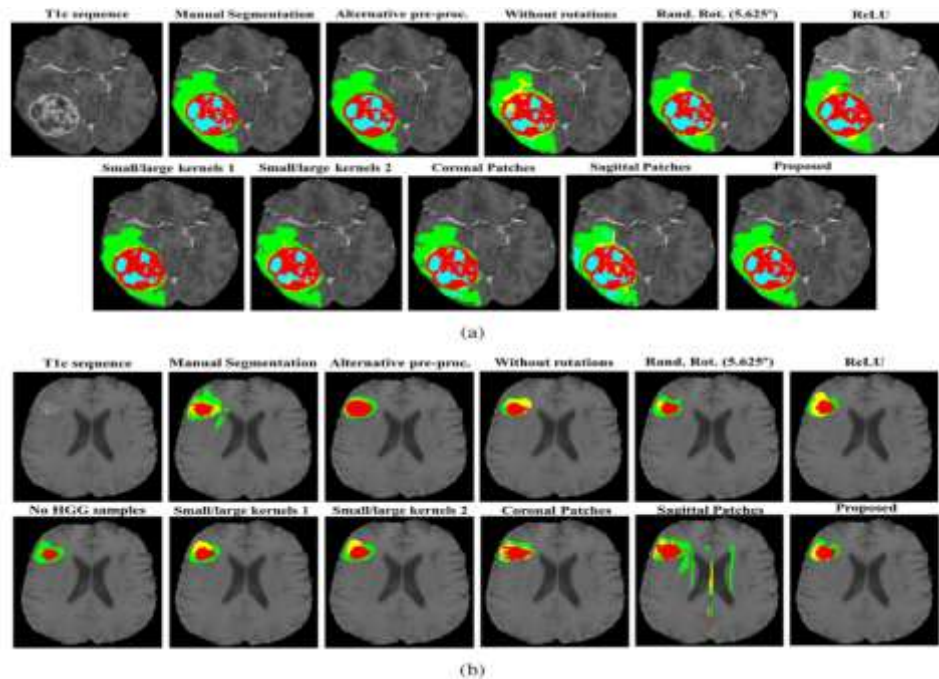


شکل ۲: نمودار جعبه‌ای

۲) افزایش داده‌ها: قطعه‌بندی مصنوعی داده‌ها، روش متدوالی در چارچوب شبکه عصبی کانولوشن محسوب می‌شود و این زمانی است که مجموعه داده‌ها نسبتاً کوچک باشد. در تصاویر ام آر آی، نمونه‌های زیادی برای بافت سالم و توموری در اختیار داریم که دلیلش می‌تواند این باشد که اکثر مطالعات اخیر انجام شده درباره قطعه‌بندی تومورهای مغزی بر مبنای یادگیری عمیق افزایش داده‌ها را بررسی نکرده‌اند. هاوایی و همکارانش با انجام بررسی کاربرد این روش دریافتند که برای سیستم آن‌ها کارآمد نخواهد بود.

ما دو نوع افزایش داده را بررسی کردیم. در نوع اول، تأثیر افزایش داده را از طریق افزایش تعداد نمونه‌ها به کمک چرخش مورد بررسی قرار دادیم. هم‌چنین، در این مطالعه دو گونه را ارزیابی نمودیم. در گونه اول از مضرب‌های ۹۰، ۹۰، ۱۸۰ و ۲۷۰

درجه) در چرخش‌ها (مطابق روش پیشنهادی) استفاده کردیم، حال آن که در گونه دوم از سه زاویه چرخشی با فاصله مساوی در یک ردیف با استفاده از توزیع یکنواخت نمونه‌برداری کردیم. درجه زوایا به صورت  $90^\circ \times \alpha$  با مقدار  $\alpha \in \left\{\frac{1}{8}, \frac{1}{16}, \frac{1}{32}\right\}$  تعیین گردید. در گونه دوم مقدار  $\alpha=1/16$  را بررسی کردیم. در جدول 3 نتایج هر یک از گونه‌ها را بدون چرخش در هر دو مجموعه داده **Challenge** و **Leaderboard** ارائه می‌دهیم. همانطور که مشاهده می‌کنید، چرخش‌ها باعث افزایش عملکرد **DSC** و **PPV** در تمام نواحی شده‌اند، اما کاهش حساسیت را نیز در هر دو متغیر داخل مجموعه داده **Challenge** متوجه می‌شویم. با این حال، بازه متوسط بدست آمده از طریق شمول چرخش‌ها در گونه اول (پیشنهادی)  $2/6\%$  درصد (Leaderboard:  $2/7\%$ , Challenge:  $2/7\%$ ) و در گونه دوم  $2/3\%$  درصد (Challenge:  $2/7\%$ , Leaderboard:  $2/0\%$ ) بود. با ترکیب این دو متغیر، بازه متوسط  $0/3\%$  درصد گونه اول نسبت به گونه دوم بدست می‌آید. در ضمن، گونه اول از مزیت بالا بودن سرعت محاسبه برخوردار می‌باشد. با توجه به شکل 3 نتیجه می‌گیریم که اطلاعات اضافی تهیه شده به وسیله چرخش‌های گونه اول در آموزش شبکه عصبی کانولوشن باعث می‌شود تصویر بهتری از کل تومور و ساختارهای داخلی آن در قطعه‌بندی‌ها ترسیم شود. در هر دو درجه هنگامی که بدون افزایش داده آموزش می‌دهیم، شاهد فزونی دسته غیرافزایشی خواهیم بود و برای درجه **HGG** این دسته حتی داخل ناحیه تشکیل شده با ساختارهای افزایشی و بافت مردگی نیز یافت می‌شود که البته این قضیه در قطعه‌بندی دستی اتفاق نمی‌افتد.



شکل ۳: نتایج

تومورهای مغزی براساس ساختارهای داخل توموری و در حجم‌های بسیار متفاوت تشکیل می‌شوند و این باعث عدم توازن در تعداد نمونه‌های هر دسته می‌شود. این بازنمایی کم برخی از دسته‌ها باعث تضعیف عملکرد شبکه‌های عصبی کانولوشن می‌شود. از این رو، نوع دوم افزایش داده را جهت ایجاد توازن در تعداد نمونه‌های هر دسته مورد بررسی قرار دادیم. این نوع شامل نمونه‌های استخراج شده از نواحی تومور افزایشی و بافت مردگی با غده‌های تراز بالا می‌شود که به عنوان نمونه‌های آموزشی در غده‌های تراز پایین مورد استفاده قرار می‌گیرد. در جدول 4 روش پیشنهادی که در آن تعداد نمونه‌های هر دسته تومور با غده‌های تراز پایین توازن بیشتری دارند را با آزمایش دیگری که تنها از نمونه‌های بدست آمده از غده‌های تراز پایین استفاده می‌کند، تطبیق می‌دهیم. از این رو، تأیید می‌کنیم که نمونه‌های اضافی گرفته شده از غده‌های تراز بالا، تمام متریک‌های مربوط به نواحی کامل و مرکزی داخل مجموعه داده **Leaderboard** با بازه متوسط  $1/9\%$  درصد را افزایش

داده‌اند. با بررسی شکل 4(b) متوجه می‌شویم که آموزش شبکه عصبی کانولوشن با نمونه‌برداری از HGG تا LGG افزایش یافته است. همان‌طور که مشاهده می‌کنید، به رغم این که نمونه‌برداری تنها برای نواحی افزایشی و غیرافزایشی انجام شده است، قطعه‌بندی تومورها طرح بهتری از نواحی افزایشی و غیر افزایشی به نمایش می‌گذارد. توسعه ناحیه غیرافزایشی را می‌توان براساس چارچوب ارائه شده به وسیله قطعات نمونه‌های افزایشی تشریح کرد، زیرا این دو ناحیه در مجاورت یکدیگر قرار دارند.

**۳) تابع فعالسازی:** گرادین‌های ReLU در صورت فعال نبودن واحد صفر هستند که این امر می‌تواند سرعت همگرایی را طی روند بهینه‌سازی کند کرده و بدترین نوع آموزش را به دنبال داشته باشد. ماس برای جلوگیری از وقوع این مسئله LReLU را به عنوان حالت غیرخطی جایگزین معرفی نمود. از این رو، کارایی تابع فعال‌سازی را در قطعه‌بندی تومورهای مغزی بررسی می‌کنیم. در این آزمایش تنها تابع فعال‌سازی در روش پیشنهادی ما با تغییر همراه بود. نتایج هر دو مجموعه داده Leaderboard و Challenge در جدول ۴ ارائه شده است. ما تأیید می‌کنیم که فعال‌سازی LReLU باعث افزایش عملکرد متغیرهای DSC و PPV روش پیشنهادی در هر دو مجموعه داده بالا شده است و تنها متغیر DSC در ناحیه مرکزی داخل مجموعه داده Leaderboard افزایش نداشته است. نمونه‌های فعال‌سازی ReLU امتیازات بهتری را در متریک Sensitivity (حساسیت) به نمایش گذاشتند؛ اما بازده متوسط که از LReLU به جای ReLU استفاده می‌کرد ۱/۳ درصد بود (Leaderboard: 0/44%, Challenge: 2.2%). با رجوع به شکل ۴ در می‌یابیم که بکارگیری از ReLU به عنوان تابع فعال‌سازی منجر به قطعه‌بندی اضافی از نواحی غیرافزایشی و بافت‌مردگی بیرون هسته در غده‌های تراز بالا شده است.

**۴) معماری‌های عمیق‌تر با هسته‌های کوچک:** بکارگیری از لایه‌های آبخاری با هسته‌های کوچک  $3 \times 3$  باعث حفظ میدان گیرنده کارآمد یکسان هسته‌های بزرگتر می‌شود و در عین حال تعداد وزن‌ها را کاهش داده و امکان تبدیل‌های غیرخطی بیشتر در داده‌ها را فراهم می‌سازد. افزون بر این، برای ارزیابی تأثیر واقعی این روش بر قطعه‌بندی تومورهای مغزی قبل از هر بار ادغام ماکزیمم معماری پیشنهادی با یک لایه دارای هسته‌های بزرگتر و میدان گیرنده کارآمد هم‌تراز، لایه‌های کانولوشن آبخاری را تغییر دادیم. بر این اساس، در غده‌های تراز بالا، گروه‌های لایه‌های ۱، ۲، ۳، ۵، ۶، ۷ (جدول ۱) را با یک لایه کانولوشن با ابعاد هسته  $7 \times 7$  عوض کردیم، در حالی که در غده‌های تراز پایین، گروه‌های لایه‌های ۱، ۲، ۴ و ۵ (جدول ۲) را با یک لایه با ابعاد هسته  $5 \times 5$  عوض کردیم. دو گونه مربوط به هر دو درجه را با استفاده از این معماری‌ها آزمایش کردیم: (۱) ۶۴ نقشه ویژگی را در اولین لایه کانولوشن و ۱۲۸ مورد را نیز در دومین لایه حفظ کردیم؛ (۲) ظرفیت شبکه‌های عصبی کانولوشن را به کمک لایه‌های عریض‌تر افزایش دادیم، یعنی، ۱۲۸ نقشه ویژگی را در اولین لایه کانولوشن و ۲۵۶ مورد را هم در دومین لایه حفظ کردیم. نتایج بدست آمده از مجموعه‌های داده‌های Leaderboard و Challenge در جدول ۴ و نمودارهای جعبه‌ای در شکل‌های ۲ و ۳ ارائه می‌شوند.

در گونه ۱، بازده متوسط ۲/۴ درصد (Leaderboard: 3.1%, Challenge: 1.6%) و در گونه ۲ مقدار آن ۲/۱ درصد (Leaderboard: 2.4%, Challenge: 1.8%) بود. در اکثر متریک‌ها، روش پیشنهادی امتیازات بهتری نسبت به دو گونه دارای هسته‌های بزرگتر بدست آورد که تعدادی از آن‌ها به لحاظ آماری قابل توجه بودند، حال آن که این گونه‌ها در متغیر PPV نتایج بهتری کسب کردند (HGG در هر دو مجموعه داده). هر دو گونه در نمودارهای جعبه‌ای ظاهراً پراکندگی وسیع‌تر و داده‌های خارج از محدوده بیشتری دارند. با توجه به شکل ۴، به رغم این که قطعه‌بندی‌های صورت گرفته به وسیله این گونه‌ها ظاهراً از کیفیت مناسبی برخوردارند، روش پیشنهادی می‌تواند جزئیات بیشتری را ذخیره کند و گونه ۲ نیز تومور غیرافزایشی را داخل حلقه افزایشی دسته‌بندی می‌کند، حال آن که در قطعه‌بندی دستی در غده‌های تراز بالا چنین اتفاقی صورت نمی‌گیرد. در غده‌های تراز پایین نیز این معماری دارای هسته‌های بزرگتر، مقدار اضافی تومور غیرافزایشی را شناسایی می‌کند.

**جدول ۵:** نتایج مندرج در مجموعه‌های داده‌ای **Leaderboard** و **BRATS 2013 Challenge**. رده نسبی به ترکیب رده‌بندی هر متریک مربوط به دسته ارجاعی اشاره می‌کند، حال آن که این وضعیت، رده‌بندی سراسری را نشان می‌دهد. این مطلب در پایگاه ارزیابی برخط تصریح گردیده است.

#### ب. سطح استخراج قطعات

استفاده از قطعات دوبعدی در یک تصویر ام آر ای مستلزم این است که یک سطح عمود با محور برای استخراج قطعات تعریف کنیم؛ بنابراین، پیرو روش تعریف شده در زیربخش قبلی به بررسی کاربرد قطعات استخراجی در یک سطح عمود با محور اکسل (Axial)، کرونال (Coronal) و ساژیتال (Sagittal) پرداختیم. نتایج مندرج در هر دو مجموعه داده‌ای **Leaderboard** و **Challenge** در جدول ۴ ارائه شده است. سطح اکسل در هر دو مجموعه داده نسبت به سطح ساژیتال امتیازات **DSC** و **PPV** بالاتری ارائه داد، اما بیشترین حساسیت برای مجموعه داده **Challenge** و ناحیه کامل در مجموعه داده **Leaderboard** ثبت گردید. با توجه به شکل ۴، این موضوع را می‌توان با قطعه‌بندی اضافی تومور که با امتیاز پایین **PPV** تأیید می‌شود، تشریح کرد. الگوی مشابهی برای سطح کرونال یافت شده است، سطحی که امتیاز **PPV** در ناحیه افزایش یافته و امتیاز **Sensitivity** در ناحیه کامل بهتر بود. عملکرد بهتر بدست آمده با استفاده از قطعات استخراج شده در سطح اکسل را می‌توان با برخی از فراگیری‌هایی که وضوح فضایی پایینی در سطوح کرونال و ساژیتال دارند، توضیح داد و این را می‌توان یکی از نقاط ضعف پایگاه‌های داده‌ای **BRATS** تلقی کرد.

در خاتمه، به عنوان یک تجزیه و تحلیل کلی به برخی از روندهای کاری متداول در تمام آزمایشات اشاره می‌کنیم. با توجه به نمودارهای جعبه‌ای (شکل‌های ۲ و ۳) پراکندگی کمتری را برای ناحیه کامل اثبات نموده و همچنین مقدار میانگین بالاتری را برای همان ناحیه ارائه می‌دهیم. این میزان پراکندگی پایین در مجموعه داده **Leaderboard** نسبت به **Challenge** که شاید بدترین عملکرد الگوریتم در بیماران دارای غده‌های تراز پایین در این مجموعه داده مشاهده شود، وضوح کمتری دارد. دیگر روند کاری متداول در جدول ۴ مشاهده می‌شود که نشان می‌دهد هیچ‌یک از این الگوریتم‌ها با وجود ناحیه افزایش یافته در میان بیماران دارای غده‌های تراز پایین یافت نشده است.

#### ج. اعتبار سنجی سراسری

در جدول ۵ نتایج ۵ روش اول مندرج در مجموعه‌های داده‌ای **Leaderboard** و **Challenge** پایگاه **BRATS 2013** (از جمله روش پیشنهادی) را جمع‌آوری کرده‌ایم. هم‌چنین طرح‌های پیشنهادی مبتنی بر شبکه‌های عصبی کانولوشن ارائه شده از سوی هاوایی، دیوی و اربن و همکارانشان را منظور می‌کنیم. پس از ارزیابی نتایج مندرج در جدول ۵ بدین نتیجه می‌رسیم که تاکنون هیچ روشی نتوانسته است در تمام متریک‌ها و نواحی برای قطعه‌بندی تومورهای مغزی مقام اول را کسب کند، اما روش پیشنهادی مطابق پایگاه ارزیابی برخط توانست در متغیر **DSC** در سه ناحیه (مجموعه داده **Challenge**) به مقام اول دست یابد. در ضمن، روش پیشنهادی براساس همین ارزیابی رویهم رفته در هر دو مجموعه داده به مقام اول دست یافت و نسبت به سایر روش‌ها عملکرد بهتری را از خود به نمایش گذاشت.

با ارزیابی روش‌های مبتنی بر شبکه‌های عصبی کانولوشن شاهد آن هستیم که دو مورد از این روش‌ها در مقایسه با سایر روش‌هایی که بر مبنای این شبکه‌ها قرار ندارند، عملکرد متوسطی داشته‌اند، ولی روش پیشنهادی هاوایی و همکارانش معیارهای متری بالاتری را به نمایش می‌گذارد. آن‌ها یک روش تفصیلی و جدید همراه با الحاق دو شبکه عصبی کانولوشن ارائه می‌دهند تا بتوانند بافت بیشتری در آموزش جذب کنند. با مقایسه این دو روش متوجه می‌شویم که روش آن‌ها **PPV** را در ناحیه کامل دارد، حال آن که روش ما **Sensitivity** یا حساسیت بهتری دارد. به عقیده (منز و همکارانش، ۲۰۱۵)<sup>۱</sup> دشوارترین کار در قطعه‌بندی تومورهای مغزی، قطعه‌بندی ناحیه مرکزی برای غده‌های تراز پایین و ناحیه افزایشی برای غده‌های تراز بالا می‌باشد. روش ما در این دو کار عملکرد بهتری نسبت به روش هاوایی و همکارانش داشته است. اختلاف بزرگتر را در ناحیه

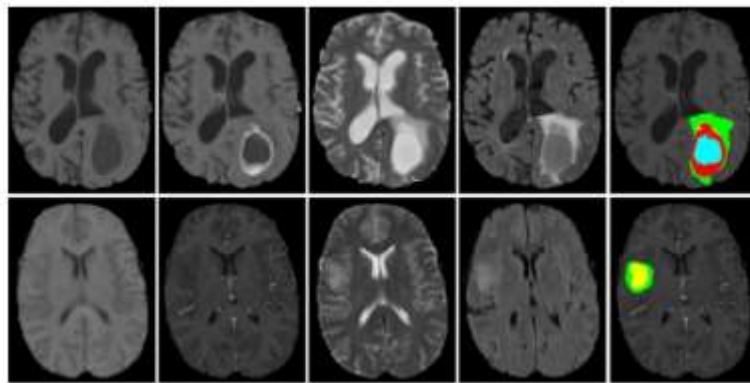
<sup>1</sup> B. Menze et al

مرکزی داده‌های Challenge که به گفته (منز و همکارانش، ۲۰۱۵)<sup>۱</sup> ناحیه آسان‌تری برای قطعه‌بندی محسوب می‌شود، مشاهده می‌کنیم. براساس تجزیه و تحلیل اجزا کلیدی بخش قبلی بدین نتیجه می‌رسیم که به رغم شکل ساده‌تر معماری ما، این اجزا اجازه آموزش بهتری به دسته‌بند شبکه عصبی کانولوشن‌مان می‌دهند و فقدان اطلاعات در یک چارچوب بزرگتر را جبران می‌کنند و این که این اطلاعات مطابق آزمایشات گزارش شده از سوی هاوایی و همکارانش مرتبط تلقی گردیده‌اند. روش ارائه شده (کان و همکارانش، ۲۰۱۴)<sup>۲</sup> در هر دو مجموعه داده در جایگاه دوم قرار گرفته است. آن‌ها قطعه‌بندی و ثبت مشترک را به کمک یک مدل رشد تومور اجرا می‌کنند تا بتوانند اطلس بیماران سالم را به یک طلسم با تومور و ساختارهای داخل توموری آن تبدیل کنند. آن‌ها همچنین با توجه به شکل پیچیده تومورها، راه‌حل اولیه را با استفاده از الگوریتم حداکثرسازی انتظار اصلاح می‌کنند. روش ما در مقایسه با روش آن‌ها در مجموعه داده Challenge (تومورهای HGG)، مقدار DSC بالاتری در ناحیه افزایشی و در Sensitivity در سه ناحیه بدست آورد و روش آن‌ها نیز در مقدار PPV در نواحی کامل و هسته بیشتر بود. در مجموعه داده‌ای Leaderboard (تومورهای LGG و HGG)، روش ما معیارهای متری بالاتری در ناحیه افزایشی در متغیرهای DSC و Sensitivity بدست آورد و روش آن‌ها نیز در ناحیه کامل در متغیرهای DSC و PPV و در ناحیه هسته در سه متریک عملکرد بهتری داشت. مدعی قوی دیگر در مجموعه داده Leaderboard روش ارائه شده از سوی (منز و همکارانش، ۲۰۱۵)<sup>۳</sup> است. روش وی در ناحیه هسته در متغیر DSC بهتر بود و تمام روش‌ها در نواحی کامل و هسته در متغیر Sensitivity عملکرد بهتری از خود نشان دادند؛ اما از آنجایی که با افت چشمگیر عملکرد در متغیر PPV در همین نواحی روبرو هستیم، ممکن است این استنباط را داشته باشیم که احتمالاً روش ژائو تومور را بیش از حد قطعه قطعه کرده باشد. علاوه بر این، روند کاری دیگری را ذکر می‌کنیم که در آن روش ما و روش کی‌ون در اکثر متریک‌ها از مجموعه داده Challenge گرفته تا Leaderboard روند کاهشی دارند در روش کی‌ون، متغیر حساسیت در نواحی کامل و هسته افزایش داشت؛ اما با ارزیابی متریک‌های جداگانه برای HGG و LGG در مجموعه داده Leaderboard (جدول ۵) مشاهده می‌کنیم که عملکرد روش ما در نواحی کامل و پیشرفته به یک نسبت بوده است ولی در ناحیه هسته در متغیرهای DSC و حساسیت افت قابل توجهی داشته است. از این رو، با توجه به متریک پایین LGG این فرضیه را ارائه می‌دهیم که افت کلی در هر دو روش‌ها از مجموعه داده Challenge گرفته تا Leaderboard عمدتاً به واسطه موارد LGG بوده است، اما روش پیشنهادی کی‌ون افت کمتری در ناحیه هسته داشته است. با در نظر گرفتن عملکرد هر دو مجموعه داده معتقدیم که هر دو روش در قطعه‌بندی تومور کامل مشابه هم عمل نموده‌اند و روش پیشنهادی کی‌ون نیز به طور کلی در ناحیه هسته و روش ما در ترسیم ساختار پیشرفته عملکرد بهتری داشته‌اند. کی‌ون پس از ارزیابی زمان‌های اجرای آزمایش، میانگین زمان اجرا را ۸۵ دقیقه در دستگاه Intel Core i7 3.4 GHz اعلام نمود، حال آن که کل خط لوله ما میانگین زمان اجرا را با استفاده از GPU NVIDIA GeForce GTX 980 که به یک دستگاه Intel Core i7 3.5 GHz مجهز شده است، ۸ دقیقه نشان می‌دهد. این اختلاف زمان اجرا در روش ما بدین صورت توضیح داده شده است که این روش، بهینه‌سازی را تنها طی فرآیند آموزش اجرا می‌کند و در آن اجازه قطعه بندی سریع حین استفاده عادی داده می‌شود. با توجه به آخرین تحولات صورت گرفته اثبات می‌کنیم که روش‌های معمول مبتنی بر شبکه‌های عصبی کانولوشن از فیلترهای بزرگتر و معماری‌های کم‌عمق استفاده کرده‌اند که برخی از آن‌ها از ویژگی‌های محاسبه شده به وسیله شبکه‌های عصبی کانولوشن به عنوان ورودی به یک میدان تصادفی یا از آن شبکه برای پیش‌بینی ساختاری بهره گرفته‌اند. در ضمن، پشته‌سازی لایه‌های متعدد برای استفاده از حالات خطی بیشتر در داده‌ها که به اهمیت آن نیز اشاره کردیم، در این تحقیقات مورد بررسی قرار نگرفت. این محققان در شبکه‌های عصبی کانولوشن از حالات غیرخطی متداول‌تر به شکل خط مماس هذلولی یا ReLU استفاده کرده‌اند؛ با اینهمه، آزمایشات ما نشان می‌دهد که LReLU جایگزین بسیار خوبی برای ReLU بوده و محدودیت‌های

<sup>1</sup> B. Menze et al<sup>2</sup> D. Kwon et al<sup>3</sup> B. Menze et al

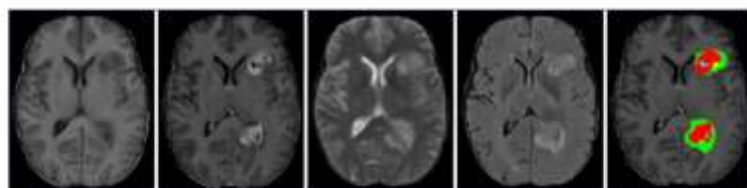
خط مماس هذلولی را ندارد. به رغم این که برخی از محققان هیچ مزیتی در استفاده از افزایش داده‌ها پیدا نکرده‌اند، نشان داده‌ایم که افزایش داده‌ها و پیش‌پردازش کافی، تأثیر چشمگیری بر عملکرد می‌گذارد. براساس این اطلاعات بدین نتیجه می‌رسیم که همکاری‌های صورت گرفته در این مقاله در راستای آخرین پیشرفت‌های جاری و پتانسیل موجود برای پیشرفت بیشتر در قطعه بندی تومورهای مغزی با بکارگیری از تصاویر ام آر ای و پیگیری تلاش جمعی به کمک روش‌های بررسی شده در تحقیقات حاضر بوده است.

در شکل ۴ از روی مجموعه داده Leaderboard، قطعه‌بندی دو بیمار که به ترتیب دارای غده‌های تراز بالا و غده‌های تراز پایین هستند را نشان می‌دهیم. شکل ۵ بیماری را با دو تومور نشان می‌دهد که از روی مجموعه داده Challenge با دقت آشکار و قطعه‌بندی شده‌اند.



شکل ۴: نمونه‌های قطعه بندی

شکل ۴: نمونه‌های قطعه بندی در مجموعه داده Leaderboard. این شکل یک HGG را در ردیف اول (شناسه بیمار: ۲۱۰) و LGG را در ردیف پایانی (شناسه بیمار: ۱۰۵) نشان می‌دهد. از چپ به راست به ترتیب T1، T1c، T2، FLAIR و قطعه‌بندی قرار دارند. هر رنگ نشان‌دهنده دسته تومور است: سبز - ورم، آبی - بافت‌مردگی، زرد - تومور غیرافزایشی و قرمز - تومور افزایشی.



شکل ۵: نمونه‌های قطعه‌بندی

شکل ۵: نمونه‌های قطعه‌بندی در مجموعه داده Challenge (شناسه بیمار: ۳۱۰). از چپ به راست به ترتیب T1، T1c، T2، FLAIR و قطعه‌بندی قرار دارند. هر رنگ نشان‌دهنده دسته تومور است: سبز - ورم، آبی - بافت‌مردگی، زرد - تومور غیرافزایشی و قرمز - تومور افزایشی.

#### د. شرکت در مجموعه داده BRATS 2015 Challenge

معماری پیشنهادی برای قطعه‌بندی مجموعه داده BRATS 2015 Challenge مورد استفاده قرار گرفت. این تفاوت‌ها در قیاس با مدل‌های آموزش دیده در پایگاه BRATS 2013 با تعداد نمونه‌های آموزش که برای اندازه بزرگتر مجموعه Training ارائه شده بود و همچنین در Dropout (p) که تا ۰/۵ در معماری HGG افزایش یافته بود، برابر بود. طبق

محاسبات سازمان BRATS در این مجموعه داده، روش ما با کسب ۰/۷۸، ۰/۶۵ و ۰/۷۵ به ترتیب در نواحی کامل، هسته و افزایش یافته در متغیر DSC به مقام دوم دست یافت.

## ۵. نتیجه‌گیری

ما در طراحی روش خود به ناهمگونی ایجاد شده به وسیله نمونه‌گیری‌ها در چند اسکتر و محل مختلف تصاویر ام آر آی پرداختیم و برای انجام آن از روش عادی‌سازی شدت ارائه شده از سوی (نیول و همکارانش، ۲۰۰۰)<sup>۱</sup> استفاده کردیم. در این تحقیق نشان داده شد که این روش برای دستیابی به یک قطعه‌بندی مناسب حائز اهمیت می‌باشد. تومورهای مغزی به لحاظ منطقه‌بندی فضایی و ترکیب ساختاری خود بسیار متغیر هستند، از این رو، استفاده از افزایش داده‌ها را برای مقابله با این تغییرپذیری مورد بررسی قرار داده شد علاوه بر این، با استفاده از روش چرخش قطعات و هم‌چنین نمونه‌برداری از دسته غده‌های تراز بالا (HGG) با بازنمایی کم در غده‌های تراز پایین (LGG) به بررسی افزایش مجموعه داده‌های آموزشی اقدام و با انجام این بررسی دریافتیم که افزایش داده‌ها نیز تا حدودی مؤثر واقع می‌شود، هرچند به طور کامل در روش‌های یادگیری عمیق جهت قطعه‌بندی تومورهای مغزی بررسی نشده است. در ضمن، پتانسیل معماری‌های عمیق را بواسطه هسته‌های کوچک با روش تطبیق شبکه‌های عصبی کانولوشن عمیق خود با ساختارهای کم‌عمق دارای فیلترهای بزرگتر بررسی شد. پس از انجام بررسی دریافتیم که معماری‌های کم‌عمق حتی حین استفاده از تعداد نقشه‌های ویژگی بزرگتر، عملکرد ضعیفی را از خود نشان می‌دهند.

روش پیشنهادی را در پایگاه‌های داده‌ای BRATS 2013 و BRATS 2015 ارزیابی شد. در خصوص پایگاه داده‌ای 2013، مقام اول را پایگاه ارزیابی برخط رده‌بندی کرد. هم‌چنین مقام اول متریک DSC در نواحی کامل، هسته و افزایشی در مجموعه داده Challenge بدست آمد. با تطبیق بهترین مدل زایشی (کان و همکارانش، ۲۰۱۴)<sup>۲</sup> توانستیم زمان محاسبه را تقریباً تا ده برابر کاهش داده شد. در خصوص پایگاه داده‌ای ۲۰۱۵، مقام دوم را از بین دوازده مدعی قهرمانی در مجموعه Challenge درجا کسب شد. بر این اساس، اجزا بررسی شده این پتانسیل را دارند که با روش‌های مبتنی بر شبکه‌های عصبی کانولوشن ترکیب شوند و این که در کل روش ارائه شده کاندید بسیار خوبی برای قطعه‌بندی تومورهای مغزی به کمک تصاویر ام آر آی به شمار می‌رود.

<sup>1</sup> L. G. Nyúl, J. K. Udupa, and X. Zhang

<sup>2</sup> D. Kwon et al

## فهرست مراجع

1. Gooya *et al.*, "GLISTR: Glioma image segmentation and registration," *IEEE Trans. Med. Imag.*, vol. 31, no. 10, pp. 1941–1954, Oct. 2012.
2. H. Menze *et al.*, "A generative model for brain tumor segmentation in multi-modal images," in *Medical Image Computing and Comput.- Assisted Intervention-MICCAI 2010*. New York: Springer, 2010, pp. 151–159.
3. Menze *et al.*, "The multimodal brain tumor image segmentation benchmark (BRATS)," *IEEE Trans. Med. Imag.*, vol. 34, no. 10, pp. 1993–2024, Oct. 2015.
4. C.-H. Lee *et al.*, "Segmenting brain tumors using pseudo-conditional random fields," in *Medical Image Computing and Comput.-Assisted Intervention-MICCAI 2008*. New York: Springer, 2008, pp. 359–366.
5. R. Meier *et al.*, "A hybrid model for multimodal brain tumor segmentation," in *Proc. NCI-MICCAI BRATS*, 2013, pp. 31–37.
6. Kwon *et al.*, "Combining generative models for multifocal glioma segmentation and registration," in *Medical Image Computing and Comput.-Assisted Intervention-MICCAI 2014*. New York: Springer, 2014, pp. 763–770.
7. N. Louis *et al.*, "The 2007 WHO classification of tumours of the central nervous system," *Acta Neuropathologica*, vol. 114, no. 2, pp. 97–109, 2007.
8. D. Zikic *et al.*, "Decision forests for tissue-specific segmentation of high-grade gliomas in multi-channel MR," in *Medical Image Computing and Comput.-Assisted Intervention-MICCAI 2012*. New York: Springer, 2012, pp. 369–376.
9. G. Van Meir *et al.*, "Exciting new advances in neuro-oncology: The avenue to a cure for malignant glioma," *CA, Cancer J. Clinicians*, vol. 60, no. 3, pp. 166–193, 2010.
10. Tabatabai *et al.*, "Molecular diagnostics of gliomas: The clinical perspective," *Acta Neuropathologica*, vol. 120, no. 5, pp. 585–592, 2010.
11. L. G. Nyúl, J. K. Udupa, and X. Zhang, "New variants of a method of MRI scale standardization," *IEEE Trans. Med. Imag.*, vol. 19, no. 2, pp. 143–150, Feb. 2000.
12. M. Prastawa *et al.*, "A brain tumor segmentation framework based on outlier detection," *Med. Image Anal.*, vol. 8, no. 3, pp. 275–283, 2004.
13. N. J. Tustison *et al.*, "N4ITK: Improved n3 bias correction," *IEEE Trans. Med. Imag.*, vol. 29, no. 6, pp. 1310–1320, Jun. 2010.
14. R. Meier *et al.*, "Appearance-and context-sensitive features for brain tumor segmentation," in *MICCAI Brain Tumor Segmentation Challenge (BraTS)*, 2014, pp. 20–26.
15. S. Bauer *et al.*, "A survey of MRI-based medical image analysis for brain tumor studies," *Phys. Med. Biol.*, vol. 58, no. 13, pp. 97–129, 2013.
16. S. Bauer *et al.*, "Segmentation of brain tumor images based on integrated hierarchical classification and regularization," *Proc. MICCAIBRATS*, pp. 10–13, 2012.
17. S. Bauer, L.-P. Nolte, and M. Reyes, "Fully automatic segmentation of brain tumor images using support vector machine classification in combination with hierarchical conditional random field regularization," in *Medical Image Computing and Comput.- Assisted Intervention-MICCAI 2011*. New York: Springer, 2011, pp. 354–361.
18. S. Reza and K. Iftekharuddin, "Multi-fractal texture features for braintumor and edema segmentation," *SPIE Med. Imag. Int. Soc. Opt.*



# Brain Tumor Segmentation Using the Convolutional Neural Network

Forough Seyyed Masoumi<sup>1</sup>, Manouchehr Kazemi<sup>2</sup>, Abbas Zamani Shourabi<sup>3</sup>

1. Department of Computer Engineering, Islamic Azad University, Ashtian Branch, Ashtian, Iran

2. A faculty member of the Department of Computer Engineering, Islamic Azad University, Ashtian Branch, Ashtian, Iran

3. A faculty member of the Department of Computer Engineering, Islamic Azad University, Ashtian Branch, Ashtian, Iran

---

## Abstract

This paper presents a new method based on convolutional neural networks for brain tumor segmentation in MRI images, which begins with the preprocessing stage, including the correction of the bias field, the intensity and the normalization of the parts. Then, during the training process, the numbers of training parts are increased artificially with the help of rotation of training parts and the use of HGG samples for segmentation of the small number of LGGs. The convolutional neural network is constructed on convolutional layers with the small core dimensions of  $3 \times 3$  to allow for deeper architectures.

Finally, it is shown that the activation function of LReLU plays a more important role in the efficient training of convolutional neural networks than the ReLU function.

**Keywords:** MRI images, brain, segmentation, convolutional neural network

---