

## Research Paper

# A Two-Dimensional Convolutional Neural Network for Brain Tumor Detection From MRI



Ayoub Najaf-Zadeh<sup>1</sup> , \*Hamid Reza Ghaffari<sup>1</sup>

1. Department of Engineering Intelligence, Faculty of Engineering, Azad University, Ferdows Branch, Ferdows, Iran.



**Citation** Najaf-Zadeh, Ghaffari HR. [A Two-Dimensional Convolutional Neural Network for Brain Tumor Detection From MRI (Persian)]. Quarterly of "The Horizon of Medical Sciences". 2020; 26(4):398-413. <https://doi.org/10.32598/hms.26.4.3303.1>

<https://doi.org/10.32598/hms.26.4.3303.1>



**Received:** 07 Dec 2019

**Accepted:** 20 Jun 2020

**Available Online:** 01 Oct 2020

### Key words:

Brain tumor, MIR images, Deep learning, Two dimensional convolutional network

## ABSTRACT

**Aims** Cancerous brain tumors are among the most dangerous diseases that lower the quality of life of people for many years. Their detection in the early stages paves the way for the proper treatment. The present study aimed to present a two-dimensional Convolutional Neural Network (CNN) for detecting brain tumors under Magnetic Resonance Imaging (MRI) using the deep learning method.

**Methods & Materials** The proposed method has two stages of feature extraction and classification. A 12-layer CNN was used to extract the features of the MRI images and then the softmax activation function was used to classify these features. The proposed method was applied to a standard database consisting of three brain tumor types of meningioma, glioma, and pituitary.

**Findings** The proposed method had better performance compared to previously presented methods. Its accuracy was reported as 98.68%.

**Conclusion** Meningioma, glioma, and pituitary tumors are the most common types of brain tumors. Early detection of these tumors can decrease the risk of death. Because of its fully connected structure, the use of proposed deep CNN can help physicians to correctly detect brain tumors with MRI images.

## English Version

### 1. Introduction

**A**bnormal cell growth in any part of the body is called a tumor. In general, brain tumors are divided into two types: benign and malignant. This most widely used tumor grading system has been proposed by the World Health Organization (WHO) [1]. Neurologists play an important role in the evaluation and treatment of brain tumors. When a brain tumor is clinically diagnosed,

a neurological evaluation should determine the location of the tumor and its relationship to surrounding structures. This information is very vital for choosing the best treatment method, including surgery and radiation therapy, but doctors always have difficulty in accurately diagnosing the location of the tumor. This problem is usually due to excessive fatigue of doctors, high image artifact, and so on. Given this, a computer-based intelligent diagnostic system can help neurologists make the correct diagnosis. The use of intelligent medical diagnostic systems as an assistant to physicians and radiologists, besides helping them, can pave the way for accurate and error-free identification and distinguishing these diseases from other similar diseases [2].

\* **Corresponding Author:**

**Ayoub Najaf-Zadeh**

**Address:** Department of Engineering Intelligence, Faculty of Engineering, Azad University, Ferdows Branch, Ferdows, Iran.

**Tel:** +98 (915) 3355310

**E-mail:** hamidghaffary53@yahoo.com

In recent years, the use of diagnostic systems based on the deep learning method has been widely used because of its high efficiency, so many studies have been conducted in this field. For example, Gupta and Khanna [3] conducted a study entitled “A non-invasive and adaptive CAD system to detect brain tumor from T2-weighted MRIs using customized Otsu’s thresholding with prominent features and supervised learning.” They used non-homogeneous techniques for preprocessing brain MR images segmented by Otsu’s thresholding technique. In the next step, several feature extraction methods such as Tamura, LBP, Gabor filters, GLCM, and Zernike were applied to segmented images. Then, from the used methods, two prominent samples were selected using entropy measures. Finally, a support vector machine (SVM) was used for the classification. They have achieved 98% accuracy and 100% sensitivity.

Zikic et al. [4] developed an interpretive method for converting 4D data, such that standard 2D convolutional neural network (CNN) architectures can also be used to perform brain tumor segmentation. The results reported on the BRATS dataset show a dice score of 83.7% for the whole tumor region, 73.6% for the core tumor region, and 69% for the active tumor region. To classify brain lesions in MRI images of the breast, Amit et al. [5] used a VGG network and the extracted features were classified using SVM. The reported accuracy on a database of 123 MRI images, without the use of color channels, is 73% with a sensitivity of 77% and a specificity of 68%. Using a simple SegNet network, Korfiatis et al. [6] performed segmentation on the BRATS data and reported an average dice accuracy of 87.6%. Sajid et al. [7] used deep learning networks to diagnose brain tumors using BRATS database images and different MRI images. They reported that their method was successful with very good simulation results.

One of CNN’s new approaches is to evaluate the performance of brain tumor diagnosis using deeper architectures [8] by implementing  $3 \times 3$  filters in convolutional layers. Using this method, more convolutional layers can be added to the architecture, without reducing the impact of the acceptance field of previous larger filters. Besides, deeper architectures use more nonlinearity and have less filter weight because they use smaller filters which reduce the likelihood of preprocessing. A modified version of the rectified linear unit (ReLU) called leaky ReLU (LReLU) has been used as a nonlinear activation function. CNN’s proposal, which has 11 deep layers on the BRATS suite, achieves a dice score of 88%, 83%, and 77% for the overall, core, and active tumor regions, respectively. Pereira et al. [9] used CNN for the segmentation of MRI images. Their proposed network was based on a U-net which has two upsampling and expansion paths and used LReLU with  $\alpha = 0.3$  as the activation

function. After each layer of convolution with  $3 \times 3$  kernel size and LReLU activator, a dropout = 0.2 technique was used. The proposed architecture was used for both segmentation of the whole binary tumor and segmentation within the multiclass tumor.

The only difference is the number of kernels of the last layer, which is proportional to the number of classes. The cross-entropy function is introduced as a network error function and is used to optimize SGD information with a learning rate of 0.01. Havaei et al. [10] presented a fully automated brain tumor segmentation method based on deep learning. First, they discussed different types of architectures based on CNN. Their network examines both local and global contextual features simultaneously. It used the last layer, which is a convolutional simulation of the fully-connected (FC) layer, and allowed a 40-fold increase in speed. They also introduced a two-phase learning process that allowed us to address the problems associated with unbalanced tumor segmentation labels. Finally, they examined a cascaded architecture in which the base CNN output was considered as a source of additional information for a subsequent CNN. The results reported on the 2013 BRATS dataset showed that their architecture was 30 times faster than existing optimized CNNs.

Pereira et al. [11] performed brain tumor segmentation using full CNNs. The network architecture for HGG consisted of 11 layers with a max pooling layer followed by three convolutional layers and finally three FC layers, while the network architecture for LGG consisted of 9 layers with one max pooling layer after two convolutional layers and finally three FC layers. The HGG architecture is deeper than that of LGG; hence, a dropout of 0.5 was used in LGG, while in HGG it was 0.1. This technique was used only in FC layers. LReLU activator function was used in all layers, while the softmax function was applied for the last FC layer and padding technique for convolutional layers. During learning, the categorical cross-entropy error function was used with the SGD optimizer. Amin et al. [12] proposed a new CNN architecture based on DDN for the diagnosis of brain tumors. Seven layers were used for classification: 3 convolutional layers, 3 ReLU layers, and one softmax layer. The input MR images were first divided into several segments and then the center pixel value of each segment was presented to the DNN.

Extensive experiments were performed using 8 large-scale benchmark datasets, including BRATS 2012, 2013, 2014, 2015, and ISLES 2015, 2017. Dong et al. [13] used a U-Net based fully convolutional network for brain tumor detection and segmentation. They used a 28-layer CCN architecture and could achieve the desired accuracy.

As mentioned above, various factors affect the identification and classification of tumors such as imaging format and noise, physician fatigue, etc., so it is necessary to develop an intelligent diagnostic system for the classification of tumors. In this paper, we used a deep learning method based on a 2D CNN with high accuracy to detect brain tumors from MRI images. The second section introduces the proposed computer-aided detection (CAD) system. The results and discussion are presented in the third and fourth sections, and finally, in section 5 we present the conclusions.

## 2. Materials and Methods

Studies on MRI images of 3 types of brain tumors were collected. Figure 1 shows a block diagram of the study method. MRI images were first entered as input to the proposed network. Previously, traditional methods were used to extract features and classify them. In this study, feature extraction and classification were performed by deep learning methods in an integrated way based on a 2D deep convolutional network. Its properties are presented in the next sections.

### Input data

Standard MRI images are used to diagnose brain tumors. MRI imaging has different protocols, of which T1, T2, and FLAIR protocols are commonly used for research. In this regard, we used 1.5 Tesla MRI images with the T1 protocol. For these images, the database presented in reference [14] was used. This database contains images of 3 different types of brain classes in a dimension of  $512 \times 512$  related to meningiomas (708 images), gliomas (1426 images), and pituitary tumors (930 images). Figure 2 illustrates three images from three classes of this database. The dimension of these images was changed from  $512 \times 512$  to  $128 \times 128$  for use in the proposed method.

### Proposed convolutional network

Training of a network minimizes the error function based on real network outputs compared to optimal network outputs. This procedure is done by modifying the free parameters of the network, including weights and biases. The training method used in the proposed network is supervisor training. In this method, a supervisor monitors the learner's behavior and reminds it how to function properly. In other words, the learning system is a set of data pairs consisting of network inputs and favorable outputs. After applying the network input, its output is compared with the favorable output and the learning error is calculated and used to modify the network parameters so that if the same inputs are reapplied to the network, the network output will be closer to the favorable output. In this method, images are

applied to the network in batches of 64; although it requires more memory, it will have higher stability. The proposed network architecture is shown in Figure 3. The most important layers of this architecture are briefly described in the next section.

### Convolutional layers

Convolution operation in the image is such that the filter with the desired size convolves over the original image. In this way, at any moment, the filter matrix arrays are placed on the pixel arrays of the image and multiplied. Finally, the results of all parts are summed up and one number is obtained for each filtered part. In the next step, the filter of one unit goes to the right and the operation is repeated. This operation continues until all pixels of the image are swept. Finally, a new matrix is produced. In this study, 3 convolutional layers with the ReLU activation function are used; there are 32 filters with a  $3 \times 3$  kernel size in each layer [15].

### Pooling layers

Pooling layers are placed at regular intervals between successive convolutional layers. This technique is very common in a convolutional architecture and can be used to reduce the size of the network feature map and its parameters. In other words, the function of pooling layers is to reduce the spatial size of the image to reduce the number of parameters and calculations within the network and, thus, control overfitting. The most common way is to use them with  $2 \times 2$  filters and max pooling [16]. Table 1 shows the pooling layers of the proposed network.

### Flattening layer

The flattening layer is an important layer that is placed between the layers that perform convolutional feature extraction and output classification. This layer converts the data that intends to enter the classification stage into a vector.

### FC layers

After convolutional layers, there are the last FC layers. These layers act like their counterparts in traditional artificial neural networks and comprise almost 90% of the parameters of a CNN. The FC layer allows us to present the network result in the form of a vector with a specified size. This vector can be used to categorize images or continue further processing [17]. In this regard, different classification algorithms are used, one of which is the softmax activation function. In mathematics, the softmax function or normalized exponential function is a generalization of the logistic function. This function takes a vector  $z$  of  $K$  real numbers as input and gives

a vector  $\sigma(Z)$  of  $K$  real numbers  $(0, 1)$  as output whose sum of the components is 1 (see [Formula 1](#)). It is mainly used in the field of mathematics, especially in the theory of probability and related fields. Classification by softmax function has a unique advantage over  $N$ -dimensional vectors. To classify extracted vectors in deep learning, it determines the probability of the extracted vectors and then classifies them. The softmax function is a form of logistic regression. The main idea of logistic regression is to use the logical regression method in classification, which judges the input data and gives a single discrete output [18]. The softmax method has only one drawback i.e., its high computational complexity. However, this problem has been solved with an improvement in the GPU. Owing to the mentioned advantages, we used the softmax function in the FC layers.

$$1. \sigma(Z)_j = \frac{e^{z_j}}{\sum_{k=1}^K e^{z_k}} \text{ for } j=1, \dots, K$$

### Dropout layer

The dropout layer is used in FC layers and between them to prevent the network from overfitting and avoid the complexity of FC layers ([Figure 4](#)). In this study, two dropout layers were used and the rate of each layer was set to be 0.5.

### Performance evaluation

The performance of a classification system is measured by various parameters such as accuracy, precision, sensitivity, and F1 score. Using these parameters allows users to understand how well a model performs in analyzing textual data. To evaluate the performance of a classification system, a fixed test dataset (a set of textual data with predefined size whose labels are specified) can be used. Such a process in the evaluation phase divides the training data into two subsets: the first subset is used to train the model and the second subset is used to test the model.

Classification accuracy defines the number of correct predictions made by a classifier divided by the total number of predictions made by that classifier ([Formula 2](#)):

$$2. Accuracy = \frac{TP+TN}{TP+TN+FP+FN}$$

In the above Formula, TP is true positives, TN stands for true negatives, FP is false positives, and FN stands for false negatives.

Classification precision defines the ratio of the number of correct predictions made for samples of a particular class to the total number of predictions for samples of the same class (including all correct and incorrect predictions) ([Formula 3](#)):

$$3. Precision = \frac{TP}{TP+FP}$$

Classification sensitivity refers to the number of image data correctly classified in a particular class to the total number of data that should be classified in that class ([Formula 4](#)):

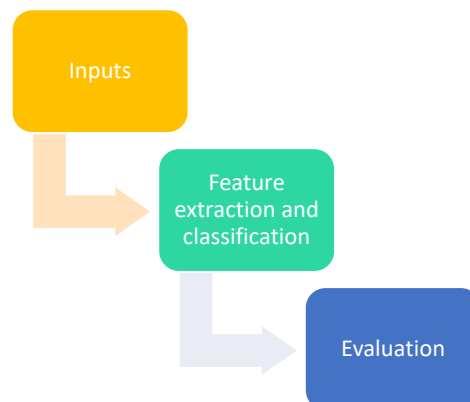
$$4. Sensitivity = \frac{TP}{TP+FN}$$

The F1 score combines precision and sensitivity parameters to determine how well a classification model performs ([Formula 5](#)):

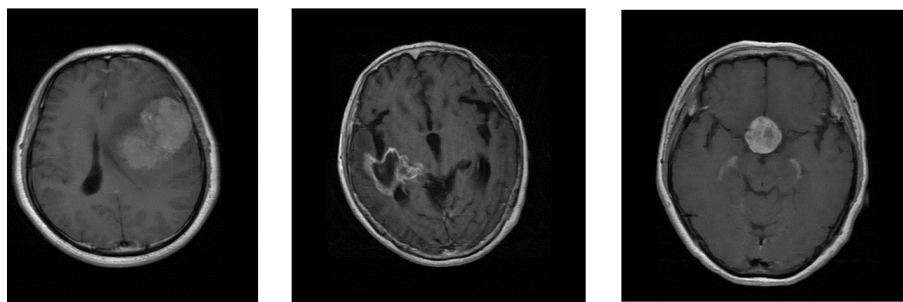
$$5. F1 = 2 \times \frac{Sensitivity \times Precision}{Sensitivity + Precision}$$

## 3. Results

In the proposed method, 80% of the database images were selected for training the model and 20% for testing the model, while there is no interference between training and test data. Training data with a batch size of 64 were sent to

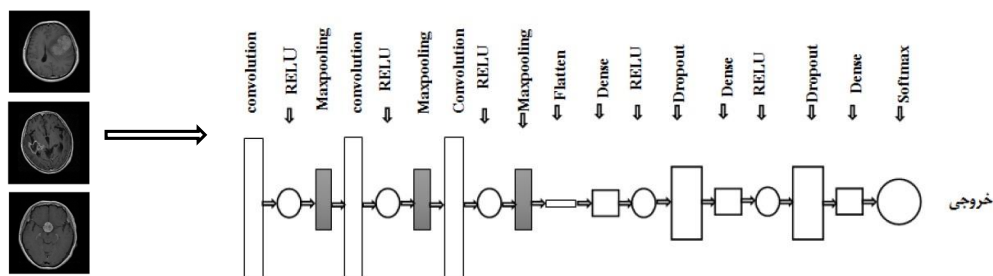


**Figure 1.** Block diagram of the study method



Quarterly of  
The Horizon of Medical Sciences

Figure 2. Three classes of brain tumors. From left to right: Meningioma, glioma, and pituitary tumor



Quarterly of  
The Horizon of Medical Sciences

Figure 3. The proposed convolutional neural network

Table 1. The layers of the proposed convolutional neural network

Layer	No.	Size
The first convolutional layer	32	3×3
The First max pooling layer	1	2×2
The second convolutional layer	32	3×3
The second max pooling layer	1	2×2
The third convolutional layer	32	3×3
The third max pooling layer	1	2×2
The flattening layer	1	--
The First FC layer	512	--
The First dropout layer	0.5	--
The second FC layer	128	--
The second Dropout layer	0.5	--
The third FC layer	10	--

Quarterly of  
The Horizon of Medical Sciences

**Table 2.** The overall results of performance evaluation parameters

F1 score	Precision	Sensitivity	Accuracy	Results
95.42	93.51	96.32	99.14	1.00
98.31	95.45	95.17	98.57	2.00
97.45	96.71	98.21	98.32	3.00
94.13	94.38	96.81	99.02	4.00
98.17	95.02	95.32	98.36	5.00
96.69	95.01	96.36	98.68	Average

Quarterly of  
The Horizon of Medical Sciences

the network; this network was trained in 100 iterations. The proposed model performed better than other methods by using hierarchical learning and extracting high-level features. A computer with a Corei7-6700HQ processor, NVIDIA 1060-6G byte graphics card, 8G byte DDR4 RAM, and 1TB hard drive was used to implement the proposed deep learning network codes. To run the program in Windows, Anaconda software version 3.7, Spyder software, and TensorFlow machine learning platform were used. Table 2 presents the mean overall accuracy and other parameters of the proposed method per 5 times of program execution. The proposed method was compared with several similar studies presented in Table 3.

#### 4. Discussion

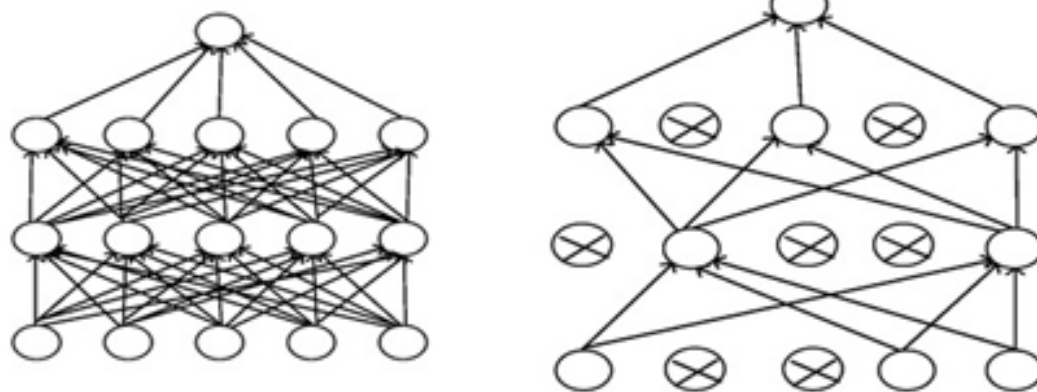
This study presents a multi-class classification method for MRI images of brain tumors using a deep learning method. The used images were T1 type and have three types of brain tumor classes: 708 images of meningioma tumors, 1426 images of glioma tumors, and 920 images of pituitary tumors. The proposed method includes a main classification stage using a 12-layer CNN consisting of three convolutional layers, three max pooling layers, one flattening layer, two

dropout layers, three FC layers, and the softmax activation function was used to classify the three classes. The average accuracy of the proposed method after 5 times running was 98.68%. The proposed system can be used for the detection of brain tumors. It was compared with several similar studies that mostly used the image zoning technique and the accuracy of our method was found much higher than theirs.

One of the strengths of this study was the use of a 12-layer deep CNN, which increases the network accuracy to 98.68%, while one of its drawbacks was the lack of using clinical MRI images with different classes to diagnose multiple brain tumors simultaneously.

#### 5. Conclusion

The brain is the most important organ in the body that controls all other parts of the body. If there is a disease in this part, disorders can occur in other parts which sometimes can lead to death. In this study, an automated CAD system based on deep learning was presented to diagnose and classify brain tumors. Since in the proposed method, high-level features were extracted by deep learning, the accuracy of classification and detection was very high and

**Figure 4.** Dropout layer function

Quarterly of  
The Horizon of Medical Sciences

**Table 3.** Comparing the proposed method with other methods

Author(s)	User interaction level	Performance		
		Accuracy	Sensitivity	Precision
Pereira et al.	Fully automated	88%	83%	77%
Kroun et al.	Semi- automated	88%	83%	72%
Abran et al.	Fully automated	87%	77%	73%
Havaei et al.	Semi- automated	86%	77%	73%
Menezes et al.	Fully automated	83%	75%	77%
Dowi et al.	Fully automated	85%	74%	68%
Zikic et al.	Fully automated	83.70%	73.60%	69%
Hamaki et al.	Semi- automated	72%	57%	59%
Zikic et al.	Fully automated	83.70%	Unknown	Unknown
Havaei et al.	Fully automated	78%	Unknown	Unknown
Mark et al.	Fully automated	74%	Unknown	Unknown
Wang et al.	Fully automated	85%	Unknown	Unknown
Wang et al.	Fully automated	90.50%	Unknown	Unknown
Amin et al.	Fully automated	80%	Unknown	Unknown
Pan et al.	Fully automated	66%	Unknown	Unknown
Sajid et al.	Fully automated	90%	Unknown	Unknown
Pereira et al.	Fully automated	75%	Unknown	Unknown
Present study	Fully automated	98.68%	96.36%	95.03%

Quarterly of  
The Horizon of Medical Sciences

the size of the feature vector also decreased. Because of the large number of images in the used database, the network was designed to provide the highest execution speed and accuracy.

## Ethical Considerations

### Compliance with ethical guidelines

This study was extracted from a thesis. No ethical approval was needed.

### Funding

This study received no financial support from any organization

### Authors' contributions

All authors had an equal contribution in preparing this paper.

### Conflicts of interest

The authors declare no conflict of interest.

## Acknowledgements

The authors would like to thank the Deputy for Research of the Islamic Azad University of Ferdows Branch for their cooperation.

## تشخیص تومورهای مغزی از روی تصاویر MRI با استفاده از شبکه کانولوشنی دوبعدی

ایوب نجف زاده<sup>۱</sup>، حمید رضا غفاری<sup>۱</sup>

۱. گروه مهندسی هوش مصنوعی، دانشکده مهندسی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد فردوس، فردوس، ایران.

### چکیده

**اهداف:** تومورهای سرطانی مغز انسان در دسته بیماری‌های خطرناک هستند که کیفیت زندگی انسان‌ها را تا سالیان دراز تحت تأثیر قرار می‌دهند و تشخیص آن‌ها در مراحل اولیه، راه را برای درمان بسیار هموار می‌کند. هدف از این مقاله تشخیص هوشمند تومورهای مغزی از سه کلاس تومور مننژیوما، گلیوما و هیپوفیز با استفاده از یادگیری عمیق است.

**مواد و روش‌ها:** سیستم پیشنهادی شامل دو مرحله، استخراج ویژگی و طبقه‌بندی است. جهت استخراج ویژگی تصاویر، از یک شبکه کانولوشنی ۱۲ لایه استفاده شده است. در نهایت، جهت طبقه‌بندی ویژگی‌ها از تابع فعال‌ساز Softmax استفاده شده است. سیستم پیشنهادی بر روی پایگاه داده استاندارد و شامل سه کلاس گلیوما، مننژیوما و هیپوفیز اعمال شده است.

**یافته‌ها:** پیاده‌سازی سیستم تشخیص پیشنهادی روی پایگاه داده پیشنهادی، نشان‌دهنده برتری آن در مقایسه با روش‌های قبلی است که از این دیتاست استفاده کرده‌اند. برای روش کانولوشنال دوبعدی، دقت روش ۹۸/۶۸ درصد به دست آمده است.

**نتیجه‌گیری:** تومورهای مننژیوما، گلیوما و هیپوفیز در دسته شایع‌ترین بیماری‌های مغزی قرار دارند. تشخیص سریع و زودهنگام این ضایعات تا حد زیادی فرد بیمار را از خطر مرگ نجات می‌دهد. استفاده شبکه کانولوشنال عمیق با توجه به ساختار تمام متصل می‌تواند کمک شایانی به پزشکان در تشخیص صحیح انجام دهند.

تاریخ دریافت: ۱۶ آذر ۱۳۹۸

تاریخ پذیرش: ۳۱ خرداد ۱۳۹۹

تاریخ انتشار: ۱۰ مهر ۱۳۹۹

### کلیدواژه‌ها:

تومور مغزی، تصاویر MRI، یادگیری عمیق، شبکه کانولوشنی دوبعدی

### مقدمه

در تشخیص صحیح کمک شایانی کند. استفاده از سیستم‌های تشخیص پزشکی هوشمند در تشخیص بیماری‌های مغزی، به عنوان دستیاری در کنار پزشکان و رادیولوژیست‌ها علاوه بر کمک شایان به آن‌ها، راه را برای شناسایی دقیق و عاری از خطا برای شناسایی و تفکیک این بیماری‌ها از سایر بیماری‌های مشابه، هموار می‌کند [۲]. در سال‌های اخیر استفاده از سیستم‌های تشخیصی مبتنی بر یادگیری عمیق به دلیل کارایی بالای آن بسیار مورد استفاده قرار گرفته است و تحقیقات زیادی در این زمینه در حال انجام است.

گاپتا و همکاران [۳] مقاله‌ای با عنوان «یک سیستم غیر تهاجمی و تطبیقی جهت تشخیص تومورهای سرطانی از تصاویر وزن دار T2 با استفاده از آستانه‌گیری اوتسو و روش‌های طبقه‌بندی نظارتی شده» ارائه کردند. جهت پیش‌پردازش تصاویر استفاده شده از روش‌های غیرهمگن استفاده شده است و در مرحله بعد بخش‌بندی تصاویر MRI با استفاده از آستانه‌گیری اوتسو انجام شده است. در گام بعد، روی تصاویر بخش‌بندی شده، تعدادی

رشد سلولی غیرعادی در هر بخش از بدن تومور نام دارد. به طور کلی تومورهای مغزی به دو نوع خوش‌خیم و بدخیم تقسیم می‌شوند. در واقع طرح درجه‌بندی تومورها که به طور گسترده استفاده می‌شود، توسط سازمان بهداشت جهانی صادر شده است [۱]. نرولوژیست‌ها نقش مهمی در ارزیابی تومورهای مغزی و درمان دارند. هنگامی که یک تومور مغزی از نظر بالینی تشخیص داده می‌شود نیاز به ارزیابی نرولوژیست برای تعیین موقعیت تومور و ارتباط آن با ساختارهای اطراف است. این اطلاعات بسیار مهم و حیاتی، برای انتخاب بهترین روش درمان از جمله جراحی و پرتودرمانی است، اما همواره پزشکان در تشخیص دقیق مکان تومور مشکل دارند. این مشکل معمولاً به دلیل خستگی زیاد پزشکان، تصاویر با آرتیفکت بالا و سایر عوامل است. با توجه به این موارد، لزوم یک سیستم تشخیصی هوشمند بر پایه بینایی کامپیوتر می‌تواند به نرولوژیست‌ها و سایر پزشکان مغز و اعصاب

\* نویسنده مسئول:

حمید رضا غفاری

نشانی: فردوس، واحد فردوس، دانشگاه آزاد اسلامی، دانشکده مهندسی، گروه مهندسی هوش مصنوعی.

تلفن: ۳۳۵۵۳۱۰ (۹۱۵) +۹۸

پست الکترونیکی: ichtoosh@gmail.com



تابع فعال سازی غیرخطی مورد استفاده قرار گرفته است. CNN پیشنهادی که یازده لایه عمقی دارد روی مجموعه BRATS به مقادیر امتیاز تاسی برابر با ۸۸، ۸۳ و ۷۷ درصد به ترتیب برای مناطق کل تومور، هسته تومور و فعال تومور دست یافته است.

در پژوهشی دیگر، پریا [۹] یک الگوریتم سلسه مراتبی کانولوشنی به منظور بخش بندی تصاویر MRI ارائه داد. شبکه پیشنهادی در این مقاله از U-net که دارای دو مسیر فشرده سازی و بسط دادن است، به عنوان تابع فعال ساز از LReLU با  $\alpha=0.3$  استفاده شده است. پس از هر لایه کانولوشن با کرنل  $3 \times 3$  و فعال ساز LReLU، تکنیک  $\text{dropout}=0.2$  به کار گرفته شده است. از معماری پیشنهادی، برای هر دو سگمنت بندی کل تومور باینری و سگمنت بندی درون توموری چند کلاس استفاده شده است. تنها تفاوت در تعداد کرنل های لایه آخر است که متناسب با تعداد کلاس هاست. تابع cross entropy به عنوان تابع خطای شبکه معرفی شده است و برای بهینه سازی اطلاعات SGD با نرخ یادگیری  $0.01$  استفاده شده است.

هوایی و همکاران [۱۰] یک روش سگمنت بندی تومور مغزی کاملاً خودکار بر اساس یادگیری عمیق ارائه دادند. در اینجا، انواع مختلف معماری های مبتنی بر شبکه های عصبی کانولوشنی بررسی شده اند. CNN آن ها هر دو ویژگی های محلی و همچنین ویژگی های زمینه ای سراسری تر را به طور هم زمان بررسی می کند. شبکه آن ها از یک لایه نهایی استفاده می کند که شبیه سازی کانولوشنی از لایه FC است که امکان  $40$  fold افزایش سرعت را می دهد. آن ها همچنین یک پروسه آموزش دوفازی را معرفی کردند که به ما امکان مقابله با مشکلات مربوط به عدم تعادل لیبیل های تومور را می دهد. در نهایت، یک معماری آبشاری را بررسی کردند که در آن خروجی CNN پایه به عنوان یک منبع اطلاعات اضافی برای یک CNN بعدی تلقی می شود. نتایج گزارش شده بر روی دیتاست BRATS  $2013$  نشان می دهند معماری آن ها نسبت به روش های موجود بهبود یافته و  $30$  بار سریع تر است.

پریا و همکاران [۱۱] بخش بندی تومورهای مغزی را با استفاده از یک شبکه کانولوشنی بهبود یافته انجام دادند. معماری شبکه برای HGG شامل یازده لایه است که پس از هر سه لایه کانولوشن یک لایه Max pooling قرار دارد و در نهایت سه لایه FC قرار دارند. معماری شبکه برای LGG متشکل از نه لایه است که پس از هر دو لایه کانولوشن از max pooling استفاده شده و در انتها سه لایه FC به کار گرفته شده اند. معماری HGG عمیق تر از LGG است؛ بنابراین در LGG از  $\text{dropout}=0.5$  استفاده شده، در حالی که در HGG برابر با  $0.1$  است، این تکنیک فقط در لایه های FC استفاده شده است. در تمامی لایه ها از تابع فعال ساز LReLU و در آخرین لایه FC تابع softmax به کار گرفته شده اند. در لایه های کانولوشن از تکنیک padding استفاده شده است. در

از روش های استخراج ویژگی از قبیل تامورا LBP، فیلترهای گابور، GLCM و زرنیک اعمال شد. سپس از روش های استخراج ویژگی استفاده شد و دو نمونه برجسته از طریق اندازه گیری آنتروپی انتخاب شدند. در نهایت، جهت طبقه بندی از ماشین بردار پشتیبان (SVM) استفاده شد. در این پژوهش آن ها توانستند به دقت ۹۸ درصد و همچنین حساسیت ۱۰۰ درصد دست یابند.

زیک و همکاران [۴] یک روش تفسیری برای تبدیل داده های چهار بعدی توسعه داده اند، به طوری که معماری های استاندارد دو بعدی CNN نیز می توانند برای انجام قطعه بندی تومور مغزی مورد استفاده قرار گیرند. نتایج گزارش شده بر روی مجموعه داده BRATS، مقدار امتیاز تاسی برابر با  $83.77$  درصد را برای منطقه کل تومور، مقدار  $72.6$  درصد را برای منطقه هسته تومور و  $69$  درصد را برای منطقه فعال تومور نشان می دهند.

آمیت و همکاران [۵] برای طبقه بندی ضایعات مغزی در تصاویر MRI سینه، از یک شبکه VGG استفاده و ویژگی های استخراج شده از آن را با استفاده از SVM طبقه بندی کردند. دقت گزارش شده بر روی پایگاه داده ای از  $123$  تصویر MRI، بدون استفاده از کانال های رنگی، برابر  $73$  درصد است که حساسیت  $77$  درصد و اختصاصی بودن  $68$  درصد گزارش شده است.

کرفیاتیس و همکاران [۶] با استفاده از یک شبکه SegNet ساده، روی داده های BRATS بخش بندی انجام دادند. میانگین دقت dice گزارش شده روی پایگاه داده BRATS،  $87.6$  درصد بوده است.

ساجید و همکاران [۷] در پژوهش خود از شبکه های یادگیری عمیق به منظور تشخیص تومورهای مغزی از تصاویر رزونانس مغناطیسی استفاده کردند. در این تحقیق از تصاویر پایگاه داده BAST استفاده شده است و محققان از تصاویر مختلف MRI استفاده کرده اند. آن ها روش خود را موفقیت آمیز دانستند و نتایج بسیار خوب شبیه سازی این کار بسیار واضح است.

یکی از رویکردهای جدید CNN به ارزیابی عملکرد تشخیص تومور مغزی با استفاده از معماری های عمیق تر CNN پرداخته است [۸]. این رویکرد با استفاده از پیاده سازی فیلترهایی با اندازه  $3 \times 3$  در لایه های کانولوشنی انجام شده است. بدین ترتیب با استفاده از این روش، لایه های کانولوشنی بیشتری می توانند به معماری اضافه شوند، بدون اینکه تأثیر میدان پذیرش فیلترهای بزرگ تر قبلی را کاهش دهند. علاوه بر این، معماری های عمیق تر از غیر خطی بودن بیشتری استفاده می کنند و وزن فیلتری کمتری دارند؛ زیرا از فیلترهای کوچک تری استفاده می کنند و این امر احتمال پیش پردازش را کاهش می دهد. نسخه اصلاح شده ای از ReLU به نام واحد خطی یکسو کننده با نشان LReLU به عنوان

1. Support Vector Machine

نهایی، روش مورد ارزیابی قرار می‌گیرد و پارامترهای دقت، حساسیت و اختصاصی محاسبه می‌شود.

### دیتای ورودی

در روش پیشنهادی این مقاله به منظور تشخیص تومورهای مغزی از تصاویر MRI معمولی و استاندارد استفاده شده است. روش‌های تصویربرداری MRI دارای پروتکل‌های مختلفی هستند که معمولاً برای تحقیقات از پروتکل‌های T1، T2 و Flair استفاده می‌شود. به همین منظور از پایگاه داده استفاده شده در این مقاله، که از تصاویر MRI با فرمت ۱/۵ تسلا هستند و در آن‌ها از پروتکل تصویربرداری MRI-T1 استفاده شده است بهره خواهیم برد. برای این تصاویر پایگاه داده از مرجع [۱۴] استفاده شده است. در **تصویر شماره ۲**، سه تصویر از سه کلاس این پایگاه داده نمایش داده شده است. این پایگاه داده شامل تصاویر سه نوع کلاس مختلف مغزی در ابعاد ۵۱۲×۵۱۲ است که سه کلاس آن مربوط به تومورهای مننژیوما (۷۰۸ تصویر)، گلیوما (۱۴۲۶ تصویر) و هیپوفیز (۹۳۰ تصویر) است. ابعاد این تصاویر برای استفاده در روش پیشنهادی از ۵۱۲×۵۱۲ به ۱۲۸×۱۲۸ تغییر داده شده است.

### شبکه کانولوشنی پیشنهادی

آموزش شبکه در واقع حداقل کردن تابع خطا بر حسب خروجی‌های واقعی شبکه در مقایسه با خروجی‌های مطلوب شبکه است. این کار از طریق اصلاح پارامترهای آزاد شبکه، یعنی وزن‌ها و بایاس‌ها صورت می‌گیرد. روش آموزش مورد استفاده در ساختار پیشنهاد فعلی، روش آموزش همراه با ناظر است. در این روش یک سرپرست بر رفتار یادگیرنده نظارت می‌کند و نحوه عملکرد صحیح را به او یادآور می‌شود. به بیان دیگر، سیستم یادگیرنده، مجموعه‌ای از زوج‌های داده متشکل از ورودی شبکه و خروجی مطلوب است. پس از اعمال ورودی شبکه، خروجی آن با خروجی مطلوب مقایسه شده و خطای یادگیری محاسبه و از آن برای اصلاح پارامترهای شبکه به گونه‌ای استفاده می‌شود که اگر به طور مجدد به شبکه همان ورودی‌ها داده شود، خروجی شبکه به خروجی مطلوب نزدیک‌تر شود. در این روش تصاویر به صورت دسته‌های ۶۴ تایی به شبکه وارد می‌شود و با وجود اینکه نیازمند حافظه بالاتری است، اما پایداری بالاتری را خواهد داشت. معماری روش پیشنهادی در **تصویر شماره ۳** نشان داده شده است و سپس در ادامه مهم‌ترین لایه‌های این معماری به صورت خلاصه توضیح داده شده است.

### لایه‌های کانولوشنی

عملیات کانولوشن در تصویر بدین صورت است که فیلتر با سایز موردنظر بر روی تصویر اصلی لغزنده می‌شود. بدین صورت که در هر لحظه آرایه‌های ماتریس فیلتر روی آرایه‌های پیکسل‌های

طی آموزش، تابع خطای categorical cross entropy همراه بهینه‌ساز SGD استفاده شده است.

امین و همکاران [۱۲] یک معماری جدید کانولوشنی به منظور تشخیص تومورهای مغزی پیشنهاد دادند. معماری مبتنی بر DNN برای سگمنت‌بندی تومور به کار گرفته شده است. هفت لایه برای طبقه‌بندی استفاده شده‌اند که شامل سه لایه کانولوشن، سه لایه ReLU و یک لایه softmax است. ابتدا تصاویر MR ورودی به چندین قطعه تقسیم می‌شوند و سپس مقدار پیکسل مرکزی هر قطعه به DNN ارائه می‌شود. آزمایشات گسترده‌ای با استفاده از هشت دیتاست ارزیاب عظیم شامل BRATS ۲۰۱۲، ۲۰۱۳، ۲۰۱۴، ۲۰۱۵ و ISLES ۲۰۱۵، ۲۰۱۷ انجام شده‌اند.

دانگ و همکاران [۱۳] به منظور بخش‌بندی و تشخیص تومورهای مغزی از تصاویر MRI از شبکه U-Net استفاده کردند. در این پژوهش از یک معماری کانولوشنی ۲۸ لایه استفاده شده است. آن‌ها توانستند در این تحقیق به دقت مطلوب دست یابند.

همان‌طور که در مقدمه اشاره شد به علت عوامل مختلف در شناسایی و طبقه‌بندی تومورها مانند فرمت تصویربرداری، نویز، خستگی پزشکان و غیره، اهمیت ایجاد یک سیستم تشخیص هوشمند در طبقه‌بندی تومورها مورد نیاز است. در این مقاله به منظور تشخیص تومورهای مغزی از تصاویر MRI، از یک روش یادگیری عمیق مبتنی بر شبکه کانولوشنال دوبعدی با دقت بالا استفاده شده است. ساختار این مقاله به شرح زیر است: بخش دوم اختصاص به معماری سیستم تشخیص هوشمند پیشنهادی ارائه شده دارد. یافته‌های پژوهش در بخش سوم و بحث پیرامون مقاله در بخش چهارم ارائه خواهند شد. در نهایت، در بخش پنجم به نتیجه‌گیری پرداخته شده است.

### مواد و روش‌ها

در فناوری‌های یادگیری عمیق، شبکه‌های عصبی کانولوشن در زمینه تصاویر پزشکی، از محبوبیت بالاتری برخوردار هستند. در این پژوهش، مطالعات بر روی تصاویر سه نوع تومور مغزی انجام شده است. **تصویر شماره ۱** بلوک دیاگرام روش پیشنهادی را نمایش می‌دهد. در تصویر ابتدا تصاویر MRI به عنوان ورودی به شبکه پیشنهادی وارد می‌شوند که شامل تصاویر دارای تومور مغزی هستند. قبلاً در روش‌های سنتی به منظور استخراج ویژگی و طبقه‌بندی از روش‌های سنتی استفاده می‌شد. در روش پیشنهادی، این بخش شامل دو قسمت استخراج ویژگی و طبقه‌بندی است که توسط روش‌های یادگیری عمیق به صورت یکپارچه استفاده می‌شود.

در این مقاله پژوهشی از یک شبکه کانولوشنی عمیق دوبعدی استفاده می‌شود که در بخش‌های بعدی توضیحات کامل شبکه ارائه خواهد شد. پس از ارائه شبکه کانولوشنی عمیق، در بخش

آورده شده است (فرمول شماره ۱). سافت مکس<sup>۴</sup> با نام لجستیک رگرسیون چندجمله‌ای، عمدتاً در زمینه ریاضیات مخصوصاً در تئوری احتمال و زمینه‌های مربوط به آن استفاده می‌شود. با این حال، طبقه‌بند softmax دارای یک مزیت منحصر به فرد در مقابله با بردارهای N بعدی است. در یادگیری عمیق برای طبقه‌بندی، بردارهای استخراج شده، احتمال بردار استخراج شده را تعیین خواهد کرد و سپس طبقه‌بندی می‌کند. تابع فعال ساز softmax از طبقه‌بندی لجستیک رگرسیون در statistics گرفته شده است. ایده اصلی لجستیک رگرسیون استفاده از روش رگرسیون منطقی در طبقه‌بندی است که داده ورودی را قضاوت کرده و یک تک نتیجه گسسته خروجی می‌دهد [۱۸]. روش Softmax فقط یک ایراد دارد و آن پیچیدگی محاسباتی بالاست. اما این مشکل با پیشرفت‌های سریع در GPU حل شده است. با توجه به مزایای ذکر شده، در این مقاله در لایه تمام متصل از الگوریتم طبقه‌بندی Softmax استفاده شده است.

۱.

$$\sigma(Z)_j = \frac{e^{z_j}}{\sum_{k=1}^K e^{z_k}} \text{ for } j=1, \dots, K$$

### لایه Dropout

این لایه، در قسمت لایه‌های تمام متصل و بین آن‌ها استفاده می‌شود و هدف استفاده از آن جلوگیری از overfitting شبکه است. همان‌طور که در تصویر شماره ۴ مشاهده می‌شود، این لایه از پیچیدگی‌های لایه‌های تمام متصل جلوگیری می‌کند که باعث جلوگیری از overfitting می‌شود. در این مقاله از دو لایه Drop-out استفاده شده است و نرخ هر لایه برابر ۰/۵ تنظیم شده است.

### ارزیابی روش پیشنهادی

عملکرد یک سیستم دسته‌بندی، از طریق پارامترهای متفاوتی نظیر دقت، صحت، حساسیت<sup>۵</sup> و معیار امتیاز F1 سنجیده می‌شود. درک این معیارها، به کاربران اجازه می‌دهد تا بفهمند یک مدل دسته‌بندی توسعه داده شده، تا چه حد در تحلیل داده‌های متنی خوب عمل می‌کند. برای ارزیابی عملکرد یک سیستم دسته‌بندی، می‌توان از یک مجموعه داده تست ثابت (مجموعه‌ای از داده‌های متنی با اندازه از پیش تعیین شده که کلاس (برچسب) هر کدام از نمونه‌های موجود در آن مشخص شده است) استفاده کرد. چنین فرایندی در مرحله ارزیابی، داده‌های آموزشی را به دو زیرمجموعه تقسیم می‌کند؛ زیرمجموعه اول برای آموزش مدل یادگیری ماشین و زیرمجموعه دوم برای تست عملکرد سیستم استفاده می‌شود.

معیار دقت، بیان‌کننده تعداد (پیش‌بینی‌های صحیح انجام شده)

تصویر قرار گرفته و ضرب می‌شوند. در نهایت حاصل تمام نقاط با یکدیگر جمع می‌شوند و به ازای هر قسمت فیلتر شده یک عدد به دست می‌آید. در مرحله بعد، فیلتر یک واحد به سمت راست رفته و مجدد عملیات تکرار می‌شود. این عملیات تا زمانی پیش می‌رود که کل پیکسل‌های تصویر جارو شوند. در نهایت یک ماتریس جدید تولید می‌شود. در این مقاله از ۳ لایه کانولوشنال با تابع فعال ساز ReLU، که در هر لایه ۳۲ فیلتر با ابعاد ۳×۳ قرار دارد، استفاده شده است [۱۵].

### لایه‌های کاهش اندازه

لایه‌های کاهش اندازه<sup>۲</sup> در فواصل معین و به صورت دوره‌ای در بین لایه‌های کانولوشن متوالی قرار دارند. قرار دادن یک لایه pooling معمولاً بین چند لایه کانولوشنی پشت سر هم در یک معماری کانولوشنی امری بسیار رایج است و از آن برای کاهش اندازه نگاشت ویژگی‌ها و پارامترهای شبکه می‌توان استفاده کرد. کارکرد این لایه کاهش اندازه مکانی تصویر به جهت کاهش تعداد پارامترها و محاسبات در داخل شبکه و بنابراین کنترل Overfitting است. رایج‌ترین شکل استفاده از این لایه به صورت استفاده این لایه با فیلترهایی با اندازه و به صورت Max Pooling است [۱۶]. جدول شماره ۱ لایه‌های روش پیشنهادی را نشان می‌دهد.

### لایه Flatten

این لایه، یک لایه مهم است که بین لایه‌های استخراج ویژگی کانولوشنی و طبقه‌بندی خروجی قرار می‌گیرد. این لایه داده‌هایی که قصد ورود به مرحله طبقه‌بندی دارند را به بردار تبدیل می‌کند.

### لایه‌های تمام متصل Dense

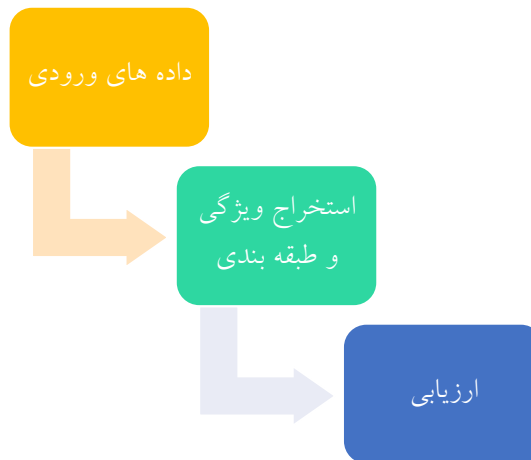
پس از لایه‌های کانولوشنی، لایه‌های آخر تمام متصل قرار دارند. لایه‌های تماماً متصل همانند هم‌تایان خود در شبکه‌های عصبی مصنوعی سنتی عمل می‌کنند و تقریباً ۹۰ درصد پارامترهای یک شبکه کانولوشنی را شامل می‌شوند. لایه‌های تماماً متصل اجازه می‌دهند تا نتیجه شبکه را در قالب یک بردار با اندازه مشخص ارائه کنیم. ما می‌توانیم از این بردار برای دسته‌بندی تصاویر استفاده کنیم و یا اینکه از آن جهت ادامه پردازش‌های بعدی بهره ببریم [۱۷]. در این قسمت، از الگوریتم‌های طبقه‌بندی مختلفی استفاده می‌شود. اما در این میان بیشتر از تابع فعال ساز Softmax استفاده می‌شود. در ریاضیات تابع بیشینه هموار<sup>۳</sup> یا تابع‌نمایی نرمال‌سازی شده تعمیم تابع لجستیک است. این تابع یک بردار K بعدی از اعداد حقیقی مانند Z را به عنوان ورودی دریافت می‌کند و بردار K بعدی  $\sigma(Z)$  از مقادیر حقیقی (۰/۱) را به عنوان خروجی می‌دهد که جمع مؤلفه‌های آن ۱ می‌شود و فرمول آن در پایین

4. Softmax

5. Accuracy, Precision, Sensitivity

2. Pooling

3. Softmax function



### افق دانش

معیار امتیاز F1 پارامترهای دقت و حساسیت را با هم ترکیب می کند تا مشخص شود یک مدل دسته بندی تا چه حد عملکرد خوبی از خود نشان می دهد (فرمول شماره ۴).

$$Sensitivity = \frac{TP}{TP+FN}$$

در فرمول های مذکور، TP تعداد افراد بیمار است. TN تعداد افراد نرمال است. FP تعداد افرادی که به اشتباه بیمار طبقه بندی شده اند و FN تعداد افرادی است که به اشتباه نرمال طبقه بندی شده اند (فرمول شماره ۵).

$$F1 = 2 \times \frac{Sensitivity \times Precision}{Sensitivity + Precision}$$

### یافته ها

ابزار یادگیری عمیق برای شناسایی ویژگی های کلیدی از مجموعه داده های پیچیده، نشان دهنده اهمیت آن ها در این دوره مدرن پزشکی است. در روش پیشنهادی در این پژوهش، ۸۰ درصد از تصاویر پایگاه داده برای آموزش و ۲۰ درصد تصاویر

تصویر ۱. بلوک دیاگرام پیشنهادی

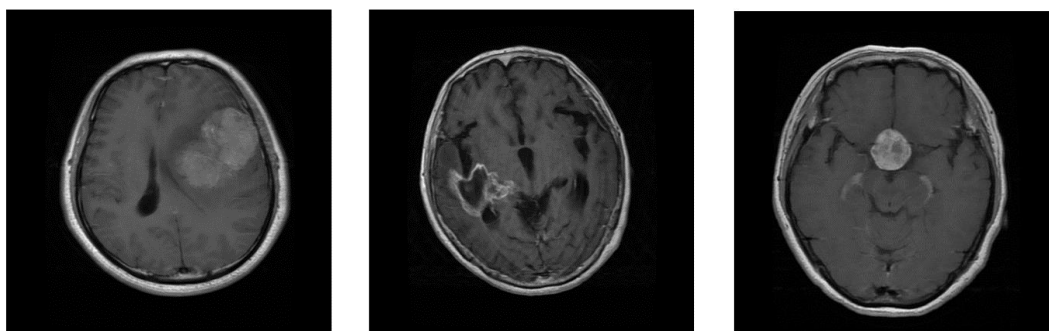
توسط دسته بندی، تقسیم بر، تعداد (کل پیش بینی های انجام شده) توسط همان دسته بندی است.

معیار صحت، نسبت تعداد (پیش بینی های صحیح انجام شده) برای نمونه های یک کلاس خاص، به تعداد (کل پیش بینی ها) برای نمونه های همان کلاس خاص را (این تعداد، مجموع تمامی پیش بینی های صحیح و پیش بینی های نادرست را شامل می شود) ارزیابی می کند (فرمول شماره ۲).

$$Accuracy = \frac{TP+TN}{TP+TN+FP+FN}$$

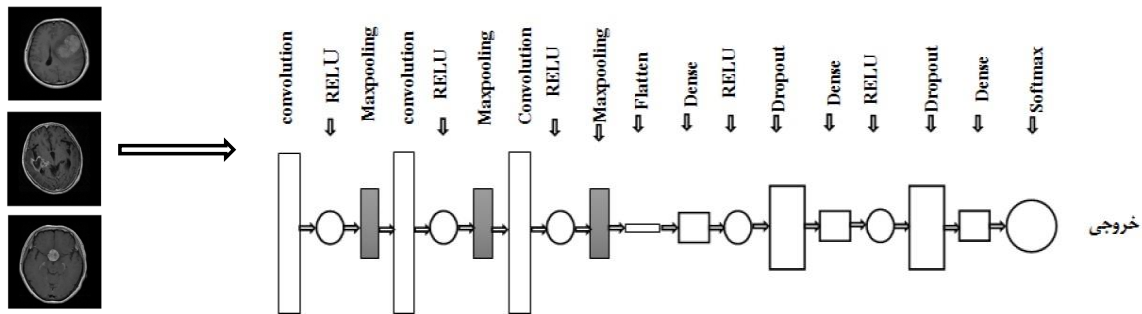
معیار حساسیت، بیان کننده نسبت «تعداد داده های تصویری درست دسته بندی شده» در یک کلاس خاص، به تعداد کل داده هایی است که باید در همان کلاس خاص دسته بندی شوند (فرمول شماره ۳).

$$Precision = \frac{TP}{TP+FP}$$



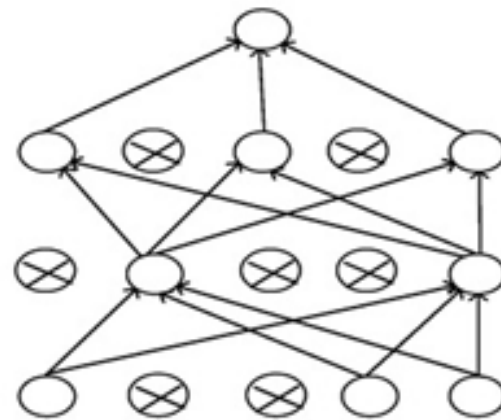
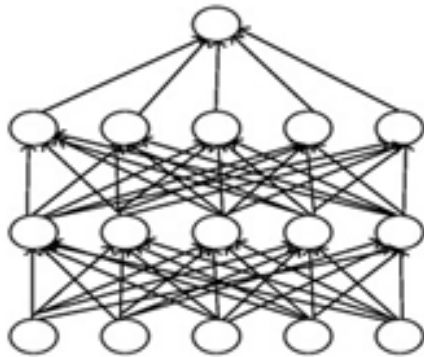
تصویر ۲. تصاویر به ترتیب از چپ به راست: تومور مننژیوما، گلیوما و تومور هیپوفیز

### افق دانش



افتخ دانش

تصویر ۳. شبکه کانولوشنی پیشنهادی



افتخ دانش

تصویر ۴. نحوه عملکرد لایه Dropout

جدول ۱. لایه‌های روش پیشنهادی

ردیف	نام لایه	تعداد	سایز
۱	لایه کانولوشن اول	۳۲	۳×۳
۲	لایه Max-Pooling اول	۱	۲×۲
۳	لایه کانولوشن دوم	۳۲	۳×۳
۴	لایه Max-Pooling دوم	۱	۲×۲
۵	لایه کانولوشن سوم	۳۲	۳×۳
۶	لایه Max-Pooling سوم	۱	۲×۲
۷	لایه Flatten	۱	—
۸	لایه تمام‌متصل اول	۵۱۲	—
۹	لایه Dropout اول	۰/۵	—
۱۰	لایه تمام‌متصل دوم	۱۲۸	—
۱۱	لایه Dropout دوم	۰/۵	—
۱۲	لایه تمام‌متصل سوم	۱۰	—

افتخ دانش

جدول ۲. نتایج پارامترها برای مجموع کلاس‌ها

مقدار F1	صحت	حساسیت	دقت	نتایج
۹۵/۴۲	۹۳/۵۱	۹۶/۳۲	۹۹/۱۴	۱/۰۰
۹۸/۳۱	۹۵/۴۵	۹۵/۱۷	۹۸/۵۷	۲/۰۰
۹۷/۴۵	۹۶/۷۱	۹۸/۲۱	۹۸/۳۲	۳/۰۰
۹۴/۱۳	۹۴/۳۸	۹۶/۸۱	۹۹/۰۲	۴/۰۰
۹۸/۱۷	۹۵/۰۲	۹۵/۳۲	۹۸/۳۶	۵/۰۰
۹۶/۶۹	۹۵/۰۱	۹۶/۳۶	۹۸/۶۸	Average

افق دانش

جدول ۳. مقایسه روش پیشنهادی با سایر روش‌ها

نویسنده	سطح تعامل با کاربر	عملکرد (دقت) (درصد)	
		دقت	حساسیت
پریرا و همکارانش	کاملاً خودکار	۸۸	۸۳
کرون و همکارانش	نیمه خودکار	۸۸	۸۳
آبران و همکارانش	کاملاً خودکار	۸۷	۷۷
هاوای و همکارانش	نیمه خودکار	۸۶	۷۷
منز و همکارانش	کاملاً خودکار	۸۳	۷۵
داوی و همکارانش	کاملاً خودکار	۸۵	۷۴
زیکیک و همکارانش	کاملاً خودکار	۸۳/۷۰	۷۳/۶۰
هاماکی و همکارانش	نیمه خودکار	۷۲	۵۷
زیکو و همکاران	کاملاً خودکار	۸۳/۷۰	نامشخص
هاوای و همکاران	کاملاً خودکار	۷۸	نامشخص
مارک و همکاران	کاملاً خودکار	۷۴	نامشخص
وانگ و همکاران	کاملاً خودکار	۸۵	نامشخص
وانگ و همکاران	کاملاً خودکار	۹۰/۵۰	نامشخص
امین و همکاران	کاملاً خودکار	۸۰	نامشخص
پان و همکاران	کاملاً خودکار	۶۶	نامشخص
ساجید و همکاران	کاملاً خودکار	۹۰	نامشخص
پرریا و همکاران	کاملاً خودکار	۷۵	نامشخص
روش پیشنهادی	کاملاً خودکار	۹۸/۶۸	۹۶/۳۶

افق دانش

با پردازنده Corei7-6700HQ، کارت گرافیک NVIDIA 1060، RAM 8Gbyte DDR4 و هارد 6Gbyte یک‌ترابایتی استفاده شده است. جهت اجرای برنامه در محیط ویندوز از نرم‌افزار آناکوندا ورژن ۳/۷ و بسته نرم‌افزاری Spyder و بستر Tensorflow استفاده شده است.

بحث

برای آزمون انتخاب می‌شود. این در حالی است که هیچ تداخلی بین داده‌های آموزش و آزمایش وجود ندارد. داده‌های آموزشی با اندازه دسته ۶۴ به شبکه ارسال می‌شود که این شبکه در طی صد تکرار، آموزش دیده است. مدل پیشنهادی با بهره‌گیری از یادگیری سلسله‌مراتبی و استخراج ویژگی‌های سطح بالا، عملکرد بهتری را نسبت به سایر روش‌ها در پی دارد. جهت پیاده‌سازی کدهای مربوط به شبکه یادگیری عمیق پیشنهادی، از کامپیوتر

## ملاحظات اخلاقی

### پیروی از اصول اخلاق پژوهش

با توجه به اینکه این پژوهش، استخراج شده از پایان نامه با شماره ۱۶۲۴۱۰۰۶۹۶۲۰۰۲ از وزارت علوم است، طبق اعلام نیاز به تأیید اخلاقی ندارد.

### حامی مالی

این مطالعه هیچگونه حمایت مالی نداشته شده است.

### مشارکت نویسندگان

تمامی نویسندگان در آماده سازی این مقاله به یک اندازه مشارکت داشته اند.

### تعارض منافع

بنا به اظهار نویسندگان، این مقاله هیچ گونه تعارض منافی ندارد.

### تشکر و قدردانی

نویسنده مقاله بر خود لازم می داند از همکاری ریاست دانشگاه آزاد اسلامی واحد فردوس تشکر و قدردانی کند.

این مطالعه یک روش طبقه بندی چندکلاسی تصاویر MRI تومورهای مغزی با استفاده از یک شبکه یادگیری عمیق کانولوشنی را ارائه می دهد. الگوریتم پیشنهادی شامل یک مرحله اصلی طبقه بندی با استفاده از شبکه کانولوشنی است. در مرحله بعد از یک شبکه کانولوشنی دوازده لایه که شامل سه لایه کانولوشن، سه لایه Max pooling، یک لایه Flatten، دو لایه Dropout، سه لایه تمام متصل است استفاده شده است. جهت طبقه بندی از تابع فعال ساز Softmax برای طبقه بندی سه کلاس استفاده شده است. تصاویر مورد استفاده از نوع T1 و دارای سه کلاس شامل سه نوع ضایعه مغزی شامل ۷۰۸ تصویر تومور مننژیوما، ۱۴۲۶ تصویر تومور گلیوما و ۹۲۰ تصویر تومور هیپوفیز هستند. میانگین دقت در پنج بار اجرای روش پیشنهادی ۹۸/۶۸ درصد است. روش پیشنهادی می تواند به عنوان یک نرم افزار کاربردی جهت تشخیص تومورهای مغزی مورد استفاده قرار گیرد. در جدول شماره ۲، میانگین دقت کل و سایر پارامترها به ازای پنج بار اجرای برنامه نمایش داده شده است.

روش پیشنهادی با چندین تحقیق مشابه که اکثراً از روش ناحیه بندی تصاویر استفاده می کردند، مقایسه شده و مشاهده شد دقت روش پیشنهادی به مراتب بالاتر بوده که نتایج مقایسه در جدول شماره ۳ نشان داده شده است.

از نقاط قوت این مطالعه می توان به استفاده از یک شبکه عمیق کانولوشنی دوازده لایه اشاره کرد که دقت شبکه را به ۹۸/۶۸ درصد رسانده و از نقاط منفی می توان به عدم استفاده از تصاویر کلینیکی MRI با کلاس های مختلف جهت اینکه بتوان چندین بیماری مغزی را همزمان تشخیص داد (تشخیص چندکلاسی) اشاره کرد.

## نتیجه گیری

مغز مهم ترین عضو بدن است که کنترل تمامی قسمت های بدن را بر عهده دارد. در صورت وجود بیماری در این قسمت از بدن، اختلال در سایر قسمت های بدن ممکن است ایجاد شود و گاهی ممکن است این امر باعث مرگ فرد شود. در این پژوهش به منظور تشخیص و طبقه بندی تومورهای مغزی، یک سیستم اتوماتیک بر مبنای یادگیری عمیق ارائه شد. به دلیل اینکه در روش پیشنهادی، ویژگی های سطح بالا توسط یادگیری عمیق استخراج می شود، دقت طبقه بندی و تشخیص بسیار بالا بوده و همچنین اندازه بردار ویژگی نیز با کاهش همراه است. با توجه به تعداد بالای تصاویر پایگاه داده استفاده شده، شبکه به گونه ای طراحی شده که بالاترین سرعت اجرا و در عین حال بالاترین دقت را ارائه می دهد.

## References

- [1] Davis FG, Freels S, Grutsch J, Barlas S, Brem S. Survival rates in patients with primary malignant brain tumors stratified by patient age and tumor histological type: An analysis based on Surveillance, Epidemiology, and End Results (SEER) data, 1973-1991. *Journal of Neurosurgery*. 1998; 88(1):1-10. [DOI:10.3171/jns.1998.88.1.0001] [PMID]
- [2] El-Dahshan ESA, Mohsen HM, Revett K, Salem ABM. Computer-aided diagnosis of human brain tumor through MRI: A survey and a new algorithm. *Expert Systems with Applications*. 2014; 41(11):5526-45. [DOI:10.1016/j.eswa.2014.01.021]
- [3] Gupta N, Khanna P. A non-invasive and adaptive CAD system to detect brain tumor from T2-weighted MRIs using customized Otsu's thresholding with prominent features and supervised learning. *Signal Processing: Image Communication*. 2017; 59:18-26. [DOI:10.1016/j.image.2017.05.013]
- [4] Zikic D, Ioannou Y, Brown M, Criminisi A. Segmentation of brain tumor tissues with convolutional neural networks. Paper presented at: MIC-CAI Workshop on Multimodal Brain Tumor Segmentation Challenge (BRATS). September 2014; Boston, MA, USA. <https://www.researchgate.net/publication/303703706>
- [5] Li BN, Chui CK, S. Chang S, Ong SH. Integrating special fuzzy clustering with level set methods for automated medical image segmentation. *Computers in Biology and Medicine*. 2014; 41(1):1-10. [DOI:10.1016/j.combiomed.2010.10.007]
- [6] Korfiatis P, Kline TL, Erickson BJ. Automated segmentation of hyperintense regions in FLAIR MRI using deep learning. *Tomography*. 2016; 2(4):334-40. [DOI:10.18383/j.tom.2016.00166] [PMID] [PMCID]
- [7] Iqbal S, Ghani MU, Saba T, Rehman A. Brain tumor segmentation in multi-spectral MRI using Convolutional Neural Networks (CNN). *Microscopy Research and Technique*. 2018; 81(4):419-27. [DOI:10.1002/jemt.22994]
- [8] Dvořák P, Menze B. Local structure prediction with convolutional neural networks for multimodal brain tumor segmentation. In: Menze B, Langs G, Montillo A, Kelm M, Müller H, Zhang S, et al, editors. *Medical Computer Vision: Algorithms for Big Data*. MCV 2015. Lecture Notes in Computer Science. Vol. 9601. Cham: Springer; 2016. pp. 59-71. [DOI:10.1007/978-3-319-42016-5\_6]
- [9] Pereira S, Pinto A, Alves V, Silva CA. Brain tumor segmentation using convolutional neural networks in MRI images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*. 2016; 35(5):1240-51. [DOI:10.1109/TMI.2016.2538465] [PMID]
- [10] Havaei M, Davy A, Warde-Farley D, Biard A, Courville C, Bengio Y, et al. Brain tumor segmentation with deep neural networks. *Medical Image Analysis*. 2017; 35:18-31. [DOI:10.1016/j.media.2016.05.004] [PMID]
- [11] Pereira S, Oliveira A, Alves A, Silva CA. On hierarchical brain tumor segmentation in MRI using fully convolutional neural networks: A preliminary study. Paper presented at: 2017 IEEE 5<sup>th</sup> Portuguese Meeting on Bioengineering (ENBENG). 16-18 Feb 2017; Coimbra, Portugal. [DOI:10.1109/ENBENG.2017.7889452]
- [12] Amin J, Sharif M, Yasmin M, Fernandes SL. Big data analysis for brain tumor detection: Deep convolutional neural networks. *Future Generation Computer Systems*. 2018; 87:290-7. [DOI:10.1016/j.future.2018.04.065]
- [13] Dong H, Yang G, Liu F, Mo Y, Guo Y. Automatic brain tumor detection and segmentation using U-Net based fully convolutional networks. Paper presented at: Annual Conference on Medical Image Understanding and Analysis. 11-13 July 2017; Edinburgh, United Kingdom. [DOI:10.1007/978-3-319-60964-5\_44]
- [14] Cancer Net. Brain tumor [Internet]. 2020 [Updated 2020]. Available from: <https://www.cancer.net/cancer-types/brain-tumor/statistics>
- [15] Krizhevsky A, Sutskever I, Hinton GE. ImageNet classification with deep convolutional neural networks. *Communications of the ACM*. 2012; 60(6):84-90. [DOI:10.1145/3065386]
- [16] Giusti A, Cireşan DC, Masci G, Gambardella LM, Schmidhuber J. Fast image scanning with deep max-pooling convolutional neural networks. Paper presented at: IEEE International Conference on Image Processing. 15-18 Sep 2013; Melbourne, VIC, Australia. [DOI:10.1109/ICIP.2013.6738831]
- [17] Thakkar V, Tewary S, Chakraborty C. Batch normalization in convolutional neural networks-A comparative study with CIFAR-10 data. Paper presented at: 5<sup>th</sup> International Conference on Emerging Applications of Information Technology (EAIT). 12-13 Jan 2018; Kolkata, India. [DOI:10.1109/EAIT.2018.8470438]
- [18] Sainath TN, Vinyals O, Senior A, Sak H. Convolutional, long short-term memory, fully connected deep neural networks. Paper presented at: IEEE International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing (ICASSP). 19-24 Apr 2015; Brisbane, QLD, Australia. [DOI:10.1109/ICASSP.2015.7178838]