

## یک روش هیبریدی جدید جهت قطعه‌بندی و تشخیص تومورهای موجود در تصاویر ماموگرافی بافت پستان

حامد جباری: گروه مهندسی برق، دانشگاه بین‌المللی امام خمینی<sup>(\*)</sup>، قزوین، ایران  
 نوشین بیگدلی<sup>\*</sup>: گروه مهندسی برق، دانشگاه بین‌المللی امام خمینی<sup>(\*)</sup>، قزوین، ایران  
 علی خادم: دانشکده مهندسی برق، دانشگاه صنعتی خواجه نصیرالدین طوسی، تهران، ایران

### چکیده

**مقدمه:** سرطان پستان یکی از شایع‌ترین بیماری‌های زنان است. شناسایی و مرزبندی توده‌ها و تشخیص تومورهای موجود در بافت پستان از چالش‌های جدی در تشخیص این سرطان است. در حال حاضر ماموگرافی، متداول‌ترین راه تشخیص تومورهای موجود در پستان می‌باشد که عدم شناسایی صحیح مرز توده‌ها در آن می‌تواند منجر به تشخیص یا نمونه‌برداری نادرست از بافت پستان شود. هدف این مقاله، معرفی یک روش هیبریدی هوشمند جدید برای شناسایی و مرزبندی تومورهای پستان در تصاویر ماموگرافی است که تشخیص خودکار خوش خیم یا بدخیم بودن تومور را تسهیل کند.

**روش بررسی:** در این مطالعه از داده‌های پایگاه داده DDSM که شامل ۱۵۰ تصویر ماموگرافی حاوی تومورهای خوش خیم و ۱۵۰ تصویر ماموگرافی حاوی تومورهای بدخیم است، استفاده شد. پس از حذف نواحی اضافی مانند پس‌زمینه، با قطعه‌بندی تصاویر ماموگرام بر مبنای هیستوگرام تصویر و ترکیب تبدیل موجک و الگوریتم ژنتیک و نیز مورفولوژی ریاضی مرز تومور استخراج شد. همچنین علاوه بر الگوریتم ژنتیک، الگوریتم‌های بهینه‌سازی کلونی مورچگان و بهینه‌سازی ازدحام ذرات نیز برای قطعه‌بندی تصاویر ماموگرافی مورد استفاده و مقایسه قرار گرفتند.

**یافته‌ها:** الگوریتم هیبریدی پیشنهادی صحت خوب و سرعت بالایی در قطعه‌بندی تصاویر ماموگرافی جهت تشخیص تومورهای پستان دارد. برای طبقه‌بندی تومورها، قطعه‌بندی با استفاده از الگوریتم ژنتیک نسبت به الگوریتم بهینه‌سازی کلونی مورچگان و بهینه‌سازی ازدحام ذرات صحت بالاتری دارد. مرزبندی تومورهای شناسایی شده در تصاویر حاصل از قطعه‌بندی با الگوریتم هیبریدی پیشنهادی، منجر به صحت طبقه‌بندی ۹۱/۴٪ (طبقه‌بندی به دو دسته خوش خیم و بدخیم) شده است که مطلوب است.

**نتیجه‌گیری:** الگوریتم هیبریدی پیشنهادی، الگوریتمی سریع و کارآمد برای قطعه‌بندی تصاویر ماموگرافی و مرزبندی تومورهای پستان است. نتایج این مطالعه نشان داد که اولاً روش هوشمند ارائه شده، دارای صحت مناسب جهت کمک به تشخیص رادیولوژیست‌ها و تا حدودی حذف مرحله نمونه‌برداری از بافت پستان می‌باشد. ثانیاً بین سه الگوریتم ژنتیک، بهینه‌سازی کلونی مورچگان، و بهینه‌سازی ازدحام ذرات، الگوریتم ژنتیک منجر به صحت بالاتر طبقه‌بندی تومورها می‌شود.

**واژه‌های کلیدی:** سرطان پستان، شناسایی تومور، مرزبندی تومور، تبدیل موجک، الگوریتم ژنتیک، الگوریتم بهینه‌سازی کلونی مورچگان، الگوریتم بهینه‌سازی ازدحام ذرات.

\* نشانی نویسنده پاسخگو: قزوین، دانشگاه بین‌المللی امام خمینی، نوشین بیگدلی.  
 n.bigdeli@eng.ikiu.ac.ir

نمی‌شود و همین امر می‌تواند منجر به تشخیص و طبقه‌بندی نادرست تومورهای پستانی شود.

روش‌های قطعه‌بندی مبتنی بر هیستوگرام بر مبنای توزیع شدت روشنایی پیکسل‌ها عمل می‌کنند و همچنین پیکسل‌های مربوط به تومورهای تصاویر ماموگرافی از نواحی اطراف خود روشن‌تر هستند. لذا می‌توان با تلفیق این دو مفهوم و استفاده از الگوریتم‌های تکاملی، آستانه‌های مناسبی برای قطعه‌بندی تصاویر ماموگرافی بدست آورد. بدین ترتیب می‌توان روش تلفیقی مناسبی برای تشخیص مرز تومورهای تصاویر ماموگرافی ارائه کرد. روش هیبریدی ارائه شده در این مقاله بدین صورت است که ابتدا با توجه به فرورفتگی‌های هیستوگرام تصاویر ماموگرافی که توسط تبدیل موجک کاهش طول پیدا کرده است، مقادیر اولیه‌ای برای قطعه‌بندی بر مبنای آستانه‌گذاری شدت پیکسل‌ها انتخاب می‌شوند. در ادامه، توسط الگوریتم‌های ژنتیک، بهینه‌سازی کلونی مورچگان، و بهینه‌سازی ازدحام ذرات سعی در پیدا کردن بهترین مقادیر آستانه در جهت بهینه‌سازی تابع هزینه منتخب می‌شود. ایده اصلی روش ارائه شده در این مقاله در سال ۲۰۰۸ برای قطعه‌بندی سریع تصاویر رنگی و تک رنگ دیجیتال با استفاده از الگوریتم ژنتیک مطرح شد (۹). در این مقاله، با اعمال تغییراتی در روش مذکور و با استفاده از الگوریتم‌های تکاملی، شناسایی و مرزبندی تومورهای بافت پستان مورد بررسی قرار می‌گیرد.

روش پیشنهادی این مقاله یک روش هیبریدی سریع برای تعیین مکان تومورهاست که شامل مراحل مختلف زیر است:

۱- پیش پردازش (شامل حذف پس زمینه توسط الگوریتم‌های اتسو و رشد ناحیه و هم چنین افزایش کنتراست).

۲- کاهش طول هیستوگرام تصویر پیش‌پردازش شده توسط تبدیل موجک.

۳- قطعه‌بندی تصویر توسط الگوریتم‌های تکاملی.

۴- شناسایی و استخراج مرز تومورهای پستانی از طریق عملیات بستن و باز کردن مورفولوژیکی.

در الگوریتم ارائه شده در این مقاله، آنچه که می‌تواند به‌عنوان درجه آزادی الگوریتم تلقی شود، انتخاب الگوریتم تکاملی مورد استفاده جهت قطعه‌بندی تصاویر است. در مراجع مختلف، الگوریتم‌های تکاملی متنوعی معرفی

سرطان پستان یکی از شایع‌ترین سرطان‌ها در میان زنان محسوب شده (۱) و دومین سرطان منجر به مرگ در جهان می‌باشد (۲). شش درصد از کل مرگ و میرهای جهان ناشی از ابتلا به این بیماری است. در ایران سرطان پستان شایع‌ترین سرطان در بین زنان است و سالانه حدود ۷ هزار زن ایرانی به این سرطان مبتلا می‌شوند (۳). لازم به ذکر است که سن ابتلا به سرطان پستان در ایران حدوداً یک دهه پایین‌تر از کشورهای توسعه یافته است (۴). مطالعات نشان می‌دهند که پیشگیری از این بیماری به دلیل ناشناخته بودن علل آن تقریباً غیرممکن به نظر می‌رسد. بنابراین شناسایی و تشخیص زودهنگام، یکی از عوامل مهم در درمان این بیماری است. در حال حاضر استفاده از ماموگرافی برای غربالگری سرطان پستان متداول‌ترین راه تشخیص زودهنگام این بیماری است و درصد مرگ و میر ناشی از سرطان پستان را تا حدود زیادی کاهش داده است (۵). با این حال تفسیر تصاویر ماموگرافی دشوار است و بر اساس آمار رسمی مرکز ملی سرطان ۱۰ تا ۳۰ درصد از تومورهای موجود در تصاویر ماموگرافی توسط رادیولوژیست‌ها قابل تشخیص نیستند (۶). در سال‌های اخیر، تحقیقات وسیعی برای کاهش خطا و افزایش سرعت تشخیص سرطان پستان انجام گرفته است. نتایج این تحقیقات می‌تواند به رادیولوژیست‌ها و متخصصان در تشخیص سریع و مطمئن تومورهای پستانی کمک کند.

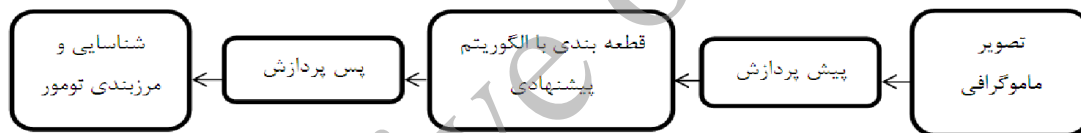
استفاده از روش‌ها و تکنیک‌های پردازش تصویر و شناسایی الگو در تشخیص خودکار سرطان پستان از روی تصاویر ماموگرافی باعث کم شدن خطاهای انسانی و افزایش سرعت تشخیص می‌شود. تحقیقات بسیاری روی تصاویر ماموگرافی انجام شده است که معمولاً با تلفیق الگوریتم‌ها به دنبال راهی برای بهبود نتایج شناسایی و طبقه‌بندی تومورهای پستانی بوده‌اند. برای نمونه در سال ۲۰۱۴ تلفیق تبدیل موجک و عملیات مورفولوژیکی در پردازش تصویر برای تشخیص تومور مورد استفاده قرار گرفت (۷). روشی دیگر بر مبنای تلفیق الگوریتم موجک و تطبیق هیستوگرام تصاویر، اقدام به تشخیص تومورهای پستانی کرده است (۸). نقطه مشترک تحقیقات مذکور، تعیین محل تومورها در تصاویر ماموگرافی جهت بررسی و طبقه‌بندی آنها می‌باشد. با این حال در بسیاری از موارد، مکان و مرز تومورها به صورت دقیق تشخیص داده

بررسی و مقایسه این الگوریتم‌ها، با توجه به قطعه‌بندی انجام شده طبقه‌بندی تومورهای پستان به دو نوع خوش‌خیم و بدخیم صورت می‌گیرد. همچنین الگوریتم‌ها از لحاظ سرعت همگرایی و مقدار تابع هزینه، مورد بررسی و مقایسه قرار می‌گیرند. با توجه به نتایج بدست آمده در این مقاله، نشان داده می‌شود که الگوریتم هیبریدی پیشنهادی با بکارگیری الگوریتم ژنتیک، عملکرد بهتری را در مرزبندی تومورها برای طبقه‌بندی آنها از خود نشان می‌دهد.

### مواد و روش‌ها

این مطالعه از نوع مطالعات گذشته‌نگر است. در این مطالعه مطابق شکل ۱، ابتدا پیش‌پردازشی شامل حذف پس‌زمینه توسط الگوریتم‌های اتسو و رشد ناحیه و همچنین افزایش کنتراست روی تصاویر ماموگرافی به منظور جداسازی بافت پستان انجام شد.

شده‌اند که هر یک برای حل دسته‌ای از مسایل عملکرد مناسب‌تری از خود نشان می‌دهند. در اینجا سه الگوریتم شناخته شده و کارا یعنی الگوریتم ژنتیک، الگوریتم کلونی مورچگان، و الگوریتم بهینه‌سازی ازدحام ذرات مورد بررسی قرار گرفته‌اند. استفاده از هر کدام از این الگوریتم‌ها برای شناسایی و مرزبندی تومورها، منجر به تفاوت در مقادیر تابع هزینه، سرعت پاسخ‌دهی، پیچیدگی محاسباتی، و نهایتاً میزان صحت طبقه‌بندی می‌شود. مبنای صحیح بودن مرزبندی تومور، میزان تطابق آن با مرزبندی انجام شده توسط رادیولوژیست با تجربه است. همچنین مبنای صحیح بودن طبقه‌بندی تومور از نظر خوش‌خیم یا بدخیم بودن، میزان تطابق با نظر پاتولوژیست در مورد نمونه برداشته شده از بافت تومور می‌باشد. اگر چند الگوریتم بهینه‌سازی منجر به تشخیص مرزهای تومور با صحت مشابه شوند، روشی مناسب‌تر تلقی می‌گردد که منجر به تابع هزینه کمتری شود و نیز سرعت همگرایی بالاتری داشته باشد. در این مقاله، به منظور



شکل ۱: مراحل الگوریتم پیشنهادی برای شناسایی و مرزبندی تومورهای پستان

پژوهش از پایگاه داده دانشگاه فلوریدای جنوبی (DDSM) دریافت شدند (۲۰). این داده‌ها، تصاویر ماموگرافی حاوی تومورهای خوش‌خیم و بدخیم و دارای تفاوت‌هایی از نظر چگالی بافت، نوع اسکنر مورد استفاده، و رزولوشن بودند. در این پژوهش، تعداد ۳۰۰ تصویر ماموگرافی شامل ۱۵۰ تصویر حاوی تومورهای خوش‌خیم و ۱۵۰ تصویر حاوی تومورهای بدخیم که با اسکنر LUMISYS و رزولوشن ۵۰ میکرون اخذ شده‌اند، استفاده شدند. در این تصاویر، مرزبندی اولیه‌ای برای تعیین محل نسبی تومور توسط رادیولوژیست انجام شده است. همچنین نظر پاتولوژیست در مورد خوش‌خیم یا بدخیم بودن تومورها در این پایگاه برای تمام تصاویر موجود است.

**پیش‌پردازش:** در این مرحله، ابتدا پس‌زمینه تصاویر

سپس، ابعاد هیستوگرام تصاویر بافت پستان توسط تبدیل موجک کاهش پیدا کرد و توسط الگوریتم تکاملی پیشنهادی این مطالعه، سطوح شدت آستانه تصاویر بدست آمد که بر مبنای آن قطعه‌بندی تصاویر ماموگرافی صورت گرفت. پس از آن، عملیات بستن و باز کردن مورفولوژیکی به منظور شناسایی و مرزبندی تومورهای پستانی روی تصاویر مذکور انجام شد. در ادامه، مراحل شکل ۱ به صورت خلاصه مورد بررسی قرار خواهند گرفت. لازمه این بخش آشنایی با روش‌های آستانه‌گذاری اتسو (۱۰)، الگوریتم رشد ناحیه (۱۱)، تبدیل موجک (۱۲ و ۱۳)، الگوریتم‌های تکاملی نظیر الگوریتم ژنتیک (۱۴)، الگوریتم بهینه‌سازی ازدحام ذرات (۱۵ و ۱۶) و الگوریتم بهینه‌سازی کلونی مورچگان (۱۷ و ۱۸)، و همچنین عملیات مورفولوژیکی (۱۹) است که در ضمیمه الف بر آنها مروری کوتاه شده است.

**تصاویر ماموگرافی:** داده‌های مورد استفاده در این

<sup>1</sup>Digital Database for Screening Mammography

جدول ۱: الگوریتم پیشنهادی برای تعیین مقادیر سطوح

آستانه $T$
۱- محاسبه هیستوگرام تصویر
۲- کاهش طول هیستوگرام
۳- انتخاب جمعیت اولیه برای الگوریتم بهینه سازی
۴- ذخیره بهترین رشته $A^*$ همراه با مقدار تابع هزینه آن
۵- اعمال الگوریتم یادگیری برای رشته $A^*$
۶- تعیین جمعیت بعدی برای الگوریتم بهینه سازی
۷- مقایسه بهترین رشته $A$ از جمعیت کنونی با $A^*$ . اگر مقدار تابع هزینه $A$ از $A^*$ بیشتر است، رشته $A$ جایگزین $A^*$ شود
۸- رفتن به ۳ در صورت عدم ارضای شرط اتمام الگوریتم
۹- اصلاح و اعمال مقادیر آستانه

به طوری که  $a_i$  شامل اعداد ۰ یا ۱ می‌باشد.  $a_i$  معرف قله یا دره در هیستوگرام است به طوری که اگر  $a_i = 0$  باشد، مختصات  $(i, h(i))$  معرف دره و اگر  $a_i = 1$  باشد،  $(i, h(i))$  معرف قله می‌باشد. همچنین مختصات مکانی  $i$  برای هر  $a_i = 0$  نشان‌دهنده مقدار سطح آستانه می‌باشد. بنابراین، تعداد صفرهای رشته باینری  $A$ ، تعداد سطوح آستانه ممکن را معرفی می‌کند. هدف از روش پیشنهادی، بدست آوردن مقادیر سطوح آستانه مطلوب  $T$  در جهت بهینه کردن تابع هزینه  $ACT$  می‌باشد که توسط Yen و همکارانش ارائه شده است (۲۲). اگر  $P_i$ ،  $m_i$  و  $m$  به ترتیب احتمال وقوع کلاس  $c_i$ ، میانگین شدت پیکسل‌های کلاس  $c_i$ ، و میانگین کلی شدت پیکسل‌های تصویر باشند، آنگاه:

$$P_i = \sum_{j=t_{i-1}}^{t_i-1} s_j \quad (5)$$

$$\sigma_i = \sum_{j=t_{i-1}}^{t_i-1} j s_j \quad (6)$$

$$m_i = \frac{\sigma_i}{P_i} \quad (7)$$

$$m = \sum_{j=0}^{l'-1} j s_j \quad (8)$$

به طوری که  $s_j$  فراوانی نسبی سطح شدت  $j$  و  $l'$  طول هیستوگرام کاهش یافته است. اگر مطابق روابط (۹) تا (۱۱)  $\sigma_i^x$ ،  $\sigma_B^x$  و  $\sigma_W^x$  به ترتیب واریانس داخلی کلاس‌ها، واریانس بین کلاس‌ها، و واریانس کل باشند و  $k$  نماد تعداد

ماموگرافی توسط روش آستانه‌گذاری اتسو و الگوریتم رشد ناحیه حذف شد. بدین صورت که با دو سطح آستانه که از روش اتسو بدست آمد، تصاویر ماموگرافی به سه جزء مجزا شامل بافت پستان، پس‌زمینه، و برخی نواحی نویزی دارای شدت روشنایی متفاوت از دو جزء قبلی، تفکیک شدند. پس از آن با در نظر گرفتن پیکسل‌های بافت پستان، قسمت پس‌زمینه حذف شد. از آنجا که روی این تصاویر برچسب‌هایی (نشان‌دهنده نوع تصویربرداری) با شدت روشنایی نزدیک به بافت پستان وجود داشت و با جداسازی بافت پستان همچنان باقی می‌ماندند، برای حذف آنها از الگوریتم رشد ناحیه استفاده شد. پس از حذف کامل پس‌زمینه، وضوح تصاویر با افزایش کنتراست (۲۱)، بهبود یافت.

**قطعه‌بندی:** ابتدا فرض می‌شود که تصویر  $I$  شامل  $N$  پیکسل با  $l$  سطح شدت روشنایی باشد که به  $K$  کلاس با سطح آستانه‌های  $T$  تقسیم‌بندی شده است، به طوری که:

$$L = [0, 1, \dots, l-1] \quad (1)$$

$$C = [c_1, c_2, \dots, c_k] \quad (2)$$

$$T = [t_1, t_2, \dots, t_{k-1}] \quad (3)$$

که  $L$ ،  $C$  و  $T$  به ترتیب بردارهای سطوح شدت روشنایی موجود، کلاس‌های طبقه‌بندی، و سطوح آستانه‌ها می‌باشند. برای راحتی کار فرض می‌شود که:  $t_k = 0$  و  $t_k = l-1$ . هیستوگرام تصویر  $I$  با  $h(i)$  نشان داده می‌شود، به طوری که  $i = 0, 1, \dots, l-1$  و  $h(i)$  معرف تعداد پیکسل‌های موجود در سطح  $i$  می‌باشد. حال  $(k-1)$  مقدار سطوح شدت آستانه توسط الگوریتم ژنتیک به نحوی تعیین می‌شوند که تابع هزینه مطلوب کمینه گردد. مراحل روش پیشنهادی جهت تعیین سطوح  $T$ ، در جدول ۱ مشاهده و در ادامه بیان می‌شوند. قبل از جست و جو برای یافتن بهترین مقادیر  $T$ ، به منظور افزایش سرعت در پیدا کردن آستانه‌های مطلوب و همگرا شدن نتیجه الگوریتم بهینه‌سازی، طول هیستوگرام تصویر ماموگرافی افزایش کنتراست داده شده، توسط تبدیل موجک کاهش یافت. در روش پیشنهادی جهت تعیین سطوح  $T$ ، کروموزوم‌ها در الگوریتم ژنتیک توسط رشته اعداد باینری  $A$  که هم اندازه با طول کاهش یافته هیستوگرام است، نمایش داده شده و در حالت کلی به صورت رابطه (۴) فرموله می‌شوند:

$$A = a_0, a_1, \dots, a_{l-1} \quad (4)$$

این امکان وجود دارد که با تغییر اعضای این بردار در همسایگی کوچکی از آنها، مقدار تابع هزینه بهبود پیدا کند. تغییرات مذکور به این صورت است که هر کدام از  $t_i$ ها ( $i = 1, 2, \dots, k-1$ ) یک بار به  $t_i + 1$  و یک بار به  $t_i - 1$  تبدیل می‌شوند و هر کدام از کران‌های مذکور، در بردار سطوح آستانه جایگذاری شده و در تابع هزینه بررسی می‌شوند. این روند، تغییری در ساختار کلی الگوریتم ژنتیک ایجاد نکرده و تنها در انتهای هر تکرار الگوریتم، همسایگان بردار سطوح آستانه را نیز بررسی می‌کنیم تا شاید جواب بهتری حاصل شود. از آنجا که سطوح آستانه بهینه  $T^*$  از هیستوگرام کاهش طول یافته تصویر بدست می‌آیند، برای رسیدن به مقادیر واقعی بردار آستانه از رابطه (۱۵) استفاده می‌شود:

$$\hat{t}_i = 2^r t_i \quad (15)$$

به طوری که  $i = 1, 2, \dots, k-1$  و  $\hat{t}_i \in [0, l]$  مقدار اعضای بردار آستانه است. هم چنین  $r$  معرف سطح اعمال تبدیل موجک است، به طوری که اعمال تبدیل موجک در سطح  $r$  ( $r \in Z$ ) به  $h(i)$ ، کاهش طولی با نسبت  $2^{-r}$  را در پی دارد.

**پس‌پردازش و مرزبندی تومور:** در این مرحله ابتدا با الگوریتم رشد ناحیه، پیکسل‌های روشن‌تر انتخاب شدند. دلیل این امر روشن‌تر بودن پیکسل‌های حاوی تومورهای پستانی از نواحی اطرافشان است. پس از آن با اعمال عملیات بازکردن و بستن مورفولوژی به صورت پشت سر هم اضافات تصویر به نحو مطلوبی حذف و زمینه برای مرزبندی تومورهای پستانی فراهم گردید.

### یافته‌ها

شکل ۲ (الف) مربوط به یک تومور خوش‌خیم است که تومور در آن به راحتی مشهود نیست. قسمت (ب) و (پ) این شکل مراحل پیش‌پردازش را برای تصویر ماموگرافی قسمت (الف) نشان می‌دهند. قسمت (ر) کاهش یافته هیستوگرام قسمت (د) توسط تبدیل موجک تا سطح ۴ را نشان می‌دهد. تبدیل موجک با حفظ ساختار اصلی هیستوگرام مربوطه، باعث کاهش طول آن از ۲۵۶ سطح به ۱۶ سطح شدت روشنایی شد.

کلاس‌های انتخابی باشد، تابع هزینه  $F(k)$  توسط رابطه (۱۲) تعریف می‌شود:

$$\sigma_w^r(k) = \sum_{i=0}^{k-1} \sum_{j=i}^{k-1-i} (j - m_{i+1})^r s_j \quad (9)$$

$$\sigma_B^r(k) = \sum_{i=1}^k P_i (m_i - m)^r \quad (10)$$

$$\sigma_T^r = \sum_{j=0}^{l^r-1} (j - m)^r s_j \quad (11)$$

$$F(k) = \rho(Disk(k)^{\chi} + (\log_r(k)))^r \quad (12)$$

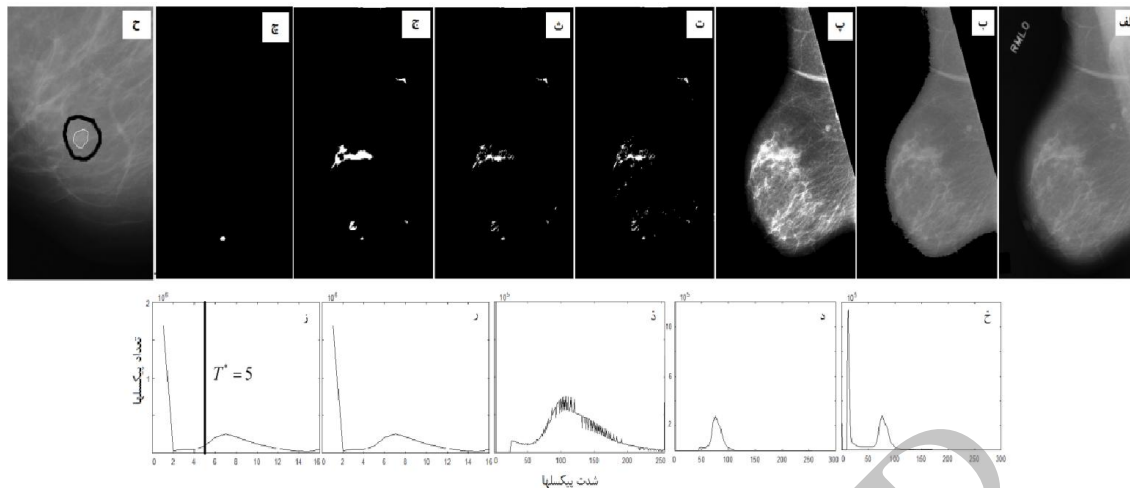
$$Disk(k) = \sigma_T^r - \sigma_B^r(k) l^r \quad (13)$$

در رابطه (۱۲)  $\rho$  یک پارامتر ثابت وزندهی است. تعداد  $(k-1)$  آستانه ممکن با سطوح  $T$  به ترتیب با توجه به تعداد و موقعیت صفرهای رشته کاراکتری  $A$  بدست می‌آیند. در واقع، تعداد کلاس بهینه  $k^*$  و  $(k^*-1)$  سطوح آستانه  $T^*$  به نحوی تعیین می‌شوند که معادله (۱۴) را ارضا کنند:

$$F(k^*) = \min\{F(k)\} \quad (14)$$

جمعیت اولیه الگوریتم ژنتیک به تعداد  $p$  رشته کاراکتری به صورت  $A_1, A_2, \dots, A_p$  در نظر گرفته می‌شود، به طوری که برای هر رشته  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, p$ )،  $l^r$  بیت شامل اعداد ۰ یا ۱ به صورت تصادفی ایجاد می‌شوند. پس از ایجاد رشته‌های کاراکتری، در طی عملیات تلفیق (با احتمال  $P_c$ ) و جهش (با احتمال  $P_m$ ) در الگوریتم ژنتیک، ممکن است تعدادی عدد صفر به صورت پشت سر هم در رشته انتخابی ظاهر شده و عمل آستانه‌گذاری با مشکل مواجه شود. در این شرایط اولین صفر موجود در بین کاراکترهای صفر متوالی نگه داشته شده و بقیه تبدیل به ۱ می‌شوند. از آنجایی که احتمال این رخداد در ایجاد جمعیت اولیه هم وجود دارد، می‌توان بر خلاف روش ارایه شده در (۹) با اصلاح صفرهای مکرر در رشته‌های اولیه ایجاد شده نیز، باعث تسریع در پیدا شدن جواب بهینه شد. این عمل حتی می‌تواند باعث کاهش تعداد تکرارهای برنامه شده و مقدار بهینه تابع هزینه را نیز کاهش دهد.

در روش پیشنهادی، الگوریتم یادگیری جهت تعیین سطوح آستانه  $T$  بدین صورت است که در هر نسل از الگوریتم ژنتیک، بهترین رشته همراه با بهترین مقدار تابع هزینه به منظور ثبت بهترین نتیجه در جمعیت کنونی، در مکانی جدا ذخیره می‌گردد. اگر بهترین بردار سطوح آستانه در نسل فعلی به صورت  $T = [t_1, t_2, \dots, t_{k-1}]$  باشد،



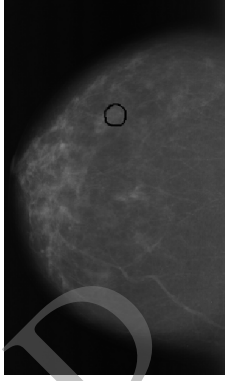
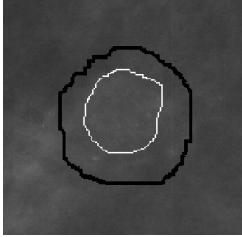
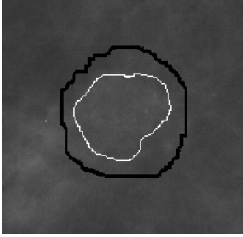
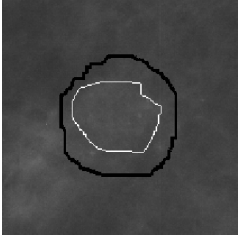

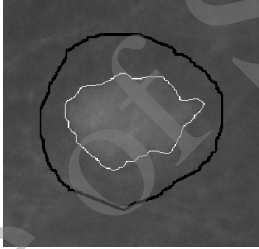
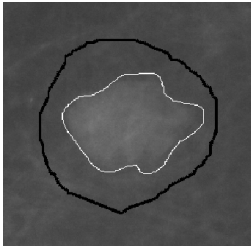
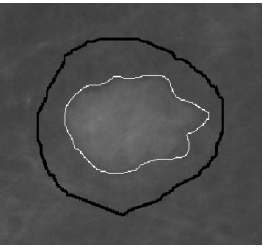
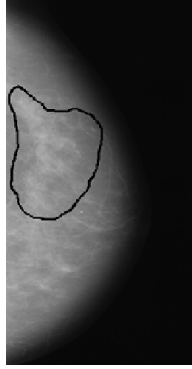
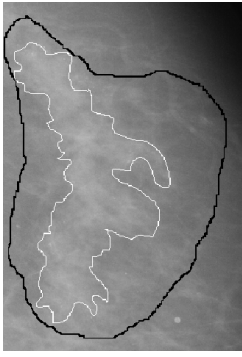
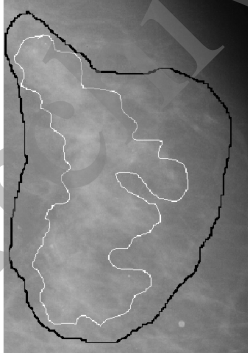
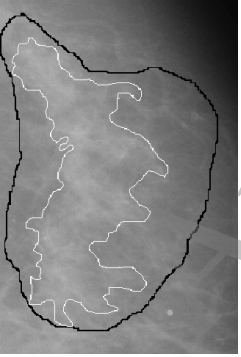
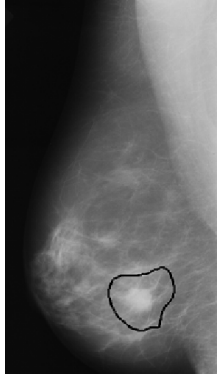
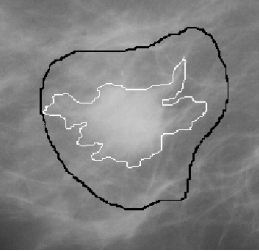
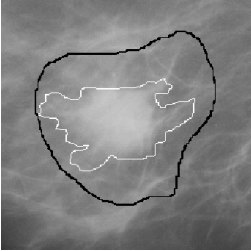
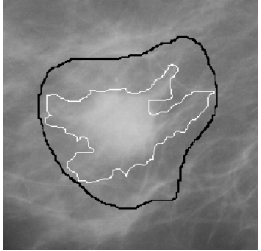
شکل ۲: (الف) تصویر ماموگرافی حاوی تومور خوش خیم، (ب) نتیجه حذف پس زمینه، (پ) نتیجه افزایش کنتراست، (ت) نتیجه الگوریتم قطعه‌بندی، (ث) نتیجه اعمال الگوریتم رشد ناحیه در قسمت (ت)، (ج) نتیجه اعمال باز کردن و بستن مورفولوژی روی قسمت (ث)، (چ) استخراج مرز از قسمت (ج)، (ح) مقایسه مرزبندی با الگوریتم پیشنهادی و مرزبندی رادیولوژیست، (خ) هیستوگرام قسمت (الف)، (د) هیستوگرام قسمت (ب)، (ذ) هیستوگرام قسمت (پ)، (ر) اعمال تبدیل موجک بر هیستوگرام قسمت (ذ)، (ز) آستانه بهینه بدست آمده از هیستوگرام قسمت (ر)

شده، درون ناحیه مشکوک به حضور تومور است. ستون دوم جدول ۲ نیز به مقایسه نتیجه الگوریتم پیشنهادی و مرزبندی رادیولوژیست برای دو نمونه تصویر ماموگرافی حاوی تومور خوش خیم و دو نمونه تصویر ماموگرافی حاوی تومور بدخیم می‌پردازد که طبق آن، مرزبندی تومور شناسایی شده با روش پیشنهادی، درون ناحیه مشکوک به حضور تومور است.

مناسب بودن الگوریتم قطعه‌بندی پیشنهادی برای طبقه‌بندی تومورهای خوش خیم و بدخیم زمانی مشخص می‌شود که از نتیجه قطعه‌بندی آن برای طبقه‌بندی تومورهای خوش خیم و بدخیم استفاده شود. بدین منظور از روش ارایه شده در (۲۳) برای طبقه‌بندی تومورهای تشخیص داده شده توسط الگوریتم پیشنهادی استفاده شد. این طبقه‌بندی روی ۳۰۰ تصویر ماموگرافی معرفی شده اعمال شد و صحت طبقه‌بندی با توجه به نظر نهایی پاتولوژیست که در پایگاه اطلاعاتی دانشگاه فلوریدای جنوبی برای تمام تصاویر موجود است، بررسی شد که طی آن صحت طبقه‌بندی مبتنی بر قطعه‌بندی با الگوریتم ژنتیک پیشنهادی ۹۱/۴٪ بود.

سپس، الگوریتم ژنتیک با پارامترهای  $P_m = 0/1$ ،  $P_c = 0/9$  و  $P = 30$  و با تعداد تکرار ۲۰۰ بر روی رشته کاراکتری ایجاد شده از قسمت (ر) شکل ۲ اعمال شد و با توجه به مقادیر سطوح شدت بدست آمده  $(T^*)$ ، قطعه‌بندی تصویر بافت پستان انجام شد. این قطعه‌بندی در قسمت (ت) شکل ۲ نشان داده شده است. برای این تصویر، مقادیر بهینه تعداد کلاس  $(k^*)$ ، سطح آستانه  $(T^*)$  و تابع هزینه  $(F)$  به ترتیب برابر با ۲، ۶۴ و ۱۲/۶۴۱۹ بدست آمدند. پس از اعمال الگوریتم ژنتیک پیشنهادی، با انتخاب روشن‌ترین پیکسل به عنوان نقطه بذر و با تعریف شعاعی محدود، الگوریتم رشد ناحیه بر تصویر قسمت (ت) اعمال شد که نتیجه در شکل ۲ (ث) مشاهده می‌شود. سپس، ابتدا عملیات بازکردن مورفولوژیکی و پس از آن عملیات بستن مورفولوژیکی روی تصویر قسمت (ث) اعمال شد. شکل ۲ (چ) نتیجه عملیات بازکردن و بستن مورفولوژیکی روی تصویر شکل ۲ (ث) را نشان می‌دهد. شکل ۲ (ج) نیز مرزبندی نهایی را به تصویر کشیده است. مرزبندی با الگوریتم پیشنهادی و مرزبندی رادیولوژیست نیز در شکل قسمت (ح) نمایش داده شده‌اند که مشاهده می‌شود مرزبندی تشخیص داده

جدول ۲: مقایسه الگوریتم‌های تکاملی مختلف برای قطعه‌بندی تومورهای خوش خیم و بدخیم موجود در تصاویر ماموگرافی

نوع تومور	تصویر ماموگرافی	الگوریتم ژنتیک (پیشنهادی)	الگوریتم بهینه‌سازی کلونی مورچگان	الگوریتم بهینه‌سازی ازدحام ذرات
خوش خیم				
				
بدخیم				
				

خوش خیم

بدخیم

از الگوریتم پیشنهادی درون مرزبندی انجام شده توسط رادیولوژیست قرار نگرفته است. شکل ۳، یکی از این موارد را نشان می‌دهد. با توجه به این شکل مشاهده می‌شود که با اعمال الگوریتم رشد ناحیه و عملگرهای مورفولوژی بر روی ناحیه قطعه‌بندی شده، مرزبندی تومور به خارج از ناحیه مشخص شده توسط رادیولوژیست کشیده شده و طبقه‌بندی نیز به درستی انجام نشده است.

از آنجا که الگوریتم پیشنهادی جهت تعیین سطوح آستانه  $T^*$ ، مبتنی بر الگوریتم ژنتیک که یکی از الگوریتم‌های تکاملی است طراحی شد، می‌توان از سایر الگوریتم‌های تکاملی دیگر نظیر الگوریتم بهینه‌سازی کلونی مورچگان، و الگوریتم بهینه‌سازی ازدحام ذرات نیز برای تعیین سطوح آستانه  $T^*$  استفاده کرد و نتیجه حاصله را با نتیجه الگوریتم پیشنهادی این مطالعه مقایسه نمود. بدین منظور تمامی مراحل گفته شده برای قطعه‌بندی تصاویر ماموگرافی، با استفاده از الگوریتم‌های بهینه‌سازی کلونی مورچگان ( $\epsilon = 0/95$ ،  $q = 0/55$ ،  $M = 30$  و تعداد تکرار ۲۰۰) و ازدحام ذرات ( $N = 200$ ،  $c_1 = c_2 = 1/5$ ،  $\omega = 0/8$ ) و تعداد تکرار ۳۰۰) روی تصاویر اعمال شد (این الگوریتم‌ها و پارامترهای آنها در ضمیمه الف معرفی شده‌اند). نتایج این کار برای دو نمونه تصویر ماموگرافی حاوی تومور خوش‌خیم و دو نمونه تصویر ماموگرافی حاوی تومور بدخیم در جدول ۲ مشاهده می‌شود. با توجه به این جدول، مرزبندی ایجاد شده توسط هر سه الگوریتم مذکور، داخل مرزبندی رادیولوژیست است.

منبع دیگر بروز خطا ناشی از الگوریتم طبقه‌بندی بکار گرفته شده در (۲۳) است که اگرچه جزو روش‌های مطرح و پرکاربرد می‌باشد، ولی در کنار الگوریتم مرزبندی پیشنهادی منجر به بروز خطای ۲/۲٪ در طبقه‌بندی گردیده است. با توجه به نتایج جدول ۳، بکارگیری الگوریتم ژنتیک، نه تنها منجر به خطای مرزبندی کوچک‌تری نسبت به الگوریتم‌های بهینه‌سازی ازدحام ذرات و کلونی مورچگان می‌گردد، بلکه در کنار الگوریتم طبقه‌بندی بکار گرفته شده در (۲۳) منجر به خطای طبقه‌بندی کوچک‌تری نیز شده است. به منظور کاهش خطای طبقه‌بندی، پیشنهاد می‌شود که در مطالعات آتی از سایر الگوریتم‌های تکاملی نظیر الگوریتم زنبورعسل، الگوریتم جهش قورباغه، الگوریتم مبتنی بر جغرافیای

بر طبق آنچه پیشتر اشاره شد مناسب بودن هریک از الگوریتم‌های قطعه‌بندی برای طبقه‌بندی تومورهای خوش‌خیم و بدخیم مورد استفاده با محاسبه صحت طبقه‌بندی حاصل از آنها مورد ارزیابی و مقایسه قرار می‌گیرند. بدین منظور، مجدداً روش ارایه شده در (۲۳) برای طبقه‌بندی تومورهای تشخیص داده شده توسط هر یک از الگوریتم‌های ژنتیک، بهینه‌سازی کلونی مورچگان، و بهینه‌سازی ازدحام ذرات استفاده و در هر مورد صحت طبقه‌بندی محاسبه شد. مقادیر میانگین تابع هزینه و واریانس آن، میانگین مدت زمان اجرای برنامه، و همچنین صحت طبقه‌بندی مبتنی بر هر یک از الگوریتم‌های معرفی شده، در جدول ۳ ثبت شده است. صحت طبقه‌بندی مبتنی بر الگوریتم‌های ازدحام ذرات و کلونی مورچگان به ترتیب ۸۵/۴۳٪ و ۸۰/۶۱٪ بود. با توجه به جدول‌های ۲ و ۳، می‌توان مشاهده کرد که الگوریتم ژنتیک پیشنهادی منجر به صحت طبقه‌بندی بالاتر و متوسط تابع هزینه کمتری نسبت به الگوریتم‌های بهینه‌سازی ازدحام ذرات و کلونی مورچگان می‌شود که از مزیت‌های این الگوریتم برای قطعه‌بندی تصاویر ماموگرافی به شمار می‌رود. همچنین الگوریتم ژنتیک علاوه بر بهینه‌سازی، یک الگوریتم هوشمند است که از این حیث نیز نسبت به سایر الگوریتم‌ها مزیت دارد. البته، زمان اجرای برنامه در الگوریتم ژنتیک نسبت به الگوریتم بهینه‌سازی ازدحام ذرات اندکی بیشتر بود که از دلایل آن می‌توان به حجم بالاتر محاسبات و ماهیت کند الگوریتم ژنتیک نسبت به الگوریتم مذکور اشاره کرد. البته با توجه به نتایج الگوریتم‌های مورد بررسی، این کندتر بودن چندان قابل توجه نیست.

آنچه در اینجا می‌تواند مورد توجه قرار گیرد، منبع بروز خطا در طبقه‌بندی تومورهاست که باعث می‌شود صحت طبقه‌بندی بدست آمده در روش پیشنهادی از ۹۱/۴٪ فراتر نرود. در واقع، خطای ایجاد شده می‌تواند ناشی از دو عامل باشد: یکی خطای ناشی از مرزبندی و دیگری خطای ناشی از الگوریتم طبقه‌بندی. در دو ستون آخر جدول ۳، درصد خطای ناشی از هر یک از این دو عامل به نحوی آورده شده است. طبق بررسی انجام شده، از ۹/۶٪ خطای مشاهده شده در روش هیبریدی با بکارگیری الگوریتم ژنتیک، در حدود ۶/۴٪ از موارد، خطای بوجود آمده ناشی از خطای مرزبندی است؛ با این تعریف که مرزبندی حاصل

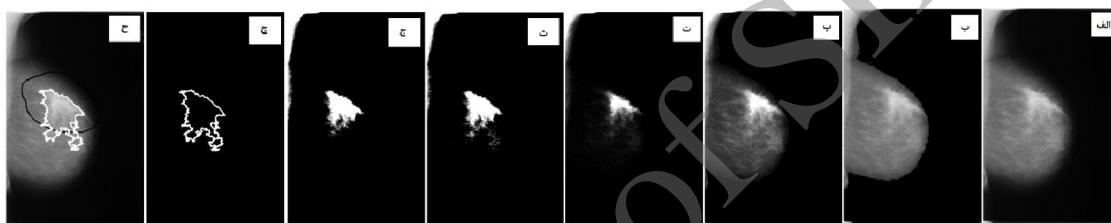


دیگر، با توجه به اینکه خود الگوریتم طبقه‌بندی نیز می‌تواند منبع خطا باشد، می‌توان الگوریتم‌های دیگری را نیز جایگزین الگوریتم طبقه‌بندی فعلی (۲۳) نمود تا در مجموع خطای طبقه‌بندی کاهش و عملکرد کلی بهبود یابد.

زیستی و ... استفاده شود تا در بین تمامی الگوریتم‌های تکاملی، بهترین الگوریتم از نظر عملکرد در قطعه‌بندی تصاویر ماموگرافی جهت شناسایی و طبقه‌بندی تومورهای پستان شناخته شود. همچنین می‌توان الگوریتم‌های دیگری را جایگزین الگوریتم رشد ناحیه نمود. از سوی

جدول ۳: مقایسه عملکرد الگوریتم‌های اعمال شده بر روی تصاویر موجود در پایگاه داده دانشگاه فلوریدای جنوبی

الگوریتم	میانگین توابع هزینه	واریانس توابع هزینه	میانگین زمان اجرای برنامه (ثانیه)	صحت طبقه‌بندی	خطای مرزبندی	خطای الگوریتم طبقه‌بندی
ژنتیک (پیشنهادی)	۱۳/۵۸	۰/۶۱	۵/۱۲۶	۹۱/۴	۶/۴	۲/۲
بهینه‌سازی کلونی مورچگان	۱۵/۶۳	۰/۶۸	۵/۴۷۱	۸۰/۶	۱۲/۶	۶/۸
بهینه‌سازی ازدحام ذرات	۱۴/۷۴	۰/۵۸	۴/۸۳۹	۸۵/۴	۱۰/۴	۴/۲



شکل ۳: (الف) تصویر ماموگرافی حاوی تومور بدخیم، (ب) نتیجه حذف پس‌زمینه، (پ) نتیجه افزایش کنتراست، (ت) نتیجه الگوریتم قطعه‌بندی، (ث) نتیجه اعمال الگوریتم رشد ناحیه روی قسمت (ت)، (ج) نتیجه اعمال باز کردن و بستن مورفولوژی روی قسمت (ت)، (چ) استخراج مرز از قسمت (ج)، (ح) مقایسه مرزبندی با الگوریتم پیشنهادی و مرزبندی رادیولوژیست

## بحث

هدف اصلی این مطالعه، معرفی یک روش هوشمند جدید و سریع برای شناسایی و مرزبندی تومورهای موجود در بافت پستان بود. این روش بر پایه الگوریتم‌های تکاملی برای قطعه‌بندی تصاویر ماموگرافی است و در آن برای تعیین سطوح شدت آستانه از الگوریتم ژنتیک استفاده شد. برای مقایسه الگوریتم پیشنهادی جهت تعیین سطوح شدت آستانه با دیگر الگوریتم‌های تکاملی از الگوریتم‌های بهینه‌سازی کلونی مورچگان و ازدحام ذرات استفاده شد. برای مقایسه کیفیت قطعه‌بندی این الگوریتم‌ها به منظور طبقه‌بندی تومورهای شناسایی شده به دو نوع خوش‌خیم و بدخیم، میزان صحت طبقه‌بندی تومورها با هریک از آنها محاسبه شد. روش پیشنهادی این مطالعه یک روش هیبریدی شامل مراحل مختلفی نظیر پیش‌پردازش (شامل حذف پس‌زمینه توسط الگوریتم‌های اتسو، رشد ناحیه، و همچنین افزایش کنتراست)، کاهش طول هیستوگرام تصویر پیش‌پردازش شده توسط تبدیل موجک، قطعه‌بندی

توسط الگوریتم‌های تکاملی، و شناسایی و استخراج مرز تومورهای پستانی از طریق عملیات بستن و بازکردن مورفولوژیکی است. عدم وجود هر یک از مراحل هیبریدی ارایه شده به صورت متوالی، در نتیجه نهایی موثر است. به طور مثال در شکل ۲ (خ) که هیستوگرام تصویر ماموگرافی شکل ۲ (الف) را نشان می‌دهد، در پیکسل‌های با شدت روشنایی کمتر از ۱۰۰۰، محدوده‌ای با تعداد زیادی از پیکسل‌ها که مربوط به پیکسل‌های پس‌زمینه است، ایجاد شده است. با عدم حذف این محدوده و با توجه به این که الگوریتم قطعه‌بندی پیشنهادی این مطالعه بر مبنای هیستوگرام تصاویر عمل می‌کند، سطوح آستانه شدتی مانند  $T'$  بدست می‌آید که مقادیر آن با  $T^*$  متفاوت است و لذا منجر به قطعه‌بندی نادرست تصاویر ماموگرافی می‌شود. این به نوبه خود می‌تواند باعث شناسایی و مرزبندی غلط تومورهای پستان شود. بنابراین حذف ناحیه مذکور از شکل به منظور دستیابی به شناسایی و مرزبندی درست تومورهای پستان ضروری است. همانطور که در هیستوگرام شکل ۲ (د) دیده

کلی می‌توان مزایای اصلی هر تکنیک CAD و از جمله این پژوهش را ارایه روشی خودکار مبتنی بر دانش پزشکان، رادیولوژیست‌ها، و پاتولوژیست‌ها دانست که:

۱- قابلیت پاسخ‌دهی به تعداد زیادی از سوژه‌ها را با صحت یکسان دارد. در واقع، نتایج آن با خطاهای احتمالی ناشی از خستگی کاربر و حجم زیاد داده‌ها تغییر نمی‌کند.

۲- قابلیت پاسخ‌دهی به تعداد زیادی از سوژه‌ها را در مدت زمان کوتاه با هزینه‌ای اندک دارد که این امر با توجه به وجود رایانه‌هایی با سرعت بسیار بالا و هزینه کم عملی شده است.

۳- قابلیت مقایسه نتایج و بررسی دقیق و کمی تغییرات یک سوژه را در یک بازه زمانی دارد که این امر از صحت یکسان نتایج آن در گذر زمان و عدم وجود خطای انسانی در عملکرد آن ناشی می‌شود. مثلا می‌توان میزان رشد یا کوچک شدن اندازه یک تومور بافت پستان را طی گذر زمان با صحت بالایی اندازه‌گیری کرد و به کمک آن میزان کارایی پروسه‌های درمانی اعمال شده روی بیمار را به خوبی کمی نمود.

۴- قابلیت اتخاذ یک تشخیص اولیه جهت ارجاعات بعدی در مواردی که دسترسی ساده و سریع به رادیولوژیست و پاتولوژیست امکان‌پذیر نیست (مثلا در مناطق دورافتاده و محروم)، را دارد.

### نتیجه‌گیری

نتیجه کلی از این قرار بود که الگوریتم ژنتیک پیشنهادی با صحت طبقه‌بندی ۹۱/۴٪ بهترین عملکرد را داشت. صحت طبقه‌بندی الگوریتم ازدحام ذرات ۸۵/۴۳٪ و الگوریتم کلونی مورچگان نیز ۸۰/۶۱٪ بود. لذا الگوریتم ژنتیک دارای کارکرد بهتر در روش مورد بررسی جهت قطعه‌بندی تصاویر ماموگرافی است.

### تشکر و قدردانی

نویسندگان بر خود لازم می‌دانند که از زحمات و حمایت‌های جناب آقای دکتر منوچهر مهرام، ریاست محترم دانشگاه علوم پزشکی قزوین، تشکر و سپاسگزاری نمایند.

می‌شود با حذف پس‌زمینه، ناحیه مربوطه از هیستوگرام شکل اصلی حذف می‌شود.

با توجه به بخش یافته‌ها، نتیجه کلی آنست که با به کارگیری الگوریتم‌های تکاملی نظیر الگوریتم ژنتیک در کنار ابزارهای پردازش تصویر، می‌توان به شناسایی و مرزبندی سریع تومورهای پستانی پرداخت و با پردازش تصاویر مرزبندی شده، در مورد خوش‌خیم یا بدخیم بودن تومورها با صحت مناسب تصمیم‌گیری کرد. نتایج حاصله می‌تواند برای کمک به رادیولوژیست‌ها و پاتولوژیست‌ها در جهت تشخیص سریع‌تر و بهتر تومورهای پستانی مورد استفاده قرار گیرد. تشخیص بهتر نوع این تومورها، می‌تواند احتمال نمونه برداری از بافت پستان را تا حدودی کاهش دهد. همچنین، استفاده از این نرم‌افزار توسط مراکز درمانی، در مواردی که دسترسی سریع به متخصصین سرطان شناس امکان‌پذیر نیست، جهت ارجاعات بعدی قابل توصیه است.

ذکر این نکته ضروری به نظر می‌رسد که هدف اصلی تکنیک‌های تشخیص به کمک رایانه (CAD) و از جمله این پژوهش، ارایه یک نقش حمایتی برای کمک به پزشکان جهت تفسیر داده‌های پزشکی می‌باشد. اگر چه تکنیک‌های CAD حدود نیم قرن است که در جهان مورد استفاده بالینی قرار گرفته‌اند، این تکنیک‌ها به هیچ عنوان قابلیت ایفای نقش رادیولوژیست و پاتولوژیست را ندارند. در واقع، همواره رادیولوژیست و پاتولوژیست مسئول تحلیل و تفسیر نهایی تصاویر پزشکی هستند و تکنیک‌های CAD به عنوان دستیار متخصصین مذکور عمل می‌کنند. برای مثال، تصاویر ماموگرام حاوی اطلاعات زیادی هستند که معمولا رادیولوژیست باید در زمان کوتاهی آنها را تحلیل و نتیجه‌گیری کند. تعیین محدوده و مرزهای توده مشکوک به تومور پستان حتی اگر به طور تقریبی انجام شود به رادیولوژیست این امکان را می‌دهد تا با سرعت بیشتری به تحلیل تصویر ماموگرام و تعیین مرزهای دقیق‌تر تومور بپردازد. همچنین تعیین خودکار نوع تومور تشخیصی در تصاویر ماموگرام اگر چه بدون نظر پاتولوژیست به طور کامل قابل اعتماد نیست، اما این امکان را برای پزشک فراهم می‌کند که پیش از انجام پاتولوژی، ارزیابی اولیه و سریعی از نوع تومور داشته باشد. به طور

<sup>2</sup> Computer-Aided Diagnosis

## References

11. Pal NR, Pal SK. A review on image segmentation techniques. *Pattern recognition* 1993; 26(9):1277-94.
12. Gonzalez RC, Woods RE. *Digital image processing 3rd edition*. Prentice Hall; 2007.
13. Lu J. Parallelizing Mallat algorithm for 2-D wavelet transforms. *Information Processing Letters* 1993; 45(5):255-9.
14. Gen M, Cheng R. *Genetic algorithms and engineering optimization*: John Wiley & Sons; 2000.
15. Kennedy J. Particle swarm optimization. in *Encyclopedia of Machine Learning* 2010; 760-6.
16. Clerc M. *Particle swarm optimization*, John Wiley & Sons, 2010.
17. Dorigo M, Birattari M. Ant colony optimization. *Encyclopedia of machine learning* 2010; 36-9.
18. Dorigo M, Blum C. Ant colony optimization theory: A survey. *Theoretical computer science* 2005; 344(2):243-78.
19. Gonzalez RC, Woods RE, Eddins SL. *Digital image processing using MATLAB*: Pearson Education India; 2004.
20. University of South Florida Digital Mammography Home Page. Available At: <http://marathon.csee.usf.edu/Mammography/Database.html>.
21. Majumder A, Irani S. Contrast enhancement of images using human contrast sensitivity. *Proceedings of the 3rd ACM symposium on Applied perception in graphics and visualization*; 2006.
22. Yen J-C, Chang F-J, Chang S. A new criterion for automatic multilevel thresholding. *Image Processing, IEEE Transactions on* 1995; 4(3):370-8.
23. Pereira DC, Ramos, RP & Do Nascimento MZ. Segmentation and detection of breast cancer in mammograms combining wavelet analysis and genetic algorithm. *Computer methods and programs in biomedicine* 2014; 114:88-101.
1. عباس‌پور کازرونی ایمان، قیومی‌زاده حسین، حدادنیا جواد. معرفی یک سیستم هوشمند دقیق برای تشخیص توده‌ها در تصاویر ماموگرافی. *فصلنامه بیماری‌های پستان ایران* ۱۳۸۸؛ ۴ (۳): ۵۴-۴۶.
2. U.S. Breast Cancer Statistics, Last modified on October 4, 2016 Available At: [http://www.breastcancer.org/symptoms/understand\\_bc/statistics](http://www.breastcancer.org/symptoms/understand_bc/statistics).
3. Asadi S, Sasanipour M, Meymandi MM, Hashemian AH. A Study about Global Burden of Disease: Calculation and Analysis of Years of Life Lost (YLL) In Iran. *Advances in Biological Research* 2015; 9(3): 156-65.
4. Harirchi I, Karbakhsh M, Kashefi A, Momtahn AJ. Breast cancer in Iran: results of a multi-center study. *Asian pacific journal of cancer prevention* 2004; 5(1):24-7.
5. National Cancer Institute, Breast Cancer Treatment, Last updated on December 16, 2015, Available At: <http://www.cancer.gov/types/breast/patient/breast-treatment-pdq>.
6. Wallis M, Walsh M, Lee J. A review of false negative mammography in a symptomatic population. *Clinical radiology* 1991; 44(1):13-5.
7. Wang Z, Yu G, Kang Y, Zhao Y, Qu Q. Breast tumor detection in digital mammography based on extreme learning machine. *Neurocomputing* 2014; 128: 175-84.
8. Moradmand H, Setayeshi S, Karimian A, Sirous M. Contrast Enhancement of Mammograms for Rapid Detection of Microcalcification Clusters. *Iranian Journal of Medical Physics* 2014; 11:260-9.
9. Hammouche K, Diaf M, Siarry P. A multilevel automatic thresholding method based on a genetic algorithm for a fast image segmentation. *Computer Vision and Image Understanding* 2008; 109(2):163-75.
10. Otsu N. A threshold selection method from gray-level histograms. *Automatica* 1975; 11(285-296): 23-7.