

قطعه بندی تومور ضایعه مغزی با استفاده از شبکه عصبی کانولوشن

فروغ سیدمعصومی^۱، منوچهر کاظمی^۲، عباس زمانی شورابی^۳
گروه مهندسی کامپیوتر، واحد آشتیان، دانشگاه آزاد اسلامی، آشتیان، ایران
F_S.Masoumi@yahoo.com

عضو هیات علمی گروه مهندسی کامپیوتر، واحد آشتیان، دانشگاه آزاد اسلامی، آشتیان، ایران
Univer_Ka@yahoo.com

چکیده

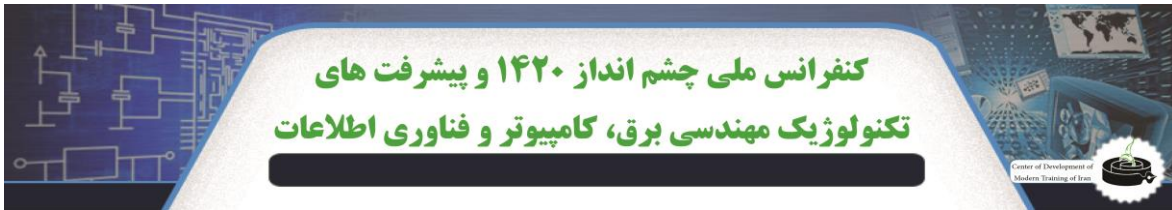
در این مقاله روش جدیدی مبتنی بر شبکه‌های عصبی کانولوشن برای قطعه‌بندی تومورهای مغزی در تصاویر ام آر آی ارائه می‌شود که کار را با مرحله پیش‌پردازش شامل اصلاح میدان بایاس، شدت و عادی‌سازی قطعات شروع می‌شود پس از آن طی روند آموزش، تعداد قطعات آموزشی به طور مصنوعی به کمک چرخش قطعات آموزشی و نیز استفاده از نمونه‌های HGG برای قطعه‌بندی تعداد دسته‌های کمیاب LGG افزایش می‌یابد. شبکه عصبی کانولوشن روی لایه‌های کانولوشن با ابعاد هسته کوچک 3×3 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.

کلیدواژه: 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 دیجیتالی 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. 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). 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، با اینهمه، 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 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

¹ Magnetic Resonance Imaging



شبکه عصبی کانولوشن با علامت اختصاری CNN برای رسیدن به نتایج پیشرفت و پیروزی در رقابت های مشهور بکار گرفته شد. بکارگیری از لایه های کانولوشن منوط به پیچیدن یک سیگنال یا تصویر با هسته ها برای دستیابی به نقشه های ویژگی می باشد. بنابراین، یک واحد در نقشه ویژگی از طریق وزن هسته ها به لایه قبلی متصل می شود. سپس، برای تقویت ویژگی های معین ورودی، وزن هسته ها طی فاز آموزشی مطابقت داده می شود. از آنجایی که هسته ها میان تمام واحدهای با نقشه های ویژگی یکسان مشترک هستند، لایه های کانولوشن برای آموزش وزن کمتری نسبت به لایه های تمام بسته فشرده دارند که این امر آموزش شبکه عصبی کانولوشن را ساده تر نموده و از تمایل آن به تطابق اضافی می کاهد. علاوه بر این، از آنجایی که یک هسته واحد در تمام تصویر پیچیده می شود، ویژگی یکسان یعنی تغییرناپذیری انتقال فارغ از جایابی آشکار می شود. اطلاعات همسایگی که منبع مفید اطلاعات بافتی است، با استفاده از هسته ها مد نظر قرار می گیرد. معمولاً، تابع فعالسازی غیرخطی در خروجی هر واحد عصبی بکار گرفته می شود.

اگر چند لایه کانولوشن انباشته کنیم، ویژگی های استخراجی با افزایش عمق، بیشتر فشرده می شوند. لایه های اول، ویژگی هایی مانند لبه ها را تقویت می کنند و در لایه های بعدی به صورت موضوع اصلی، بخش یا شیء جمع می شوند.

مفاهیم زیر در چارچوب شبکه عصبی کانولوشن حائز اهمیت می باشند:

(۱) **مقداردهی اولیه:** این مفهوم برای رسیدن به همگرایی اهمیت دارد. ما در اینجا از مقداردهی اولیه خاور استفاده می کنیم. بدین وسیله، نمونه های فعالسازی و گرادیان در سطوح کانتور شده حفظ می شود، در غیر این صورت ممکن است گرادیان های منتشر شده به عقب، از بین رفته یا منفجر شوند.

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

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

این واحدها برای دست یابی به نتایج بهتر نسبت به توابع مماس هذلولی یا هلالی قدیمی تر و تسریع آموزش مشخص شدند [۲۶]، [۴۲]. اما، اعمال یک ثابت 0 می تواند به گردش گرادیان و تطبیق متوالی وزن ها آسیب وارد کند [۴۳]. ما این محدودیت ها را به کمک متغیری به نام واحد خطی یکسو کننده (LReLU) که با شیب منحنی کوچکی در بخش منفی تابع شروع می شود، برطرف می کنیم. این تابع به صورت زیر تعریف می شود:

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

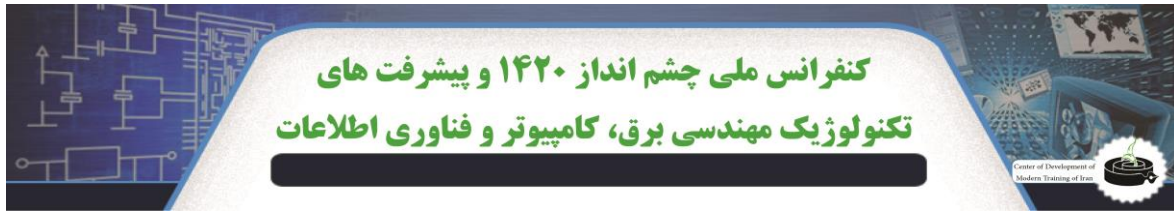
در این تابع α پارامتر نامتراکمی می باشد. در لایه تمام بسته آخر از حداکثر نرمی استفاده می کنیم.

(۳) **ادغام:** ویژگی های اطراف نقشه های ویژگی را از نظر فضایی ترکیب می کند. این ترکیب ویژگی های زائد احتمالی نظیر جزئیات کم اهمیت، نمایش آن را برای تغییرات جزئی تصویر فشرده تر و ثابت تر کرده و بار محاسباتی مرحله های بعدی را نیز کاهش می دهد. برای پیوند ویژگی ها معمولاً از ادغام ماکزیمم یا میانگین استفاده می کنند.

(۴) **تنظیم:** برای کاهش تطابق اضافی مورد استفاده قرار می گیرد. ما در لایه های تمام بسته از روش کنارگذاری استفاده می کنیم. این روش در هر مرحله آموزش با احتمال p گره ها را شبکه مورد نظر برداشته و بدین شیوه تمام گره های لایه های تمام بسته را مجبور می کند تا نمایش بهتری از داده ها یاد بگیرند و با این کار از تطابق گره ها با یکدیگر جلوگیری می کند. در حین انجام آزمایش از تمام گره ها استفاده می شود. از آنجایی که آموزش هر شبکه با بخشی از داده های آموزشی صورت می گیرد، کنارگذاری را می توان مجموعه ای از شبکه های متفاوت و نوعی جاناندازی تلقی کرد.

(۵) **افزایش داده:** این روش برای افزایش اندازه مجموعه های آموزشی و کاهش تطابق اضافی بکار گرفته می شود. از آنجایی که دسته قطعه به وسیله وکسل مرکزی بدست می آید، افزایش داده ها را به خاطر عملیات های چرخشی محدود کرده ایم. برخی از محققان نیز تبدیل تصاویر را مد نظر قرار می دهند، ولی این در قطعه بندی می تواند باعث نسبت دادن یک دسته غلط به قطعه مورد نظر شود. از این رو، با ایجاد قطعات جدید از طریق چرخش قطعه اصلی، مجموعه داده ای مان را طی فرآیند آموزش افزایش داده ایم. ما در طرح پیشنهادی خود از چند زاویه ۹۰ درجه استفاده کرده ایم، ولی روش جایگزین دیگر را در آینده بررسی خواهیم کرد.

¹ Convolutional Neural Network



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

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

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 این گونه 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.

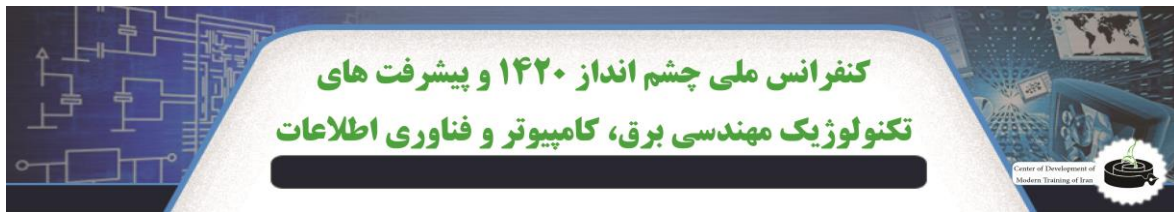
	Type	Filter size	HGG		FC units	Input
			Stride	# filters		
Layer 1	Conv.	3×3	1×1	64	-	4×33×33
Layer 2	Conv.	3×3	1×1	64	-	64×33×33
Layer 3	Conv.	3×3	1×1	64	-	64×33×33
Layer 4	Max-pool.	3×3	2×2	-	-	64×33×33
Layer 5	Conv.	3×3	1×1	128	-	64×16×16
Layer 6	Conv.	3×3	1×1	128	-	128×16×16
Layer 7	Conv.	3×3	1×1	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 ۱: معماری شبکه عصبی کانولوشن HGG.

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.

	Type	Filter size	LGG		FC units	Input
			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

جدول ۲: معماری شبکه عصبی کانولوشن LGG.



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 غیر مرتبط 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 3×3 و گام‌های 2×2 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 گرادینان نزولی تصادفی به عنوان الگوریتم بهینه‌سازی استفاده می‌کنیم. این الگوریتم متناسب با مقدار منفی گرادینان در جهت کمینه‌های محلی اقدام می‌کند، ولی با اینکه در نواحی دارای انحنا کم ممکن است کند عمل نماید. بنابراین، برای تسریع الگوریتم در آن نواحی از گشتاور شتاب‌دار نسترئوف کمک می‌گیریم. در این گشتاور ۷ ثابت حفظ می‌شود، ولی سرعت یادگیری ϵ 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 [۵]. در پایگاه داده‌ای BRATS برای هر بیمار چهار توالی ام آر آی قابل دسترس می‌باشد: T1 وزنی (T1)، T1 با کنتراست تقویت کننده گادولینیوم (T1c)، T2 وزنی (T2) و FLAIR. تصاویر هر شخص قبلاً با T1c و جمعه قطعه‌بندی شده هم ردیف شده بود. پایگاه BRATS 2013 سه مجموعه داده با عناوین Training (آموزش) 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 آنابلاستیک 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 [۴۷]. 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. با این حال، ارزیابی برای تومور افزایشی، هسته (بافت‌مردگی + تومور غیرافزایشی + تومور افزایشی) و تومور کامل (ترکیبی از تمام دسته‌ها) انجام می‌شود.

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 نمونه‌های 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 ۴۵۰۰۰۰ 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 [۴۸]، [۴۹] و لاسان [۵۰] انجام شد.

ج. **ارزیابی** (در ارزیابی قطعه‌بندی‌ها سه متریک مد نظر قرار گرفت: ضریب شباهت دایس (DSC)، مقدار پیش‌بینی مثبت (PPV) و حساسیت. DSC [۵۱] هم‌پوشانی بین قطعه‌بندی 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:

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

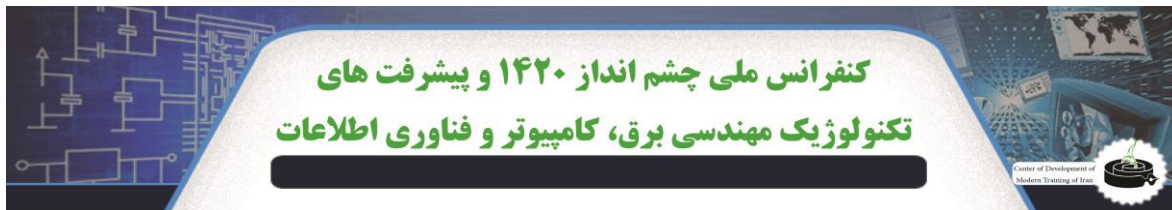
۴. نتایج آزمایشی و بحث

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. معیاری‌سازی اجرا کلیدی

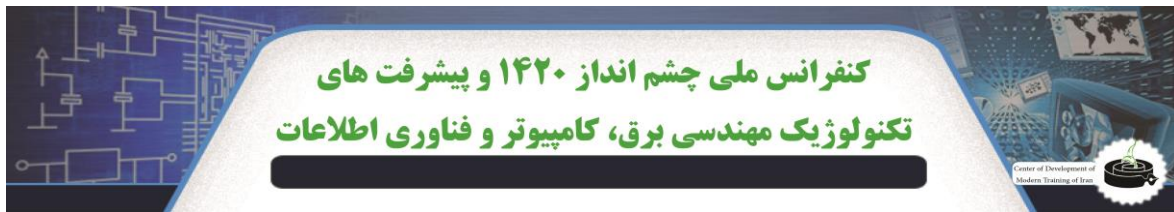
تأثیر هر جزء بر روش پیشنهادی را با بررسی افزایش عملکرد مورد ارزیابی قرار می‌دهیم. این افزایش عملکرد به عنوان بازده متوسط در متریک‌های (DSC، PPV و Sensitivity) ارزیابی می‌شود. ارزیابی بدین صورت انجام می‌شود: ابتدا تمام متریک‌ها را با کمک روش پیشنهادی برای مجموعه‌های داده‌ای محاسبه می‌کنیم، سپس، جزء تحت بررسی را حذف یا جایگزین می‌کنیم. در نهایت، با کسر هر واحد متری از دو سیستم، میانگین کسری‌ها را محاسبه کرده و بازده متوسط 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 [۱۱] 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 آم 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 3×10^{-5} و 3×10^{-7} کاهش دهیم، در غیر اینصورت بهینه‌سازی و اگر 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 پیش پردازش پیشنهادی، آشکارسازی کامل و هم چنین هسته تومور که کار دشواری تلقی می شود [۵]، را افزایش داده است. علاوه بر این، با مقایسه افت عملکرد حین برداشتن پیش پردازش و نمونه تأیید شده حین برداشتن اجزا دیگر اثبات می کنیم که این گونه پیش پردازش جزء کلیدی افزایش قطعه بندی در LGG بوده است. نتیجه این آزمایش در هر دو درجه جالب توجه است، زیرا می دانیم که به جای محاسبه ویژگی های نقطه به نقطه به عنوان مقدار شدت، ویژگی های آموخته شده به وسیله شبکه های عصبی کانولوشن در نواحی محلی از طریق بانک فیلترهای میان گذر در مقیاس های متفاوت محاسبه می شود. شاه [۳۷] تحقیقی درباره قطعه بندی اسکروز چندگانه بر مبنای تصاویر ام آر آی ارائه نمود. این تحقیق نشان می دهد که دسته بندها بر اساس ویژگی های نقطه به نقطه مانند شدت پس از عادی سازی نیول افزایش یافته اند. این افزایش با به حداقل رسانی ناهمگونی داده های حاصل از تصویربرداری های ام آر آی در چند اسکتر و محل مختلف بدست آمد. با این حال، آزمایش ما شواهدی را ارائه می دهد که در موارد بکارگیری از ام آر آی، دسته بندهای مبتنی بر شبکه های عصبی کانولوشن حداقل در زمینه قطعه بندی تومورهای مغزی پس از عادی سازی نیول نیز افزایش می یابند. افزون بر این، تأثیر افزایش تعداد دوره های آموزشی را تا ۹۰ دوره بررسی نموده، اما در رابطه با انجام ساده تر پیش پردازش به پیشرفتی دست پیدا نکردیم. با رجوع به شکل ۴ می توانیم مشاهده کنیم که پیش پردازش پیشنهادی امکان آموزش بهتر شبکه های عصبی کانولوشن را به گونه ای فراهم می کند که قطعه بندی، طرحی بهتری از نواحی غیرافزایشی و بافت مردگی 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 شده اند، متریک با مقدار $p < 0.05$ را نشان می دهند که هنگام تطبیق نتایج با هر یک از اجزا روش پیشنهادی در هر درجه یا ترکیبی از درجه ها به وسیله آزمایش رده امضا شده جفتی و دوسویه ویلکاکسون محاسبه شده است. نتایجی که زیر آن ها خط کشیده شده است، یکی از بالاترین متریک مربوط به هر ناحیه در یک درجه یا ترکیبی از درجه ها را به نمایش می گذارند.



Methods	DSC			PPV			Sensitivity			Relative Rank			Position
	Complete	Core	Enh.	Complete	Core	Enh.	Complete	Core	Enh.	Complete	Core	Enh.	
Leaderboard													
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. ⁸ [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) ⁹	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
havam2 ⁹	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. ⁹ [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
Havaci et al. ¹⁰ [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	-	-	-	-
Challenge													
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
Tustison 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
havam2 ⁹	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-ssl ⁹	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. ⁸ [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
Havaci 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	-	-	-	-

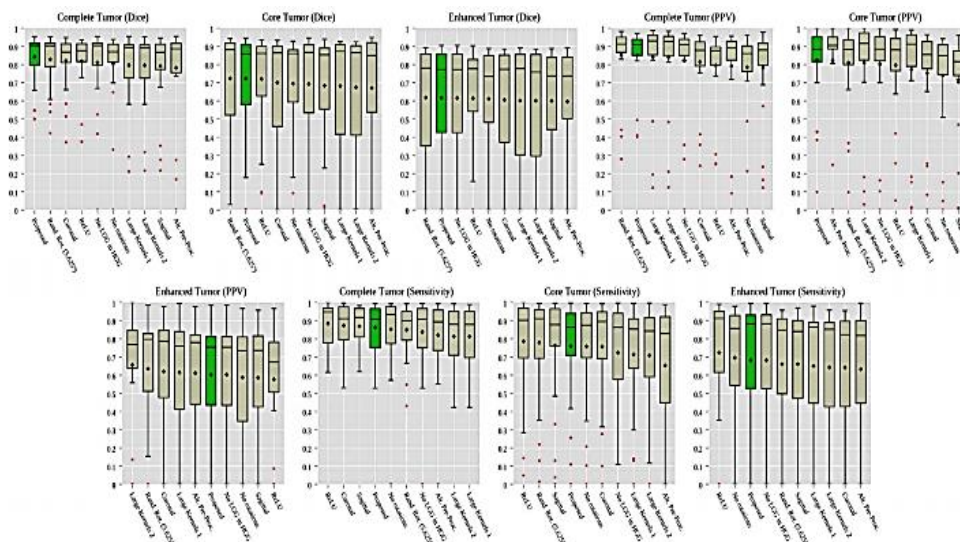
⁸ Results retrieved from [47] using the cited method.

⁹ Results retrieved from [47], but the method or author are unknown.

¹⁰ Results provided by the author using the cited method.

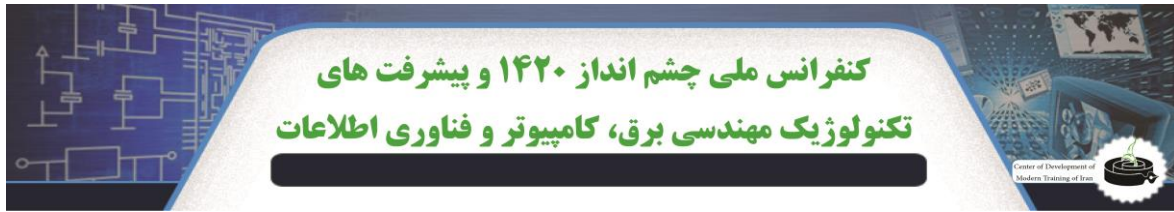
جدول ۳: بررسی اجزا کلیدی روش پیشنهادی.

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.



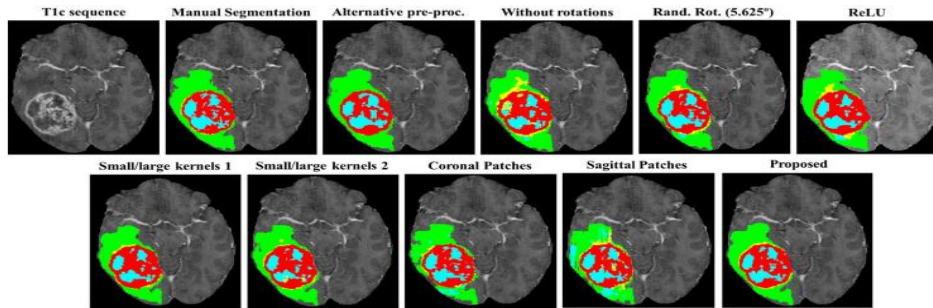
شکل ۲: نمودار جعبه‌ای

۲) افزایش داده‌ها: قطعه‌بندی مصنوعی داده‌ها، روش مندوالی 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 دلایل می‌تواند این باشد که اکثر مطالعات اخیر انجام شده درباره قطعه‌بندی

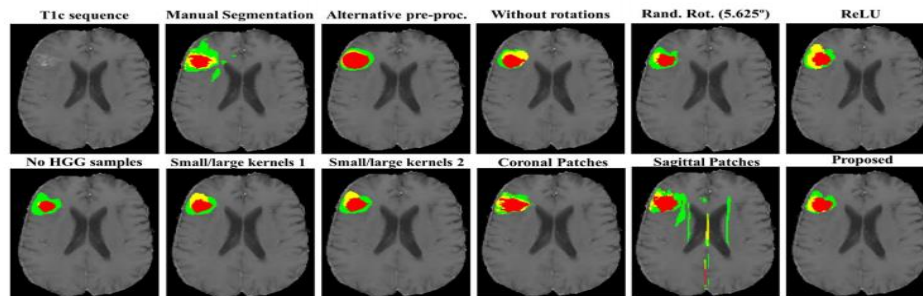


تومورهای مغزی بر مبنای یادگیری عمیق افزایش داده‌ها را بررسی نکرده‌اند. هاوایی و همکارانش با انجام بررسی کاربرد این روش دریافتند که برای سیستم آن‌ها کارآمد نخواهد بود.

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 درجه (۹۰، ۱۸۰، ۲۷۰ درجه) در چرخش‌ها (مطابق روش پیشنهادی) استفاده کردیم، حال آن‌که 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 $\alpha \in \{\frac{1}{8}, \frac{1}{16}, \frac{1}{32}\}$ تعیین گردید. در گونه دوم مقدار $\alpha=1/16$ را بررسی کردیم. در جدول ۳ 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، بازده متوسط بدست آمده از طریق شمول چرخش‌ها در گونه اول (پیشنهادی) ۲/۶ درصد (Leaderboard: 2/6%, Challenge: 2/7%) و در گونه دوم ۲/۳ درصد (Leaderboard: 2.7%, Challenge: 2.0%) بود. با ترکیب این دو متغیر، بازه متوسط ۰/۳ 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 ۳ 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.



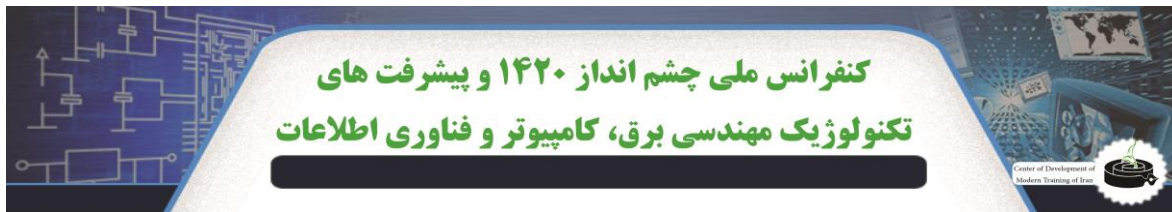
(a)



(b)

شکل ۳: نتایج

تومورهای مغزی بر اساس 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 ۴ 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 بازده متوسط ۱/۹ درصد را افزایش داده‌اند. با بررسی شکل (b) 4 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 غیرافزایشی 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: گرایان‌های 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.

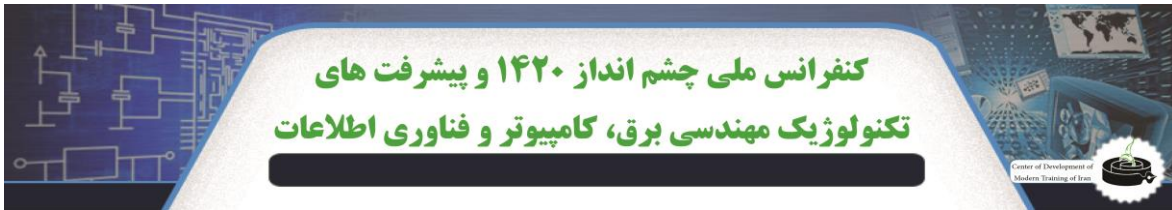
۴) معماری‌های عمیق‌تر با هسته‌های کوچک: بکارگیری از لایه‌های آبخاری با هسته‌های کوچک 3×3 باعث حفظ میدان گیرنده کارآمد یکسان هسته‌های بزرگتر می‌شود و در عین حال تعداد وزن‌ها را کاهش داده و امکان تبدیل‌های غیرخطی بیشتر در داده‌ها را فراهم می‌سازد. افزون بر این، برای ارزیابی تأثیر واقعی این روش بر قطعه‌بندی 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 7×7 عوض کردیم، در حالی که در غده‌های تراز پایین، گروه‌های لایه‌های ۱، ۲، ۴، ۵ (جدول ۲) را با یک لایه با ابعاد هسته 5×5 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 داده‌ای 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 BRATS 2013 Challenge و Leaderboard. 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 ام‌آرآی 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)، کرونا (Coronal) و ساژیتال (Sagittal) پرداختیم. نتایج مندرج در



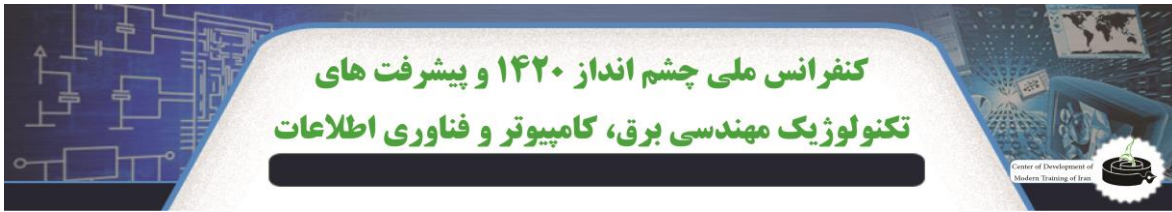
هر دو مجموعه داده‌ای Leaderboard و Challenge در جدول ۴ ارائه شده است. سطح اکسل در هر دو مجموعه داده نسبت به سطح سازه‌های امتیازات DSC و PPV بالاتری ارائه داد، اما بیشترین حساسیت برای مجموعه داده Challenge و ناحیه کامل در مجموعه داده Leaderboard ثبت گردید. با توجه به شکل ۴، این موضوع را می‌توان با قطعه‌بندی اضافی تومور که با امتیاز پایین PPV تأیید می‌شود، تشریح کرد. الگوی مشابهی برای سطح کروئال 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 کروئال و سازه‌های 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 آن‌که روش ما Sensitivity یا حساسیت بهتری دارد. به عقیده من و همکارانش [۵]، 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 [۳۲] داشته است. اختلاف بزرگتر را در ناحیه مرکزی داده‌های Challenge که به گفته من و همکارانش [۵] ناحیه آسان‌تری برای قطعه‌بندی محسوب می‌شود، مشاهده می‌کنیم. براساس تجزیه و تحلیل اجزای کلیدی بخش قبلی بدین نتیجه می‌رسیم که به رغم شکل ساده‌تر معماری ما، این اجزای اجازه آموزش بهتری به دست‌بند شبکه عصبی کانولوشن مان 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.

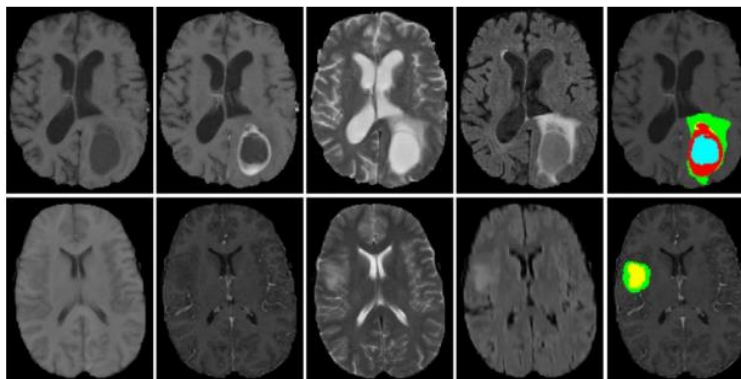
روش ارائه شده کی‌ون و همکارانش [۱۱] در هر دو مجموعه داده در جایگاه دوم قرار گرفته است. آن‌ها قطعه‌بندی و ثبت مشترک را به کمک یک مدل رشد تومور اجرا می‌کنند تا بتوانند اطلس بیماران سالم را به یک طلسم با تومور و ساختارهای داخل توموری آن تبدیل کنند. آن‌ها هم‌چنین با توجه به شکل پیچیده تومورها، راه‌حل اولیه 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 داده‌های 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 ژائو [۵] 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 بافت 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 قطعه‌بندی 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 می کنیم 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 می دهیم که افت کلی در هر دو روش ها از مجموعه داده Challenge گرفته تا Leaderboard عمدتاً به واسطه موارد LGG بوده است، اما روش پیشنهادی کی ون افت کمتری در ناحیه هسته داشته است. با در نظر گرفتن عملکرد هر دو مجموعه داده معتقدیم که هر دو روش در قطعه بندی تومور کامل مشابه هم عمل نموده اند و روش پیشنهادی کی ون نیز به طور کلی در ناحیه هسته و روش ما در ترسیم ساختار پیشرفته عملکرد بهتری داشته اند. کی ون پس از ارزیابی زمان های 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 می دهد. این اختلاف زمان اجرا در روش ما بدین صورت توضیح داده شده است که این روش، بهینه سازی را تنها طی فرآیند آموزش اجرا می کند و در آن اجازه قطعه بندی سریع حین استفاده عادی داده می شود.

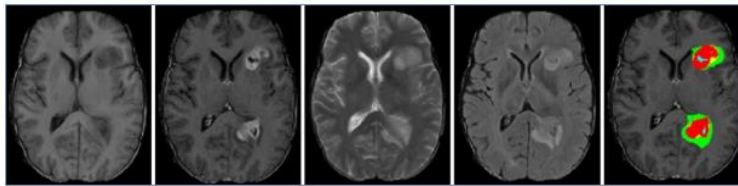
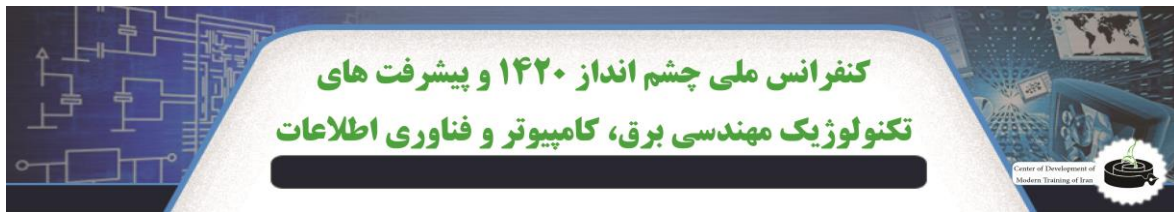
با توجه به آخرین تحولات صورت گرفته اثبات می کنیم که روش های معمول مبتنی بر شبکه های عصبی کانولوشن از فیلترهای بزرگتر و معماری های کم عمق استفاده کرده اند که برخی از آن ها از ویژگی های محاسبه شده به وسیله شبکه های عصبی کانولوشن به عنوان ورودی به یک میدان تصادفی یا از آن شبکه برای پیش بینی ساختاری بهره گرفته اند. در ضمن، پشته سازی لایه های متعدد برای استفاده از حالات خطی بیشتر در داده ها که به اهمیت آن نیز اشاره کردیم، در این تحقیقات مورد بررسی قرار نگرفت. این محققان در شبکه های عصبی کانولوشن از حالات غیرخطی متداول تر به شکل خط مماس هذلولی یا ReLU استفاده کرده اند؛ با اینهمه، آزمایشات ما نشان می دهد که LReLU جایگزین بسیار خوبی برای ReLU بوده و محدودیت های خط مماس هذلولی را ندارد. به رغم این که برخی از محققان هیچ مزیتی در استفاده از افزایش داده ها پیدا نکرده اند، نشان داده ایم که افزایش داده ها و پیش پردازش کافی، تأثیر چشمگیری بر عملکرد می گذارد. براساس این اطلاعات بدین نتیجه می رسیم که همکاری های صورت گرفته در این مقاله در راستای آخرین پیشرفت های جاری و پتانسیل موجود برای پیشرفت بیشتر در قطعه بندی تومورهای مغزی با بکارگیری از تصاویر آم آرای و پیگیری تلاش جمعی به کمک روش های بررسی شده در تحقیقات حاضر بوده است.

در شکل ۴ از روی مجموعه داده Leaderboard، قطعه بندی دو بیمار که به ترتیب دارای غده های تراز بالا و غده های تراز پایین هستند، را نشان می دهیم. شکل ۵ بیماری را با دو تومور نشان می دهد که از روی مجموعه داده Challenge با دقت آشکار و قطعه بندی شده اند.



شکل ۴: نمونه های قطعه بندی

شکل ۵: نمونه های 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 می دهد. از چپ به راست به ترتیب T1، T1c، T2، FLAIR و قطعه بندی قرار دارند. هر رنگ نشان دهنده دسته تومور است: سبز - ورم، آبی - بافت مردگی، 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.

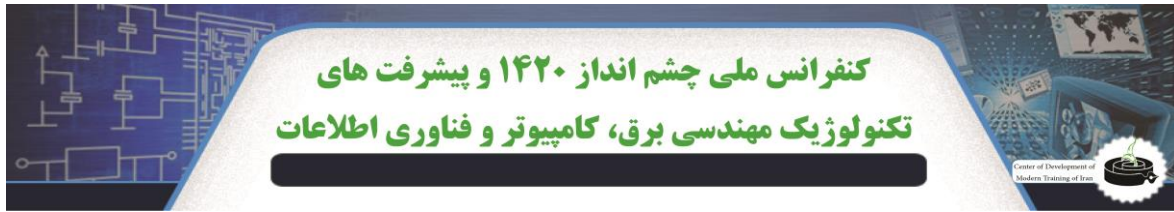
۵. نتیجه‌گیری

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 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 [۱۱] 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.

فهرست مراجع

- [1] 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.
- [2] D. 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.



- [3] E. 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.
- [4] G. Tabatabai *et al.*, “Molecular diagnostics of gliomas: The clinical perspective,” *Acta Neuropathologica*, vol. 120, no. 5, pp. 585–592, 2010.
- [5] B. Menze *et al.*, “The multimodal brain tumor image segmentation benchmark (BRATS),” *IEEE Trans. Med. Imag.*, vol. 34, no. 10, pp. 1993–2024, Oct. 2015.
- [6] N. J. Tustison *et al.*, “N4ITK: Improved n3 bias correction,” *IEEE Trans. Med. Imag.*, vol. 29, no. 6, pp. 1310–1320, Jun. 2010.
- [7] 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.
- [8] M. Prastawa *et al.*, “A brain tumor segmentation framework based on outlier detection,” *Med. Image Anal.*, vol. 8, no. 3, pp. 275–283, 2004.
- [9] B. 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.
- [10] A. Gooya *et al.*, “GLISTR: Glioma image segmentation and registration,” *IEEE Trans. Med. Imag.*, vol. 31, no. 10, pp. 1941–1954, Oct. 2012.
- [11] D. 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.
- [12] 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.
- [13] 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.
- [14] R. Meier *et al.*, “A hybrid model for multimodal brain tumor segmentation,” in *Proc. NCI-MICCAI BRATS*, 2013, pp. 31–37.
- [15] R. Meier *et al.*, “Appearance-and context-sensitive features for brain tumor segmentation,” in *MICCAI Brain Tumor Segmentation Challenge (BraTS)*, 2014, pp. 20–26.
- [16] 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.
- [17] S. Bauer *et al.*, “Segmentation of brain tumor images based on integrated hierarchical classification and regularization,” *Proc. MICCAIBRATS*, pp. 10–13, 2012.
- [18] S. Reza and K. Iftekharuddin, “Multi-fractal texture features for braintumor and edema segmentation,” *SPIE Med. Imag. Int. Soc. Opt.*