



## سوال اول:

۱.

معماری:

مدل های Diffusion جزو مدل های generative هستند که از یک forward diffusion و یک reverse diffusion تشکیل شده اند. فرآیند forward diffusion، یک زنجیره Markov است که به تدریج نویز را به داده های ورودی اضافه می کند. هدف فرآیند reverse diffusion، معکوس کردن روند forward diffusion است. این فرآیند، مرحله به مرحله نویز را حذف کرده و داده های اصلی را بازیابی می کند و با استفاده از یک شبکه عصبی پیاده سازی می شود که اغلب از U-Net استفاده می کنند. استفاده از این معماری باعث می شود که با حذف نویز، ویژگی های اساسی داده های اصلی حذف نشود.

مدل های Generative Adversarial Networks متشکل از یک شبکه تولید کننده و یک شبکه تفکیک کننده است. مولد نمونه ها را ایجاد می کند و تمایز دهنده سعی می کند بین نمونه های واقعی و تولید شده تمایز قائل شود. در معماری های GAN معمولاً از شبکه های کانولوشن عمیق استفاده می شود.

مدل های VAE شامل یک رمزگذار که داده ها را به یک فضای پنهان نگاشت می کند و یک رمزگشا که داده ها را بازسازی می کند است. معماری های fully connected یا convolutional در VAE رایج هستند. هم رمزگذار و هم رمزگشا برای مدیریت و تولید خروجی های احتمالی آموزش دیده اند. از ترفند reparameterization برای فعال کردن backpropagation از طریق گره های رندوم استفاده می شود.

روش های آموزش:

مدل های diffusion، ابتدا با اضافه کردن نویز به داده ها و سپس یادگیری معکوس کردن این فرآیند مرحله به مرحله آموزش داده می شود. حذف نویز بصورت تدریجی است و هر مرحله برای پیش بینی نویز اضافه شده در مرحله بعد آموزش داده می شود.

مدل های Generative Adversarial Networks از طریق یک بازی min-max آموزش داده می شوند که در آن مولد سعی می کند متمایز کننده را فریب دهد و متمایز کننده سعی می کند داده های واقعی و جعلی را به درستی طبقه بندی کند. این آموزش خصمانه می تواند مشکل باشد و اغلب منجر به چالش هایی مانند فروپاشی حالت می شود. مدل های VAE با بهینه سازی دو عبارت آموزش داده می شود: یک افت بازسازی (رمزگشا چقدر می تواند داده های ورودی را از فضای پنهان بازسازی کند) و یک اصطلاح تنظیم (از واگرایی بیش از حد توزیع های فضای پنهان جلوگیری می کند).

کیفیت و تنوع نمونه ها:

مدل های diffusion، برای تولید خروجی های با کیفیت بالا و متنوع، به ویژه در حوزه تولید تصویر و صدا شناخته شده هستند و می توانند نمونه های بسیار دقیق و واقعی تولید کنند.

GAN ها می توانند خروجی هایی با کیفیت بسیار بالا تولید کنند که اغلب از داده های واقعی قابل تشخیص نیستند، به ویژه برای تصاویر. با این حال، آنها می توانند از فروپاشی حالت (عدم تنوع) رنج ببرند و گاهی اوقات داده های مصنوعی تولید کنند.

VAE ها عموماً خروجی های واضح و با جزئیات کمتری در مقایسه با GAN ها یا مدل های انتشار تولید می کنند. اصطلاح منظم سازی در تابع زیان آنها اغلب به یک trade off بین تنوع نمونه و کیفیت آن ها منجر می شود.

کاربرد ها:

مدل های diffusion، نتایج چشمگیری در تولید تصاویر با کیفیت بالا، سنتز صدا طراحی مولکولی نشان داده‌اند. آن‌ها به ویژه زمانی که کیفیت و جزئیات اهمیت خیلی زیادی دارند مفید هستند. GAN ها به طور گسترده برای تولید و ویرایش تصویر، انتقال سبک، تقویت داده ها و موارد دیگر استفاده می شود. آن‌ها زمانی که خروجی واقع بینانه و با کیفیت مهم است، بسیار کاربردی هستند. VAE ها اغلب در کارهایی استفاده می‌شوند که درک توزیع داده‌های اساسی مهم است، مانند semi-supervised learning، anomaly detection، و تولید نمونه‌های متنوع از یک توزیع پیچیده و چندوجهی.

۲.

مدل های Diffusion در تجزیه و تحلیل تصویر پزشکی استفاده می‌شوند زیرا دسته‌ای از مدل‌های generative هستند که می‌توانند توزیع احتمال یک مجموعه داده را یاد بگیرند و برای تولید نقاط داده جدید که از همان توزیع پیروی می‌کنند استفاده شوند. این باعث می شود آنها برای طیف گسترده ای از وظایف در تصویربرداری پزشکی، از جمله بازسازی تصویر، ثبت، طبقه بندی، بخش بندی، حذف نویز، تولید و تشخیص ناهنجاری مفید باشند. علاوه بر این، مدل های Diffusion به داده‌های برجسته‌دار نیازی ندارند، و آنها را به یک کاندید قوی برای بسیاری از کاربردهای پزشکی تبدیل می‌کند که در آن داده‌های برجسته‌گذاری شده ممکن است کمیاب یا دشوار باشد. به طور کلی، مدل‌های Diffusion ابزار قدرتمندی برای تولید داده‌ها و انجام استنتاج علی، کشف و تحلیل خلاف واقع در زمینه‌های مختلف ارائه می‌کنند.

مدل های Diffusion به دلیل توانایی آن‌ها در یادگیری توزیع داده‌های اساسی، تولید نمونه‌های متنوع و با کیفیت بالا، و انجام وظایفی مانند بازسازی تصویر، ثبت، طبقه بندی، بخش بندی، حذف نویز، تولید و تشخیص ناهنجاری در تجزیه و تحلیل تصویر پزشکی مورد استفاده قرار می‌گیرند. استحکام آنها نسبت به تغییرات توزیعی، توانایی انجام استنتاج علی و خصوصیات حریم خصوصی آنها را به ابزاری ارزشمند برای کاربردهای مختلف در تصویربرداری پزشکی و سایر زمینه ها تبدیل می‌کند. علاوه بر این، توانایی آنها برای کار بدون داده های برجسته دار و پتانسیل آنها برای تولید داده ها و انجام انواع مختلف تجزیه و تحلیل بیشتر به جذابیت آنها در تصویربرداری پزشکی کمک می‌کند.

## [Diffusion Models for Medical Image Analysis: A Comprehensive Survey](#)

سوال دوم:

۱.

تصاویر به طور کلی یک manifold از فضا را اشغال میکنند و توزیع آن ها کل فضا را شامل نمیشود. بر همین اساس با توجه به اینکه در ابتدا از یک initial point رندم کار آغاز میشود، ممکن است این نقطه رو و یا نزدیک manifold داده نباشد و در نتیجه گرادیان در این نقاط بی معنی خواهد بود. در واقع به نوعی خارج از توزیع داده است. اضافه کردن نویز باعث میشود به نوعی manifold داده پف کند و گرادیان در اطراف آن معنی دار شود. بر همین اساس اگر نویز نرمال روی داده اعمال نشود، بی معنی بودن گرادیان باعث میشود مدل نتواند تصاویر درستی تولید کند و در نتیجه تصویر نهایی نویزی خواهد شد.

۲.

$$p(x, t) = \sum_{j=1}^M w_j \frac{1}{\sqrt{2\pi(s_j^2 + \sigma^2 t)}} \exp\left\{-\frac{[x - \mu]^2}{2(s_j^2 + \sigma^2 t)}\right\}$$

$$s(x, t) = \nabla_x \log p(x, t) = \frac{\nabla_x p(x, t)}{p(x, t)}$$

$$\begin{aligned} & \frac{d}{dx} \left[ w_j \frac{1}{\sqrt{2\pi(s_j^2 + \sigma^2 t)}} \exp\left\{-\frac{[x - \mu]^2}{2(s_j^2 + \sigma^2 t)}\right\} \right] \\ &= w_j \frac{1}{\sqrt{2\pi(s_j^2 + \sigma^2 t)}} \frac{d}{dx} \left[ \exp\left\{-\frac{[x - \mu]^2}{2(s_j^2 + \sigma^2 t)}\right\} \right] \\ &= w_j \frac{1}{\sqrt{2\pi(s_j^2 + \sigma^2 t)}} \left( -\frac{[x - \mu]}{(s_j^2 + \sigma^2 t)} \right) \exp\left\{-\frac{[x - \mu]^2}{2(s_j^2 + \sigma^2 t)}\right\} \\ \nabla_x p(x, t) &= \sum_{j=1}^M w_j \frac{1}{\sqrt{2\pi(s_j^2 + \sigma^2 t)}} \left( -\frac{[x - \mu]}{(s_j^2 + \sigma^2 t)} \right) \exp\left\{-\frac{[x - \mu]^2}{2(s_j^2 + \sigma^2 t)}\right\} \\ s(x, t) &= \frac{\sum_{j=1}^M w_j \frac{1}{\sqrt{2\pi(s_j^2 + \sigma^2 t)}} \left( -\frac{[x - \mu]}{(s_j^2 + \sigma^2 t)} \right) \exp\left\{-\frac{[x - \mu]^2}{2(s_j^2 + \sigma^2 t)}\right\}}{\sum_{j=1}^M w_j \frac{1}{\sqrt{2\pi(s_j^2 + \sigma^2 t)}} \exp\left\{-\frac{[x - \mu]^2}{2(s_j^2 + \sigma^2 t)}\right\}} \\ t = 0 \rightarrow s(x, 0) &= \frac{\sum_{j=1}^M w_j \frac{1}{\sqrt{2\pi(s_j^2)}} \left( -\frac{[x - \mu]}{(s_j^2)} \right) \exp\left\{-\frac{[x - \mu]^2}{2(s_j^2)}\right\}}{\sum_{j=1}^M w_j \frac{1}{\sqrt{2\pi(s_j^2)}} \exp\left\{-\frac{[x - \mu]^2}{2(s_j^2)}\right\}} \end{aligned}$$

تفاوت اصلی بین  $s(x, t)$  و  $s(x, 0)$  در واریانس مولفه های گاوسی نهفته است.  $s(x, t)$  امکان تکامل وابسته به زمان را فراهم می کند، در حالی که  $s(x, 0)$  یک عکس فوری خاص و نقطه ثابت از سیستم را در  $t=0$  نشان می دهد.

سوال سوم:

## ۱.

فرض کنید ما در حال کار بر روی یک پروژه تجزیه و تحلیل تصویر پزشکی برای شناسایی تومورها در اسکن MRI هستیم. ما مجموعه داده ای از ۱۰۰۰۰ اسکن MRI داریم که ۸۰۰۰ اسکن برای آموزش و ۲۰۰۰ اسکن برای آزمایش استفاده شده است. ما یک مدل یادگیری عمیق را در مجموعه آموزشی آموزش می دهیم و به دقت ۹۰٪ در مجموعه تست می پردازیم.

با این حال، وقتی تجزیه و تحلیل خطا را روی مجموعه آزمایش انجام می دهیم، متوجه می شویم که این مدل تعداد قابل توجهی از تومورهایی را که در ساقه مغز قرار دارند به اشتباه طبقه بندی می کند. پس از بررسی بیشتر، متوجه شدیم که مجموعه آموزشی تصاویر تومور ساقه مغز کافی نداشت و مدل یاد نگرفت که آنها را به طور موثر تشخیص دهد.

برای پرداختن به این موضوع، تصمیم گرفتیم تصاویر بیشتری از تومور ساقه مغز را به مجموعه آموزشی اضافه کنیم و مدل را دوباره آموزش دهیم. با این حال، اگر تجزیه و تحلیل خطا را انجام نمی دادیم، ممکن بود زمان و منابع را برای بهبود عملکرد مدل در پارتیشن اشتباه داده ها، مانند اضافه کردن تصاویر بیشتر از تومورها در سایر قسمت های مغز یا بدن، تلف می کردیم.

با انجام تجزیه و تحلیل خطا، ما توانستیم نوع خاصی از تومور را که مدل با آن دست و پنجه نرم می کرد شناسایی کنیم و تلاش خود را بر بهبود عملکرد آن در آن نوع خاص از تومور متمرکز کنیم. این امر ما را از هدر دادن زمان و منابع برای بهبود عملکرد مدل در پارتیشن اشتباه داده ها جلوگیری کرد و به ما اجازه داد تا عملکرد کلی بهتری را در مجموعه آزمایشی بدست آوریم.

## ۲.

اگر اندازی dev set ما بزرگ باشد (۵۰۰۰) و مدل در ۲۰٪ آن دارای خطا باشد (۱۰۰۰)، بررسی و تحلیل این تعداد را زمان بر و دشوار میکند. برای حل این مشکل، داده های dev set را به دو دسته eyeball و blackbox تقسیم میکنیم.

مجموعه Eyeball زیرمجموعه ای از dev set است که به صورت دستی برای تجزیه و تحلیل خطاهای ایجاد شده توسط الگوریتم بررسی می شود. با نگاه کردن به نمونه های طبقه بندی شده اشتباه، می توانید بینش هایی درباره دسته های اصلی خطاها به دست آورید و اولویت بندی کنید که کدام نوع خطاها باید روی رفع آنها کار کنید. این بررسی دستی به درک موارد خاصی که الگوریتم در آن مشکل دارد کمک می کند و امکان بهبود هدفمند را فراهم می کند.

مجموعه Blackbox زیرمجموعه ای از dev set است که به صورت دستی بررسی نمی شود و برای ارزیابی خودکار طبقه بندی کننده ها، اندازه گیری میزان خطای آنها و برای انتخاب از بین الگوریتم ها یا تنظیم های پیرامون آنها استفاده می شود. این به عنوان یک مجموعه اعتبار سنجی برای عملکرد الگوریتم بدون مداخله دستی عمل می کند. مجموعه توسعه دهنده Blackbox به اطمینان از اینکه عملکرد الگوریتم بیش از حد برای موارد خاصی که در مجموعه توسعه دهنده Eyeball مشاهده می شود تنظیم نشده است، کمک می کند، بنابراین از overfit بیش از حد محافظت می کند.

به طور خلاصه، dev set به مجموعه Eyeball و Blackbox تقسیم می شود تا از overfit بیش از حد بر روی dev set جلوگیری شود، امکان تجزیه و تحلیل سیستماتیک خطا و کسب بینش در مورد عملکرد الگوریتم فراهم شود. مجموعه Eyeball به صورت دستی مورد بررسی قرار می گیرد تا دسته بندی خطاهای اصلی را بفهمد و اولویت بندی کند که کدام نوع خطاها باید روی رفع آنها کار کنند. مجموعه Blackbox برای ارزیابی خودکار عملکرد الگوریتم بدون مداخله دستی استفاده می شود و دید جامعی از اثربخشی کلی آن ارائه می دهد. تفکیک صریح اجازه می دهد تا یک

رویکرد متعادل برای تجزیه و تحلیل خطا، بهبود مدل، و ارزیابی عملکرد، تضمین شود که عملکرد الگوریتم هم بینش و هم قوی است.

۳.

Error analysis by parts می تواند در تجزیه و تحلیل تصویر پزشکی با شناسایی اجزای خاص سیستم که باعث خطا می شوند و اولویت بندی بهبودها مفید باشد. به عنوان مثال، در یک سیستم تجزیه و تحلیل تصویر پزشکی که تومورها را شناسایی می کند، ممکن است چندین مؤلفه درگیر باشد، مانند پیش پردازش تصویر، استخراج ویژگی و طبقه بندی. با انجام تجزیه و تحلیل خطا توسط قطعات، می توانیم هر اشتباهی را که الگوریتم مرتکب می شود به یکی (یا گاهی اوقات چند) از اجزای سیستم نسبت دهیم.

فرض کنید سیستم در حال طبقه بندی اشتباه برخی از تومورها به عنوان خوش خیم است در حالی که آنها واقعاً بدخیم هستند. با بررسی تصاویر طبقه بندی نادرست، می توانیم تعیین کنیم که کدام مؤلفه (های) سیستم باعث ایجاد خطا شده است. به عنوان مثال، ممکن است متوجه شویم که مرحله پیش پردازش تصویر به درستی ناحیه تومور را تقویت نمی کند و منجر به استخراج و طبقه بندی نادرست ویژگی می شود. روش دیگر، ممکن است متوجه شویم که مرحله استخراج ویژگی، ویژگی های مربوط به تومورهای بدخیم را نشان نمی دهد، که منجر به طبقه بندی نادرست می شود.

هنگامی که مؤلفه (های) خاصی را که باعث خطا می شوند شناسایی کردیم، می توانیم بهبودها را بر این اساس اولویت بندی کنیم. برای مثال، ممکن است با استفاده از تکنیک های پیشرفته تر برای تقویت ناحیه تومور، روی بهبود مرحله پیش پردازش تصویر تمرکز کنیم. از طرف دیگر، ممکن است بر روی بهبود مرحله استخراج ویژگی با ترکیب ویژگی های مرتبط تر یا استفاده از یک الگوریتم استخراج ویژگی متفاوت تمرکز کنیم.

با استفاده از تجزیه و تحلیل خطا توسط قطعات، می توانیم درک عمیق تری از عملکرد سیستم به دست آوریم و موثرترین استراتژی ها را برای بهبود شناسایی کنیم. این رویکرد می تواند به بهینه سازی دقت و قابلیت اطمینان سیستم کمک کند و در نهایت منجر به نتایج بهتر بیمار شود.

سوال چهارم:

$$J_{naive}(\theta) := \frac{1}{2} \int p(x, t) [s_{\theta}(x, t) - \nabla_x \log p(x, t)]^2 dx dt$$

$$\begin{aligned} \nabla_{\theta} J_{naive}(\theta) &= \frac{1}{2} \nabla_{\theta} \int p(x, t) [s_{\theta}^2(x, t) - 2s_{\theta}(x, t) \nabla_x \log p(x, t) - (\nabla_x \log p(x, t))^2] dx dt \\ &= \frac{1}{2} \int p(x, t) \nabla_{\theta} [s_{\theta}^2(x, t) - 2s_{\theta}(x, t) \nabla_x \log p(x, t) + (\nabla_x \log p(x, t))^2] dx dt \\ &= \frac{1}{2} \int p(x, t) [\nabla_{\theta} s_{\theta}^2(x, t) - 2\nabla_{\theta} s_{\theta}(x, t) \nabla_x \log p(x, t)] dx dt \end{aligned}$$

$$\nabla_x \log p(x, t) = \frac{\nabla_x p(x, t)}{p(x, t)} \rightarrow \nabla_{\theta} J_{naive}(\theta) = \frac{1}{2} \int p(x, t) \nabla_{\theta} s_{\theta}^2(x, t) - 2\nabla_{\theta} s_{\theta}(x, t) \nabla_x p(x, t) dx dt$$

$$J_{mod}(\theta) := \frac{1}{2} \int p(x, t | x^{(0)}) p(x^{(0)}) [s_{\theta}(x, t) - \nabla_x \log p(x, t | x^{(0)})]^2 dx dx^{(0)} dt$$

$$\nabla_{\theta} J_{mod}(\theta) := \frac{1}{2} \nabla_{\theta} \int p(x, t | x^{(0)}) p(x^{(0)}) [s_{\theta}(x, t) - \nabla_x \log p(x, t | x^{(0)})]^2 dx dx^{(0)} dt$$

$$\begin{aligned}
&= \frac{1}{2} \nabla_{\theta} \int p(x, t | x^{(0)}) p(x^{(0)}) [s_{\theta}^2(x, t) - 2s_{\theta}(x, t) \nabla_x \log p(x, t | x^{(0)}) + (\nabla_x \log p(x, t | x^{(0)}))^2] dx dx^{(0)} dt \\
&= \frac{1}{2} \int p(x, t | x^{(0)}) p(x^{(0)}) \nabla_{\theta} [s_{\theta}^2(x, t) - 2s_{\theta}(x, t) \nabla_x \log p(x, t | x^{(0)}) + (\nabla_x \log p(x, t | x^{(0)}))^2] dx dx^{(0)} dt \\
&= \frac{1}{2} \int p(x, t | x^{(0)}) p(x^{(0)}) [\nabla_{\theta} s_{\theta}^2(x, t) - 2 \nabla_{\theta} s_{\theta}(x, t) \nabla_x \log p(x, t | x^{(0)})] dx dx^{(0)} dt
\end{aligned}$$

$$\nabla_x \log p(x, t) = \frac{\nabla_x p(x, t)}{p(x, t)}$$

$$\rightarrow \nabla_{\theta} J_{mod}(\theta) \frac{1}{2} \int [p(x^{(0)}) p(x, t | x^{(0)}) \nabla_{\theta} s_{\theta}^2(x, t) - 2 \nabla_{\theta} s_{\theta}(x, t) \nabla_x p(x, t | x^{(0)}) p(x^{(0)})] dx dx^{(0)} dt$$

$$p(x, t) = \int p(x, t | x^{(0)}) p(x^{(0)}) dx^{(0)} \rightarrow \nabla_{\theta} J_{mod}(\theta) := \frac{1}{2} \int [p(x, t) \nabla_{\theta} s_{\theta}(x, t) - 2 \nabla_{\theta} s_{\theta}(x, t) \nabla_x p(x, t)]^2 dx dt$$

با توجه به مشابه شدن مشتق دو تابع loss، global minimum آن ها نیز یکسان خواهد بود