

## העשרת תהליכי גילוי גידולים במוח באמצעות למידה עמוקה

### דו"ח מסכם

שם קורס: עיבוד תמונות רפואיות באמצעות למידה עמוקה

מספר קורס: 350063

שנה: תשפ"ד סמסטר: ב'

שם המרצה: ד"ר אבנר פריאל

שמות סטודנטים: נתן יצחק פור, ליאור מאמוס, עדן בוארון

# תוכן עניינים

3.....	סיכום
4.....	מבוא
4.....	Input / Output
5.....	תיאור מסד הנתונים
6.....	עיבוד מקדים
7.....	עבודות קשורות
7.....	מאמר 1
7.....	מאמר 2
8.....	שיטות עבודה
8.....	תיאור המודל
8.....	שיקולים
9.....	הבטחת שחזור התוצאות
10.....	ניתוח/אנליזה
10.....	ניתוח הביצועים של המודלים הנוספים לעומת האופטימלי
12.....	מסקנות
13.....	ויזואליזציות המודל האופטימלי
16.....	דיון
16.....	עבודה נוספת נדרשת בפרויקט
16.....	גישות אחרות שהייתם מנסים בהינתן יותר זמן
16.....	מסקנות מהתוצאות
17.....	ביבליוגרפיה - References
17.....	מאגר תמונות MRI מוח
17.....	פרויקטים דומים
17.....	עבודות קשורות
17.....	הסבר מחלקות הגידולים
17.....	תרומת הסטודנטים
18.....	אופן הרצה

## סיכום

בפרויקט פותח מודל למידת עמוקה לסיווג תמונות MRI מוח, של גידולים שונים או ללא גידול כלל.

המודל מבוסס על רשת נוירונים קונבולוציונית (CNN) שמטרתה לזהות ולאבחן גידולים במוח בצורה מדויקת על בסיס תמונות MRI.

מאגר התמונות ששימש לאימון, ולידציה, ובדיקה, כלל 7023 תמונות מסווגות לארבע קטגוריות: גליומה, מנינגיומה, גידול בבלוטת יותרת המוח וללא גידול.

בתהליך הפיתוח נבחנו מספר מודלים עם ארכיטקטורות שונות, כאשר המודל האופטימלי כלל ארבע שכבות קונבולוציה ושכבת Fully Connected עם 512 נוירונים, ושימוש בפונקציית אקטיבציה ReLU. המודל הוגדר עם פונקציית הפסד קטגוריאלית (קרוס-אנטרופיה) ואופטימיזציית Adam. כמו כן, שולבו שיטות Checkpoint ו Early Stopping לשיפור ושחזור ביצועי המודל.

בהגע למודל האופטימלי, בוצע ניתוח של מספר מודלים חלופיים, תוך כדי בחינת ההשפעות של שינויים כגון הגדלת מספר הפילטרים, שינוי פונקציות האקטיבציה, ושינויים בגודל ובסוג שכבות ה-Pooling.

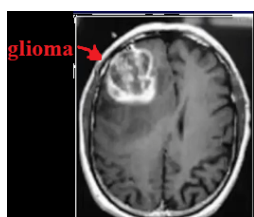
התוצאות הראו שהמודל האופטימלי הצליח לסווג בצורה מדויקת (99%) את סוגי הגידולים בתמונות ה-MRI. שימוש בויזואליזציה Grad-CAM, עזר להדגיש את האזורים הקריטיים בתמונה שהמודל התבסס עליהם.

## מבוא

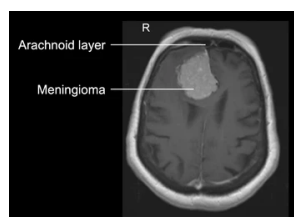
בפרויקט זה אנו עוסקים בזיהוי וגזירה של גידולים במוח על ידי שימוש במודלים של למידה עמוקה.

זיהוי וסיווג מוקדם של גידולים במוח הוא תחום מחקר חשוב בתחום הדימות הרפואי, והוא עוזר בבחירת שיטת הטיפול המתאימה ביותר להצלת חיי החולים.

הפרויקט מתמקד בסיווג המחלקות הבאות:



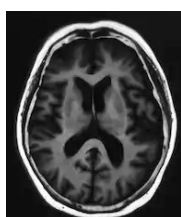
1. [גליומה \(Glioma\)](#) - היא סוג של גידול, המתחיל במוח או בחוט השדרה. הגידול נקרא בשם זה כי מקורו בתאי גלייה.



2. [מנינגיומה \(Meningioma\)](#) - היא גידול בקרומי המוח או בחוט השדרה. מנינגיומות הן הסוג העיקרי והשכיח של גידולים במערכת העצבים, ומקורם בקרום הארכנואיד (השכבה העכבישית של קרומי המוח).



3. [גידול בבלוטת יותרת המוח \(Pituitary\)](#) - סוג של גידול בקירבה לבלוטת יותרת המוח אשר יכול להפריש הורמונים ספציפיים באופן לא מבוקר. הבלוטה ממוקמת בבסיס המוח, והיא אחראית על הפרשה של הורמונים המווסתים תהליכים חיוניים רבים בגוף.



4. ללא גידול (notumor) - בדיקת MRI תקינה ללא גידולים.

## Input / Output

בכניסה (input) נכנסת תמונת MRI מוח, המעוניינים לסווג לפי ארבעת המחלקות האפשריות.

ביציאה (output) מתקבל חיזוי הסתברותי, שהתמונה הנכנסת תהיה מקוטלגת בכל אחת מהמחלקות.

## תיאור מסד הנתונים

המאגר [Brain Tumor MRI Dataset](#) לפיו עבדנו, נלקח מ-Kaggle.

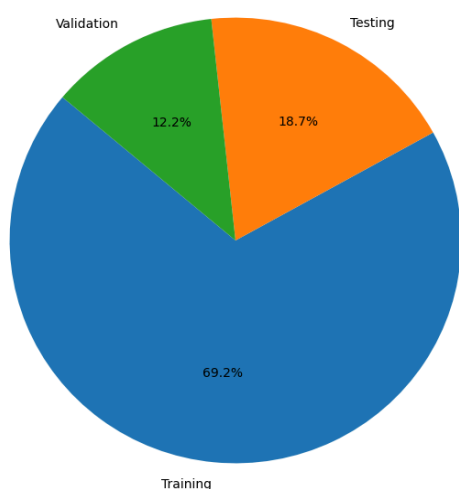
המאגר המקורי היה מחולק ל 2 תיקיות ( Training / Testing ). לכן, יצרנו מאגר חדש הנגיש ב [GitHub](#).  
המאגר החדש חולק ל 3 תיקיות ( Training / Validation / Testing ) עם יחס שווה בין המחלקות.

המאגר [GitHub - Brain Tumor MRI Dataset](#), מכיל תמונות MRI מוח שהוצאו כקבצי jpg במוד RGB עם ערכים של 0 עד 255 כולל.

התמונות מחולקות ל 3 תיקיות. ( Training, Validation, Testing )  
בכל תיקייה יש 4 תיקיות נוספות המייצגות את המחלקות לסיווג. ( glioma, meningioma, notumor, pituitary )

סט אימון: glioma - 1125 ,meningioma - 1139, pituitary - 1238, notumor - 1355 סה"כ 4857  
סט ולידציה: glioma - 196 ,meningioma - 200 , pituitary - 219 , notumor - 240 סה"כ 855  
סט מבחן: glioma - 300 ,meningioma - 306 , pituitary - 300 , notumor - 405 סה"כ 1311

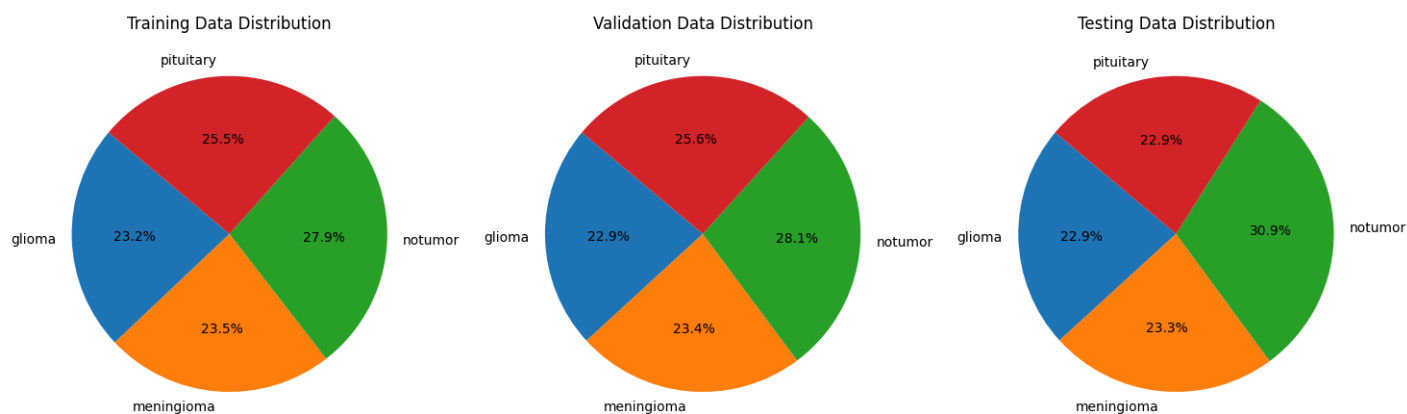
Total Images Distribution Across Training, Testing, and Validation



חלוקה הכוללת של הסטים היא ביחס של:

סט אימון - 69.2%  
סט ולידציה - 12.2%  
סט מבחן - 18.7%

בתוך הסטים יש חלוקה בקירוב ל 25% בין המחלקות השונות:



## עיבוד מקדים

1. פיצול מחדש של המאגר:

תחילה, מאחר והמאגר היה מחולק ל 2 תיקיות ( Training / Testing ), איחדנו את כל התמונות יחדיו לתיקייה אחת, ולאחר מכן חילקנו אותה ל 3 תיקיות סטים, ובתוכן ל 4 תיקיות כך שהמחלקות יהיו שוות.

2. שינוי גודל התמונה:

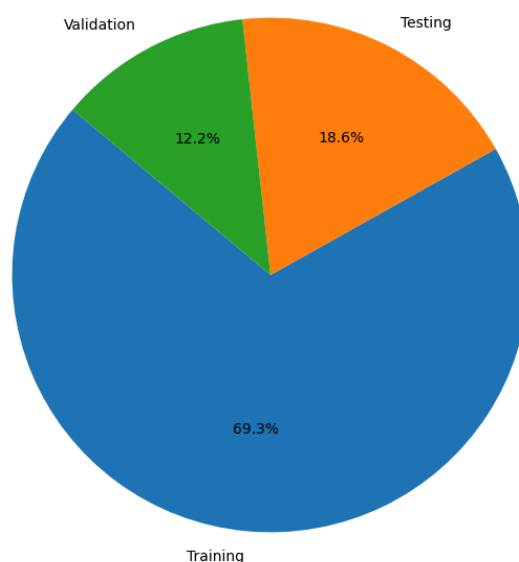
הגדרנו את התמונות להיות בגודל אחיד של  $150 \times 150$ .

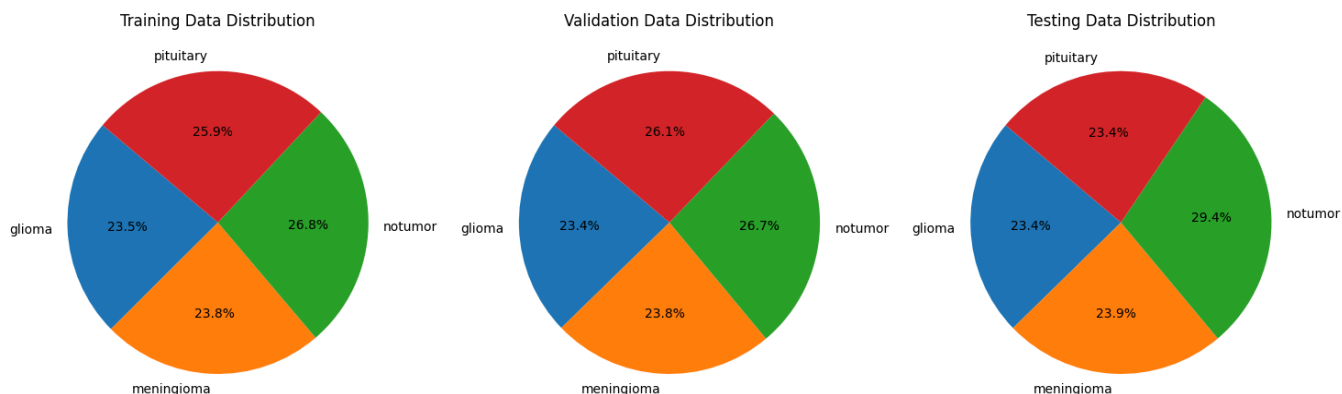
3. ניקוי נתונים & המרה לערוץ צבע יחיד:

מהסתכלות שלנו על הנתונים, התמונות נראות אפורות. כדי להקטין את זמן חישוב המודל, בדקנו האם ניתן להמיר את התמונות מ RGB ל GrayScale, ללא פגיע במידע של התמונות. ( מ 3 ערוצי צבע, לערוץ צבע יחיד )

לאחר בדיקת ה-GrayScale מצאנו כי 120 תמונות מתוך ה-7023 מכילות ערוצים שונים וכל השאר עם שלושה ערוצים משוכפלים, ולכן מחקנו את 120 התמונות הללו ונשארו עם 6903 תמונות שכל אחת מהן עם ערוץ אחד. המחלקות בסטים השונים נשארו מאוזנות:

Total Images Distribution Across Training, Testing, and Validation



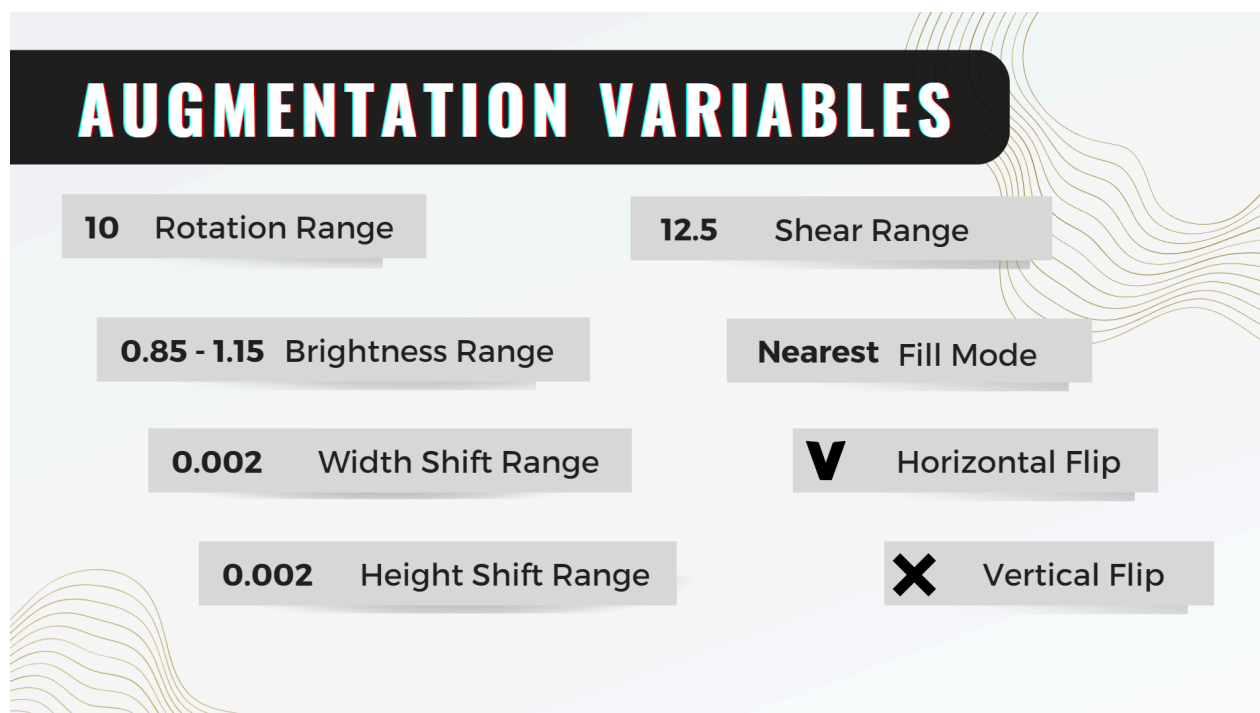


4. אוגמנטציה ( Augmentation ) על סט האימון:

כדי להגדיל את יכולות המודל, ביצענו אוגמנטציה על התמונות מסט האימון.

\* ללא אוגמנטציה שמנו לב שיש ביצועים פחות טובים למודל.

האוגמנטציה שהשתמשנו בה:



## עבודות קשורות

### מאמר 1

כותרת: [Brain Tumor MRI Classification using a Novel Deep Residual and Regional CNN](#)

סקירה:

במאמר מוצגת רשת נוירונים קונבולוציונית (CNN) מבוססת רשת Residual ומקומית (Res-BRNet) לסיווג גידולי מוח ב-MRI. המודל משלב פעולות מבוססות אזור וגבול בתוך בלוקים מרחביים כדי לשפר את הביצועים. השיטה השיגה דיוק של 98.22%, רגישות של 0.9811, ציון F של 0.9841 ודיוק של 0.9822 על מערכי נתונים מאתגרים, מה שמצביע על פוטנציאל חזק לניתוח מחלות מבוסס תמונות רפואיות.

דיון:

המאמר מציע גישה חדשנית לשיפור סיווג גידולי מוח על ידי שילוב של פעולות מבוססות אזור וגבול. התוצאות המרשימות מדגישות את היתרון בשימוש בשיטות מתקדמות אלו לניתוח תמונות MRI, ועזרה למפענחים אנושיים.

### מאמר 2

כותרת: [An Attentive Multi-Modal CNN for Brain Tumor Radiogenomic Classification](#)

סקירה:

במאמר מוצגת רשת נוירונים קונבולוציונית (CNN) רב-מודלי קשוב שמשלב אגירת תכונות רב-מודליות, מנגנון קשב קל, הטמעה נפרדת וקיצורי דרך לפי מודל. המודל הוערך על מערך הנתונים RSNA-MICCAI והציג שיפור של 3% לעומת השיטות המובילות הקיימות. גישה זו מדגישה את החשיבות של שילוב תכונות ייחודיות ממודלים MRI שונים לשיפור דיוק הסיווג.

דיון:

המאמר מדגיש את היתרונות בשימוש בגישה רב-מודלית לשיפור ביצועי סיווג גידולי מוח. השימוש במנגנון קשב ושילוב תכונות ממודלים שונים מוביל לשיפור משמעותי בדיוק הסיווג.



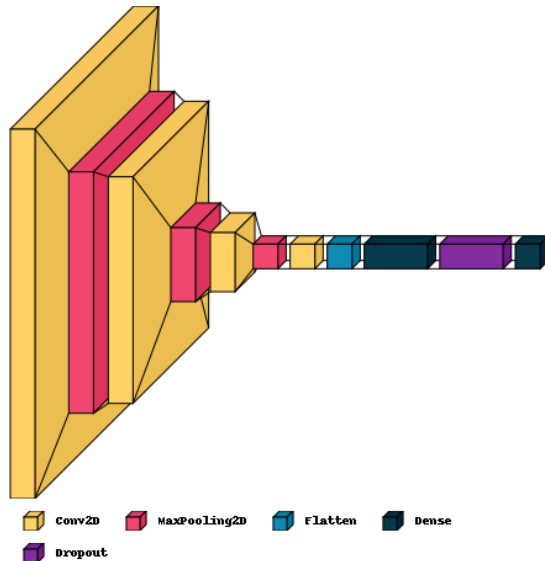
## שיטות עבודה

### תיאור המודל

המאגר [Brain Tumor MRI Dataset](#) ששימש אותנו ביצירת הפרויקט, הוא מאגר תמונות, ולכן לסיווגם בחרנו במודל מבוסס רשת קונבולוציה עמוקה (CNN), אשר ידוע ביכולתו בניתוח תמונות.

המערכת שיצרנו, שאבה השראה ממספר עבודות דומות ב [Kaggle](#), תוך התחשבות רבה בהסקת מסקנות של חוקרים אחרים, ונסיון ותהייה רבה שלנו.

המודל האופטימלי שהצלחנו למצוא לבעיה מורכב מ:



1. שכבה של 32 פילטרים בגודל  $4 \times 4$  + ואחרי Max Pooling  $3 \times 3$
2. שכבה של 64 פילטרים בגודל  $4 \times 4$  + ואחרי Max Pooling  $3 \times 3$
3. שכבה של 128 פילטרים בגודל  $4 \times 4$  + ואחרי Max Pooling  $3 \times 3$
4. שכבה של 128 פילטרים בגודל  $4 \times 4$  + ואחרי Flattening
5. שכבה דחוסה עם 512 נירונים + Dropout של 0.5
6. לבסוף שכבה דחוסה עם 4 נירונים (ככמות המחלקות) ופונקציות אקטיבציה של softmax.

- פונקצית האקטיבציה בין השכבות השונות ( מלבד ה output ) היא ReLU.

אימון המודל היה בעזרת שיטת אופטימיזציה Adam עם learning rate של 0.001, ופונקצית מחיר של categorical\_crossentropy.

**מודל זה הצליח להשיג את התוצאות הטובות ביותר עבורינו, עם אחוזי דיוק בין 95 ל 99%.**

### שיקולים

ארכיטקטורה:

בחרנו בארכיטקטורה שרשומה לעיל, משום שהיא נפוצה ומוכחת בעיבוד תמונות וסיווגן. בהסתמך על עבודות של חוקרים נוספים בנושא, ראינו תוצאות טובות, ולכן רצינו לבחון האם נוכל לשפר אותן אף יותר.

בחרנו שלא להשתמש בגישה של Transfer Learning מכיוון שהצלחנו לראות תוצאות מאוד טובות אצל חוקרים אחרים שלא השתמשו בשיטה זו, ורצינו לראות האם מודל יחסית קטן ביחס ל VGG16, ResNet50 ורבים אחרים, יכול להתמודד עם הבעיה, ושמחנו לראות שההשערה שלנו הייתה נכונה.

פרוטוקול קצב הלמידה:

השתמשנו בקצב למידה קבוע שנבחר לאחר ניסוי וטעייה על מנת לוודא שהמודל מתכנס בצורה יציבה ומהירה.  
קצב הלמידה שנבחר הוא 0.001.

שיטת אופטימיזציה:

שיטת האופטימיזציה שנבחרה היא Adam.  
היא נבחרה בשל ביצועיה המצוינים והיכולת שלה להתאים את קצב הלמידה במהלך האימון.

פונקציית המחיר:

פונקציית המחיר שנבחרה היא categorical cross-entropy.  
היא מתאימה היטב לבעיות סיווג רב-קטגוריאליות ומקובלת בעיבוד תמונות.

כוונון היפר-פרמטרים:

ביצענו כוונון של היפר-פרמטרים כמו קצב למידה, מספר פילטרים בכל שכבה, גודל פילטרים ושיעור ה-dropout על ידי ניסויים שונים.  
השתמשנו ב-EarlyStopping כדי לעצור את האימון כאשר אין שיפור במטריקת ה-validation loss לאחר 10 תקופות, ושמרנו את המודל הטוב ביותר עם ModelCheckpoint.  
ביצוע פעולות אלו מאפשר לשחזר את המודל שלנו בצורה מדויקת ולהשיג תוצאות דומות בתנאים זהים.

## הבטחת שחזור התוצאות

כדי להבטיח שמי שקורא את הדו"ח יוכל לשחזר במדויק את התוצאות, דאגנו לכלול את כל הפרטים הנדרשים בדו"ח, כגון:

- תיאור מפורט של הארכיטקטורה
- הפרמטרים שנבחרו לכל שכבה
- ערכי היפר-פרמטרים מדויקים
- תיאור מפורט של פרוטוקול האימון

## ניתוח/אנליזה

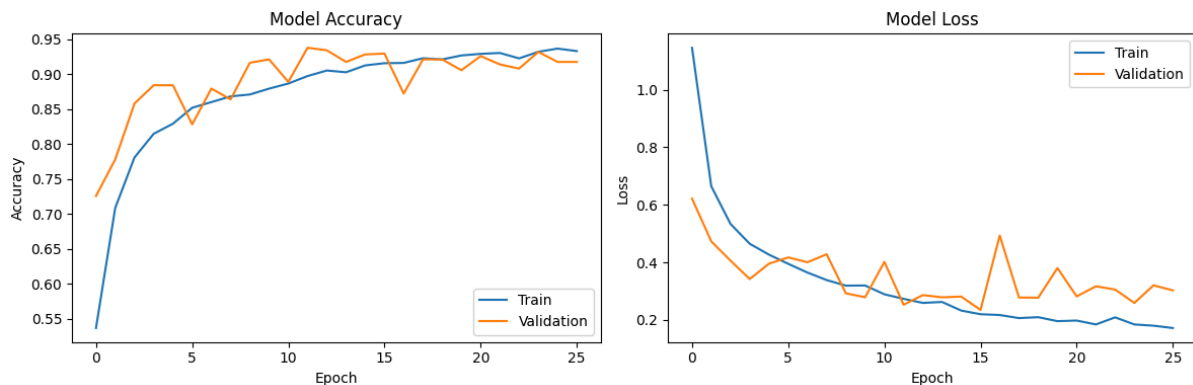
### ניתוח הביצועים של המודלים הנוספים לעומת האופטימלי

#### מודל 1 - שינוי מספר הפילטרים בשכבת הקונבולוציה האחרונה מ-128 ל-256

תוצאה: התוצאה הייתה זהה למודל האופטימלי, אך זמן החישוב היה ארוך יותר.

דיון:

הגדלת מספר הפילטרים הגדילה את המורכבות של המודל, ולכן הגדילה את זמן החישוב. עם זאת, מכיוון שייתכן שהתכונות שנלמדו על ידי הפילטרים הנוספים לא תרמו משמעותית לשיפור הדיוק, לא נצפתה עליה בביצועים.



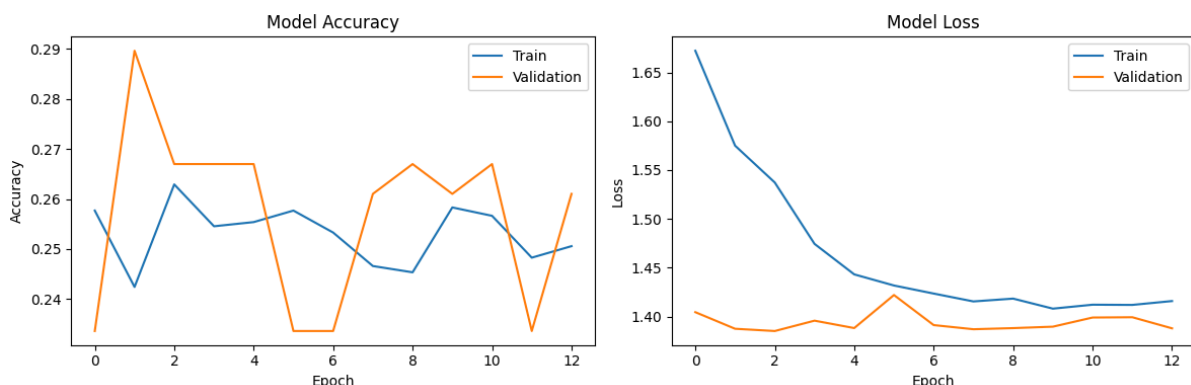
#### מודל 2 - שינוי פונקציית האקטיבציה בשכבת הקלסיפיקציה ל-Sigmoid במקום ReLU

תוצאה: המודל לא הצליח לחזות בהצלחה את המחלקות, ולכן הגיע לרמת דיוק של כ-25%.

דיון:

שינוי פונקציית האקטיבציה בשכבת ה-Fully Connected מ-ReLU ל-Sigmoid השפיע על האופן שבו המודל למד את המידע בשכבות העמוקות. פונקציית האקטיבציה ReLU היא פונקציה לינארית חלקית, המאפשרת מעבר קל יותר של ערכים חיוביים והפחתת בעיית ה-vanishing gradient בשכבות עמוקות יותר.

למרות ששכבת הפלט השתמשה בפונקציית Softmax המותאמת לסיווג רב-קטגוריאלי, האותות המוחלשים שהתקבלו מהשכבה הקודמת לא איפשרו לה להגיע לביצועים אופטימליים, אשר הובילו לדיוק וליכולת חיזוי נמוכה יותר של המחלקות השונות.

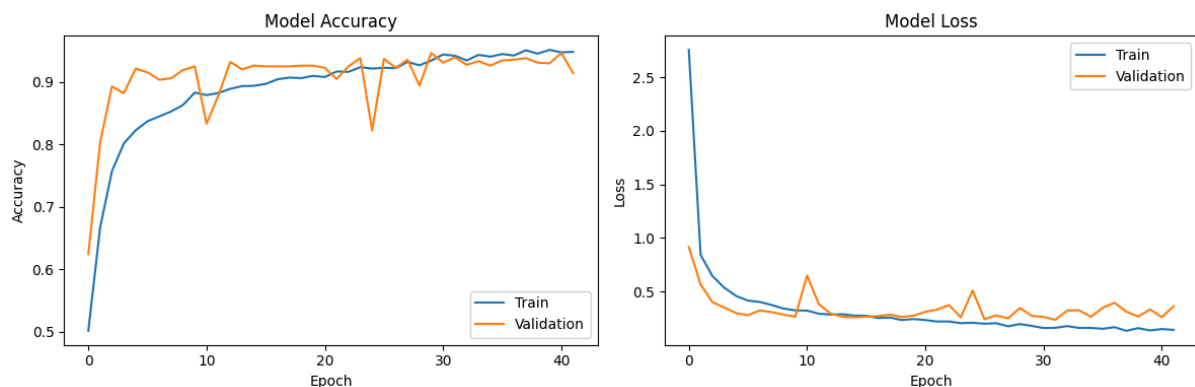


### מודל 3 - שינוי גודל ה- Pooling ל-2x2 ושינוי גודל הפילטר הראשון ל-5x5, ושאר הפילטרים ל-3x3

תוצאה: ירידה בכ-5% ביכולת החיזוי, יחד עם עלייה בזמן החישוב.

דיון:

שינוי גודל הפילטרים וה- Pooling שינה את האופן שבו המודל מזהה תכונות בתמונה. ייתכן שהפילטר הראשון הגדול מדי גרם לאיבוד מידע חשוב, ואילו הקטנת הפילטרים בשכבות העמוקות יותר לא אפשרה למודל ללמוד תכונות מורכבות בצורה מספקת.

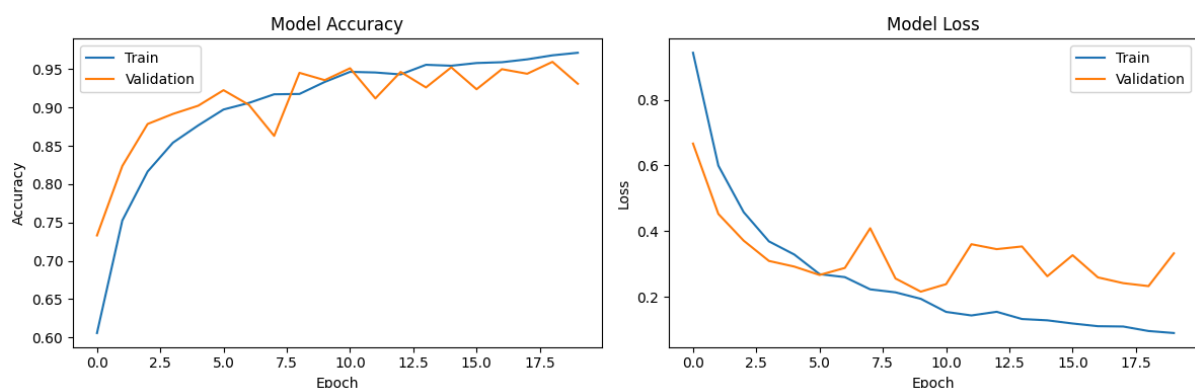


### מודל 4 - שינוי פונקציית ה- Pooling מ-Max ל-Mean

תוצאה: ירידה של כ-3% ביכולת החיזוי.

דיון:

Max Pooling עוזרת לשמר את התכונה הבולטת ביותר מתוך אזור הפילטר, בעוד Mean Pooling מחשבת ממוצע ומורידה את עוצמת האותות החזקים, מה שיכול לגרום לאיבוד מידע קריטי לתהליך הסיווג. (במיוחד לתמונות רפואיות)

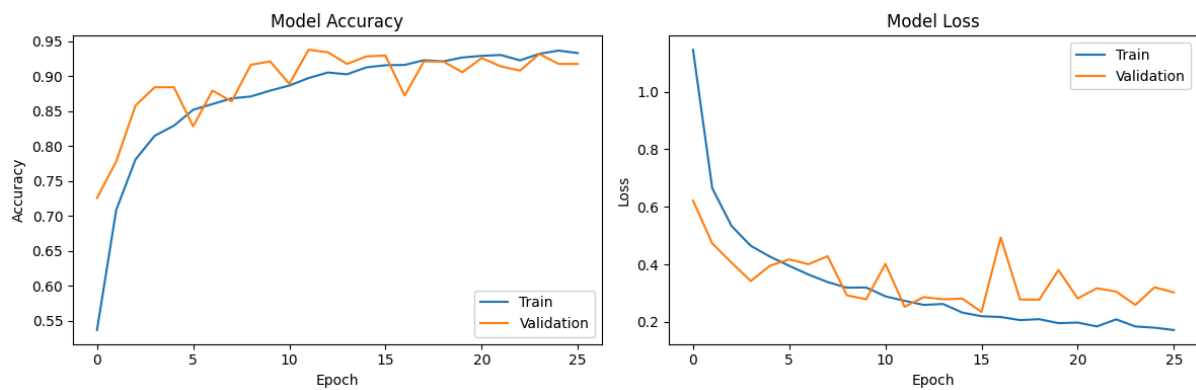


## מודל 5 - הוספת שכבה של 1024 נוירונים בשכבת הקלסיפיקציה

תוצאה: תוצאה זהה למודל האופטימלי.

דיון:

הוספת שכבה נוספת לא שיפרה את הביצועים של המודל, דבר שיכול להצביע על כך שהמודל כבר הגיע לרמת הייצוג המספיקה עבור הבעיה הנוכחית. הגברת המורכבות של שכבת הקלסיפיקציה לא הוסיפה מידע נוסף שנדרש להצלחת המשימה.



## מסקנות

### בחירת המודל האופטימלי

המודל האופטימלי שנבחר מצא איזון טוב בין המורכבות, זמן החישוב ודיוק הסיווג. השינויים שבוצעו במודלים האחרים לא שיפרו באופן משמעותי את הביצועים ובמקרים מסוימים אף פגעו בהם.

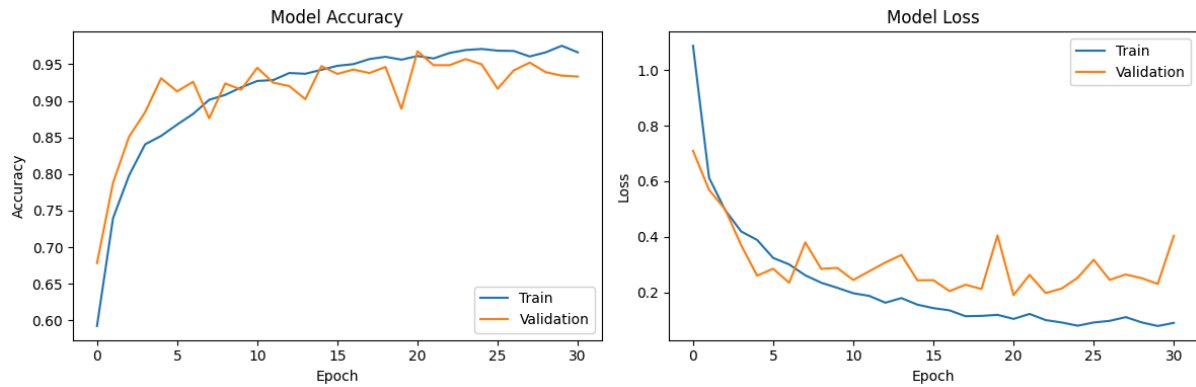
### למידה וייעול המודל

השינויים שנבחנו מדגישים את החשיבות של איזון נכון בין שכבות המודל וההיפר-פרמטרים, כך שיתאימו לסוג הנתונים והמשימה.

## ויזואליזציות המודל האופטימלי

### מדד דיוק + הפסד

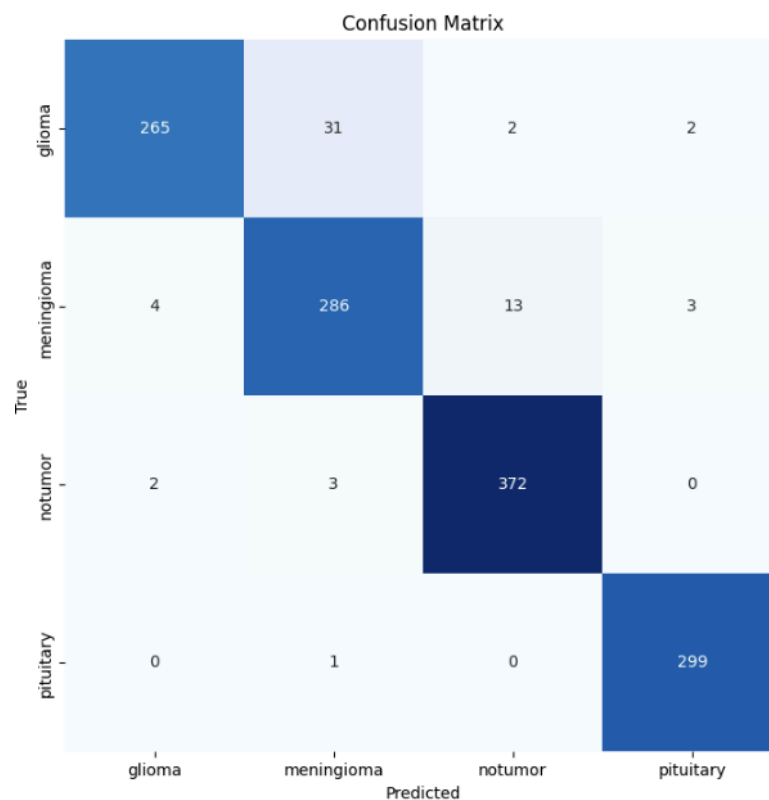
ניתן לראות אחוזי דיוק גבוהים במיוחד



27/27 [=====] - 0s 6ms/step - loss: 0.1904 - accuracy: 0.9678  
Validation Loss: 0.19043190777301788  
Validation Accuracy: 0.9678188562393188

### מטריצת בלבול

ניתן לראות כי המודל כמעט ולא טועה בחיזוי.



## מטריקות נוספות - Precision / Recall / F1-Score

ניתן לראות ביצועים מרשימים של כל המחלקות

Class: Pituitary  
Precision: 0.984  
Recall: 0.997  
F1-Score: 0.990

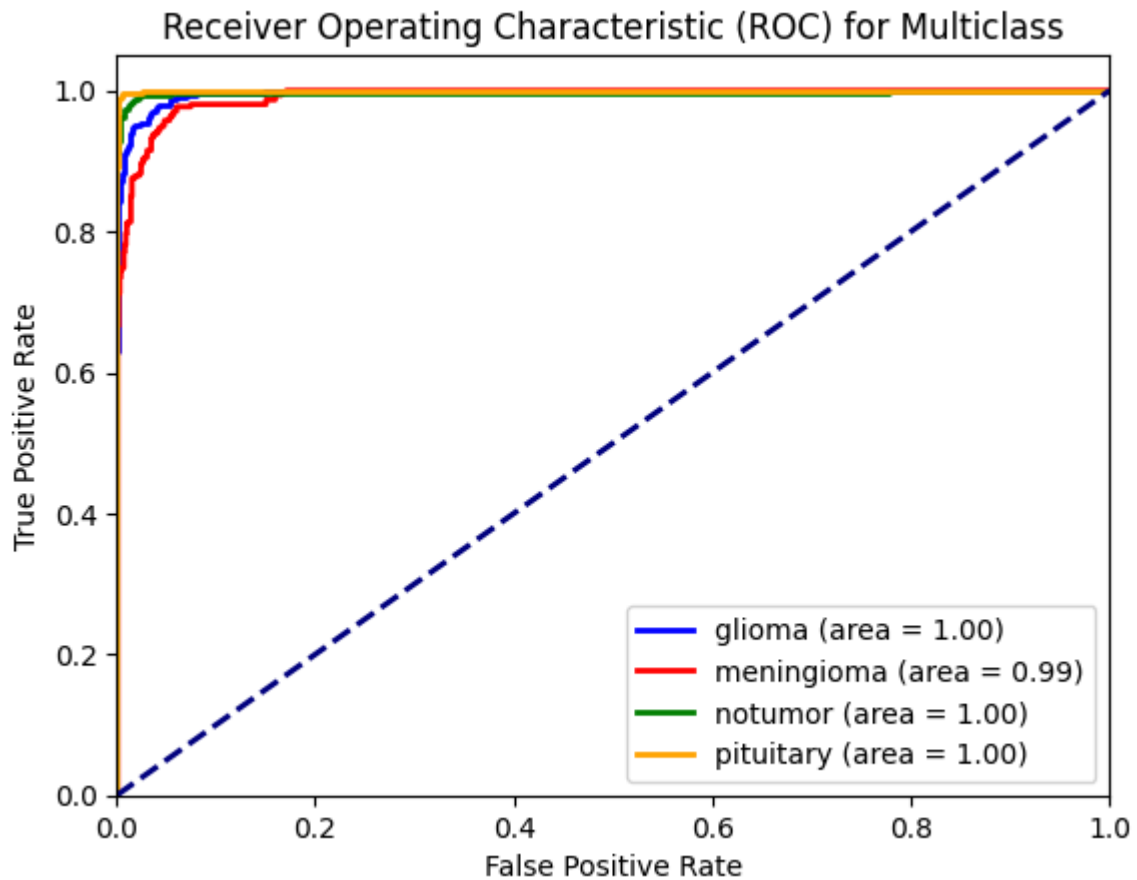
Class: Notumor  
Precision: 0.961  
Recall: 0.987  
F1-Score: 0.974

Class: Meningioma  
Precision: 0.891  
Recall: 0.935  
F1-Score: 0.912

Class: Glioma  
Precision: 0.978  
Recall: 0.883  
F1-Score: 0.928

## עקומת ROC

העקומה כמעט מושלמת



## ניתוח פרדיקציות (טעויות / חיזוי נכון)

Predicted: glioma  
True: glioma



Predicted: pituitary  
True: pituitary



Predicted: pituitary  
True: pituitary



Predicted: glioma  
True: glioma



Predicted: notumor  
True: meningioma



Predicted: meningioma  
True: meningioma



Predicted: notumor  
True: notumor



Predicted: meningioma  
True: meningioma



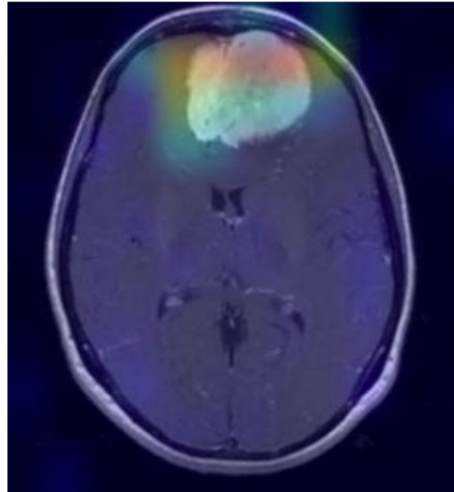
Predicted: meningioma  
True: glioma



## ויזואליזצית Grad-Cam

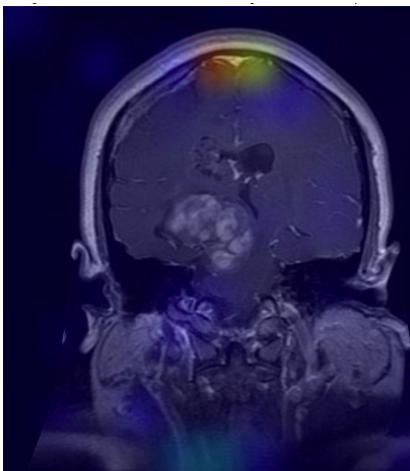
Grad-Cam עוזר לנו להבין ולחזות אילו חלקים בתמונה הם החשובים ביותר בתהליך קבלת ההחלטות של הרשת הניורנית.

בדוגמה זו של גידול מנינגיומה, ניתן לראות בבירור שהמודל מדגיש בצורה מדויקת את אזור הגידול. מכך ניתן להבין שהמודל מבין את המשימה.

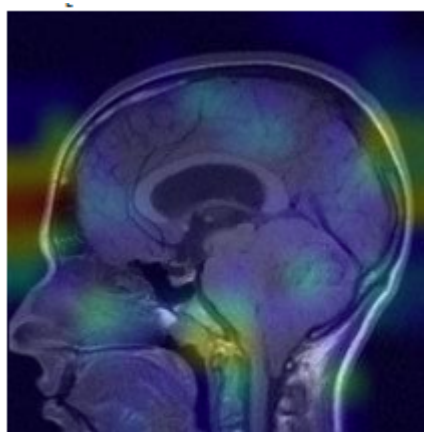


Prediction: meningioma  
True label: meningioma

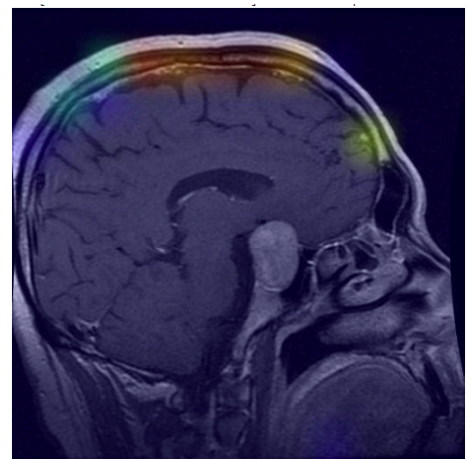
בחלק מהדוגמאות נראה שהמודל אולי הצליח למצוא **דרך חדשה**, שלא נראית לבני האדם כחשובה בזיהוי, אך עוזרת למודל להבדיל בצורה יותר טובה בין המחלקות, כמו לחץ / בליטה בגולגולת.



Prediction: Glioma  
True label: glioma



Prediction: No Tumor  
True label: notumor



Prediction: Pituitary  
True label: pituitary



## דיון

### עבודה נוספת נדרשת בפרויקט

בהתבסס על התוצאות שהתקבלו, ישנם מספר תחומים בהם ניתן להמשיך ולשפר את ביצועי החיזוי.

- **הגדלת מאגר הנתונים**  
איסוף והכנת תמונות נוספות של גידולי מוח עשוי לשפר את ביצועי המודל.
- **שיפור הארכיטקטורה**  
ניסוי עם ארכיטקטורות מורכבות יותר, כמו ResNet, Inception או EfficientNet, עשוי לשפר את ביצועי המודל.
- **כוונון היפר-פרמטרים מתקדם**  
שימוש בכלים כמו Bayesian Optimization, Hyperband או Optuna לכוונון יעיל יותר של היפר-פרמטרים עשוי להביא לשיפור ביצועי המודל.
- **הוספת רגולריזציה**  
הוספת שכבות Dropout נוספות או שימוש ב-L2 regularization כדי להפחית overfitting.
- **אנליזה של טעויות**  
ניתוח התמונות שבהן המודל טעה יכול לעזור בזיהוי דפוסים שדורשים שיפור נוסף, כמו סוגים מסוימים של גידולים שהמודל מתקשה לזהות.

### גישות אחרות שהייתם מנסים בהינתן יותר זמן

- **Ensemble Learning**  
שימוש בשיטות שונות של ensemble כמו Bagging, Boosting, או Stacking, עשוי לשפר את ביצועי המודל.
- **Semi-Supervised Learning**  
שימוש בטכניקות למידה חצי מפוקחות כדי לנצל טוב יותר את הדאטה הלא מסומן הקיים.

### מסקנות מהתוצאות

- **ביצועים מוצלחים**  
בעקבות רמת הדיוק הגבוהה (99%), ניתן להסיק שהארכיטקטורה והפרמטרים שנבחרו מתאימים לבעיה.
- **חשיבות מאגר הנתונים**  
התוצאות מדגישות את החשיבות של מאגר נתונים גדול ומגוון לאימון מודלים עמוקים.  
שימוש ב- *data augmentation* היה קריטי להצלחת המודל שלנו!!!

## ביבליוגרפיה - References

### מאגר תמונות MRI מוח

מקור: [Brain Tumor MRI Dataset](#)  
מאגר לאחר חלוקה מחודשת: [GitHub - Brain Tumor MRI Dataset](#)

### פרויקטים

הפרויקט שלנו: [GitHub - Brain Tumor Classification](#)  
פרויקטים דומים: [Kaggle](#)

### עבודות קשורות

- מאמר 1 - [Brain Tumor MRI Classification using a Novel Deep Residual and Regional CNN](#)
- מאמר 2 - [An Attentive Multi-Modal CNN for Brain Tumor Radiogenomic Classification](#)

### הסבר מחלקות הגידולים

- [גליומה \( Glioma \)](#)
- [מנינגיומה \( Meningioma \)](#)
- [גידול בבלוטת יותרת המוח \( Pituitary \)](#)

## תרומת הסטודנטים

ביצענו יחד את החיפוש אחר מאגר נתונים ( תמונות MRI מוח ) מעולם התוכן הרפואי עבור הפרויקט. דאגנו לבצע עיבוד מקדים של חלוקה מחודשת של המאגר לשלושה סטים שונים, והעלנו ל GitHub.

הרצת הקוד והפיתוח שלו הייתה במקביל ב colab, כאשר כל אחד מאיתנו היה אחראי על מספר חלקים, כולל מעבר חוזר על קוד של אחרים לניקוי ובדיקת תקינות.

הרצנו מספר מודלים, הערכנו אותם, ומהממצאים בחרנו את הארכיטקטורה המתאימה ביותר למשימה.

לבסוף יצרנו יחד את המסמך המסכם עבור הפרויקט בזום.

## אופן הרצה

יש להריץ את המחברת ב colab. ( מומלץ להריץ עם GPU / TPU )

\* המחברת כוללת את כל ההתקנות הדרושות.

הערה:

יש להימנע מלהריץ את הבלוק "Tested Other Models - ( Sample Of The Most Informative Tests )".  
הבלוק מכיל חלק מהמודלים הנסיוניים שבדקנו. ( פירוט המודלים נמצא בחלק **ניתוח/אנליזה** של מסמך זה )

המחברת כוללת את תוצאת הרצתם, כולל הסברים מפורטים על הבחירה, והתוצאות.

בשביל להימנע מזמן הרצה ארוך, ניתן לדלג על הבלוק.