



# An Intelligent Ensemble Model of Uncertainty Management in Belief Network for the Classification of Microscopic Images to Detect Cervical Cancer

Mona Benhari<sup>1</sup>, Rahil Hosseini<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>PhD Candidate, Department of Computer Engineering, Shahr-e-Qods Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran.

<sup>2</sup>Associate Professor, Department of Computer Engineering, Shahr-e-Qods Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran.

## ARTICLE INFO

### Article Type:

Original Research

**Received:** 07.11.2023

**Revised:** 02.27.2024

**Accepted:** 04.05.2024

### Keyword:

Convolutional Neural Network  
Modeling Uncertainty  
Dempster-shafer Theory  
Belief Network  
Cell Image Classification

### \*Corresponding Author:

Rahil Hosseini

**Email:**

[universityhosseini@gmail.com](mailto:universityhosseini@gmail.com)

## ABSTRACT

The analysis of medical images in recent years in order to diagnose types of cancer has attracted the attention of researchers. The present research presents a comprehensive model, using the ability of belief theory and deep learning to process pap smear images, for the diagnosis of cervical cancer. In the aggregate classification model, the combination of classification models and belief network is used. In this method, it uses the belief network and Dempster's combination law to combine observations to manage the uncertainty of cell types classification. This model uses the proposed cumulative classification model in order to manage uncertainty in similar unclassified samples. This proposed method uses five classifiers including support vector machine, K-nearest neighbor, decision tree, Naive Bayesian and fuzzy classifier to classify samples and improve model performance. The results of the implementation of the proposed model were analyzed on two standard data sets. In the Sipakmed data set, this model was superior to the existing methods in terms of accuracy with 98.93%, and in the Herlev data set, it was superior to the existing methods with a sensitivity of 98.83%, and the level under the ROC chart was 99.94% which is promising for early detection of this type of cancer.



---

**EXTENDED ABSTRACT**


---

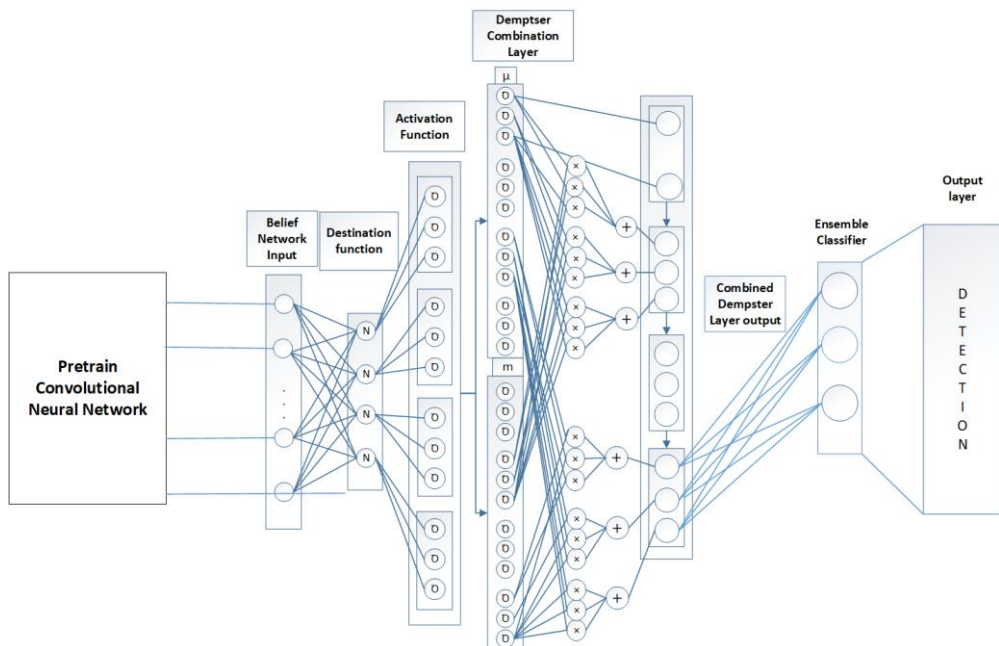
**Introduction**

Designing a high-performance CAD can be extremely helpful for doctors and technicians in cell detection to prevent cancers. Cell detection from cell images is a challenging area in artificial intelligence algorithms. Deep convolutional neural networks and deep learning approaches have gained remarkable achievements in recent years. The main challenge is to manage the uncertainty in the classification of cells. Since there are various sources of uncertainty in the analysis of medical images, one of which is uncertainty in classification algorithms, in this research, we decided to model this type of uncertainty.

**Methodology**

A new deep convolutional neural network applying the Dempster rule to handle the uncertainty of cell classification is presented. In this new method of Deep Ensemble Belief Network (EDBN), an ensemble method is added to the belief network to prevent object rejection. The rejection of data is due to their low probability of being placed in different classes. This means that the algorithm cannot detect the correct class, and in this regard, it faces high uncertainty. The ensemble model retrieves the rejected sample.

The architecture of the model is presented in the below diagram.



**Figure 1. The architecture of the deep ensemble belief network (EDBN) model.**

In this diagram, the input data is first entered into the system. In the belief network layer, the feature maps are taken from the fully connected layer of the deep neural network. Then,

their distance with a series of data representatives is measured by the Euclidean distance function. The activation function was then applied to the next layer. The values obtained in the next layer are combined by Dempster's combination rule. If the amount of disbelief in each class is less than a threshold, this sample is classified by the ensemble classifier. Otherwise, the answer of the belief network is considered as the output of the system.

## Results and discussion

The proposed method was applied to two famous datasets: the Herlev dataset and the SipakMed dataset. The results showed the superiority of the proposed model. The criteria considered to evaluate the proposed model were accuracy, specificity, sensitivity and area under the roc chart. The table below shows the results of the proposed method compared with the basic method.

**Table 1. Comparison of the proposed method with basic state-of-the-art methods.**

Method	Accuracy%	Specificity%	Sensitivity%	AUC%
Pre-trained Google-Net	<b>87.09</b>	<b>88.88</b>	<b>94.12</b>	<b>92.12</b>
Pre-trained Res-Net50	89.07	88.07	93.01	94.24
Pre-trained Alex-Net	89.61	80.85	92.98	94.01
Google-Net with Belief network classifier	91.36	89.18	87.24	94.82
Res-Net50 with Belief network classifier	91.12	89.06	86.61	94.32
Alex-Net with Belief network classifier	91.11	87.72	97.26	94.78
Google-Net with DEBN	<b>99.20</b>	99.75	<b>99.25</b>	99.91
Res-Net50 with DEBN	99.20	99.25	98.51	<b>99.99</b>
Alex-Net with DEBN	98.80	<b>99.78</b>	99.25	99.97

As can be observed in the table, the proposed model with AlexNet provides the best results. In addition, the proposed model was compared with the other state-of-the-art models.

**Table 2. Comparison of the proposed method with state-of-the-art methods on the Herlev database.**

Method	Accuracy%	Specificity%	Sensitivity%	AUC%
Azur machine learning [17]	90.18	93.56	93.33	95.43
feature concatenation [47]	92.63	NP	NP	NP
Deep Pap [25]	98.30	98.30	98.20	99.80
EML [26]	97.96	NP	96.99	NP
Transfer learning (VGG19) with resizing [34]	85.15	88.22	87.24	NP
Transfer learning (Res-Net) with resizing [34]	93.14	92.81	94.56	NP
Transfer learning (Efficient-Net) with resizing [34]	93.03	94.27	94.31	NP
Bi-path Deep CNN [13]	91.00	91.00	87.00	NP
Deep-Cervix [38]	98.32	NP	NP	NP
DCAVN [39]	98.1	99.2	98.3	NP
Enhanced Deep Feature [40]	98.32	97.65	98.66	NP
DEBN classifier (this study)	<b>99.20</b>	<b>99.75</b>	<b>99.25</b>	<b>99.91</b>

The proposed DEBN outperformed the models reported in [17], [47], [25], [26], [34], [13], [38], [39], and [40] in terms of accuracy, and improved sensitivity compared to [25],

and [17] methods. In the case of specificity, the DCAVN model [39], has the highest rate. It means that this model can detect normal cells more accurately. In the case of sensitivity, all methods had acceptable abnormal cell detection of more than 99%. The proposed model with 98.25% sensitivity has maximum sensitivity, meaning that modelling uncertainty in the proposed DEBN model detects abnormal cells more efficiently. The DEBN model outperformed the other classification methods in AUC.

## Conclusion

The present research designed a CAD to detect Cervical Cancer from Pap smear cell images. The main challenge was ambiguity in classification results which was handled with the proposed method.

The proposed model manages uncertainty in classification results by applying the Dempster rule in the classification layer of CNN and solving the rejection sample of the Dempster rule by applying an ensemble classifier. The results were evaluated by an average of 5-fold cross-validation and with the metrics of accuracy, specificity, sensitivity, and AUC. The results of the EDBM are compatible with other state-of-the-art methods. Pre-trained CNN methods (Google-Net, Res-Net and, Alex-Net) and the Belief network were applied to Pap images for classification of the images and compared with the EDBM. The results showed 99.20%, 99.75%, and 99.25%, in accuracy, specificity, and sensitivity in Herlev dataset and 99.20%, 99.75%, and 99.25% in the SIPaKMeD dataset, respectively. The area under the ROC curve in Herlev showed the superiority of the proposed method with 99.01%. This trend was repeated in SIPaKMeD with 99.01%. The EDBM showed better results than the other methods by up to an average of 10% for each metric, particularly in the Herlev dataset. moreover, the proposed model outperformed all state-of-the-art methods in accuracy, specificity, sensitivity and AUC.



دانشگاه ملی مهارت  
تهران

کارافن

فصلنامه علمی دانشگاه فنی و حرفه‌ای

بهار ۱۴۰۳، دوره ۲۱، شماره ۱، ۱۱۰-۹۱

آدرس نشریه: <https://karafan.tvu.ac.ir/>

doi: 10.48301/KSSA.2023.404913.2625



## ارائه مدل هوشمند تجمیعی مدیریت عدم قطعیت در شبکه باور عمیق برای طبقه‌بندی تصاویر میکروسکوپی به منظور تشخیص سرطان رحم

مونا بنهری<sup>۱</sup>، راحیل حسینی<sup>۲\*</sup>

۱- دانشجوی دکتری، گروه مهندسی کامپیوتر، واحد شهرقدس، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران.

۲- دانشیار، گروه مهندسی کامپیوتر، واحد شهرقدس، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران.

### چکیده

### اطلاعات مقاله

تجزیه و تحلیل تصاویر پزشکی به منظور تشخیص انواع سرطان در سال‌های اخیر مورد توجه پژوهشگران قرار گرفته است. پژوهش حاضر یک مدل تجمیعی، با استفاده از قابلیت تئوری باور و یادگیری عمیق به منظور پردازش تصاویر پاپ اسمیر، برای تشخیص سرطان دهانه رحم ارائه می‌کند. در مدل طبقه‌بندی تجمیعی، از ترکیب مدل‌های طبقه‌بندی و شبکه باور بهره گرفته شده است. در این روش، از شبکه باور و قانون ترکیب دمپستر جهت ترکیب مشاهدات برای مدیریت عدم قطعیت طبقه‌بندی انواع سلولی استفاده می‌شود. این مدل به منظور مدیریت عدم قطعیت در نمونه‌های مشابه طبقه‌بندی‌نشده مدل دمپستراز مدل طبقه‌بندی تجمیعی پیشنهادی بهره می‌برد. این روش پیشنهادی، از پنج طبقه‌بند شامل ماشین بردار پشتیبان، نزدیکترین همسایه ک‌ی، درخت تصمیم، نایو بیزین و طبقه‌بند فازی برای طبقه‌بندی نمونه‌ها و بهبود عملکرد مدل استفاده می‌کند. نتایج پیاده‌سازی مدل پیشنهادی بر روی دو مجموعه داده استاندارد مورد بررسی قرار گرفت. این مدل در مجموعه داده Sipakmed در معیار دقت با ۹۸/۹۳ درصد، نسبت به روش‌های موجود برتری داشته است و در مجموعه داده Herlev با حساسیت ۹۸/۸۲ درصد، و سطح زیر نمودار ROC ۹۹/۹۴ درصد، نسبت به روش‌های موجود برتری داشته است که برای تشخیص زودهنگام این نوع از سرطان امید بخش است.

نوع مقاله: مقاله پژوهشی

دریافت مقاله: ۱۴۰۲/۰۴/۲۰

بازنگری مقاله: ۱۴۰۲/۱۲/۰۸

پذیرش مقاله: ۱۴۰۲/۰۱/۱۷

### کلید واژگان:

شبکه‌های عصبی کانولوشنی  
مدلسازی عدم قطعیت  
نظریه باور دمپستر-شفر  
شبکه باور  
طبقه‌بندی تصاویر سلولی

\*نویسنده مسئول: راحیل حسینی

پست الکترونیکی:

[universityhosseini@gmail.com](mailto:universityhosseini@gmail.com)



©2024 the authors. Published by National University of Skills, Tehran, Iran. This article is an open-access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution-Noncommercial 4.0 International (CC BY-NC License) (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>)

شاپای الکترونیکی: ۲۵۳۸-۴۴۳۰

شاپای چاپی: ۹۷۹۶-۲۳۸۲

## مقدمه

یکی از انواع سرطان‌هایی که در بانوان با نرخ مرگ و میر بالا تشخیص داده می‌شود، سرطان دهانه رحم است. برای تشخیص این نوع سرطان، تست پاپ‌اسمیر به عنوان یک روش پیشنهادی توصیه می‌شود. در این روش، نمونه‌ای از سلول‌های دهانه رحم که می‌تواند شامل هزاران سلول باشد، روی یک لام به صورت لایه لایه رنگ‌آمیزی می‌شود و سپس توسط یک تکنسین برای تجزیه و تحلیل سلول‌های سرطانی بررسی می‌شود.

این عملیات نیازمند دقت فراوان، خسته‌کننده، وقت‌گیر و از حساسیت بالایی برخوردار است. از این‌رو، یک سیستم تشخیص کامپیوتری (CAD)<sup>۱</sup> جهت تسهیل تشخیص پزشکان می‌تواند کمک‌کننده باشد. CAD پاپ‌اسمیر تصاویر دیجیتالی سیتولوژی پاپ‌اسمیر را مورد تجزیه و تحلیل قرار می‌دهد و سلول‌های سرطانی را شناسایی می‌کند. سلول‌های پاپ‌اسمیر بر هفت نوعند: سطحی طبیعی، متوسط طبیعی، ستونی طبیعی (که مربوط به سطوح مختلف ارگان دهانه رحم هستند)، دیسپلاستیک خفیف، دیسپلاستیک متوسط، دیسپلاستیک شدید و سرطانی (که بدخیمی یک سلول را نشان می‌دهند). این هفت کلاس به دو گروه اصلی تقسیم می‌شوند: طبیعی (سلول سطحی، سلول میانی و سلول ستونی) و غیرطبیعی (دیسپلاستیک سبک، دیسپلاستیک متوسط، دیسپلاستیک شدید و کارسینوما) که معمولاً به‌عنوان یک مسئله دو کلاسه مطرح می‌شوند. در دهه‌های گذشته تعدادی از CADها برای شناسایی سرطان دهانه رحم ارائه شده‌اند [۵-۱].

تشخیص نوع سلول‌های دهانه رحم از طریق سیستم تشخیص پزشکی توسط محاسبات نرم با مشکلات مختلفی مواجه می‌باشد. ابتدا مسائل مربوط به میزان تشابه بالای سلول‌های بافت ستونی با سلول‌های بافت سرطانی به لحاظ درجه رنگ و اشکال متشابه می‌باشند. سلول‌های سرطانی به طور خاص هسته سلول وسیع‌تر و رنگ تیره‌تری دارند و از فرم خارج شده و نامتقارن تیره رنگ می‌باشند در حالی که سلول‌های بافت ستونی نیز به همین ترتیب خصوصیات فوق‌الذکر را دارا می‌باشند، که عملیات تشخیص سلولی را با ناپیوستگی و عدم قطعیت بالایی مواجه می‌کند. مسئله دوم در مورد تصاویر پاپ‌اسمیر عدم وجود داده کافی قابل استفاده می‌باشد، لذا عملیات طبقه‌بندی سلولی با پایگاه داده اندک دقت خوبی از خود نشان نمی‌دهد. مسئله سوم دسترسی پرهزینه به دانش متخصص در طراحی ویژگی‌های سلولی است. در ادامه متن برای مسائل ذکر شده راهکاری در پژوهش حاضر ارائه می‌گردد [۵].

پاپ‌اسمیر CAD معمولاً دارای چهار جزء اصلی است: بهبود کیفیت تصویر، قطعه‌بندی تصویر، استخراج ویژگی و طبقه‌بندی تصویر. پژوهش‌های فراوانی برای بهبود کیفیت تصویر و قطعه‌بندی تصویر انجام شده‌است [۶-۹]. با توجه به اهمیت مرحله قطعه‌بندی در تجزیه و تحلیل تصاویر پزشکی، دو سمپوزیوم بین‌المللی در سال‌های ۲۰۱۴ و ۲۰۱۵ در زمینه قطعه‌بندی تصاویر سلولی برگزار شدند و برخی تحقیقات [۷-۹] نتایج قابل توجهی را گزارش کردند. این سمپوزیوم‌ها قطعه‌بندی در سطح پیکسل، پردازش تصویر بلوکی و روش سوپرپیکسلی را برای بهبود دقت قطعه‌بندی پیشنهاد کرده‌اند. با این حال، قطعه‌بندی دقیق در حال حاضر نیز یک چالش در یک سیستم تشخیص پزشکی باقی مانده‌است. در مرحله طبقه‌بندی تصاویر فرض می‌شود که نتیجه قطعه‌بندی قابل اعتماد است. بنابراین، قطعه‌بندی ضعیف مستقیماً منجر به طبقه‌بندی دارای خطا خواهد شد [۵].

پس از بهبود کیفیت تصویر و قطعه‌بندی، طراحی ویژگی و استخراج ویژگی فاز سوم یک سیستم تشخیص پزشکی است. برخی از ویژگی‌ها توسط یک متخصص طراحی می‌شوند (مانند شکل، اندازه و روشنایی)، برخی توسط الگوریتم‌ها طراحی می‌شوند (مانند الگوریتم خوشه‌بندی)، و برخی از ترکیبی از هر دو استفاده می‌کنند. در تصاویر سیتولوژی پاپ‌اسمیر تا ۲۰ ویژگی توسط متخصص برای مرحله طبقه‌بندی طراحی شده‌است. این تعداد ویژگی‌ها ممکن است باعث

<sup>1</sup> Computer Aided Detection

برازش بیش از حد<sup>۱</sup> در فرآیندهای طبقه‌بندی شوند. بنابراین، انتخاب ویژگی در برخی از مطالعات [۱۰؛ ۱۱] برای کاهش تعداد ویژگی و جلوگیری از برازش بیش از حد مورد بررسی قرار گرفته‌است. در سال‌های اخیر شبکه‌های عصبی کانولوشنال<sup>۲</sup> (CNN) در مسائل طبقه‌بندی بسیار مورد بررسی قرار گرفته‌اند. یکی از دلایلی که CNN را با ارزش و کارآمد می‌کند، ادغام فاز قطع‌بندی و استخراج ویژگی است [۳؛ ۱۲؛ ۱۳]. دلیل دیگر استفاده از CNNها توانایی آنها در استخراج ویژگی‌ها بدون دخالت متخصص در طراحی ویژگی است [۱۴]. از طرفی، تمام روش‌های طبقه‌بندی مرسوم فرض می‌کنند که قطع‌بندی تصاویر سلولی به هسته و سیتوپلاسم دقیق و قابل اعتماد است [۱۵]. در حین استفاده از CNN، فرآیند قطع‌بندی در داخل لایه‌ها اجرا می‌شود. هرچند در این روش با مشکل کمبود داده به‌خصوص در کاربردهای پزشکی مواجهیم، به این علت که CNN به تعداد زیادی تصویر نیاز دارد. برای حل این مشکل می‌توان از شبکه‌های از قبل آموزش‌دیده، استفاده کرد [۴؛ ۱۶-۱۸]. با این حال، عدم قطعیت مرتبط با طبقه‌بندی نمونه‌های پاپ‌اسمیر در CNN موضوع قابل توجهی است که در تحقیقات اخیر راهکاری برای آن ارائه نشده‌است. در تمام تشخیص‌های کامپیوتری، از جمله CAD پاپ‌اسمیر منابع عدم قطعیت وجود دارد: عدم دقت در داده‌های ورودی و ویژگی‌های سلول‌ها در تصاویر میکروسکوپی پاپ‌اسمیر و اندازه‌گیری‌های توام با نویز، عدم قطعیت در تشخیص متخصص و تردید در طبقه‌بندی سلول‌ها. عدم قطعیت مدل‌های ریاضی برای اندازه‌گیری ویژگی‌های پیچیده تصاویر و سایر منابع عدم قطعیت که بنا به کاربرد وجود دارند [۱۹]. برخی از محققان تلاش کردند تا عدم قطعیت در تشخیص سلول پاپ‌اسمیر را مدیریت کنند. ویلیام<sup>۳</sup> و همکاران [۱۸] از C-means فازی برای طبقه‌بندی تصاویر استفاده کردند [۲۰]. اما یک رویکرد کلاسیک بدون در نظر گرفتن عدم قطعیت موجود در مراحل مختلف برای بهبود کیفیت تصویر، قطع‌بندی و استخراج ویژگی استفاده شده است. همچنین صبحی ال-بتاه<sup>۴</sup> و همکاران [۱۰]، برای مدل‌سازی عدم قطعیت، یک الگوریتم استخراج ویژگی خودکار<sup>۵</sup> (AFE) را با یک مدل عصبی فازی به نام سیستم استنتاج عصبی-فازی تطبیقی چندگانه برای فرآیند شناسایی بررسی کردند. نتایج امیدوارکننده بود اما در یک مجموعه‌داده محلی پیاده‌سازی شده بود. بورا و همکاران<sup>۶</sup> [۱۳]، برای طراحی بردار ویژگی و انتخاب ویژگی، از آنتروپی فازی استفاده کردند، و در مرحله طبقه‌بندی از SVM<sup>۷</sup> استفاده شد.

در مطالعات ذکر شده از روش‌های کلاسیک برای تشخیص سرطان دهانه رحم استفاده شده‌است که بسیار بستگی به دقتی دارد که در هر مرحله بدست می‌آید. دقت هر فاز به‌طور مستقیم به دقت فاز قبلی بستگی دارد. یک شبکه عصبی کانولوشن عمیق (DCNN)<sup>۸</sup> با ساختار یکپارچه این مشکل را حل می‌کند، چون مراحل قطع‌بندی و طبقه‌بندی در فازهای مختلف نیستند بلکه این فرآیند داخل لایه‌ها انجام می‌شود و در فرآیند آموزش خطا به حداقل می‌رسد. علاوه بر این، تحقیقات اخیر برتری روش‌های یادگیری عمیق را در نتایج خیره‌کننده با دقت بالا در طبقه‌بندی نشان می‌دهد. تنها ایراد این روش، نیازهای سخت‌افزاری آن است که با پیشرفت روزافزون تکنولوژی در آینده‌ای نه چندان دور مرتفع خواهد شد [۵].

<sup>1</sup> Overfitting

<sup>2</sup> Convolutional Neural Network

<sup>3</sup> William

<sup>4</sup> Subhi Al-batah

<sup>5</sup> Automatic Feature Extraction

<sup>6</sup> Bora

<sup>7</sup> Support Vector Machine

<sup>8</sup> Deep Convolutional Neural Network

## روش‌شناسی

شبکه‌های عصبی عمیق کانولوشنی با استفاده از عملیات کانولوشن ریاضی که یک عملگر خطی می‌باشد، در بسیاری از پژوهش‌ها نتایج درخشانی از خود نشان داده‌است. شبکه‌های کانولوشنی شبکه‌های عصبی هستند که از کانولوشن به جای ضرب ماتریس عمومی حداقل در یکی از لایه‌های خود استفاده می‌کنند [۲۱]. در یک شبکه عصبی کانولوشن، یک پنجره وزن‌دار به نام فیلتر یا لایه کانولوشن با تصویر ورودی در هم کانوالو می‌شود و ورودی لایه بعدی را آماده می‌کند. در سایر لایه‌ها که به نام لایه‌های پولینگ معروفند، همچنین سایر لایه‌های کانولوشنی، لایه کاملاً متصل و در انتها لایه طبقه‌بندی که معمولاً لایه Soft-Max است، نقشه‌های ویژگی (وزن‌ها) محاسبه می‌شوند. وزن‌ها از طریق تابع گرادینت تصادفی مناسب به‌روزی می‌شوند [۵].

در این راستا اگر چنانچه تعداد داده‌های ورودی به اندازه کافی نباشند، شبکه‌های از پیش آموزش دیده شده به روش یادگیری انتقالی می‌توانند به دلیل محدود بودن تصاویر ورودی، به جلوگیری از برازش بیش از حد در شبکه‌های عصبی کانولوشنی عمیق کمک کنند. در یک شبکه از پیش آموزش دیده، وزن اولیه متعلق به سایر شبکه‌های آموزش دیده مانند، گوگل نت که پایگاه داده عظیمی از تصاویر را تحت پوشش قرار می‌دهد، یا سایر شبکه‌های که کارآمدیشان اثبات شده‌است می‌باشد. این شبکه‌های از پیش آموزش دیده فقط برای تنظیم دقیق وزن مجموعه داده‌های جدید استفاده می‌شوند. از طریق این تکنیک مفید، کمبود داده‌های ورودی اصلاح می‌شود. همچنین، طبقه‌بندی‌کننده‌های دیگر می‌توانند جایگزین لایه Soft-max شوند تا دقت پیش‌بینی را بهبود بخشند [۲۰؛ ۲۲-۲۸]. در پژوهش حاضر یادگیری انتقالی (استفاده از شبکه‌های از پیش آموزش داده شده) در تصاویر پاپ‌اسمیر به دلیل محدودیت در تعداد نمونه‌های داده (۹۱۷ تصویر) اعمال شده‌است. CNN از پیش آموزش دیده در Google-Net، Alex-Net و Res-Net۵۰ و وزن اولیه آنها استفاده می‌شود. باید توجه داشت که وقتی تعداد نمونه‌ها در مجموعه داده کافی نباشد، شبکه ممکن است منجر به برازش بیش از حد یا طبقه‌بندی کاملاً اشتباه شود [۵]. به طور کلی، آخرین لایه شبکه عصبی کانولوشنال به لایه طبقه‌بندی اختصاص دارد. معمولاً از تابع Soft-max به عنوان طبقه‌بندی‌کننده استفاده می‌شود. شبکه عصبی کانولوشنال همچنین می‌تواند به عنوان استخراج‌کننده ویژگی و به عنوان تولیدکننده ورودی یک طبقه‌بندی‌کننده، از جمله ماشین بردار پشتیبان SVM، نزدیک‌ترین همسایه<sup>۱</sup> KNN و Nieves Bayesian، درخت تصمیم، طبقه‌بندی‌کننده فازی یا شبکه‌های باور باشد. بخش زیر معماری مدل پیشنهادی هوشمند تجمیعی در شبکه باور عمیق مدل تجمیعی باور عمیق<sup>۲</sup> را توضیح می‌دهد.

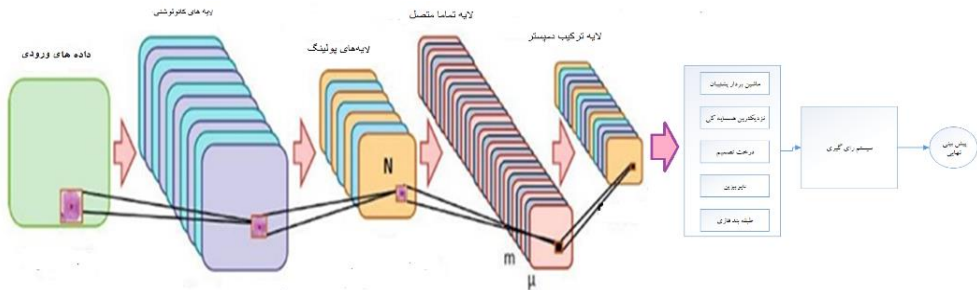
### مدل پیشنهادی هوشمند تجمیعی در شبکه باور عمیق

بخش زیر معماری، مراحل و مدل ریاضی مدل تجمیعی باور عمیق را ارائه می‌کند. در این مدل، شبکه باور با قانون جمع دمپرستر، رویدادها را به منظور رسیدگی به عدم قطعیت در طبقه‌بندی سلول‌های پاپ‌اسمیر ترکیب می‌کند. در این مدل از شبکه باور، نمونه‌هایی با درجه عدم قطعیت بالا رد می‌شوند و مورد طبقه‌بندی قرار نمی‌گیرند. با توجه به تعداد محدود نمونه‌ها در مجموعه داده‌های پزشکی، به ویژه در تصاویر سلول‌های پاپ‌اسمیر، این اقدام رد کردن نمونه ممکن است اطلاعات ارزشمندی را از مجموعه داده حذف کند [۵]. طبقه‌بندی تجمیعی پیشنهادی مدل تجمیعی باور عمیق این مشکل را برای تصمیم‌گیری در مورد کلاس نمونه‌های رده‌شده برطرف کرده‌است.

تصاویر سلولی، به عنوان ورودی شبکه عصبی کانولوشنال از پیش آموزش دیده، وزن نقشه ویژگی را به خوبی تنظیم می‌کند. این ویژگی‌ها به یک لایه کاملاً متصل فرستاده می‌شوند و به عنوان ورودی شبکه باور با قانون ترکیبی Dempster

<sup>۱</sup> K Nearest Neighbor

استفاده می‌شوند. در خروجی قانون Dempster اعمال شده، درجه عدم قطعیت اگر احتمال کلاس کمتر از یک آستانه باشد (یعنی  $0.1 < t$ ) رد می‌شود. هنگامی که درجه عدم قطعیت بالا باشد، طبقه‌بندی کننده تجمیعی در مورد کلاس نمونه تصمیم می‌گیرد و از رد نمونه جلوگیری می‌کند [۵]. معماری مدل پیشنهادی در شکل ۱ نشان داده شده است.



شکل ۱. معماری مدل تجمیعی باور عمیق.

شکل ۱ معماری مدل تجمیعی باور عمیق پیشنهادی را نشان می‌دهد. ورودی‌ها، تصاویر سلول پاپ‌اسمیر، وارد CNN از قبل آموزش دیده می‌شوند و ویژگی‌ها استخراج می‌شوند. نقشه ویژگی استخراج شده به لایه کاملاً متصل ارسال می‌شود. هر گره از یک لایه کاملاً متصل به عنوان ورودی لایه‌های طبقه‌بندی در نظر گرفته می‌شود. فاصله بین ورودی و هر نمونه اولیه (نمونه‌های اولیه نقشه ویژگی نمونه نماینده در مجموعه داده هستند) با تابع فاصله محاسبه می‌شود. لایه بعدی احتمال هر کلاس را به عنوان بردار  $m$  محاسبه می‌کند. یک کپی از  $m$  به نام  $\mu$  توسط قانون ترکیبی Dempster در لایه تجمیع با  $m$  ترکیب می‌شود [۵]. آخرین گره لایه Dempster پیش‌بینی طبقه‌بندی مجموعه را ارائه می‌کند، سپس انهایی که توسط این شبکه رد شده‌اند در لایه بعد توسط پنج طبقه‌بندی کننده رای‌گیری شده و پیش‌بینی نهایی ارائه می‌شود.

زیر بخش زیر مراحل مدل تجمیعی باور عمیق پیشنهادی را به طور مفصل توضیح می‌دهد.

### تئوری پایه‌ی قانون دمپستر در شبکه باور

این بخش مروری کوتاه بر شبکه باور و قانون دمپستر به عنوان نظریه پایه [۲۹] در مدل تجمیعی باور عمیق ارائه می‌کند. یکی از مدل‌های کارآمد برای مدیریت عدم قطعیت در فرآیند تصمیم‌گیری، نظریه باور است که توسط شفر<sup>۱</sup> در سال ۱۹۷۶ ارائه شد [۳۰] و توسط دمپستر تکمیل شد. تیری دونو [۲۹; ۳۱] این نظریه را در شبکه‌های عصبی و شبکه‌های عصبی کانولوشن به کار برد.

فرض کنید  $\Omega = \{w_1, w_2, \dots, w_q\}$  به عنوان زیرمجموعه‌ای از کلاس‌های مختلف سلولی و تابع جرمی  $m$  تابعی از  $[0, 1] \rightarrow 2^\Omega$  با شرایط زیر است:

$$m(\phi) = 0 \quad (1)$$

$$\sum_{A \subset \Omega} m(A) = 1 \quad (2)$$

<sup>1</sup> Shafer

$m(A)$  مقدار باوری است که به  $A$  داریم، برای هر  $A \subset \Omega$ . مجموعه  $A$  یک عنصر کانونی از  $m$  است که  $m(A) > 0$  می‌باشد.

تابع اعتبار  $bel(A)$  به‌عنوان کران پایین عدم قطعیت در نظر گرفته می‌شود و تابع معقول  $pl(A)$  به‌عنوان کران بالای عدم قطعیت در نظر گرفته می‌شود که با  $m$  برای هر  $A \subset \Omega$  مرتبط است، به این صورت تعریف می‌شود:

$$bel(A) = \sum_{B \subset A} m(B) \quad (۳)$$

$$pl(A) = \sum_{A \cap B \neq \emptyset} m(B) \quad (۴)$$

کمیت  $bel(A)$  به‌عنوان معیاری کلی برای باور فرد به درستی فرضیه  $A$  تفسیر می‌شود، در حالی که  $pl(A)$  مقدار باوری است که به طور بالقوه می‌تواند در  $A$  قرار گیرد. دمپستر قانونی به نام قانون دمپستر را ارائه کرد که توسط عملگر  $\oplus$  نشان داده شده‌است، که می‌تواند دو تابع جرم  $m_1$  و  $m_2$  را ترکیب کند. این توابع مستقل از یکدیگر می‌باشند:

$$m(\emptyset) = 0, \quad (m_1 \oplus m_2)(A) = \frac{\sum_{B \cap C = A} m_1(B)m_2(C)}{\sum_{B \cap C \neq \emptyset} m_1(B)m_2(C)} \quad (۵)$$

در این قانون، اگر  $A \neq \emptyset$  و  $(m_1 \oplus m_2)(\emptyset) = 0$ ، همه جرم‌ها را می‌توان بوسیله قانون فوق با یکدیگر ترکیب کرد [۲۹]. تابع باور یک طبقه‌بندی الگوی تطبیقی بر اساس قانون دمپستر ارائه می‌دهد. هر کلاس دارای برخی الگوها یا نمونه‌های اولیه است که به‌عنوان شواهد مربوط به کلاس‌های‌شان در نظر گرفته می‌شوند. این روش برای هر یک از شواهد، یک تابع جرم ترکیب شده با توابع جرم دیگر توسط قانون دمپستر ارائه می‌دهد. معادلات تابع فعال‌سازی در [۳۱] توضیح داده شده‌است.

مجموعه  $\Omega = \{w_1, w_2, \dots, w_q\}$  کلاس‌های مختلف در داده‌های تصویر پاپ‌اسمیر هستند. از آنجایی که این روش طبقه‌بندی یک مسئله دو کلاسه (سلول طبیعی و سلول غیرطبیعی) است، مجموعه دارای دو عضو است. هر سلول مشاهده‌ای در نظریه باور است و هر نمونه اولیه از مجموعه داده‌های تصویر توسط روش k-means انتخاب می‌شود. ورودی  $x \in \mathbb{R}^p$  برای طبقه‌بندی به یکی از کلاس‌های  $M$ ، وارد مدل می‌شود (در مجموعه داده‌های ما  $M=2$  طبیعی و غیرطبیعی). کلاس‌ها با  $w_1, \dots, w_m$  نشان داده می‌شوند و  $T$  مجموعه آموزشی  $N$  نمونه با  $P$  بعد است. عدم قطعیت کلاس  $x$  با تابع جرم محاسبه می‌شود. این تابع جرم یا تابع وزن برای وزن هر کلاس  $\Omega = \{w_1, \dots, w_M\}$  محاسبه می‌شود. الگوریتم دارای پنج مرحله در قالب لایه‌های مدل تجمیعی باور عمیق است.  $n$  نمونه اولیه  $p^1, \dots, p^n$  بردار وزن در لایه تابع فاصله هستند، ابعاد بردار  $p \times k$  است که  $k$  تعداد خوشه‌هاست که از الگوریتم خوشه‌بندی K-Means استخراج می‌شود و بهترین نماینده نمونه‌ها را پیدا می‌کند.  $k$  به صورت اکتشافی انتخاب می‌شود و  $S$  برابر با تعداد نمونه ورودی است. همانطور که در بخش قبل ذکر شد، نمونه‌ها نقشه‌های ویژگی‌های لایه کاملاً متصل هستند که به‌عنوان ورودی لایه طبقه‌بندی در نظر گرفته می‌شوند و نمونه‌های اولیه نماینده نمونه‌هایی هستند که توسط الگوریتم K-Means انتخاب شده‌اند.

مراحل الگوریتم مدل تجمیعی باور عمیق پیشنهادی روش‌ها به شرح زیر است:

۱- لایه تابع فاصله را به عنوان فاصله بین هر ورودی و هر نمونه اولیه محاسبه کنید.

$$d^i = \|x - p^i\| \quad i = 1, \dots, n \quad (۶)$$

۲- برای هر  $d^i$ ، یک تابع فعال سازی با پارامترهای  $\eta^i (\eta^i \in \mathbb{R})$  به صورت زیر تعریف می شود.

$$s^i = \alpha^i \exp(-(\eta^i d^i)^2) \quad (۷)$$

۳- برای هر نمونه اولیه  $p^i$ ، تابع جرم  $m^i$  را محاسبه کنید

$$m^i = (m^i\{w_1\}, \dots, m^i\{w_i\}, m^i(\Omega))^T = (u_1^i s^i, \dots, u_M^i s^i, 1 - s^i)^T \quad (۸)$$

جایی که  $u^i = (u_1^i, \dots, u_M^i)$  احتمال قبلی مربوط به هر نمونه اولیه  $p^i$  است که

$$\sum_{j=1}^M u_j^i = 1$$

۴- توابع جرم  $m^i, i = 1, \dots, n$  را با قانون دمپستر ترکیب کنید.

این ترکیب عدم قطعیت کلاس های مختلف را بدست می آورد می کند.  $\mu_i = (\mu_1^i, \dots, \mu_M^i), i = 1, \dots, n$  که با  $m$  محاسبه می شود، همانطور که  $d$  با معادله زیر تعریف می شود:

$$\mu^1 = m^1$$

$$\mu_j^i = \mu_j^{i-1} m^i(\{w_j\}) + \mu_j^{i-1} m^i(\{\Omega\}) + \mu_{M+1}^{i-1} m^i(\{w_j\}) \quad (۹)$$

$$\mu_{M+1}^i = \mu_{M+1}^{i-1} m^i(\{\Omega\}) \quad i = 2, \dots, n \text{ و } i = 1, \dots, n \text{ and } j = 1, \dots, M \text{ برای}$$

خروجی قانون ترکیب دمپستر به لایه تجمیع پیشنهادی ارسال می شود که تصمیم نهایی را در مورد کلاس نمونه می گیرد.

۵- طبقه بند تجمیعی را اجرا کنید

خروجی لایه ترکیب دمپستر  $\mu_{M+1}^i$  دارای مولفه  $M+1$  است.

اگر رابطه شماره ۱۰ برقرار باشد در نتیجه عدم قطعیت نمونه حاضر در طبقه بندی بسیار بالا می باشد. در نظریه باور سه احتمال تعلق به کلاس سرطانی تعلق به کلاس غیرسرطانی و احتمال عدم باور وجود دارد که وقتی احتمال عدم باور بیشتر از احتمال تعلق به یکی از کلاس ها باشد بدان معنی است که تصمیم گیری در مورد نمونه از عدم قطعیت بالایی برخوردار می باشد. در این مرحله، سیستم گیری طبقه بندی تجمیعی به جلوگیری از رد نمونه کمک می کند. سیستم تجمیعی از پنج طبقه بند ماشین بردار پشتیبان (SVM)، نزدیکترین همسایه کی، نایو بیزین، درخت تصمیم و طبقه بندی کننده فازی اگر سه طبقه بند از پنج طبقه بند در مورد نوع سلول تصمیم یکسانی داشته باشند، کلاس برنده به سلول منتسب می شود. بخش زیر روش طبقه بند تجمیعی را توضیح می دهد.

### طبقه‌بند باور تجمیعی

همانطور که در بخش‌های قبلی اشاره شد طبقه بند شبکه باور با قانون ترکیب دمپستر، یک پیش‌بینی طبقه‌بندی را با  $M+1$  کلاس،  $M$  کلاس مربوط به کلاس‌های  $M$  و قسمت  $M+1$  مربوط به کنار گذاشتن نمونه انجام می‌دهد. این کنار گذاشتن ممکن است منجر به از دست رفتن تصاویر سلولی ارزشمند شود، به خصوص زمانی که تعداد نمونه‌های ورودی زیاد نباشد [۵]. برای جلوگیری از کنار گذاشتن یا رد نمونه و بهبود دقت طبقه‌بندی به منظور مدیریت عدم قطعیت در مدل طبقه‌بندی، یک مدل تجمیعی با پنج طبقه‌بند SVM، درخت تصمیم، نایو بی‌زین، KNN و طبقه‌بند فازی پیشنهاد شده‌است. طبقه‌بندی‌کننده SVM به دلیل نتایج درخشان این طبقه‌بندی‌کننده در مجموعه داده‌های پاپ‌اسمیر انتخاب شده‌است، طبقه‌بندی‌کننده فازی قابلیت مدیریت عدم قطعیت را دارد و نزدیکترین همسایه  $K$  فاصله اقلیدسی را محاسبه می‌کند که در ساختار طبقه‌بندی شبکه باور استفاده می‌شود. نایو بی‌زین و درخت تصمیم نیز از روش‌های رایج و کلاسیک در طبقه‌بندی می‌باشند. برای هر نمونه رد شده در طبقه‌بندی شبکه باور، این پنج طبقه‌بند براساس رای اکثریت تصمیم می‌گیرند.

لایه تجمیع، کلاس نمونه ورودی را تعیین می‌کند و عدم قطعیت طبقه‌بند شبکه باور در لایه قبلی را مدیریت می‌کند. مدل تجمیعی باور عمیق پیشنهادی شامل مراحل زیر است:

- **مرحله ۱، لایه‌های کانولوشنال:** لایه‌های کانولوشن نقشه‌های ویژگی‌های تصاویر ورودی را استخراج می‌کنند. ویژگی‌ها برای محاسبه فواصل به شبکه باور ارسال می‌شوند (معادله ۶).
- **مرحله ۲، اعمال تابع باور:** ورودی‌های شبکه باور نقشه‌های ویژگی هستند. فاصله اقلیدسی هر نقشه ویژگی و نمونه اولیه (نماینده‌گان منتخب تصویر مجموعه داده) محاسبه می‌شود و سپس احتمال هر کلاس محاسبه می‌شود (با استفاده از معادله ۷).
- **مرحله ۳، قانون ترکیب دمپستر:** احتمال کلاس‌های مختلف با استفاده از قانون دمپستر ترکیب می‌شود (معادله ۹).
- **مرحله ۴، طبقه‌بند تجمیعی:** یک روش طبقه‌بندی تجمیعی که از روش رای اکثریت برای جلوگیری از رد نمونه شبکه باور استفاده شده‌است. این سیستم تجمیعی برای طبقه‌بندی نمونه‌های رد شده توسط شبکه باور طراحی شده‌است.

### روش انجام آزمایش

در این پیاده‌سازی از دو مجموعه تصویر که در بیمارستان Herlev دانمارک برچسب‌گذاری شده و همچنین مجموعه داده اسپاک مد که در سال ۲۰۱۸ توسط متخصصین جمع‌آوری و برچسب‌گذاری شده استفاده شده است. نتایج این پیاده‌سازی از طریق تحلیل منحنی ROC و معیارهای دقت، ویژگی حساسیت و مساحت زیر نمودار استفاده شده و از روش ارزیابی متقاطع ۵ لایه‌ای برای ارزیابی صحت عملکرد استفاده شده است. این معیارها عبارتند از:

نمونه‌های طبیعی بدرستی پیش‌بینی شده ((True Negative (TN) و نمونه‌های غیرطبیعی کاذب ( False Positive (FP) )، نمونه‌های طبیعی کاذب ((False Negative (FN)، نمونه‌های غیرطبیعی که بدرستی پیش‌بینی شده‌اند ((True Positive (TP) هستند. معادلات زیر روابط دقت، ویژگی و حساسیت را بیان می‌کنند.

$$ACC = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} \quad (11)$$

$$SPC = \frac{TN}{FP + TN} \quad (12)$$

$$SEN = \frac{TP}{TP + FN} \quad (13)$$

### خصوصیات مجموعه داده و افزایش داده

مجموعه داده‌های جمع‌آوری شده در بیمارستان دانشگاه Herlev توسط دوربین دیجیتال و میکروسکوپ در این مطالعه برای ارزیابی عملکرد روش مدل تجمیعی باور عمیق پیشنهادی استفاده شد. وضوح تصویر ۰.۲۰۱ متر بر پیکسل بود. نمونه‌ها از طریق پاپ‌اسمیر معمولی و رنگ‌آمیزی نمونه تهیه شدند. دو سیتوتکنسین و یک پزشک هفت کلاس مختلف را تشخیص می‌دهند تا قطعیت تشخیص را به حداکثر برسانند [۲۴]. روش همچنین توسط مجموعه داده SIPaKMeD مورد ارزیابی قرار گرفت. این مجموعه داده [۲۲]، شامل ۴۰۴۹ تصویر از سلول‌های پاپ‌اسمیر است که به صورت دستی از ۹۶۶ تصویر سلول خوشه‌ای اسلایدهای پاپ‌اسمیر برش داده شده‌اند. این تصاویر از طریق یک دوربین CCD سازگار با میکروسکوپ نوری به دست آمده‌است. این تصاویر به‌عنوان ورودی شبکه عصبی کانولوشنال از پیش‌آموزش‌دیده برای استخراج ویژگی‌ها استفاده شد. مجموعه داده Herlev یک مسئله دو کلاسه شامل سلول‌های طبیعی و غیر طبیعی است و SIPaKMeD یک مسئله سه کلاسه شامل سلول‌های طبیعی، غیر طبیعی و خوش خیم است. مشخصات پایگاه داده در جدول ۱ نشان داده شده‌است. پایگاه داده بیمارستان دانشگاه Herlev شامل انواع سلول‌های سطحی، متوسط، ستونی، سنگفرشی خفیف و سنگفرشی شدید است. SIPaKMeD از نوع سلولی سطحی، پارابازال، کویلووسیتوز، دیسکراتوتیک و متاپلاستیک تشکیل شده است.

جدول ۱. خصوصیات پایگاه داده Herlev و SipakMed در یک نگاه [۵].

ردیف	نام پایگاه داده	نوع سلول	کلاس سلولی	تعداد سلول‌ها در هر کلاس
۱	بیمارستان Herlev	سطحی	سالم	۷۰
۲		میانی	سالم	۹۸
۳		ستونی	سالم	۷۴
۴		سنگفرشی خفیف	سرطانی	۱۸۲
۵		سنگفرشی سرطانی	سرطانی	۱۵۰
۶		سنگفرشی متوسط	سرطانی	۱۴۶
۷		سنگفرشی شدید	سرطانی	۱۹۷
۱	سپاک مد	سطحی	سالم	۸۳۱
۲		پارابازال	سالم	۷۸۷
۳		کویلووسیتوز	سرطانی	۸۲۵
۴		دیسکراتوز	سرطانی	۸۱۳
۵		متاپلاستیک	سرطانی	۷۹۳

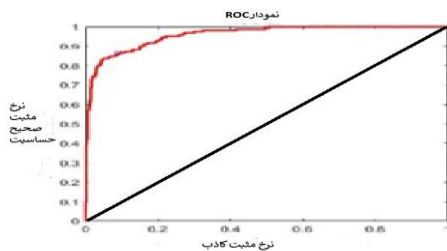
بخش بعدی نتایج مدل پیشنهادی را مورد بحث و بررسی قرار می‌دهد.

## نتایج و بحث

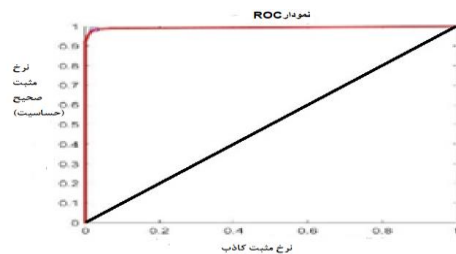
در مجموع سه تکنیک افزایش داده در این پژوهش روی داده‌های تصویری شامل چرخش، تغییر سایز و افزایش نویز روی مجموعه داده‌ها اعمال شد. سپس با استفاده از نسخه‌های اصلاح شده گوگل نت، الکس نت و رزنت ۵۰ ویژگی‌ها در قالب نقشه ویژگی استخراج شدند و به لایه طبقه‌بند باور همچنین طبقه‌بند پیشنهادی فرستاده شدند. عملکرد شبکه‌های مختلف با طبقه‌بند پیشنهادی مقایسه شدند. علت استفاده از این شبکه‌های از پیش آموزش داده شده عبارتند از: استفاده گوگل نت به دلیل قابلیت‌های مدیریت مجموعه داده‌های گسترده‌اش شناخته شده است، رزنت معمولاً در کاربردهای پزشکی استفاده می‌شود و الکس نت به دلیل سادگی و سرعت آن شناخته شده است. این ویژگی‌های خاص باعث شد که این شبکه‌ها به عنوان استخراج‌کننده ویژگی انتخاب شوند. نتایج هر معیار ارزیابی که با اعمال طبقه‌بندی‌کننده سافت‌مکس در شبکه‌های کانولوشنی پایه، شبکه باور و طبقه‌بندی‌کننده مدل تجمیعی باور عمیق با شبکه‌های مختلف ذکر شده، در جدول ۲ ارائه شده است.

جدول ۲. تست روش پیشنهادی و شبکه باور روی شبکه‌های از پیش آموزش داده شده و مقایسه آنها با یکدیگر.

ردیف	روش	دقت %	ویژگی %	حساسیت %	AUC%
۱	گوگل نت با سافت مکس	۸۷.۰۹	۸۸.۸۸	۹۴.۱۲	۹۲.۱۲
۲	رزنت با سافت مکس	۸۹.۰۷	۸۸.۰۷	۹۳.۰۱	۹۴.۲۴
۳	الکس نت با سافت مکس	۸۹.۶۱	۸۰.۸۵	۹۲.۹۸	۹۴.۰۱
۴	گوگل نت با طبقه‌بند شبکه باور	۹۱.۳۶	۸۹.۱۸	۸۷.۲۴	۹۴.۸۲
۵	رزنت با طبقه‌بند شبکه باور	۹۱.۱۲	۸۹.۰۶	۸۶.۶۱	۹۴.۳۲
۶	الکس نت با طبقه‌بند شبکه باور	۹۱.۱۱	۸۷.۷۲	۹۷.۲۶	۹۴.۷۸
۷	گوگل نت با طبقه‌بند مدل تجمیعی باور عمیق	۹۹.۲۵	۹۹.۴۰	۹۹.۵۰	۹۹.۹۷
۸	رزنت با طبقه‌بند مدل تجمیعی باور عمیق	۹۹.۲۰	۹۹.۲۵	۹۸.۵۸	۹۹.۹۶
۹	الکس نت با طبقه‌بند مدل تجمیعی باور عمیق	۹۸.۹۳	۹۸.۲۶	۹۹.۴۱	۹۹.۹۴



(a)



(b)

شکل ۲. مقایسه مساحت زیر منحنی ROC در روش شبکه باور و روش EDBN.

عملکرد طبقه‌بند تجمیعی باور عمیق با شبکه باور از پیش آموزش دیده گوگل نت ۹۹.۲۵ درصد دقت و ۹۹.۴۰ درصد حساسیت را نشان می‌دهد که از شبکه‌های از پیش آموزش دیده رزنت و الکس-نت بیشتر است. در حالی که مدل

تجمیعی باور عمیق با شبکه از پیش آموزش دیده رز-نت دارای مساحت زیر منحنی ۹۹/۹۹ درصد بیشترین امتیاز و ویژگی شبکه پیش آموزش الکس-نت با ۹۹/۹۴ درصد بیشترین امتیاز را دارد.

تجزیه و تحلیل منحنی ROC طبقه‌بند مدل تجمیعی باور عمیق در شکل ۲ نشان داده شده است. شکل ۲ قسمت بالا نتایج آزمایش تجزیه و تحلیل منحنی ROC با ۹۹ درصد AUC را برای طبقه‌بند مدل تجمیعی باور عمیق نشان می‌دهد. شکل ۲ قسمت پایین طبقه‌بندی‌کننده شبکه باور را با ۹۴ درصد AUC نشان می‌دهد. همان‌طور که در نمودار ملاحظه می‌شود شکل سمت بالا سطح زیر نمودار وسیع‌تری را به خود اختصاص داده است در صورتی که شکل پایین به وضوح مساحت زیر نمودار کمتری مشاهده می‌شود این امر بدان معناست که نسبت تشخیص سلول‌های سرطانی در روش پیشنهادی نسبت به روش پایه از نرخ بالاتری برخوردار می‌باشد.

بخش زیر نتایج مدل تجمیعی باور عمیق را در مقایسه با سایر مدل‌ها و سایر روش‌های پیشرفته ذکر شده در آثار مرتبط را ارائه می‌دهد.

### تجزیه و تحلیل مقایسه نتایج با روش‌های پیشرفته

به منظور ارزیابی دقیقتر عملکرد مدل پیشنهادی، این مدل با پژوهش‌های پیشرفته و روز دنیا نیز مقایسه و مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. مقایسه مدل پیشنهادی با مراجع [۲؛ ۳؛ ۵؛ ۱۵؛ ۱۷؛ ۲۲-۲۴؛ ۳۲-۳۴] انجام شده است. جدول زیر به مقایسه روش‌های پیشرفته با مدل پیشنهادی در مجموعه داده SipakMed می‌پردازد.

جدول ۳. مقایسه مدل پیشنهادی با روش‌های پیشرفته در مجموعه داده SipakMed

ردیف	روش	دقت %	ویژگی %	حساسیت %	AUC%
۱	طبقه‌بند پنج‌تایی [۲۴]	۹۴.۰۹	-	-	-
۲	الگوریتم کاهش بعد [۳۲]	۹۷.۸۷	۹۸.۸۹	۹۸.۵۵	NP
۳	ماشین بردار پشتیبان عمیق [۲۲]	۹۳.۳۵	۹۸.۳۰	۹۸.۲۰	۹۹.۸۰
۴	شبکه عصبی عمیق لایه تماما متصل [۲۲]	۹۴.۴۴	-	-	-
۵	شبکه عصبی کانولوشنی [۲۲]	۹۵.۳۵	-	-	-
۶	طبقه‌بند سه‌تایی [۵]	۹۷.۲۰	۹۸.۷۹	۹۸.۷۰	۹۹.۸۹
۷	روش پیشنهادی	۹۷.۷۲	۹۸.۵۴	۹۸.۲۹	۹۹.۸۳

نتایج، برتری روش پیشنهادی را نشان می‌دهد، از نظر دقت در مقایسه با [۹؛ ۲۴] و حساسیت در مقایسه با [۹] بهتر عمل می‌کند. همچنین مدل تجمیعی باور عمیق از نظر ویژگی و AUC با مدل‌های دیگر رقابت می‌کند. همچنین روش پیشنهادی از نظر دقت از طبقه‌بند سه‌تایی [۵] پیشی گرفته است.

جدول ۴ نتایج مدل تجمیعی باور عمیق را در مقایسه با روش‌های پیشرفته در مجموعه داده Herlev نشان می‌دهد.

جدول ۴. مقایسه روش پیشنهادی با روش‌های پیشرفته در پایگاه داده Herlev

ردیف	روش	دقت %	ویژگی %	حساسیت %	AUC%
۱	یادگیری ماشین [۱۳]	۹۰.۱۸	۹۳.۵۶	۹۳.۳۳	۹۵.۴۳
۲	چسباندن ویژگی‌ها [۱۵]	۹۲.۶۳	NP	NP	NP

ردیف	روش	دقت %	ویژگی %	حساسیت %	AUC%
۳	پاپ عمیق [۱۵]	۹۸.۳۰	۹۸.۲۰	۹۸.۲۰	۹۹.۸۰
۴	یادگیری ماشین گسترش‌یافته [۱۷]	۹۷.۹۶	NP	۹۶.۹۹	NP
۵	یادگیری انتقالی با تغییر سایز ۱ [۳۲]	۸۵.۱۵	۸۸.۲۲	۸۷.۲۴	NP
۶	یادگیری انتقالی با تغییر سایز ۲ [۳۲]	۹۳.۱۴	۹۲.۸۱	۹۴.۵۶	NP
۷	یادگیری انتقالی با تغییر سایز ۳ [۳۲]	۹۳.۰۳	۹۴.۲۷	۹۴.۳۱	NP
۸	شبکه عصبی عمیق دو طرفه [۲]	۹۱.۰۰	۹۱.۰۰	۸۷.۰۰	NP
۹	سرویکس عمیق [۳۴]	۹۸.۳۲	NP	NP	NP
۱۰	شبکه عصبی عمیق وسیع [۳۳]	۹۸.۰۱	۹۹.۰۲	۹۸.۰۳	NP
۱۱	خصوصیت عمیق گسترش‌یافته [۳۲]	۹۸.۳۲	۹۷.۶۵	۹۸.۶۶	NP
۱۲	طبقه‌بند سه‌تایی [۵]	۹۹.۲۰	۹۹.۷۵	۹۹.۲۵	۹۹.۹۱
۱۳	روش پیشنهادی	۹۸.۹۳	۹۸.۲۶	۹۹.۴۱	۹۹.۹۴

مدل تجمیعی باور عمیق پیشنهادی از مدل‌های گزارش‌شده در [۲؛ ۱۳؛ ۱۵؛ ۱۷؛ ۳۲-۳۴] از نظر دقت عملکرد بهتری دارد و بهبود می‌یابد. حساسیت در مقایسه با روش‌های [۱۳؛ ۱۶] در مورد ویژگی، مدل شبکه عصبی عمیق وسیع [۵] بالاترین نرخ را دارد. به این معنی که این مدل می‌تواند سلول‌های طبیعی را با دقت بیشتری تشخیص دهد. در مورد حساسیت، همه روش‌ها دارای تشخیص سلول غیرطبیعی قابل قبولی با بیش از ۹۹ درصد بودند. مدل پیشنهادی با ۹۸.۴۱ درصد حداکثر حساسیت را به خود اختصاص می‌دهد. این بدان معنی است که مدیریت عدم قطعیت در مدل‌سازی با استفاده از مدل پیشنهادی مدل تجمیعی باور عمیق سلول‌های غیرطبیعی را به طور موثرتری تشخیص می‌دهد. مدل مدل تجمیعی باور عمیق از سایر روش‌های طبقه‌بندی در AUC بهتر عمل می‌کند. همچنین روش پیشنهادی نسبت به طبقه‌بند سه‌تایی [۵] در مجموعه داده Herlev در حساسیت که قابلیت تشخیص سلول‌های سرطانی است و در مساحت زیر نمودار از روش طبقه‌بند سه‌تایی پیشی گرفته است.

## نتیجه‌گیری

مشکلات اصلی در پردازش و تفسیر تصاویر پاپ اسمیر به عدم قطعیت طبقه‌بندی سلول‌های سالم و سرطانی با مشابهت بالا باز می‌گردد. در مدل مدل تجمیعی باور عمیق که در این پژوهش پیشنهاد شد، جهت رسیدگی به ابهام و عدم قطعیت مشاهده شده در طبقه‌بندی تصاویر دیجیتال سلول‌های پاپ اسمیر قانون ترکیب دمپستر در شبکه باور روی سیستم پیاده‌سازی شد، همچنین جهت جلوگیری از رد نمونه در شبکه باور یک طبقه‌بند گروهی به کار گرفته شد. دو بانک اطلاعاتی در این پژوهش مورد استفاده قرار گرفتند که هر دو استاندارد می‌باشند و در چالش‌های بین‌المللی کاربرد دارند و با نام‌های Herlev و SIPaKMed شهرت دارند. تصاویر میکروسکوپی پاپ اسمیر قبل از اینکه به عنوان ورودی به شبکه از پیش آموزش دیده جهت استخراج ویژگی فرستاده شوند، توسط تکنیک‌های افزایش داده قرار گرفتند تا سایز مجموعه تصاویر افزایش یافت. سپس، خروجی لایه کاملاً متصل به عنوان ورودی طبقه‌بند گروهی پنج قسمتی پیشنهادی در شبکه باور قرار می‌گیرد. روش ارزیابی کارایی در این پژوهش روش تحلیل منحنی ROC و معیارهای دقت، ویژگی، حساسیت و مساحت زیر نمودار ROC برای نمایش کارایی انتخاب شدند. همچنین به منظور افزایش دقت ارزیابی کارایی از روش اعتبارسنجی متقابل پنج لایه‌ای استفاده شد. نتایج مدل تجمیعی باور عمیق با سایر روش‌های پیشرفته در رقابتی تنگاتنگ بود. روش‌های CNN از پیش آموزش دیده Google-Net، Res-Net و Alex-Net و شبکه باور برای

طبقه‌بندی تصاویر بر روی تصاویر پاپ اسمیر اعمال شد و با مدل تجمیعی باور عمیق مقایسه شدند. نتایج به ترتیب ۹۸.۹۳، ۹۹.۹۴، ۹۹.۴۱ درصد در دقت، ویژگی و حساسیت در مجموعه داده‌های Herlev و ۹۷.۷۲، ۹۸.۵۴، ۹۸.۲۹ درصد در مجموعه داده SIPaKMeD را نشان می‌دهد. سطح زیر منحنی ROC در Herlev برتری روش پیشنهادی را با ۹۹.۸۳ درصد نشان داد. همچنین در SIPaKMeD مساحت زیر نمودار ۹۹.۸۳ درصد گزارش شد. مدل تجمیعی باور عمیق در هریک از معیارهای ارزیابی حدود ۱۰ درصد از سایر روش‌ها بهتر عمل کرد، به ویژه در مجموعه داده Herlev در نهایت، مدل مدل تجمیعی باور عمیق از نظر دقت، ویژگی، حساسیت و AUC از تمام روش‌های پیشرفته پیشی گرفت. با توجه به موارد فوق‌الذکر و با توجه به قابلیت‌های روش پیشنهادی در مدیریت عدم قطعیت می‌توان این روش را در کاربردهای دیگر پزشکی نظیر طبقه‌بندی تصاویر سلولی سایر اندام‌های بدن که در آنها نیز عدم قطعیت در کلاس‌بندی سلول‌های سرطانی وجود دارد استفاده کرد. این روش نه تنها سلول‌هایی که تصمیم‌گیری در مورد طبقه‌بندی آنها دشوار است را به طرز صحیحی طبقه‌بندی می‌کند بلکه همین امر موجب می‌شود که نتایج از دقت بالایی نیز برخوردار باشند.

## References

- [1] Yaman, O., & Tuncer, T. (2022). Exemplar pyramid deep feature extraction based cervical cancer image classification model using pap-smear images. *Biomedical Signal Processing and Control*, 73, 103428. <https://doi.org/10.1016/j.bspc.2021.103428>
- [2] Desiani, A., Suprihatin, B., Yahdin, S., Putri, A. I., & Husein, F. R. (2021). Bi-path Architecture of CNN Segmentation and Classification Method for Cervical Cancer Disorders Based on Pap-smear Images. *International Association of Engineers International Journal of Computer Science*, 48(3), 782-791. <https://openurl.ebsco.com/EPDB%3Aagd%3A9%3A22518489/detailv2?sid=ebsco%3Aplink%3Ascholar&id=ebsco%3Aagd%3A152234481&crl=c>
- [3] Martínez-Más, J., Bueno-Crespo, A., Martínez-España, R., Remezal-Solano, M., Ortiz-González, A., Ortiz-Reina, S., & Martínez-Cendán, J.-P. (2020). Classifying Papanicolaou cervical smears through a cell merger approach by deep learning technique. *Expert Systems with Applications*, 160, 113707. <https://doi.org/10.1016/j.eswa.2020.113707>
- [4] Sompawong, N., Mopan, J., Pooprasert, P., Himakhun, W., Suwannarurk, K., Ngamvirojcharoen, J., Vachiramon, T., & Tantibundhit, C. (2019, July 23-27). *Automated Pap Smear Cervical Cancer Screening Using Deep Learning [Conference session]*. 41st Annual International Conference of the Institute of Electrical and Electronics Engineers Engineering in Medicine and Biology Society, Berlin, Germany <https://doi.org/10.1109/EMBC.2019.8856369>
- [5] Benhari, M., & Hosseini, R. (2024). An improved ensemble deep belief model (EDBM) for pap-smear cell image classification. *Multimedia Tools and Applications*, 83(21), 60519-60536. <https://doi.org/10.1007/s11042-023-17499-9>
- [6] Lu, Z., Carneiro, G., Bradley, A. P., Ushizima, D., Nosrati, M. S., Bianchi, A. G. C., Carneiro, C. M., & Hamarneh, G. (2017). Evaluation of Three Algorithms for the Segmentation of Overlapping Cervical Cells. *Institute of Electrical and Electronics Engineers Journal of Biomedical and Health Informatics*, 21(2), 441-450. <https://doi.org/10.1109/JBHI.2016.2519686>

- [7] Nosrati, M. S., & Hamarneh, G. (2015, April 16-19). *Segmentation of overlapping cervical cells: A variational method with star-shape prior [Conference session]*. 12th International Symposium on Biomedical Imaging, Brooklyn, New York, USA <https://doi.org/10.1109/ISBI.2015.7163846>
- [8] Lee, H., & Kim, J. (2016, June 26- July 1). *Segmentation of Overlapping Cervical Cells in Microscopic Images with Superpixel Partitioning and Cell-Wise Contour Refinement [Conference session]*. 2016 Institute of Electrical and Electronics Engineers Conference on Computer Vision and Pattern Recognition Workshops Las Vegas, Nevada, USA. <https://doi.org/10.1109/CVPRW.2016.172>
- [9] Plissiti, M. E., Nikou, C., & Charchanti, A. (2011). Automated Detection of Cell Nuclei in Pap Smear Images Using Morphological Reconstruction and Clustering. *Institute of Electrical and Electronics Engineers Transactions on Information Technology in Biomedicine*, 15(2), 233-241. <https://doi.org/10.1109/TITB.2010.2087030>
- [10] Subhi Al-batah, M., Mat Isa, N. A., Klaib, M. F., & Al-Betar, M. A. (2014). Multiple Adaptive Neuro-Fuzzy Inference System with Automatic Features Extraction Algorithm for Cervical Cancer Recognition. *Computational and Mathematical Methods in Medicine*, 2014(1), 181245. <https://doi.org/10.1155/2014/181245>
- [11] Araújo, F. H. D., Silva, R. R. V., Ushizima, D. M., Rezende, M. T., Carneiro, C. M., Campos Bianchi, A. G., & Medeiros, F. N. S. (2019). Deep learning for cell image segmentation and ranking. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 72, 13-21. <https://doi.org/10.1016/j.compmedimag.2019.01.003>
- [12] Wu, M., Yan, C., Liu, H., Liu, Q., & Yin, Y. (2018). Automatic classification of cervical cancer from cytological images by using convolutional neural network. *Bioscience Reports*, 38(6), 1-9. <https://doi.org/10.1042/bsr20181769>
- [13] Bora, K., Chowdhury, M., Mahanta, L. B., Kundu, M. K., & Das, A. K. (2016, December 18 - 22). *Pap smear image classification using convolutional neural network [Conference session]*. Proceedings of the Tenth Indian Conference on Computer Vision, Graphics and Image Processing, Guwahati, Assam, India. <https://doi.org/10.1145/3009977.3010068>
- [14] Harangi, B., Toth, J., Bogacsóvics, G., Kupas, D., Kovacs, L., & Hajdu, A. (2019, September 23-25). *Cell detection on digitized Pap smear images using ensemble of conventional image processing and deep learning techniques [Conference session]*. 11th International Symposium on Image and Signal Processing and Analysis Dubrovnik, Croatia. <https://doi.org/10.1109/ISPA.2019.8868683>
- [15] Zhang, L., Le, L., Nogues, I., Summers, R. M., Liu, S., & Yao, J. (2017). DeepPap: Deep Convolutional Networks for Cervical Cell Classification. *Institute of Electrical and Electronics Engineers Journal of Biomedical and Health Informatics*, 21(6), 1633-1643. <https://doi.org/10.1109/JBHI.2017.2705583>
- [16] Dharani, C., Kaviya, S., Maheshwari, S., Monisha, K., & Elayaraja, P. (2020). Visualization of cervical cancer classification using deep convolutional neural network. *International Journal of New Innovations in Engineering and Technology*(Special Issue), 196-206. <http://www.ijniet.org/wp-content/uploads/2020/08/s29.pdf>

- [17] Waly, M.-I., Sikkandar, M.-Y., Aboamer, M.-A., Kadry, S., & Thinnukool, O. (2022). Optimal Deep Convolution Neural Network for Cervical Cancer Diagnosis Model. *Computers, Materials & Continua*, 70(2), 3295-3309. <https://doi.org/10.32604/cmc.2022.020713>
- [18] William, W., Ware, A., Basaza-Ejiri, A. H., & Obungoloch, J. (2019). A pap-smear analysis tool (PAT) for detection of cervical cancer from pap-smear images. *BioMedical Engineering OnLine*, 18(1), 16. <https://doi.org/10.1186/s12938-019-0634-5>
- [19] Hosseini, R., Dehmeshki, J., Barman, S., Mazinani, M., & Qanadli, S. (2010, February 13-18). *Modeling uncertainty in classification design of a computer-aided detection system [Conference session]*. Medical Imaging 2010: Computer-Aided Diagnosis, San Diego, California, United States. <https://doi.org/10.1117/12.844178>
- [20] Barootkar, M. (2023). Detecting the Probability of Stroke through Blood Plasma Measurement and ECG Examination using Fuzzy Logic. *Quarterly Scientific Journal of Technical and Vocational University*, 20(1), 321-339. <https://doi.org/10.48301/kssa.2023.354479.2231>
- [21] Goodfellow, I., Bengio, Y., & Courville, A. (2016). *Deep Learning*. Massachusetts Institute of Technology Press. <https://books.google.com/books?id=s2MEAAQBAJ>
- [22] Plissiti, M. E., Dimitrakopoulos, P., Sfikas, G., Nikou, C., Krikoni, O., & Charchanti, A. (2018, October 7-10). *Sipakmed: A New Dataset for Feature and Image Based Classification of Normal and Pathological Cervical Cells in Pap Smear Images [Conference session]*. 25th Institute of Electrical and Electronics Engineers International Conference on Image Processing, Athens, Greece. <https://doi.org/10.1109/ICIP.2018.8451588>
- [23] Nguyen, L. D., Lin, D., Lin, Z., & Cao, J. (2018, May 27-30). *Deep CNNs for microscopic image classification by exploiting transfer learning and feature concatenation [Conference session]*. 2018 Institute of Electrical and Electronics Engineers International Symposium on Circuits and Systems, Florence, Italy. <https://doi.org/10.1109/ISCAS.2018.8351550>
- [24] Win, K. P., Kitjaidure, Y., Hamamoto, K., & Myo Aung, T. (2020). Computer-Assisted Screening for Cervical Cancer Using Digital Image Processing of Pap Smear Images. *Applied Sciences*, 10(5), 1800. <https://doi.org/10.3390/app10051800>
- [25] Zhao, M., Wu, A., Song, J., Sun, X., & Dong, N. (2016). Automatic screening of cervical cells using block image processing. *BioMedical Engineering OnLine*, 15(1), 14. <https://doi.org/10.1186/s12938-016-0131-z>
- [26] Sarwar, A., Suri, J., Ali, M., & Sharma, V. (2016). Novel benchmark database of digitized and calibrated cervical cells for artificial intelligence based screening of cervical cancer. *Journal of Ambient Intelligence and Humanized Computing*, 7(4), 593-606. <https://doi.org/10.1007/s12652-016-0353-8>
- [27] Sokouti, B., Haghypour, S., & Tabrizi, A. D. (2014). A framework for diagnosing cervical cancer disease based on feedforward MLP neural network and

- ThinPrep histopathological cell image features. *Neural Computing and Applications*, 24(1), 221-232. <https://doi.org/10.1007/s00521-012-1220-y>
- [28] Amiri, M. (2021). Fast Texture Retrieval Using Walsh-Hadamard Transform. *Quarterly Scientific Journal of Technical and Vocational University*, 18(3), 137-153. <https://doi.org/10.48301/kssa.2021.262698.1326>
- [29] Denoeux, T. (2000). A neural network classifier based on Dempster-Shafer theory. *Institute of Electrical and Electronics Engineers Transactions on Systems, Man, and Cybernetics - Part A: Systems and Humans*, 30(2), 131-150. <https://doi.org/10.1109/3468.833094>
- [30] Shafer, G. (1976). *A Mathematical Theory of Evidence*. Princeton University Press. <https://books.google.com/books?id=wug9DwAAQBAJ>
- [31] Tong, Z., Xu, P., & Denœux, T. (2019). ConvNet and Dempster-Shafer Theory for Object Recognition. In N. B. Amor, B. Quost, & M. Theobald (Eds.), *Scalable Uncertainty Management* (pp. 368-381). Springer International Publishing. [https://doi.org/10.1007/978-3-030-35514-2\\_27](https://doi.org/10.1007/978-3-030-35514-2_27)
- [32] Bhatt, A. R., Ganatra, A., & Kotecha, K. (2021). Cervical cancer detection in pap smear whole slide images using convNet with transfer learning and progressive resizing. *PeerJ Comput Science*, 7(1), e348. <https://doi.org/10.7717/peerj-cs.348>
- [33] Khamparia, A., Gupta, D., Rodrigues, J. J. P. C., & de Albuquerque, V. H. C. (2021). DCAVN: Cervical cancer prediction and classification using deep convolutional and variational autoencoder network. *Multimedia Tools and Applications*, 80(20), 30399-30415. <https://doi.org/10.1007/s11042-020-09607-w>
- [34] Rahaman, M. M., Li, C., Yao, Y., Kulwa, F., Wu, X., Li, X., & Wang, Q. (2021). DeepCervix: A deep learning-based framework for the classification of cervical cells using hybrid deep feature fusion techniques. *Computers in Biology and Medicine*, 136(1), 104649. <https://doi.org/10.1016/j.combiomed.2021.104649>