



دانشگاه صنعتی شریف
دانشکده‌ی مهندسی کامپیوتر

پایان‌نامه‌ی کارشناسی
مهندسی نرم‌افزار

عنوان:

تشخیص سرطان تیروئید با استفاده از شبکه‌های عصبی از
روی اسلاید‌های سایتولوژی

نگارش:

امیرحسین محسن نژاد

استاد راهنما:

دکتر حسین اسدی
دکتر حمید ربیعی

شهریور ۱۴۰۱

اللهُ أَكْبَرُ

به نام خدا
دانشگاه صنعتی شریف
دانشکده‌ی مهندسی کامپیوتر

پایان‌نامه‌ی کارشناسی

عنوان: تشخیص سرطان تیروئید با استفاده از شبکه‌های عصبی از روی اسلایدهای سایت‌لوزی

نگارش: امیرحسین محسن نژاد

کمیته‌ی ممتحنین

استاد راهنمای اول: دکتر حسین اسدی امضاء:

استاد راهنمای دوم: دکتر حمید ربیعی امضاء:

استاد مشاور: استاد مشاور امضاء:

استاد مدعو: استاد ممتحن امضاء:

تاریخ:

سپاس

از جناب دکتر اسدی و جناب دکتر ربیعی بسیار سپاس گزارم که چنین فرصت مطالعاتی را به من دادند. همچنین قدردان و متشرک از راهنمایی‌های سرکار خانم قوامی هستم که در طول مسیر زمان زیادی را برای مشاوره به بنده گذاشتند.

چکیده

سرطان تیروئید یکی از انواع شایع سرطان در بدن انسان‌هاست که در آن غده تیروئید درگیر می‌شود. یکی از راه‌های اصلی تشخیص این بیماری، استفاده از اسلاید‌های دیجیتال ثبت شده از نمونه‌های سلولی است. به این صورت که متخصصان با استفاده از ویژگی‌هایی که سلول‌های سرطانی به خود می‌گیرند، می‌توانند آن‌ها را از سلول‌های عادی تیروئید تشخیص دهند و مقدار درگیری نمونه به سرطان را تشخیص دهند. هدف از این پروژه این است که با به کارگیری روش‌های مبتنی بر یادگیری ماشین و پردازش تصویر، مدلی آموزش دهیم که با استفاده از اسلاید‌ها، تشخیصی با دقت بالا انجام دهد. از آنجایی که تشخیص این سرطان به این روش توسط نیروی متخصص بسیار زمانبر است، این مدل می‌تواند دستیار و کمک بسیار خوبی برای آن‌ها باشد.

کلیدواژه‌ها: یادگیری ماشین، پردازش تصویر، سرطان تیروئید، بدخیم، اسلاید‌های دیجیتال

فهرست مطالب

۱۰	۱	مقدمه
۱۱	۱-۱	تعریف مسئله
۱۱	۲-۱	چالش‌های مسئله
۱۲	۳-۱	اهمیت موضوع
۱۲	۴-۱	ساختار پایان‌نامه
۱۳	۲	مفاهیم اولیه
۱۳	۱-۲	سرطان تیروئید
۱۳	۱-۱-۲	انواع سرطان تیروئید
۱۴	۲-۱-۲	روش‌های تشخیص سرطان تیروئید
۱۶	۳-۱-۲	اسلایدهای دیجیتال
۱۷	۲-۲	شبکه عصبی پیچشی و یادگیری عمیق
۱۹	۳	کارهای پیشین
۲۲	۴	روش‌های پیشنهادی
۲۲	۱-۴	مجموعه داده
۲۳	۱-۱-۴	اطلس ژنوم سرطان تیروئید

۲۴	۲-۱-۴ پاپ سوسایتی اطلس تیروئید
۲۴	۳-۱-۴ پایگاه داده ریزآرایه بافت استنفورد
۲۴	۲-۴ استخراج قسمت‌های حاوی اطلاعات از اسلاید
۳۰	۳-۴ داده افزایی
۳۵	۴-۴ آموزش مدل
۳۵	۱-۴-۴ مدل‌های مورد بررسی
۳۶	۲-۴-۴ آموزش مدل‌ها و خروجی
۳۹	۵ نتیجه‌گیری

فهرست تصاویر

۱-۲	نمونه اسلاید اسکن شده از غده تیروئید	۱۶
۲-۲	نمونه اسلاید اسکن شده از غده تیروئید با رنگ امیزی های متفاوت	۱۷
۳-۲	ساختر پایه معماری شبکه عصبی پیچشی	۱۸
۱-۴	نمودار جریان داده	۲۳
۲-۴	نمونه ای از مجموع داده ریزآرایه استنفورد	۲۵
۳-۴	نمودارهای توزیع تعداد قطعه عکس های تولید شده و درصد قطعه عکس های تولید شده نسبت به تعداد کل	۲۶
۴-۴	تغیرات تابع هدف و آستانه برای فیلتر عکس های فاقد اطلاعات	۲۸
۵-۴	نواحی استخراج شده و ماسک های مرتبط	۲۹
۶-۴	نمونه ای از داده افزایی تغییر رنگ	۳۲
۷-۴	نمونه ای از داده افزایی تطبیق دامنه فوریه	۳۳
۸-۴	نمونه ای از داده افزایی ادغام تصویر	۳۴
۹-۴	نمودار دقت در هر دوره آموزش	۳۷

فهرست جداول

۱-۴ دقت روش لایپلاسین برای تشخیص نواحی پس زمینه از غیر پس زمینه	۳۰
۲-۴ نتایج آموزش با مدل های مختلف و روش های داده افزایی متفاوت بر روی مجموع دو مجموع داده پاپسوسایتی و ریزآرایه بافت استنفورد	۳۸

فصل ۱

مقدمه

یادگیری ماشین و به خصوص پردازش تصویر امروزه یکی از پر کاربردترین تکنولوژی‌های روز دنیا است که در حوزه‌های مختلف صنعتی، پزشکی، شهری، امنیتی، علمی و فنی کاربرد فراوانی دارد. پردازش تصویر امروزه بیشتر به موضوع پردازش تصویر دیجیتال گفته می‌شود که شاخه‌ای از پردازش سیگنال است که با پردازش سیگنال دیجیتال که نماینده تصاویر برداشته شده با دوربین دیجیتال یا اسکن شده توسط اسکنر هستند سروکار دارد.

تشخیص سرطان تیروئید با استفاده از پردازش تصویر یکی از موضوعات تحقیقاتی است که از مدت‌ها پیش مورد توجه پژوهشگران بوده است. تشخیص این سرطان به معنی تشخیص وجود سلول‌های سرطانی در نمونه مورد بررسی است که ویژگی‌های متفاوتی از سلول‌های عادی دارند.

قبل از ادامه کار باید با دو کلمه در ادبیات پزشکی مربوط به سرطان آشنا شد. بیوپسی^۱ یک آزمایش پزشکی است که معمولاً توسط جراح، رادیولوژیست یا متخصص قلب و عروق انجام می‌شود. این فرآیند شامل استخراج سلول‌ها یا بافت‌های نمونه برای بررسی و تعیین وجود یا وسعت بیماری است. کلمه‌ی دیگر، پتالوژی^۲ علم علل و عوارض بیماری‌ها، به شاخه‌ای از پزشکی می‌گویند که به بررسی آزمایشگاهی نمونه‌های بافت بدن برای اهداف تشخیصی یا پزشکی قانونی می‌پردازد. یکی از راه‌های تشخیصی سرطان تیروئید، بیوپسی غده و بعد از آن بررسی نمونه توسط پتالوژیست^۳ است. پزشک متخصص نمونه را در زیر میکروسکپ مورد بررسی قرار می‌دهد و ناحیه‌های مشکوک را تشخیص می‌دهد. با توجه به اندازه

¹Biopsy

²Pathology

³Pathologist

نمونه و اسلامیدها، این فرآیند ممکن است ساعتها به طول بیانجامد و فرآیندیست که به دقت بالایی نیازمند است. تصویربرداری کل اسلاید^۴، به عنوان مثال، اسکن و دیجیتالی کردن اسلامیدهای بافت شناسی، اکنون در سراسر جهان در آزمایشگاههای آسیب شناسی مورد استفاده قرار می‌گیرد. در گذشته راهکارهای ارائه شده برای حل این مسئله توسط کامپیوترها و با استفاده از تصویربرداری کل اسلاید، مبتنی بر روش‌های کلاسیک طبقه‌بندی و پیدا کردن ویژگی‌های سلولی به صورت دستی بوده است، اما با روی کار آمدن شبکه‌های عمیق، نتایج بهتری قابل کسب است که به دقت تشخیص و تسريع آن کمک می‌کند.

۱-۱ تعریف مسئله

در این پژوهش، هدف ارائه‌ی راه حلی برای تشخیص سرطان تیروئید و طبقه‌بندی وضعیت آن از روی اسلامیدهای دیجیتال کل سایتولوژی است. به این صورت است که مجموع داده‌هایی از اسلامیدهای دیجیتال معرفی می‌شوند. سپس از این داده‌ها برای آموزش و ارزیابی مدل‌های مبتنی بر شبکه‌های عمیق برای طبقه‌بندی وضعیت تیروئید استفاده می‌شود. طبقه‌بندی‌هایی که در این پژوهش مورد بررسی قرار می‌گیرند در قسمت اول بدخیم و خوشخیم بودن غده تیروئید است و بعد از آن نیز مدلی برای تشخیص سلول‌های توموری توسعه داده می‌شود.

۲-۱ چالش‌های مسئله

تقسیم‌بندی خودکار بافت تومور به افزایش دقت، سرعت و تکرارپذیری تحقیق کمک می‌کند. در گذشته نه چندان دور، تکنیک‌های مبتنی بر یادگیری عمیق، نتایج پیشرفت‌های را در طیف گسترده‌ای از وظایف تحلیل تصویر، از جمله تجزیه و تحلیل اسلامیدهای دیجیتالی، ارائه کرده‌اند. با این حال، راه حل‌های مبتنی بر یادگیری عمیق، چالش‌های بسیاری از جمله، نبود داده عمومی کافی، اندازه‌ی بزرگ اسلامیدهای کل، ناهمگونی در تصاویر و پیچیدگی ویژگی‌ها را به همراه دارند.

⁴Whole Slide Image

۳-۱ اهمیت موضوع

سرطان تیروئید یکی از سرطان‌های شایع بین انسان‌ها است که تشخیص سریع و زودهنگام آن بسیار در درمان غده موثر است. همانطور که پیشتر نیز گفته شد، فرآیند تشخیص سرطان از روی اسلامیدهای کل، به دلیل اندازه بزرگ این اسلامیدهای، فرآیندی بسیار وقت‌گیر است، از این روی، استفاده از فرآیندهای خودکار مبتنی بر یادگیری ماشین که دقت بالایی را نشان دهند، از هدر رفت وقت متخصصان جلوگیری می‌کند و از سوی دیگر فرآیند تشخیص را تسريع می‌بخشد.

۴-۱ ساختار پایان‌نامه

در فصل اول این پایان‌نامه به مسئله و مقدمات آن پرداخته شد. فصل دوم شامل مفاهیم اولیه مورد نیاز برای مسئله و راه حل پیشنهادی ارائه شده است. در فصل سوم به کارهای پیشین که در این زمینه انجام گرفته است، اشاره شده است. در فصل چهارم، مجموع دادگان، چالش‌ها، پیش‌پردازش داده‌ها، شبکه‌های عمیق استفاده شده و روش‌های بهبود مورد بحث قرار می‌گیرند و در آخر مطالب بیان شده در فصل پنجم جمع‌بندی شده است.

فصل ۲

مفاهیم اولیه

در این فصل به بررسی برخی مفاهیم اولیه مورد نیاز در این پایان نامه پرداخته می‌شود.

۱-۱ سرطان تیروئید

غده تیروئید یک غده پروانه‌ای شکل است که در قسمت تحتانی گردن قرار دارد. این غده وظیفه کنترل متابولیسم و سوخت و ساز بدن را به عهده دارد. علاوه بر این، تیروئید هورمون‌هایی تولید می‌کند که وظیفه تنظیم دمای بدن، میزان سوخت و ساز و مصرف اکسیژن را انجام می‌دهد. سرطان تیروئید زمانی رخ می‌دهد که سلول‌های غده تیروئید بر اثر عواملی، دچار تغییر می‌شوند و بعد از آن سلول‌های دارای ناهنجاری شروع به تکثیر می‌کنند و به تدریج تومور تیروئید را تشکیل می‌دهند. سرطان تیروئید در صورتی که زودهنگام تشخیص داده شود یکی از قابل درمان‌ترین انواع سرطان است.

۱-۱-۲ انواع سرطان تیروئید

سرطان تیروئید انواع مختلفی دارد که در هر کدام، ویژگی‌ها سلول متفاوت است.

- سرطان پاپیلاری^۱: این سرطان در ناحیه‌های کوچکی از بدن پخش می‌شود و حدود ۸۰ درصد از نمونه سرطان‌های تیروئید رو تشکیل می‌دهد و در سلول‌های فولیکولی تولید کننده تیروگلوبولین

¹Papillary Carcinomas

در تیروئید شروع می‌شود.

- سرطان فولیکولار^۲: این نوع از سرطان در ناحیه بزرگتری از بدن و در زمان کمتری پخش می‌شود و حدود ۱۵ درصد از نمونه سرطان‌های تیروئید را تشکیل می‌دهد.
- سرطان مدولار^۳: این نوع از سرطان حدود ۳ درصد از جمعیت کل بیماران سرطان غده تیروئید را تشکیل می‌دهد که از سلول‌های تولید کننده کلسی تونین در تیروئید ناشی می‌شود.
- انواع نادر دیگر

هر کدام از انواع سرطان اشاره شده در قسمت اخیر را می‌توان با توجه به سطح خطری که آن‌ها برای بیماران دارند نیز دسته‌بندی کرد. این دسته‌بندی مربوط به نوع سرطان تیروئید نیست و می‌توان سرطان‌های دیگری را نیز با این معیار دسته‌بندی کرد.

- سرطان بدخیم^۴: تومور بدخیم دارای مرزهای نامنظم است، سریعتر از یک تومور خوش‌خیم رشد می‌کند و می‌تواند به سایر قسمت‌های بدن شما نیز سراپت کند.
- سرطان خوش‌خیم^۵: تومور خوش‌خیم دارای مرزهای مشخص، صاف و منظم است، یک تومور خوش‌خیم می‌تواند بسیار بزرگ شود اما به بافت مجاور حمله نمی‌کند.

۲-۱-۲ روش‌های تشخیص سرطان تیروئید

برای تشخیص این سرطان روش‌های بسیاری وجود دارد. از جمله این روش‌ها می‌توان به موارد زیر اشاره کرد.

- معاينه فيزيكى: در اين روش پزشك با معاينه بيمار به صورت فيزيكى و بررسى ناحيه تيروئيد ممکن است متوجه غده سرطاني شود.
- سى تى اسکن^۶: اين آزمایش با استفاده از پرتوهای اشعه ايکس و به منظور تشخيص سايز و ميزان انتشار تومورهای سرطاني تيروئيد در سایر بخش‌های بدن انجام می‌شود. به طور مثال، اگر فردي

²Follicular Carcinomas

³Medullary Carcinoma

⁴Malignant Carcinomas

⁵Benign Carcinomas

⁶Computed Tomography (CT) scan

مشکوک به سرطان تیروئید باشد، سی تی اسکن از ناحیه گردن و قفسه سینه یا قسمت دیگری از بدن مانند شکم نیز انجام می شود.

- بیوپسی: در صورت وجود توده در ناحیه گردن، پزشک با استفاده از یک سوزن نازک، اقدام به نمونه برداری از بافت توده می کند تا وجود احتمالی سرطان را با استفاده از انجام آزمایشات روی این نمونه تشخیص دهد.

- روش های دیگر از جمله آزمایش های خون و ژنتیک، سونوگرافی گردن، اسکن رادیو یودین^۷ و ...

همانطور که اشاره شد، یکی از روش های تشخیص سرطان تیروئید، بیوپسی است. در ادامه به جزیيات بیشتری از این روش پرداخته می شود زیرا در مرحله اول روش استاندارد طلایی تشخیص این سرطان است و همچنین در این پژوهش، تمرکز کلی و ارایه روش های هوش مصنوعی مبتنی بر این روش خواهند بود.

تشخیص سرطان تیروئید به روش بیوپسی

روش اصلی تشخیص این سرطان بیوپسی است. در صورتی که پزشک تشخیص دهد که بیمار نیاز به بیوپسی دارد، اسانترین راه برای تشخیص سرطانی بودن توده، نمونه برداری سوزنی^۸ است. این نوع بیوپسی در بعضی مواقع می تواند، در کلینیک و دفتر پزشک انجام شود.

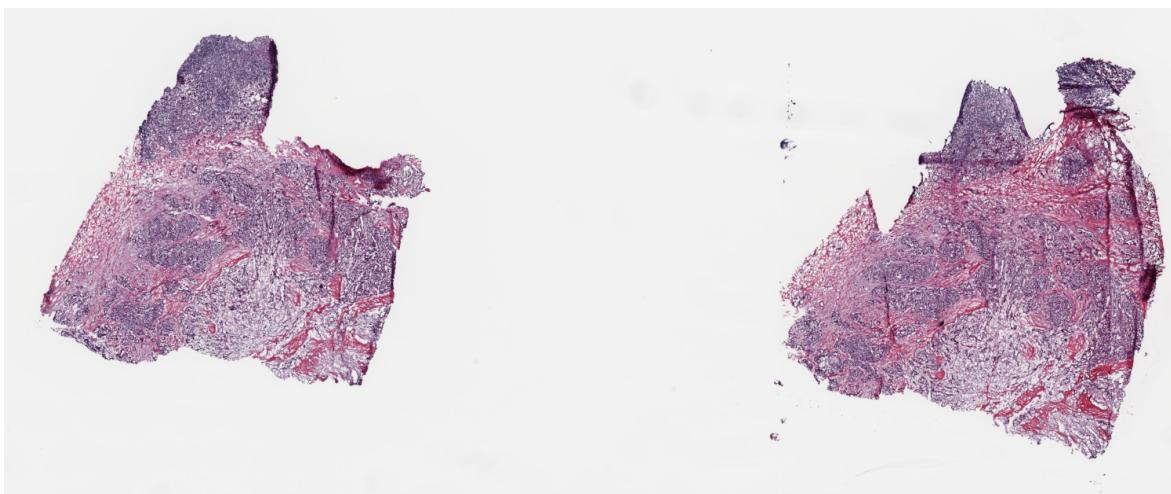
پزشک یک سوزن نازک و توخالی را مستقیماً در غده قرار می دهد تا تعدادی سلول و چند قطره مایع را داخل سرنگ ببریزد. دکتر ممکن است این فرآیند را دو یا سه بار تکرار کند تا از مکان های مختلف غده نمونه برداری کند. نمونه های گرفته شده، سپس در زیر میکروسکوپ توسط متخصصین مورد بررسی قرار می گیرد تا از روی ویژگی های سلول های سرطانی از جمله شکل، اندازه، رنگ، هسته سلول، ساختار سلول ها و ... فرآیند تشخیص کامل شود.

برای راحتی کار یا انجام فرآیند بررسی یه صورت ریموت، می توان این نمونه ها را توسط دستگاه هایی اسکن کرد تا اسلاید دیجیتالی از آنها ایجاد شود. به این روش تصویر برداری تمام لغزشی^۹ می گویند. از مزایای دیگر این روش این است که اسلایدها به صورت فایل های دیجیتال در می آیند، که می توانند

⁷ Radioiodine scans

⁸ Fine Needle Aspiration (FNA)

⁹ Whole Slide Imaging



شکل ۲-۱: نمونه اسلاید اسکن شده از غده تیروئید

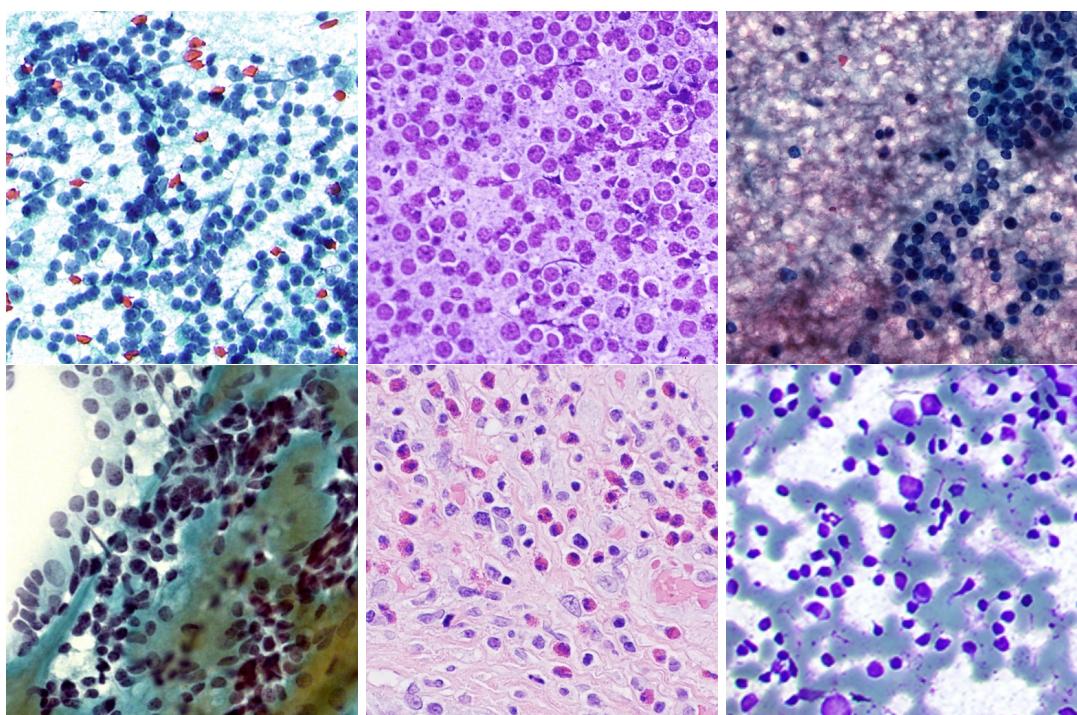
به اشتراک گذاشته شوند و در فرآیندهای آموزشی و تحصیلی و حتی یادگیری ماشین مورد استفاده قرار گیرند.

۳-۱-۲ اسلایدهای دیجیتال

همانطور که در قسمت قبل گفته شد، نمونه‌های تهیه شده از ناحیه‌های مشکوک بیمار از غده تیروئید، توسط دستگاه‌هایی اسکن می‌شوند و به صورت تصاویری دیجیتال در می‌آیند که برای کامپیوتراهای قابل خواندن هستند. قبل از اینکه این نمونه‌ها توسط دستگاه اسکن شوند ممکن است فرآیندی روی نمونه‌ها انجام شود تا سلول‌ها در زیر میکروسکپ و یا در تصویر دیجیتال به خود رنگ بگیرند. این کار به متخصصین کمک می‌کند تا سلول‌ها را راحت‌تر از دیگر مواد داخل نمونه تشخیص دهند و این باعث افزایش دقت تشخیص می‌شود. به همین دلیل اسلایدهای تهیه شده به این روش، ممکن است رنگ‌های مختلفی به خود بگیرند.

نمونه‌ای از این اسلایدها در شکل [شکل ۱-۲](#) آمده است که از مجموع داده [\[۱\]](#) برداشته شده که اندازه‌ی تصویر اصلی آن برابر با $۳۰۰\,۷۷ \times ۱۴۲۴۰$ پیکسل است.

عکس‌های دیگر از این نمونه‌ها که توسط روش‌های مختلف رنگ آمیزی شده‌اند نیز در شکل [شکل ۲-۲](#) آمده است. منبع این شش تصویر نیز مجموع داده [\[۲\]](#) است. این اسلایدها معمولاً ابعاد بسیار بزرگی دارند و ممکن است تا بزرگنمایی ۴۰ برابر را پشتیبانی کنند. به همین دلیل ممکن است



شکل ۲-۲: نمونه اسلايد اسکن شده از غده تیروئید با رنگ امیزی های متفاوت

حجمی بین چند مگابایت تا چند گیگابایت را به خود بگیرند.

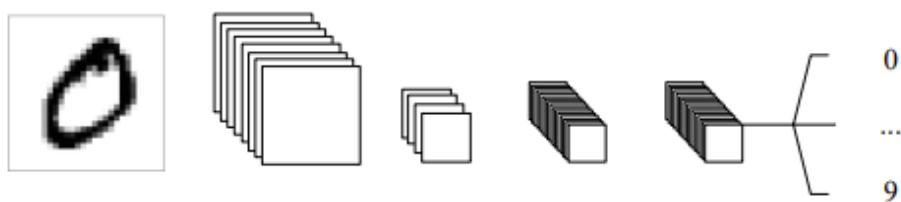
۲-۲ شبکه عصبی پیچشی و یادگیری عمیق

شبکه عصبی پیچشی^{۱۰} یک معماری یادگیری عمیق^{۱۱} است که می‌تواند یک تصویر ورودی را گرفته، به جنبه‌ها یا اشیای مختلف آن تصویر از طریق وزن دهی قابل یادگیری، اهمیت بخشد و بتواند یکی را از دیگری متمایز کند. معماری شبکه‌های عصبی پیچشی مشابه الگوی اتصال نورون‌ها در مغز انسان است و از ساختار قشر بصری الهام گرفته است.

معماری شبکه عصبی پیچشی ابتدا در سال ۲۰۱۵ و در مقاله [۳] معرفی شد که در تصویر ۳-۲ آمده است. ساختار کلی آن، از تعدادی لایه‌های پیچشی تشکیل شده است که در هر لایه تعدادی کanal وجود دارد که هر کدام به طور مستقل از ماتریس‌های هسته آن لایه و خروجی لایه قبل به وجود می‌آیند.

¹⁰Convolutional Neural Network

¹¹Deep Learning



شکل ۲-۳: ساختار پایه معماری شبکه عصبی پیچشی

عملکرد این معماری برای گروهبندی تصاویر در بسیاری از موارد بالا است و شبکه‌هایی با این معماری وجود دارند که در پردازش تصویر به دقت انسان‌ها رسیده و حتی در مواردی دقیقی بیشتر از انسان را داشته‌اند. به همین دلیل در سال‌های اخیر، معماری پایه‌ی بسیاری از پژوهش‌ها است. این معماری پایه‌ی بسیاری از شبکه‌های عصبی دیگر برای پردازش تصویر است.

فصل ۳

کارهای پیشین

در سال‌های گذشته برای تشخیص سرطان تیروئید و گروه‌بندی‌های آن کارهایی مبتنی بر یادگیری ماشین انجام گرفته است. این پژوهش‌ها بر روی مجموع داده‌های مختلف و با اهداف متفاوتی شکل گرفته‌اند. در دسته‌ای از این پژوهش‌ها هدف تشخیص کلی وجود یا عدم وجود سرطان تیروئید بوده است. در گروهی دیگر هدف تشخیص نوع سرطان (پاپیلاری، فولیکولار، مدولاری) و زیرگروه‌های هر کدام بوده است. گروهی تمرکز خود را بر روی نوعی خاص از انواع سرطان تیروئید گذاشته و وجود یا عدم وجود آن را در داده‌ها بررسی می‌کنند. هدف تعدادی از این پژوهش‌ها پیشینی معیار TBSR^۱ بوده است. این معیار وضعیت غده تیروئید را به شش گروه در ادامه این فصل، به بررسی تعدادی از کارهای پیشین انجام شده در این زمینه می‌پردازیم.

در سال ۲۰۱۹ پژوهش [۴] در باب این مسئله چاپ شد. هدف اصلی این پژوهش، تشخیص سرطان تیروئید با استفاده از تصاویر سونوگرافیک و مبتنی بر روش‌های شبکه‌های عصبی پیچشی عمیق^۲ بوده است. ورودی مدل، تصاویر معمولی سونوگرافی از غده و خروجی مدل وجود یا عدم وجود ناحیه‌های سرطانی بوده است.

در همان سال در پژوهش آزمایشی [۵] گوان و همکاران، هدف خود را ابتدا طبقه‌بندی سرطان تیروئید به سه گروه فولیکولار ادنوما^۳ و فولیکولار کارسینوما^۴ و پاپیلاری کارسینوما^۵ قرار داده و در مرحله بعد

¹The Bethesda System for Reporting

²Deep Convolutional Neural Network - DCNN

³Follicular Adenoma

⁴Follicular Carcinoma

⁵Papillary Carcinoma

سعی کردند دسته فولیکولار کارسینوما را به چهار زیرگروه دیگر طبقه‌بندی کنند. این تیم، از اسلامیدهای سیتولوژی دیجیتال استفاده کردند و نتایج خود را بروی هر دو مدل VGG16 و InceptionV3 گزارش کردند. در این پژوهش، از اسلامیدهای تصاویر کوچکتری استخراج شد و از این تصاویر برای آموزش مدل‌ها استفاده شد. در نهایت بهترین نتیجه را با مدل VGG16 و با دقت ۶۶.۹۷ بروی تصاویر استخراج شده کسب کردند.

باز در همین سال، مقاله [۶] منتشر شد که هدف آن تشخیص بدخیم و یا خوشخیم بودن غله تیروئید بوده است. در این پژوهش از تصاویر سونوگرافی استفاده کردند، اما اینبار هر دو دامنه فضایی عکس و دامنه فوریه عکس را مورد بررسی قرار دادند. معماری سیستم توسعه داده شده بدین صورت است که، تصاویر ابتدا وارد طبقه‌بند مبتنی بر فوریه می‌شوند. در این قسمت توزیع مولفه‌های فویر مورد بررسی قرار می‌گیرد و با توجه به آن پیش‌طبقه‌بندی بر روی تصویر انجام می‌شود. در نهایت خروجی قسمت قبل، وارد شبکه عمیقی می‌شود که طبقه‌بندی نهایی را انجام می‌دهد. شبکه عمیق به کار رفته در این قسمت از نوع ResNet تغییر یافته بوده که جزیيات بیشتری در مورد معماری آن در فصل‌های آندر آمده است.

در پژوهش دیگر [۵] که در سال ۲۰۲۰ میلادی منتشر شد، دنیل و همکاران خود سیستمی را توسعه دادند تا معیار TBSR را از روی اسلامیدهای دیجیتال پیشینی کنند. این تیم در ابتدا با استفاده از شبکه VGG11 مدلی را آموزش دادند تا ناحیه‌های مورد نظر^۶ یک اسلامید را تشخیص دهد. برای این کار اسلامیدهای را به صورت تصادفی به ناحیه‌های مختلف تقسیم کرند و مدل را بر روی این تصاویر آموزش دادند. سپس باز با استفاده از شبکه VGG11 شبکه‌ی مستقل دیگری را آموزش دادند تا با به کارگیری ناحیه‌های مورد نظر بدست آمده، TBSR نمونه را پیشینی کند.

در سال ۲۰۲۱ نیز در پژوهش [۴] سعی بر این شد مدلی برای تشخیص سرطان تیروئید از نوع پاپیلاری توسعه داده شود. در این مسیر، روش‌های مختلف و مدل‌های مختلفی مورد بررسی قرار گرفتند و مقایسه‌ای از عملکرد هر یک گزارش شد. دو روشی که در این پژوهش مورد بررسی قرار گرفتند به صورت زیر هستند.

- طبقه‌بندی بر اساس ویژگی

قدم اول این روش، مرزبندی^۵ است که در آن، هدف مشخص کردن ناحیه‌های مربوط به هسته و سلول است. برای بدست آوردن مرزبندی مناسب از شبکه UNet استفاده شد. این شبکه ابتدا

⁶Region Of Interest

⁷Segmentation

در سال ۲۰۱۵ و در مقاله [۹] معرفی شد. این شبکه، یک معماری رمزگذار-رمزگشای U شکل است که از چهار بلوک رمزگذار و چهار بلوک رمزگشا تشکیل شده است. پلهایی بین رمزگذار و رمزگشا وجود دارد که آنها را به هم متصل می‌کند و جریان اطلاعات را کامل می‌کند. این اتصالات منجر به الحق ویژگی‌های متفاوت از نظر معنایی می‌شود که عملکرد شبکه را برای مرزبندی بهبود می‌دهد. برای فرآیند استخراج ویژگی، تصاویر تیروئید، مرزبندی‌های مرتبط و ماسک‌های تهیه شده از سلول‌ها استفاده شده است تا ویژگی‌های مختلف سلول بحسبت بیایند. در مرحله بعد، ویژگی‌های بحسبت آمده جمع می‌شوند و روی آنها پیش‌پردازش انجام می‌گیرد تا مورد استفاده مدل برای طبقه‌بندی قرار گیرند. الگوریتم‌های متفاوت و کلاسیکی مانند طبقه‌بندی بردار پشتیبانی، نزدیک‌ترین همسایه، بیز ساده گوسی و ... برای این کار مورد آزمایش قرار گرفت که در نهایت بهترین آنها انتخاب گردید.

• طبقه‌بندی مبتنی بر یادگیری عمیق

این روش، روش مستقیمی برای طبقه‌بندی به حساب می‌آید، به همین دلیل نیاز به استخراج ویژگی به صورت دستی نیست و قدم‌ها مورد نیاز برای طبقه‌بندی به شدت کاهش پیدا می‌کنند. باید توجه شود که در روش اول، از یادگیری عمیق تنها برای مرزبندی تصاویر استفاده شد و برای طیقه‌بندی نهایی، الگوریتم‌های کلاسیک به کار گرفته شدند، از این جهت پیچیدگی مرزبندی روش اول به تنها ی با پیچیدگی روش دوم برابر می‌کند. برای کاهش زمان آموزش مدل‌ها نیز، از مدل‌های از پیش آموزش داده شده بر روی مجموع داده [ImageNet] [۱۰] استفاده شد. در نهایت قبل از استفاده از داده‌ها، روش‌های مختلف از جمله چرخش تصویر، آینه کردن، متعادل سازی هسیتوگرام تصویر^۸، تطبیق دامنه فوریه و ... برای داده‌افزایی به کار گرفته شد.

بهترین نتیجه‌ای که توسط این پژوهش گزارش شد، از روش مبتنی بر ویژگی و با دقت‌های ۸۳ و ۸۹ بر روی دو مجموع داده بدست آمد. در هر دو مجموع داده دقت روش مبتنی بر ویژگی بالاتر از روش یادگیری عمیق بوده، اما در پایان، پیشنهاد شد که برای مجموع داده‌های کوچک‌تر و مرزی‌تر (منظور از مرزی بودن داده در اینجا این است که به سادگی نمی‌توان به گروه‌های مورد نظر طبقه‌بندی کرد) از روش مبتنی بر ویژگی و برای مجموع داده‌های بزرگ‌تر و کلی‌تر از روش مبتنی بر یادگیری عمیق استفاده گردد.

^۸Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization

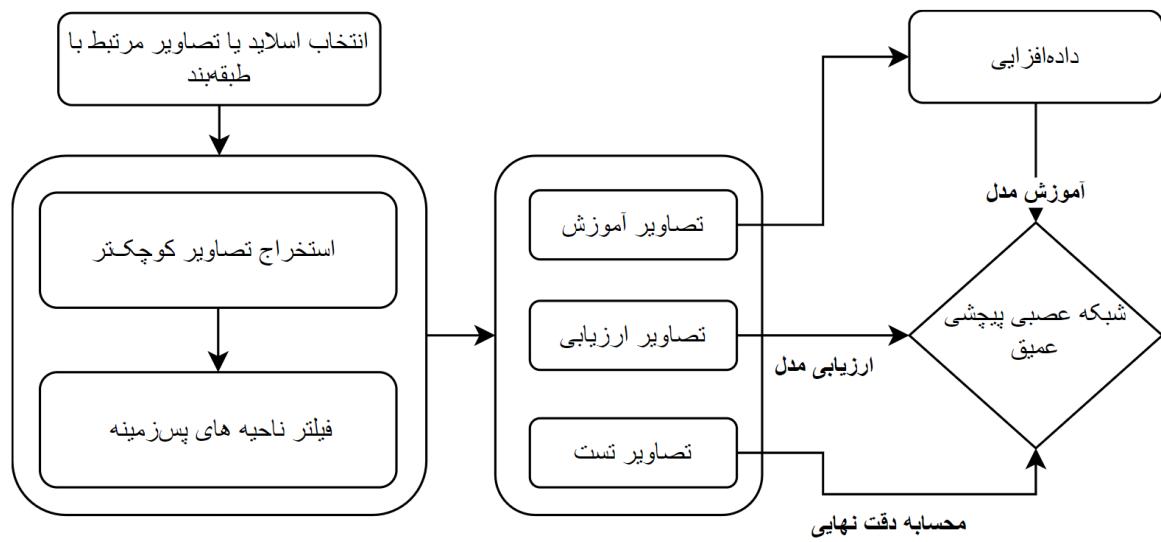
فصل ۴

روش‌های پیشنهادی

در این پژوهش سعی شده با استفاده از این روش و با استفاده از اسلایدهای دیجیتال ثبت شده از بیمار که شامل سلول‌های غده تیروئید هستند، روشی برای تشخیص سریع تر و دقیق تر سرطان تیروئید ارائه شود. نمودار جریان داده را در شکل ۱-۴ آمده است.

۱-۴ مجموعداده

یکی از چالش‌هایی که در حل این مسئله با آن روبرو هستیم، نبود مجموعداده مناسب و با دسترسی عمومی است و گام اول برای این پژوهش به حساب می‌آید. در سال ۲۰۱۰ مقاله [۱۱] منتشر شد که هدف آن تشخیص سرطان با به کارگیری اسلایدهای ناحیه‌های سر و گردن بوده است. این پژوهش، بعد از آموزش مدل بر روی مجموعداده خصوصی تهیه شده، سعی شد تا برای ارزیابی خارجی، مدل را بر روی مجموعداده عمومی ۲۰۱۶ CAMELYON تست کنند. این مجموعداده در چالشی در سال ۲۰۱۶ منتشر شد که شرکت کنندگان باید از آن برای حل مسئله استفاده می‌کردند. هدف اصلی این چالش تشخیص سرطان سینه بوده و مجموعداده نیز شامل اسلایدها و برچسب‌هایی مربوط به این سرطان بوده است. در مقاله‌ای دیگر [۸] مجموعداده عمومی از اسلایدهای دیجیتال و برچسب‌های آن تهیه شد. هدف آن تشخیص پاپیلاری بودن یا نبودن غده تیروئید بوده است که علیرغم اعلام نویسنده، موفق به تماس برای دریافت مجموعداده نشدیم. با توجه به گفته‌های اخیر، جمع آوری داده یکی از بخش‌های مهم این پژوهه است تا با آن بتوان مدل را به خوبی آموزش داد و عملکرد خوبی را دریافت کرد. در ادامه



شکل ۴-۱: نمودار جریان داده

به مجموع داده‌هایی که تهیه شد و درنهایت برای آموزش و ارزیابی مدل به کار گرفته شد اشاره می‌کنیم.

۱-۱-۴ اطلس ژنوم سرطان تیروئید

اطلس ژنوم سرطان تیروئید^۱ بخشی از یک تلاش بزرگتر برای ایجاد یک جامعه تحقیقاتی متمرکز بر اتصال فنتوپ‌های^۲ سرطان به ژنوتیپ‌ها^۳ با ارائه تصاویر بالینی منطبق با افراد از اطلس ژنوم سرطان [۱۲] است. این پروژه شامل اطلاعات ۵۰۷ بیمار است که هدف اصلی آن، بررسی سرطان تیروئید در این بیماران است. این اطلاعات شامل توالی دی‌ان‌ای، جنسیت، سن، داده‌های بالینی از بررسی بیمار توسط پزشک، اسلایدهای دیجیتال نمونه برداری شده از غده، درصد سلول‌های توموری و سالم و بسیاری موارد دیگر است. تعداد کل اسلایدهای جمع آوری شده مورد استفاده ما از این پروژه ۶۳۹ عدد است که در مجموع حجمی بالغ بر ۱۰۵ گیگابایت دارند. برای هرکدام از این اسلایدها سه برچسب درصد سلول‌های عادی، درصد سلول‌های سرطانی و درصد سلول‌ها استورمال آمده است که ما نیز از این برچسب‌ها برای مسئله خود استفاده می‌کنیم. از بین این اسلایدها و با توجه به درصد سلول‌ها نرمال، توموری و استورمال، تعداد کل ۱۸۲ اسلاید انتخاب شد که در بین آن‌ها، ۱۰۶ اسلاید صدرصد توموری

¹The Cancer Genome Atlas-Thyroid Cancer/TCGA-THCA

²Phenotypes

³Genotypes

و ۷۶ اسلاید آن، صد درصد عادی است. نمونه‌ای از اسلاید این مجموع داده در ۱-۲ و در فصل قبل آمده است. در صورت نیاز، جزئیات بیشتری از این مجموع داده در آدرس [۱] قرار دارد.

۲-۱-۴ پاپ سوسایتی اطلس تیروئید

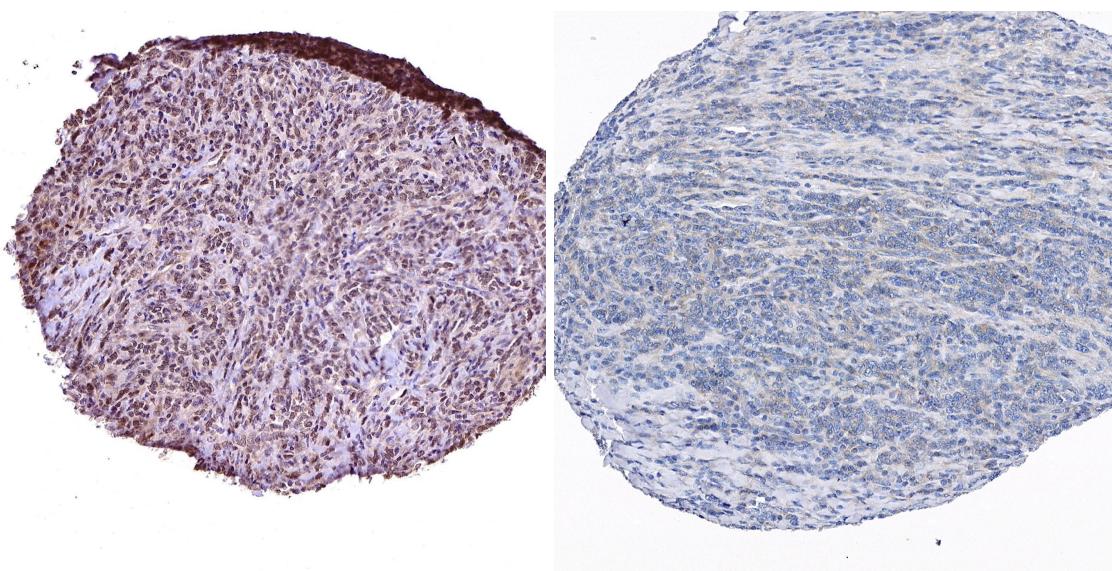
پاپ سوسایتی، انجمنی است که به عنوان یک شرکت اداره می‌شود و منحصرأ به عنوان یک مؤسسه خیریه معاف از مالیات برای سازمان‌های علمی آموزشی، مدنی و خیریه سازماندهی شده است. اطلس تیروئید این انجمن [۲]، شامل نزدیک به ۳۰۰ تصویر از غده تیروئید و نواحی مختلف آن از اسمیر مستقیم یک نمونه برداری سوزنی است که تمامی تصاویر به طور مستقل توسط متخصصین بررسی و برچسب گذاری شده‌اند. تصاویر توسط اسکریپتی از صفحات وب این اطلس جمع آوری شد و که هر کدام از تصاویر ابعادی بین ۱۴۸۵×۱۷۵۲ و ۳۶۰×۵۲۵ را دارا هستند. مجموع تصاویر این مجموع داده حجمی ۱۲۵ مگابایتی دارند که از بین این تصاویر، ۲۶۹ عکس به عنوان، بدخیم و خوشخیم بچسب زده شده‌اند. نمونه‌هایی از تصاویر این مجموع داده در ۲-۲ و در فصل قبل آمده است.

۳-۱-۴ پایگاه داده ریزآرایه بافت استنفورد

پایگاه داده ریزآرایه بافت استنفورد [۱۳] بخش تیروئید، شامل ۲۲۵ تصویر است که تصاویر و برچسب‌های آن توسط اسکریپتی از آدرس [۱۴] استخراج شدند. هر کدام از تصاویر ابعادی بین ۲۴۷۸×۲۵۲۵ و ۱۴۴۰×۱۵۰۴ را دارا هستند و در مجموع حجم این مجموع داده ۳۵۲ مگابایت است. دو نمونه از تصاویر این مجموع داده در ۲-۴ آمده است.

۲-۴ استخراج قسمت‌های حاوی اطلاعات از اسلاید

اسلایدهایی که متخصصان از آن برای تشخیص استفاده می‌کنند، ابعاد بزرگی در حد چندده هزار پیکسل را دارند، به طوری که به هیچ‌وجه در حافظه پردازنده‌های رایج جای نمی‌گیرد. برای حل این مشکل در این پروژه سعی بر این شد که اسلایدها به تیکه‌های کوچک تر ۵۱۲×۵۱۲ عکس شکسته شوند به طوری که قابل پردازش باشند. برای پوشش سلول‌هایی که در ناحیه‌های مرزی عکس و به صورت ناقص قرار می‌گیرند، ناحیه‌ها همپوشانی ۱۰ درصد را با یکدیگر دارند. یکی از موضوعات مهمی که باید در



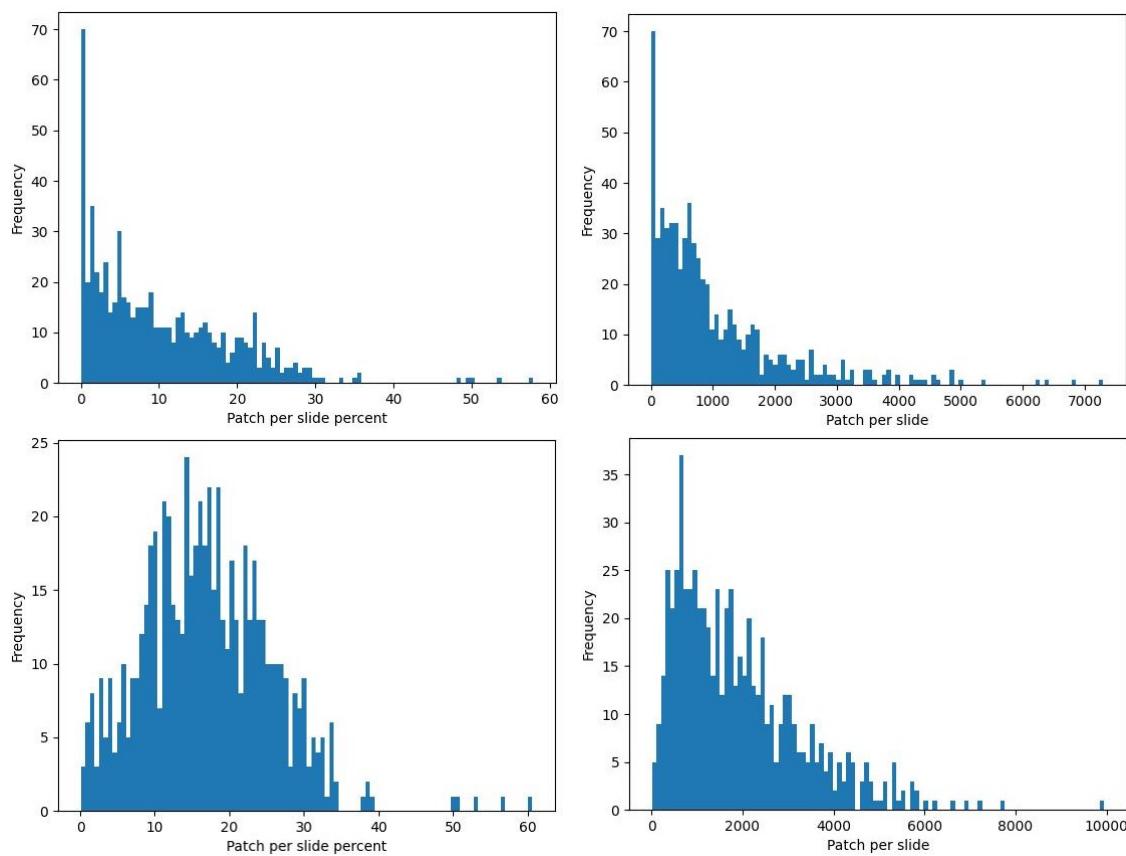
شکل ۴-۲: نمونه‌ای از مجموع داده ریزآرایه استنفورد

نظر گرفت، ناحیه‌های غیر مهم و فاقد اطلاعات است که باید در این فرآیند حذف گردند. این کار به دو دلیل انجام می‌شود. اولاً اینکه این قسمت‌ها، بخش بزرگی از اسلایدها را تشکیل می‌دهند و با حذف این موارد می‌توان در استفاده از منابع پردازشی صرفه جویی کرد و دوماً اگر تعداد زیادی از عکس‌هایی که هنگام آموزش مدل استفاده می‌کنیم، از این نوع باشند، دقت مدل کاهش پیدا می‌کند و مدل در فرآیند یادگیری با مشکل مواجه می‌شود. دلیل این امر هم این است که این عکس‌ها حاوی ویژگی‌های مورد نظر ما برای تشخیص سلول‌های سرطانی نیستند و مدل در حین فرآیند آموزش، ویژگی‌های نامربوطی را از روی این عکس‌ها یاد می‌گیرد.

برای حل این موضوع، روشی که به کار گرفته شد، استفاده از واریانس لابلسین ناحیه است. لابلسین یک عکس از محاسبه مشتق دوم روی شدت رنگ‌های پیکسل‌های آن محاسبه می‌شود و در نتیجه لبه و گوشه‌های عکس مقدار بیشتری می‌گیرد. برای محاسبه مشتق دوم برای یک عکس از رابطه ۱-۴ استفاده شده است که در آن $Im(x)$ مقدار شدت رنگ را در موقعیت x از تصویر نشان می‌دهد.

$$\begin{aligned} Im'(x) &= Im(x+1) - Im(x), \quad Im'(x+1) = Im(x+2) - Im(x+1) \\ Im''(x) &= Im(x+2) - 2 \times Im(x+1) + Im(x) \end{aligned} \quad (1-4)$$

بعد از محاسبه واریانس شدت رنگ پیکسل‌ها در لابلسین عکس و استفاده از یک آستانه عکس‌هایی که مقدار کمتری دارند فیلتر می‌شوند. به این ترتیب ناحیه‌های فاقد اطلاعات که مقدار لابلسین کمی



شکل ۳-۴: نمودارها به ترتیب از راست به چپ توزیع تعداد قطعه عکس‌های تولیدشده از هر اسلاید و درصد قطعه عکس‌های تولیدشده نسبت به تعداد کل را برای هر اسلاید به ازای آستانه اولیه ۵۰۰ و آستانه نهایی بدست آمده ۲۹۸ در قسمت پایانی را نشان می‌دهد.

نیز دارند حذف می‌شوند.

برای بدست آوردن مقدار بهینه آستانه و همچنین آزمودن این روش، به ترتیب زیر عمل شده است.

۱. ابتدا حدس اولیه ۵۰۰ برای آستانه انتخاب شد و اسلایدها با توجه به این آستانه به قطعه‌های کوچک عکس درآمدند. مقدا اولیه آستانه در این مرحله، نیاز به دقت بالایی ندارد، زیرا همانطور که در قسمت بعد نیز توضیح داده خواهد شد، از آن برای انتخاب اسلایدها استفاده می‌کنیم. این حدس اولیه نیز با مشاهده مقادیر به صورت عملی و از روی نواحی چند اسلاید انتخاب شد. توزیع تعداد و درصد قطعه عکس‌های مجموع اسلایدها در تصویر ۳-۴ آمده است.

۲. سپس سه اسلاید از پایین بازه و سه اسلاید از بالای بازه مشخص شده در نمودار توزیع قطعه

عکس‌ها انتخاب شدند. سه اسلاید بالای بازه اسلامیدهایی هستند که روش به کار رفته تعداد زیادی قطعه عکس از آن‌ها تولید کرده است و سه اسلاید پایین بازه اسلامیدهایی هستند که به دلیل نابهینه بودن آستانه، قطعه عکس‌های کمی را برای آن‌ها تولید کرده است.

۳. برای شش اسلاید انتخاب شده، به صورت دستی و با استفاده از نرم افزار [۱۵] GIMP ماسک‌های تولید شد.

۴. در قدم بعد، باید معیارهایی را برای روش به کار رفته انتخاب کرد تا با استفاده از آن‌ها بتوان آستانه بهینه را پیدا کرد و در نهایت آن را ارزیابی کرد. همانطور که در قسمت‌های قبل گفته شد، فیلتر ناحیه‌های فاقد اطلاعات، اهمیت زیادی برای ما دارد از این رو، در ارزیابی این روش علاوه بر دقت^۴، صحبت^۵ نیز عامل مهمی در کارکرد درست است. صحبت، با توجه به فرمول ۲-۴ هرچه به مقدار عددی ۱ نزدیک‌تر باشد به این معناست که ناحیه‌های بدست آمده از این روش، به احتمال بالاتری دارای اطلاعات هستند و در نتیجه ناحیه‌های فاقد اطلاعات کمتری تولید می‌شوند.

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

روش به درستی عکس را غیرپس زمینه تشخیص داده : *TruePositive(TP)*

روش به درستی عکس را پس زمینه تشخیص داده : *TrueNegative(TN)* (۲-۴)

روش اشتباه^۶ عکس را غیرپس زمینه تشخیص داده : *FalsePositive(FP)*

روش اشتباه^۷ عکس را پس زمینه تشخیص داده : *FalseNegative(FN)*

دقت روش نیز با توجه به رابطه ۳-۴ محاسبه می‌شود.

$$Accuracy = \frac{TP + TN}{TP + FP + TN + FN} \quad (3-4)$$

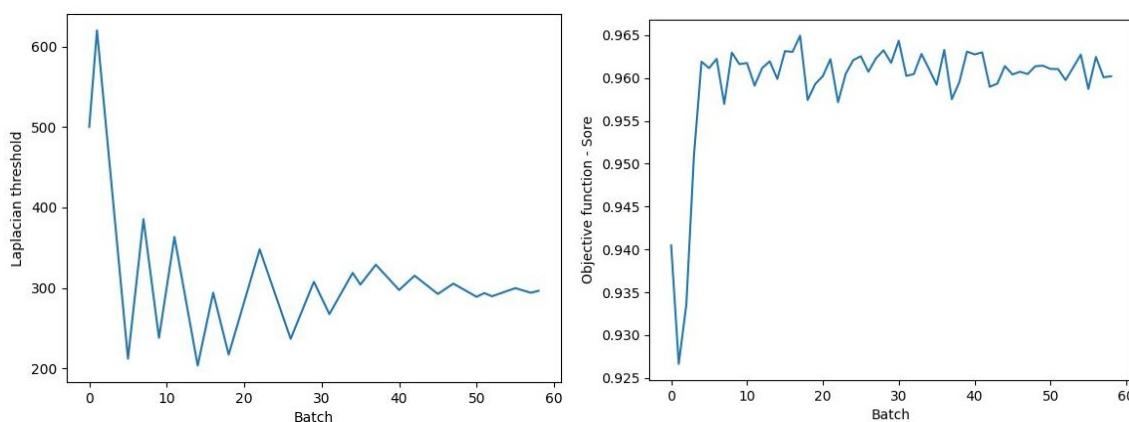
۵. حال با توجه به این دو معیار، قطعه کدی نوشته شد که شش اسلاید و ماسک‌های مربوط به آن‌ها را به عنوان ورودی می‌گیرد و با شروع از آستانه ۵۰۰ و محاسبه ماتریس درهم ریختگی^۸، در جهتی آستانه را تغییر می‌دهد تا دو معیار گفته شده بیشینه شوند. لازم به ذکر است، در نهایت از تابع هدف^۹ $0.25 \times Precision + 0.75 \times Accuracy$ استفاده شد تا

⁴Accuracy

⁵Precision

⁶Confusion Matrix

⁷Objective Function



شکل ۴-۴: به ترتیب از راست به چپ، تغییرات تابع هدف و آستانه قابل مشاهده است که در نهایت تابع هدف به مقدار ۹۶/۰ و آستانه به ۲۹۸ همگرا شده است.

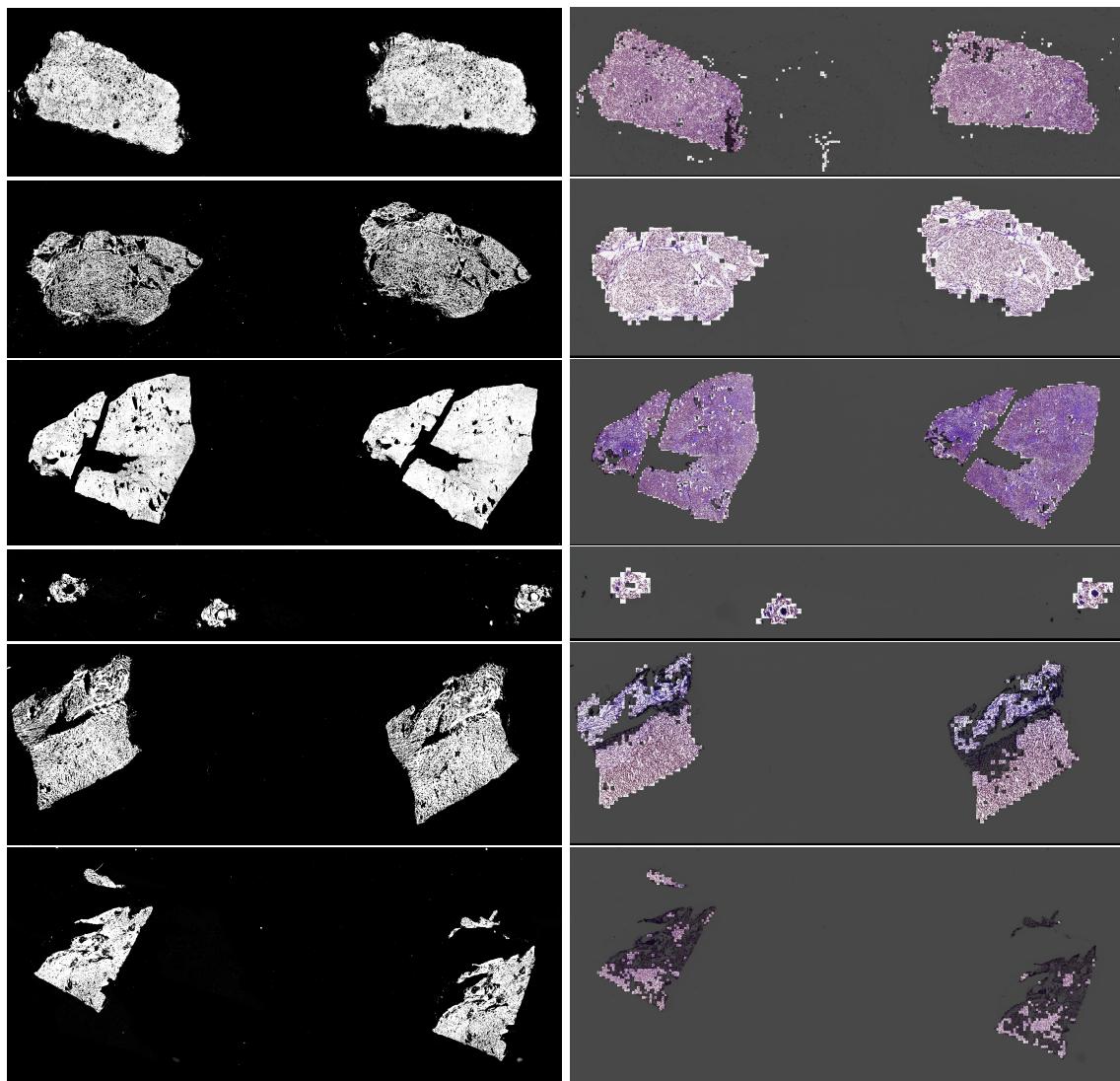
صحت مقدار پایینی به خود نگیرد. در هر دوره از اجرای کد، از هر اسلاید ۲۰۰۰ (با توجه به اینکه درصد زیادی از اسلایدها را پس زمینه تشکیل می‌دهد، عدد بزرگی انتخاب شد تا آستانه در هر دور، در جهت درستی حرکت کند) و در مجموع 6×2000 قطعه عکس مورد بررسی قرار می‌گیرد به صورتی که آستانه در جهت افزایش تابع هدف و با اندازه پرش^۸ ۱۲۰ و نرخ نزولی^۹ ۰/۸۵، کاهش و یا افزایش پیدا می‌کند. نمودار تغییرات تابع هدف و آستانه در طی اجرای برنامه در تصویر ۴-۴ آمده است که در آن‌ها تابع هدف و آستانه به ترتیب به مقادیر ۹۶/۰ و ۲۹۸ همگرا شده‌اند. اسلایدها و ماسک‌های به کار رفته آن‌ها در تصویر ۴-۵ ارائه شده است و دقت و حساسیت روش بر روی این شش اسلاید نیز در جدول ۱-۴ آمده است.

بعد از یافتن آستانه، می‌توان اسلایدها را یکی پس از دیگری خواند و نواحی مورد نیاز برای آموختش مدل را استخراج کرد. با توجه به توضیحات داده شده برای این روش استخراج، در ادامه به دو تا از مزیت‌های آن اشاره می‌کنیم:

- از آنجایی که حجم داده‌ای که با آن‌ها کار داریم بسیار زیاد است و اسلایدهای زیادی نیاز به پیش‌پردازش دارند سرعت و دقت عامل مهمی در عملکرد است. در این روش، بعد از تهیه ماسک‌ها برای شش اسلاید ذکر شده به صورت دستی و تعیین آستانه، دیگر نیاز به دخالت انسان نداریم، از این روی، این روش دقت و سرعت بالایی را دارد.

⁸Jump Size

⁹Decay Rate



شکل ۴-۵: ناحیه‌های استخراج شده شش اسلاید ۱، ۲، ۳، ۴، ۵، ۶ در آستانه ۲۹۸ و ماسک‌های مرتبط با آن‌ها

اسلاید	ماتریس درهم ریختگی	دقت	صحت
1	TP: 4624 FP: 126 TN: 14100 FN: 226	0.98	0.97
2	TP: 1103 FP: 172 TN: 3758 FN: 7	0.96	0.86
3	TP: 7615 FP: 92 TN: 20871 FN: 234	0.98	0.98
4	TP: 78 FP: 18 TN: 1880 FN: 4	0.98	0.81
5	TP: 1138 FP: 4 TN: 6671 FN: 492	0.94	0.99
6	TP: 460 FP: 0 TN: 19618 FN: 1426	0.93	0.99
In Total	TP: 15018 FP: 412 TN: 66898 FN: 2389	0.96	0.97

جدول ۴-۱: ستون اول این جدول، شماره اسلاید را مشخص می‌کند. در ستون دوم ماتریس درهم ریختگی روش لاپلاسین بر روی اسلاید آن آمده است. ستون و چهارم به ترتیب دقต و صحت روش ذکر شده برای فیلتر کردن نواحی قادر اطلاعات را نشان می‌دهد.

- همانطور که پیشتر نیز گفته شد، فایل‌های دیجیتال اسلایدها، از طریق اسکن نمونه‌ها توسط دستگاه و در زیر میکروسکوپ تهیه می‌شوند. در بعضی مواقع به دلیل شرایط فیزیکی نمونه، خطای دستگاه و یا حتی خطای انسانی ممکن است نمونه و یا قسمتی از آن به درستی اسکن نشود. این نواحی نیز علاوه بر نواحی پس زمینه اطلاعات مورد نیاز ما را ندارند و یا از دست داده‌اند و حالت بلوری به خود گرفته‌اند. با توجه به ماهیت روش استخراج ذکر شده، این مشکل در این فرآیند حل می‌شود. لاپلاسین یک تصویر حاوی اطلاعاتی نظیر گوشها و خطوط است از این روی، یکی از روش‌های اصلی تشخیص بلوری بودن تصویر است، زیرا در این تصاویر اطلاعاتی مانند خطوط اندکی محو می‌شوند. با توجه به اینکه مبنای اصلی روش استخراج ذکر شده نیز لاپلاسین تصویر است، در طی این فرآیند تصاویر بلوری مقدار واریانس لاپلاسین کمتری گرفته و خود به خود حذف می‌گردند.

۳-۴ داده افزایی

داده افزایی یکی از پیش‌پردازش‌هایی است که قبل از داده شدن داده‌ها به مدل، روی آن‌ها انجام می‌شود. در داده افزایی^{۱۰} از تصاویر موجود، تصاویر جدیدی بازآفرینی می‌شوند. معمولاً تصاویر جدید ایجاد

¹⁰Data Augmentation

شده، توزیع داده نزدیکی به توزیع داده اصلی و تست دارند و هدف از این کار این است که تعمیم یافته‌گری مدل را افزایش دهیم تا دقیق مدل بر روی داده‌های تست افزایش پیدا کند. روش‌ها و الگوریتم‌های مختلف با پیچیدگی‌های مختلف وجود دارد که در ادامه روش‌هایی که در این پژوهه مورد بررسی قرار گرفت، آمده است.

چرخش تصویر به صورت تصادفی: در این روش تصاویر به اندازه مقداری تصادفی چرخ داده می‌شوند^{۱۱}. از آنجایی که در این مسئله، با چرخش، تصاویر اطلاعاتی از دست نمی‌دهند و علاوه بر آن، مقدار خروجی مدل ما نیز نباید تغییر کند، لذا می‌توان از این روش برای داده افزایی استفاده کرد.

آینه کردن به صورت تصادفی: مانند قسمت قبل، از این روش نیز می‌توان برای داده افزایی استفاده کرد. تصاویر در این روش چپ به راست یا بالا به پایین معکوس می‌شوند طوری که انگار جلوی آینه قرار گرفته‌اند.^{۱۲}.

تغییر مقیاس به صورت تصادفی: معمولاً عکس‌هایی که از آن‌ها برای آموزش مدل استفاده می‌کنیم دارای ابعاد و رزولوشن متفاوتی هستند و در نتیجه اندازه سلول‌ها در آن‌ها متفاوت است. از آنجایی که مدل در نهایت تلاش می‌کند ویژگی‌های مرتبط با این سلول‌ها را بیابد و با توجه به آن‌ها، تشخیص درستی را ارایه دهد، باید پیش‌پردازشی انجام گیرد تا مدل نسبت به اندازه سلول‌ها، حساس نشود. از این روی می‌توان قبل از استفاده از عکس‌ها در آموزش مدل، مقیاس تصاویر را به صورت تصادفی تغییر داد^{۱۳}.

بلورتر کردن به صورت تصادفی و اضافه کردن نویه گوسین: ممکن است تصاویر اسکن شده، به خوبی تصاویر زمان آموزش مدل نباشد و عوامل محیطی، باعث به وجود آمدن نویه^{۱۴} در داده‌ها شده باشد، از این روی ما از قصد نویز و یا بلور رو به عکس زمان آموزش اضافه می‌کنیم تا مدل توانایی بیشتری برای پیش‌بینی درست روی عکس‌های نویزی داشته باشد.

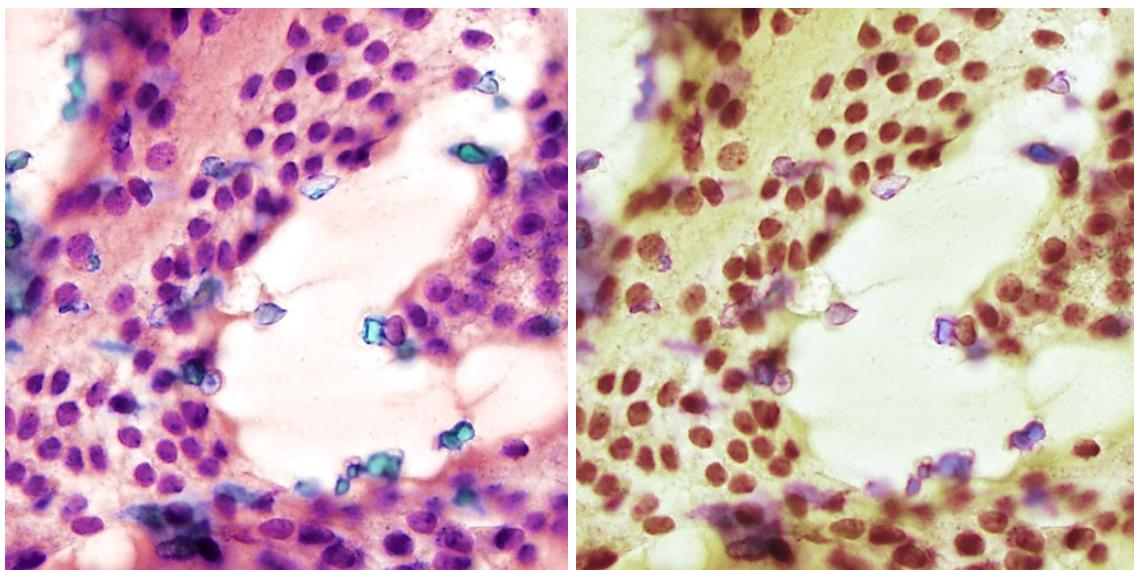
تغییر رنگ: همانطور که پیشتر نیز گفته شد، عکس‌ها و اسلایدها ممکن است با روش‌های متفاوتی رنگ شده باشند و رنگ‌های مختلفی را به خود بگیرند. از این روی باید عکس‌های زمان آموزش مدل نیز به اندازه کافی تنوع رنگ داشته باشد و مدل توانایی تشخیص درست در بازه رنگ‌های متفاوتی را داشته باشد. برای این کار می‌توان رنگ‌آمیزی عکس‌ها را پیش از دادن به مدل تغییر داد. روشی که در اینجا استفاده می‌شود به این صورت است که در ابتدا عکس‌ها را از حالت RGB به HSV تبدیل

¹¹Random Rotate

¹²Random Flip

¹³Random Scale

¹⁴Noise



شکل ۴-۶: به ترتیب از راست به چپ عکس اصلی و عکس تبدیل شده آمده است.

می‌کنیم. در دامنه HSV، کانال‌ها به ترتیب حاوی اطلاعات رنگ^{۱۵}، اشباع^{۱۶} و روشنایی^{۱۷} هستند. در اینجا کافیست مقدار کانال رنگ را که مقداری بین ۰ تا ۳۶۰ به خود می‌گیرد را صورت تصادفی تغییر دهیم. در تصویر ۴-۶ مثالی از این پیش‌پردازش آمده است.

تطبیق دامنه فوریه

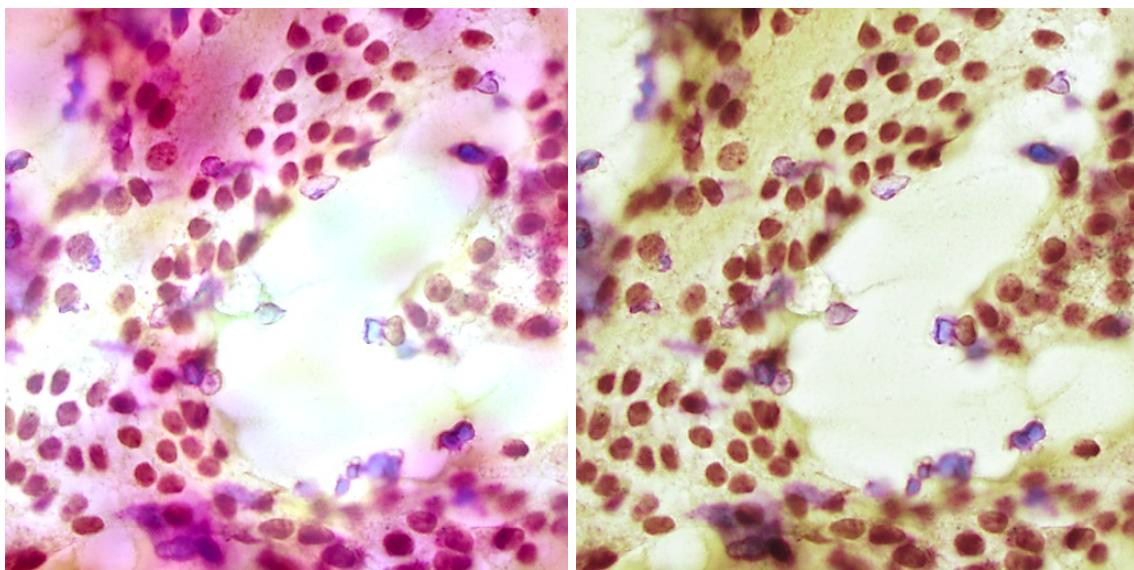
در هنگام آموزش یک مدل، فرض می‌شود که داده‌های آموزشی (چه بزرگ یا کوچک) نماینده خوبی از توزیع کلی داده‌هاست. با این حال، اگر ورودی‌ها در زمان آزمون به طور قابل توجهی با داده‌های آموزشی متفاوت باشد، مدل ممکن است عملکرد چندان خوبی نداشته باشد در حالی که برای یک انسان، با یادگیری مفهوم یک موضوع این مشکل کمتر وجود دارد. دلیل اینکه مدل شما در این سناریوها خیلی خوب عمل نمی‌کند این است که دامنه مسئله تغییر کرده است. در این مورد تطبیق دامنه به کمک شما می‌آید. تطبیق دامنه زیرشاخه‌ای از یادگیری ماشین است که به سناریوهایی می‌پردازد که در آن یک مدل آموزش‌دیده بر روی توزیع منبع در زمینه توزیع هدف متفاوت استفاده می‌شود. به طور کلی، تطبیق دامنه^{۱۸} از داده‌های برچسب گذاری شده در یک یا چند دامنه منبع برای حل وظایف جدید در یک دامنه

¹⁵Hue

¹⁶Saturation

¹⁷Brightness

¹⁸Domain adaptation



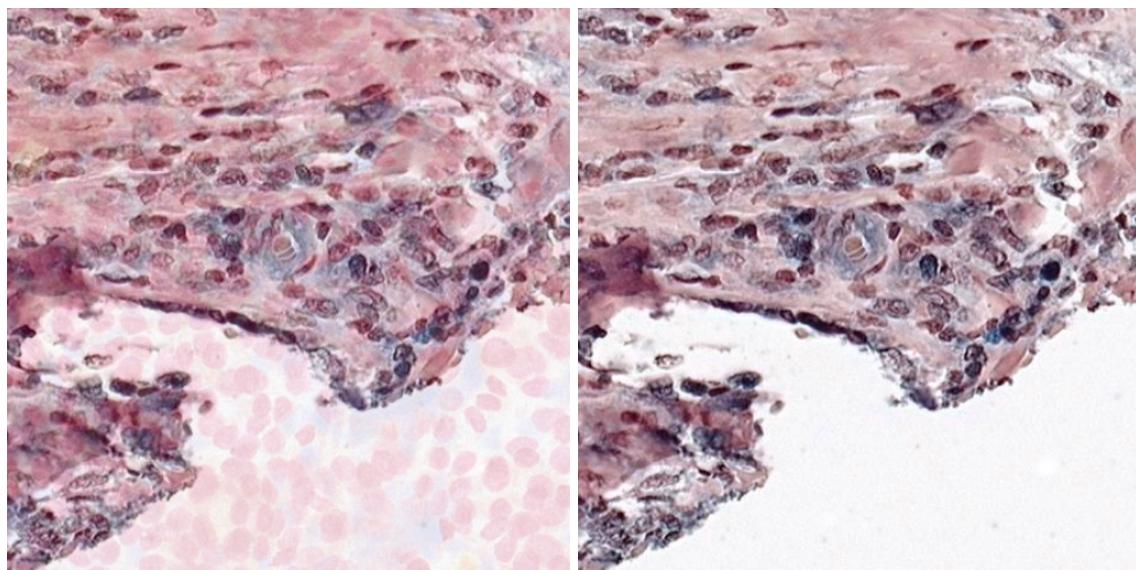
شکل ۷-۴: به ترتیب از راست به چپ عکس اصلی و عکس تبدیل شده آمده است.

هدف استفاده می‌کند.

به طور مثال در مسئله این پژوهه تنظیمات دستگاه اسکنر و نوع آن، روش اسکن، روش نمونه برداری و ... ممکن است روی توزیع داده‌ها تاثیر بگذارد در حالی که این عوامل در بیمارستان‌های مختلف و مجموع داده‌های مختلف متفاوت است، لذا استفاده از تطبیق دامنه، گزینه خوبی برای افزایش عملکرد مدل است.

یکی از روش‌های تطبیق دامنه، تطبیق دامنه فوریه^{۱۹} است. این روش ابتدا در سال ۲۰۲۰ میلادی و در مقاله [۱۶] معرفی شد و به این صورت عمل می‌کند که ابتدا عکس‌های هدف و منبع را با تبدیل فوریه به حوزه فرکانس می‌برد، سپس ناحیه با فرکانس پایین در داده‌های منبع را با ناحیه‌های هدف جاگزین می‌کند و بعد از آن فوریه معکوس را روی داده‌ها انجام داده و داده‌های به حالت قبل بر می‌گردند. دلیل و انگیزه این روش است که طیف دامنه سطح پایین حوزه فرکانس می‌تواند به طور قابل توجهی تغییر کند بدون اینکه بر درگ معناشناسی سطح بالا تأثیر بگذارد و با این تغییر، توزیع تصویر نهایی به تصویر هدف نزدیک می‌شود. این روش با اینکه هزینه محاسباتی بسیار کمی دارد، اما در مواردی عملکرد خوبی را ارائه کرده است که نمونه از عملکرد این روش، در تصویر ۷-۴ آمده است.

^{۱۹}Fourier domain adaptation



شکل ۸-۴: به ترتیب از راست به چپ عکس اصلی و عکس تبدیل شده آمده است.

ادغام تصاویر

ادغام تصویر^{۲۰}^۱ یکی از روش‌های افزایش داده است که ابتدا در سال ۲۰۱۷ مقاله [۱۷] معرفی شد. این الگوریتم کاملاً نظاممند نامگذاری شده است که در آن به معنای واقعی کلمه ویژگی‌ها و برچسب‌های مربوط به آنها را با هم مخلوط می‌کنیم. شبکه‌های عصبی، مستعد به خاطر سپردن برچسب‌های اشتباہ هستند. رویه ذکر شده این کار را با ترکیب ویژگی‌های مختلف با یکدیگر کاهش می‌دهد (همین مورد برای برچسب‌ها نیز اتفاق می‌افتد) به طوری که یک شبکه در مورد رابطه بین ویژگی‌ها و برچسب‌های آنها بیش از حد مطمئن نشود. همانطور که گفته شد در ادغام دو عکس را با ضرایب λ و $1-\lambda$ بین صفر و یک، پیکسل به پیکسل با هم جمع می‌کنند تا عکس جدیدی بدست آید. مقدار λ طوری انتخاب می‌شود که تصویر اصلی دچار تغییر معنا نشود. نمونه‌ای از نتایج این روش در تصویر ۸-۴ آمده است.

²⁰Mix-up

۴-۴ آموزش مدل

۱-۴-۴ مدل‌های مورد بررسی

در این پژوهش، از دو نوع مدل با ایده اصلی متفاوت و ظرفیت شبکه‌های متفاوت استفاده شد، تا بتوان نتیجه نهایی را برای هر کدام مقایسه کرد. این مدل‌ها [۱۸]InceptionV3، [۱۹]InceptionV4، [۲۰]ResNet101 و [۲۱]ResNet18 هستند. در این قسمت به معرفی این دو مدل می‌پردازیم.

معماری Inception

این معماری ابتدا در [۲۱] معرفی شد که یک شبکه عمیق مبتنی بر شبکه‌های عصبی پیچشی است. این شبکه از اجزای تکرارشونده با نام ماژول Inception تشکیل شده است. هر کدام از این ماژول‌ها، ورودی را با ماتریس‌های هسته با اندازه متفاوت پردازش می‌کنند. به این معنی که بجای اینکه در هر لایه از شبکه CNN از هسته با یک سایز استفاده شود در هر ماژول از هسته‌هایی با سایزهای متفاوت استفاده می‌شود و در نهایت خروجی‌ها را با هم ادغام می‌کنیم. یکی از اهداف این کار پیدا کردن فیچرها در مقیاس‌های متفاوت است. جزئیات بیشتر این معماری در مقاله اشاره شده آمده است.

معماری ResNet

مبناً این معماری نیز شبکه‌های عصبی پیچشی است که ابتدا در پژوهش [۲۰] معرفی شد. یکی از مشکلاتی که شبکه‌های عصبی به خصوص پیچشی با آن رویرو است، نیاز به استفاده از تعداد لایه‌های زیاد برای یادگیری ویژگی‌های مناسب مسئله است. با افزایش تعداد لایه‌ها در این شبکه‌ها، قابلیت شبکه برای پیدا کردن ویژگی‌های پیچیده بیشتر می‌شود اما افزایش عمق شبکه، تنها با انباشتن لایه‌ها در کنار هم کار نمی‌کند. آموزش شبکه‌های عمیق این چنینی به دلیل مشکل ناپدید شدن گرادیان بسیار دشوار است زیرا، در حین فرآیند آموزش که گرادیان به لایه‌های قبلی انتشار می‌یابد، ضرب مکرر ممکن است گرادیان را بینهایت کوچک کند و در چنین حالتی لایه‌های اول به درستی آموزش نمی‌بینند. این معماری با رها کردن تصادفی و پرش از لایه‌های آن در حین آموزش و استفاده از شبکه کامل در زمان آزمایش، روشی ضد شهودی را برای آموزش یک شبکه بسیار عمیق پیشنهاد کرد. برای این کار در بعضی نقاط از شبکه، ارتباطات مستقیم بین دو لایه غیر مجاور وجود دارد. این ارتباطات، خروجی لایه قبل را به

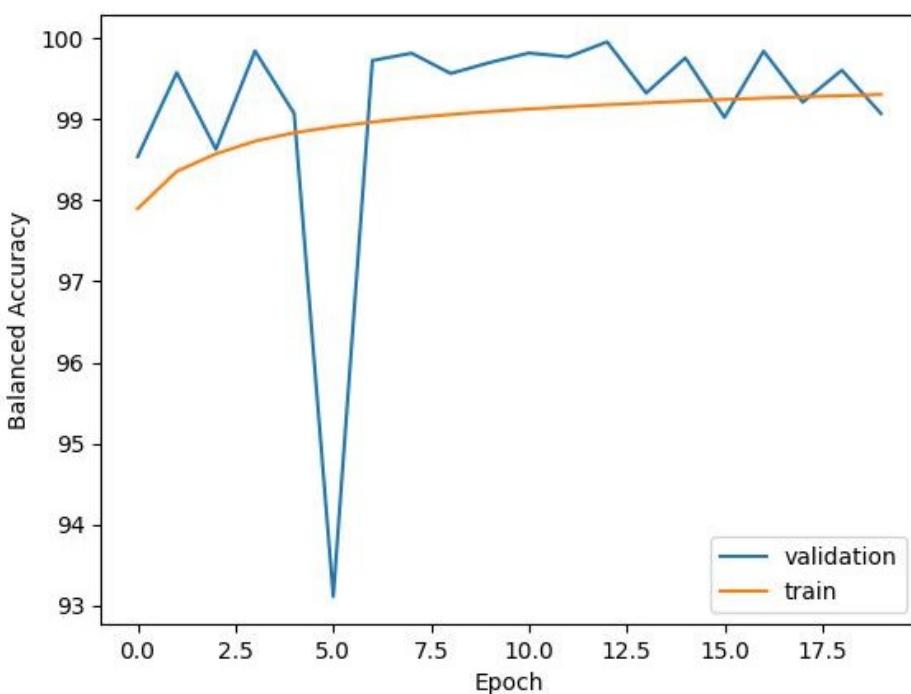
ورودی لایه پایان ارتباط اضافه می‌کند. با این کار از همگرا شدن گرادیانت به صفر جلوگیری می‌کند. جزئیات بیشتر این معماری در مقاله اصلی آمده است.

۲-۴-۴ آموزش مدل‌ها و خروجی

برای فرآیند آموزش، مدل‌های معرفی شده در بخش قبل هرکدام به صورت جداگانه مورد و مستقل آموزش داده شدند. این مدل‌ها بر روی دو مجموع داده پاپسوسایتی و پایگاه داده ریزآرایه استنفورد و روش‌های مختلف داده افزایی مورد آزمایش قرار گرفتند. که در مجموع ۱۲۵۸ تصویر برای آموزش، ۱۷۴ تصویر برای ارزیابی و ۳۷۸ تصویر نیز برای تست به کار گرفته شد. نکته‌ای که در هنگام تقسیم بندی تصاویر به سه گروه آموزش، ارزیابی و تست باید در نظر گرفت، این است که نباید تصویری از یک اسلاید در دو گروه قرار بگیرند. به عنوان مثال، اگر از یک اسلاید چند تصویر استخراج شود باید تصاویر استفاده شده تنها در یکی از این سه گروه قرار بگیرند زیرا این تصاویر توزیع بسیار نزدیکی بهم دارند در نتیجه، قرار دادن آن‌ها در یک گروه به ارزیابی بهتر مدل کمک می‌کند. نتایج نهایی اجرای این مدل در جدول ۲-۴ آمده است.

در ستون اول این جدول مدل‌های مورد آزمایش، در ستون دوم روش‌های داده افزایی مختلف، ستون سوم بهترین دور در حین فرآیند آموزش، ستون چهارم دقت نهایی در تشخیص بدخیم و یا خوشخیم بودن تصویر و ستون آخر نیز ویژگی عملکرد گیرنده^{۲۱} برای گروه بدخیم آمده است. دقت به صورت میانگین دقت مدل در دو گروه محاسبه شده است. روش‌های داده افزایی که در ستون دوم ذکر شده و به کار گرفته شد به چند گروه متفاوت دسته بندی می‌شوند. منظور از mixup همان روش ادغام تصاویر است. منظور از fda نیز روش تطبیق دامنه فوریه است و jit نیز تغییر تصادفی رنگ تصویر است و در نهایت منظور از all ترکیبی از هر سه روش است. در این ستون دو کلمه دیگر نیز دیده می‌شود. کمله base اشاره به ترکیبی از روش‌های آینه کردن، چرخاندن، تغییر مقیاس و اضافه کردن نویز گوسی دارد و کلمه none تنها تفاوتی که در روش داده افزایی دارد عدم وجود روش تغییر مقیاس است. در نهایت base-nrs اشاره به عدم استفاده از داده افزایی می‌کند. در ادامه از مجموع داده اطلس ژنوم سرطان تیروئید برای آموزش مدل ResNet101 استفاده شد. همانطور که در فصل‌های پیش نیز اشاره شد، برچسب‌های این مجموع داده به صورت در صد سلول‌ها نرمال و توموری تهیه شده است. در ادامه سعی شده تا دسته بندی بر روی این مجموع داده آموزش داده شود تا با داشتن تصویر، وجود یا عدم وجود سلول‌های توموری را تشخیص دهد. تعداد تصاویری که در نهایت از این مجموع داده استخراج شد، ۲۶۵۴۱۸ است که

²¹Receiver operating characteristic - ROC



شکل ۴-۹: بهترین دوره انتخاب شده دوره ۱۲ بوده که دقت و ویژگی عملکرد گیرنده بر روی داده‌های تست در این دوره به ترتیب 99.72% و 99.80% است.

از 185090 تصویر برای آموزش، 25909 تصویر برای ارزیابی و 54419 برای تست استفاده شد. باز باید روی این نکته تاکید کرد که تصاویر استخراج شده از یک اسلاید نباید در دو گروه قرار بگیرند. با توجه به حجم زیاد داده‌ها و زمان بر بودن پردازش، در این قسمت تنها از روش mixup و base برای پیش‌پردازش استفاده شد. مدل در 20^{22} دوره بر روی داده‌ها آموزش داده شد. دقت و نمودارهای مربوط به آن در تصویر ۴-۹ آمده است. دستگاه گرافیک به کار رفته مدل Quadro RTX 8000 بوده و زمان اجرا 32 ساعت طول کشیده است.

²²Epoch

معماری شبکه	روش‌های داده‌افزایی	بهترین دور	دقت	مساحت زیر نمودار ROC
Inception V4	none	17	92.94	0.965
Inception V4	base & mixup	85	92.16	0.967
Inception V4	base & fda	85	91.44	0.944
Inception V4	base & jit	58	93.73	0.976
Inception V4	base & all	7	93.88	0.966
Inception V4	base-nrs & jit	9	92.69	0.944
Inception V4	base-nrs & all	27	94.67	0.943
Inception V3	none	56	91.25	0.937
Inception V3	base & mixup	81	93.63	0.957
Inception V3	base & fda	99	93.73	0.974
Inception V3	base & jit	2	91.34	0.956
Inception V3	base & all	75	93.41	0.966
Inception V3	base-nrs & jit	40	92.06	0.937
Inception V3	base-nrs & all	75	93.41	0.966
Resnet101	none	14	93.10	0.971
Resnet101	base & mixup	84	92.22	0.951
Resnet101	base & fda	40	94.04	0.964
Resnet101	base & jit	99	92.47	0.947
Resnet101	base & all	25	92.53	0.962
Resnet101	base-nrs & jit	55	92.28	0.925
Resnet101	base-nrs & all	25	92.53	0.962
Resnet18	none	55	89.75	0.922
Resnet18	base & mixup	7	91.59	0.934
Resnet18	base & fda	48	94.51	0.943
Resnet18	base & jit	94	94.98	0.974
Resnet18	base & all	80	93.88	0.962
Resnet18	base-nrs & jit	90	90.78	0.939
Resnet18	base-nrs & all	13	94.10	0.985

جدول ۴-۲: نتایج آموزش با مدل‌های مختلف و روش‌های داده افزایی متفاوت بر روی مجموع دو مجموع داده پاسوسایتی و ریزآرایه بافت استنفورد

فصل ۵

نتیجه گیری

در اکثر مسائل یادگیری ماشین، توزیع دادگان و تعمیم پذیر بودن مدل روی توزیع داده‌های مشابه، بسیار مهم است.

همانطور که پیشتر نیز گفته شد یکی از مشکلات اصلی که در این پژوهش با آن روبرو هستیم، نبود مجموع دادگان عمومی کافی است. در این پژوهش ابتدا سعی شد مجموع داده‌های متفاوتی جمع آوری و معرفی شوند. در مرحله بعد مدل‌های متفاوتی بر روی این دادگان آموزش داده شد و با وجود چالش‌هایی نظیر حجم عظیم داده‌ها، فیلتر کردن ناحیه‌های پس زمینه و ... با به کار بردن روش‌های پیش‌پردازشی و تنظیم ابرپارامترها، عملکرد خوبی بدست آمد.

سه مجموع داده استفاده شده در این پژوهش توزیع‌های بسیار متفاوتی دارند و برای اهداف متفاوتی مورد استفاده قرار گرفتند. دو مجموع داده اطلس پاپسوسایتی و ریزآرایه استنفورد برای طبقه‌بندی بدخیم و خوش خیم بودن تصاویر نمونه مورد استفاده قرار گرفتند که بهترین دقیقی که بر روی آن‌ها بدست آمد به ترتیب ۹۸.۹۴ بوده است. تصاویر موجود در این دو مجموع داده، حالت مطالعه موردنی^۱ داشته و از تنوع زیادی در نحوه اسکن، اندازه اسلاید، روش رنگ آمیزی شیمیایی سلول‌ها و ... برخوردار بوده است، از این جهت آموزش مدل بر روی این تصاویر دشوار بوده است. مجموع داده بزرگ‌تر دیگری که در آموزش مدل به کار رفت، اطلس ژنوم سرطان تیروئید بوده است که وجود یا عدم وجود سلول‌های توموری در بهترین حالت با دقت ۹۹/۷۲ بر روی تصاویر تشخیص داده شد.

برای ادامه کار می‌توان تمرکز بیشتری بر روی توزیع‌های متفاوت دادگان گذاشته شود و با استفاده

^۱Case Study

بیشتر از مفاهیمی چون تطبیق دامنه و یا انتقال یادگیری^۲ قابلیت تعمیم پذیر بودن مدل بروی دادگان متفاوت و برای وظایف متفاوت بیشتر شود.

²Transfer Learning

Bibliography

- [1] National cancer institute tcga-thca project. <https://portal.gdc.cancer.gov/projects/TCGA-THCA>.
- [2] Papanicolaou society of cytopathology. <https://www.papsociety.org/image-atlas/>.
- [3] K. O’Shea and R. Nash. An introduction to convolutional neural networks. *arXiv preprint arXiv:1511.08458*, 2015.
- [4] X. Li, S. Zhang, Q. Zhang, X. Wei, Y. Pan, J. Zhao, X. Xin, C. Qin, X. Wang, J. Li, et al. Diagnosis of thyroid cancer using deep convolutional neural network models applied to sonographic images: a retrospective, multicohort, diagnostic study. *The Lancet Oncology*, 20(2):193–201, 2019.
- [5] Q. Guan, Y. Wang, B. Ping, D. Li, J. Du, Y. Qin, H. Lu, X. Wan, and J. Xiang. Deep convolutional neural network vgg-16 model for differential diagnosing of papillary thyroid carcinomas in cytological images: a pilot study. *Journal of Cancer*, 10(20):4876, 2019.
- [6] D. T. Nguyen, T. D. Pham, G. Batchuluun, H. S. Yoon, and K. R. Park. Artificial intelligence-based thyroid nodule classification using information from spatial and frequency domains. *Journal of clinical medicine*, 8(11):1976, 2019.
- [7] D. D. Elliott Range, D. Dov, S. Z. Kovalsky, R. Henao, L. Carin, and J. Cohen. Application of a machine learning algorithm to predict malignancy in thyroid cytopathology. *Cancer cytopathology*, 128(4):287–295, 2020.
- [8] M. B ö hland, L. Tharun, T. Scherr, R. Mikut, V. Hagenmeyer, L. D. Thompson, S. Perner, and M. Reischl. Machine learning methods for automated classi-

- fication of tumors with papillary thyroid carcinoma-like nuclei: A quantitative analysis. *Plos one*, 16(9):e0257635, 2021.
- [9] O. Ronneberger, P. Fischer, and T. Brox. U-net: Convolutional networks for biomedical image segmentation. In *International Conference on Medical image computing and computer-assisted intervention*, pages 234–241. Springer, 2015.
- [10] J. Deng, W. Dong, R. Socher, L.-J. Li, K. Li, and L. Fei-Fei. Imagenet: A large-scale hierarchical image database. In *2009 IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, pages 248–255. Ieee, 2009.
- [11] M. Halicek, M. Shahedi, J. V. Little, A. Y. Chen, L. L. Myers, B. D. Sumer, and B. Fei. Head and neck cancer detection in digitized whole-slide histology using convolutional neural networks. *Scientific reports*, 9(1):1–11, 2019.
- [12] K. Clark, B. Vendt, K. Smith, J. Freymann, J. Kirby, P. Koppel, S. Moore, S. Phillips, D. Maffitt, M. Pringle, et al. The cancer imaging archive (tcia): maintaining and operating a public information repository. *Journal of digital imaging*, 26(6):1045–1057, 2013.
- [13] R. J. Marinelli, K. Montgomery, C. L. Liu, N. H. Shah, W. Prapong, M. Nitzberg, Z. K. Zachariah, G. J. Sherlock, Y. Natkunam, R. B. West, et al. The stanford tissue microarray database. *Nucleic acids research*, 36(suppl_1):D871–D877, 2007.
- [14] Stanford tissue microarray. <https://tma.im/cgi-bin/selectImages.pl?organ=thyroid>.
- [15] The GIMP Development Team. Gimp.
- [16] Y. Yang and S. Soatto. Fda: Fourier domain adaptation for semantic segmentation. In *Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 4085–4095, 2020.
- [17] H. Zhang, M. Cisse, Y. N. Dauphin, and D. Lopez-Paz. mixup: Beyond empirical risk minimization. *arXiv preprint arXiv:1710.09412*, 2017.
- [18] C. Szegedy, V. Vanhoucke, S. Ioffe, J. Shlens, and Z. Wojna. Rethinking the inception architecture for computer vision. In *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, pages 2818–2826, 2016.

- [19] C. Szegedy, S. Ioffe, V. Vanhoucke, and A. A. Alemi. Inception-v4, inception-resnet and the impact of residual connections on learning. In *Thirty-first AAAI conference on artificial intelligence*, 2017.
- [20] K. He, X. Zhang, S. Ren, and J. Sun. Deep residual learning for image recognition. In *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, pages 770–778, 2016.
- [21] C. Szegedy, W. Liu, Y. Jia, P. Sermanet, S. Reed, D. Anguelov, D. Erhan, V. Vanhoucke, and A. Rabinovich. Going deeper with convolutions. In *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, pages 1–9, 2015.

واژه‌نامه

الف

ت

- تابع هدف Objective Function
مقیاس تصادفی Random Scale
تطبیق دامنه Domain adaptation
تطبیق دامنه فوریه Fourier domain adaptation
تصویر برداری کل Whole-Slide Imaging

- اسلاید slide
اندازه پرش Jump Size
آینه کردن تصادفی Random Flip
اشباع Saturation
ادغام Mix up
اطلس ژنوم سرطان تیروئید The Cancer Genome Atlas-Thyroid Cancer

دال

- دقت Accuracy
داده افزایی Data Augmentation
دور Epoch

- فولیکولار ادنوما Follicular Adenoma
انتقال یادگیری Transfer Learning

ب

- بیوپسی Biopsy

چ

- چرخش تصادفی Random Rotate

- پتالوژی Pathology

ر

- پتالوژیست Pathologist

- سرطان پاپیلاری Papillary Carcinomas

- سرطان پاپیلاری Papillary Carcinomas

پ

Follicular Carcinomas.....	سرطان فولیکولار	رنگ
		Hue.....
		Brightness.....
		روشنایی
		Radioiodine
		رادیو یودین
laplacian.....	لاپلاسی	ژ
		Genotype.....
		ژنوتیپ
derivative.....	مشتق	سین
mask	ماسک	
Confusion Matrix.....	ماتریس درهم ریختگی	سرطان خوشخیم
Medullary carcinoma.....	سرطان مدولار	سرطان بدخیم
Segmentation	مرزبندی	سی تی اسکن
Contrast Limited Histogram Equalization	متعادل سازی هستوگرام تصویر	شین
Case Study.....	مطالعه موردی	شبکه عصبی پیچشی
		Network
		شبکه‌های عصبی پیچشی عمیق
Decay Rate.....	نرخ نزولی	Convolutional Neural Network
Fine Needle Aspiration....	نمونه برداری سوزنی	
	(FNA)	صاد
Region Of Interest.....	ناحیه مورد نظر	Precision
		صحت
		ف
variance	واریانس	فنتوپیپ
feature	ویژگی	فولیکولار کارسینوما
Receiver operating.....	ویژگی عملکرد گیرنده	characteristic
		قاف

یادگیری عمیق Deep Learning

۵

Abstract

Thyroid cancer is one of the most common types of cancer in the human body that affects the thyroid gland, which has different types. One of the main ways to diagnose this disease is to use digital slides recorded from a sample of cells. In this way, using the characteristics that cancer cells take on, experts can distinguish them from normal thyroid cells and determine the amount of involvement of the sample in cancer. The aim of this project is to train a model that uses slides to make a diagnosis with high accuracy by using methods based on machine learning and image processing. Since it takes a lot of time for experts to diagnose this cancer in this way, developed model can be a great assistant and help for them.

Keywords: Machine Learning, Image Processing, Thyroid Carcinoma, Malignant, Digital Slide



Sharif University of Technology
Department of Computer Engineering

B.Sc. Thesis

Diagnosis of Thyroid Cancer Using Neural Networks from Cytology Slides

By:

Amir Hossein Mohsen Nezhad

Supervisor:

Dr. Hossein Asadi

Dr. Hamid Rabiee

August 2022