



Computational Intelligence in Electrical Engineering
Vol. 14, No. 1, 2023
Research Paper

Automated Brain Tumor Segmentation on Multi-MR Sequences to Determine the Most Efficient Sequence using a Deep Learning Method

Farzaneh Dehghani ¹, Hossein Arabi ², Alireza Karimian ^{3*}

¹ M.A., Dept. of Biomedical Engineering, Faculty of Engineering, University of Isfahan, Isfahan, Iran

² Associate Researcher, Division of Nuclear Medicine and Molecular Imaging, Geneva University Hospital, Geneva University, Geneva, Switzerland

³ Associate Professor, Dept. of Biomedical Engineering, Faculty of Engineering, University of Isfahan, Isfahan, Iran

Abstract:

Brain tumor segmentation is an important step in the diagnosis and treatment planning of cancer patients. The procedure of manual brain tumor segmentation suffers from a long processing time. In this light, automatic brain tumor segmentation is highly appealing in the clinical routine. This study sets out to segment the tumors from brain MR images and to investigate the effectiveness/usefulness of the different MRI sequences for this purpose. Here, the MR images from the BRATS challenge were utilized. 310 patients with four different MRI sequences, including T1, T1ce, T2, and FLAIR were employed to train a ResNet deep CNN. Four separate models were trained with each of the input MR sequences to identify the best sequence for brain tumor segmentation. To assess the performance of these models, 60 patients (external dataset) were quantitatively evaluated. The quantitative results indicated that the FLAIR sequence is more reliable for automatic brain tumor segmentation than other sequences with an accuracy of 0.77 ± 0.10 in terms of Dice compared to Dice indices of 0.73 ± 0.12 , 0.73 ± 0.15 , and 0.62 ± 0.17 obtained from T1, T2, and T1ce sequences, respectively. Based on the results of this study, FLAIR is a more reliable sequence than other sequences for brain tumor segmentation.

Keywords: Segmentation, MRI, Deep learning.



This is an open access article under the CC BY-NC-ND/4.0/ License (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).



<https://doi.org/10.22108/isee.2021.126101.1427>

مقاله پژوهشی

بخش‌بندی خودکار تومورهای مغزی در توالی‌های مختلف تصاویر MRI به‌منظور تعیین

کارترین توالی با استفاده از روش یادگیری عمیق

فرزانه دهقانی^۱، حسین عربی^۲، علیرضا کریمیان^{۳*}

۱- کارشناسی ارشد مهندسی پزشکی، دانشکده فنی و مهندسی - دانشگاه اصفهان - اصفهان - ایران

Farzaneh70d@gmail.com

۲- دانشیار پژوهشی، بخش تصویربرداری پزشکی هسته‌ای - بیمارستان دانشگاه ژنو - دانشگاه ژنو - ژنو - سوئیس

سوئیس

Hossein.Arabi@unige.ch

۳- دانشیار، گروه مهندسی پزشکی، دانشکده فنی و مهندسی - دانشگاه اصفهان - اصفهان - ایران

karimian@eng.ui.ac.ir

چکیده: بخش‌بندی تومور مغزی گامی مهم در تشخیص بیماری و روند درمان است. بخش‌بندی دستی تومورهای مغزی روشی زمان‌بر است. هدف از این مطالعه، بخش‌بندی خودکار تومور مغزی تصاویر MRI و بررسی میزان دقت توالی‌های مختلف MRI در بخش‌بندی تومور مغزی است. برای این منظور، از تصاویر موجود در پایگاه داده BRATS استفاده شده است. برای آموزش شبکه، ۳۱۰ تصویر MRI در چهار توالی T1W، T1ce، T2W و FLAIR و همچنین، تصاویر بخش‌بندی‌شده مرجع استفاده شدند. در این مرحله از شبکه عصبی یادگیری عمیق ResNet استفاده شد. پس از آموزش شبکه، عملیات بخش‌بندی روی ۶۰ تصویر MRI آزمایش انجام شد. با توجه به نتایج به‌دست‌آمده از پارامتر شباهت، توالی FLAIR عملکرد بهتری نسبت به سایر توالی‌ها به‌منظور بخش‌بندی تومور مغزی داشته است. مقدار این پارامتر برای FLAIR برابر با $0/10 \pm 0/77$ است؛ در حالی که مقدار آن برای T1W، T2W، T1ce به‌ترتیب برابر با $0/12 \pm 0/73$ ، $0/15 \pm 0/73$ و $0/17 \pm 0/62$ است. همچنین، توالی FLAIR حساسیت بیشتری برای بخش‌بندی تومور مغزی داشته و مقدار آن برابر با $0/12 \pm 0/83$ است. براساس نتایج این مطالعه، FLAIR توالی قابل اعتمادتری نسبت به سایر توالی‌ها برای بخش‌بندی تومور مغزی است.

واژه‌های کلیدی: بخش‌بندی تومور، MRI، شبکه عصبی عمیق.

۱- مقدمه

کنند. متداول‌ترین نوع تومورهای مغزی در بزرگسالان گلیوم است که از سلول‌های گلیال ایجاد شده است. براساس درجه و خامت گلیوم و منشأ آن، این نوع تومور مغزی به دو نوع گلیوم درجه بالا (HGG^۱) و گلیوم درجه پایین (LGG^۲) تقسیم می‌شود (۱). یک روش معمول برای غربالگری تومورهای مغزی، تصویربرداری تشدید مغناطیسی (MRI^۳) است که در آن می‌توان مکان تومور را تعیین کرد. در واقع اسکن MRI از مغز علاوه بر اینکه اساس غربالگری تومور است، برای برنامه‌ریزی قبل از عمل جراحی یا پرتودرمانی نیز استفاده می‌شود (۲).

تومورهای مغزی می‌توانند در شکل‌ها و اندازه‌های مختلفی ظاهر شوند و تا زمان تشخیص به اندازه کافی رشد

^۱ تاریخ ارسال مقاله: ۱۳۹۹/۰۸/۳۰

تاریخ پذیرش مقاله: ۱۴۰۰/۰۹/۰۹

نام نویسنده مسئول: علیرضا کریمیان

نشانی نویسنده مسئول: ایران - اصفهان - دانشگاه اصفهان - دانشکده فنی و مهندسی

متداول ترین روش درمان تومورهای مغزی، جراحی است. اگرچه ممکن است روش هایی نظیر پرتودرمانی و شیمی درمانی نیز برای کاهش سرعت رشد تومورهای استفاده شوند که خارج کردن آنها مشکل است. بخش بندی تومورهای مغزی در تصاویر MRI می تواند تأثیر چشمگیری در تشخیص صحیح تومور و پیش بینی سرعت رشد آن و همچنین، برنامه ریزی برای درمان داشته باشد. برخی از تومورها مانند منژیوم را می توان به راحتی بخش بندی کرد؛ در حالی که مشخص کردن محل تومورهایی مانند گلیوم و گلیوبلاستوم بسیار دشوارتر است. این تومورها (همراه با تورم اطراف آنها) بیشتر پراکنده اند و تضاد ضعیفی با بافت سالم اطراف خود دارند و به ساختارهایی شاخک مانند گسترش پیدا می کنند که بخش بندی آنها را دشوار می کند. مشکل اساسی دیگر در بخش بندی تومورهای مغزی این است که می توانند در هر نقطه از مغز، تقریباً به هر شکل و اندازه ای ظاهر شوند (۳).

بخش بندی تومورهای مغزی توسط رادیولوژیست های با تجربه همچنان به عنوان مرجعی استاندارد در نظر گرفته می شود. با این حال، روش های بخش بندی نیمه خودکار و تمام خودکار رایانه ای، افزایش سرعت بخش بندی و تکرارپذیری نتایج را موجب می شوند. همچنین، روش های بخش بندی تمام خودکار ناهماهنگی میان مشاهده گر و درون مشاهده گر را از بین می برد که ناشی از عواملی مانند اختلاف در تخصص و توجه و خطاهای ناشی از خستگی بینایی است. علاوه بر این، با ظهور الگوریتم های تقسیم بندی با استفاده از شبکه های عصبی کانولوشنی، پیشرفت چشمگیری در افزایش شباهت بخش بندی در روش دستی و اتوماتیک به وجود آمده است (۴-۸).

در سال های اخیر، محققان بسیاری روش هایی برای بخش بندی خودکار و نیمه خودکار تومورهای مغزی ارائه کرده اند. با توجه به موفقیت های اخیر الگوریتم های شبکه عصبی کانولوشنی، مطالعات گسترده ای در حوزه بخش بندی خودکار تومورهای مغزی با استفاده از یادگیری عمیق انجام شده است (۹، ۱۰). در سال ۲۰۱۳، اصلیان و همکاران یک روش نیمه اتوماتیک به منظور بخش بندی تومور مغزی ارائه دادند. در این روش ابتدا ۳ انکولوژیست به صورت دستی

تومور مغزی ۱۰ بیمار را بخش بندی کردند. سپس برای جلوگیری از سوگیری حافظه، از چهارمین انکولوژیست با تجربه خواسته شد تا با توجه به پیچیدگی شکل هدف (ادم یا تومور)، ۴ تا ۸ نقطه در اطراف هدف را روی سکناس های MRI انتخاب کند. در مرحله آخر، منحنی با بیشترین دقت به طور خودکار بین این نقاط درونیابی شد و بدین ترتیب منحنی اولیه برازش شد. منحنی اولیه به سرعت براساس به حداقل رساندن تابع انرژی تکامل یافت و در نهایت به مرز منطقه مدنظر، حجم هدف بالینی، همگرا شد. میانگین پارامتر شباهت در این روش، ۰/۸۲ و میانگین پارامتر هاسدورف ۱/۹۱ بوده است (۱۱). در سال ۲۰۱۶، هوایی و همکاران یک شبکه عصبی کانولوشنی برای بخش بندی تومورهای مغزی تصاویر MRI موجود در پایگاه داده BRATS آموزش دادند. شبکه عصبی کانولوشنی ارائه شده از یک معماری آشنایی استفاده کرده است که نتیجه شبکه عصبی پایه به عنوان یک منبع اطلاعاتی دیگر برای شبکه عصبی بعدی استفاده می شود. مقدار پارامتر شباهت به دست آمده در این مطالعه ۰/۸۱ است (۳). در سال ۲۰۱۶، پریرا و همکاران مطالعه مشابهی روی بخش بندی تومور مغزی با استفاده از مدل شبکه عصبی کانولوشنی همراه با نرمال سازی شدت و افزایش داده ها به منظور افزایش دقت بخش بندی تومور انجام دادند. پارامتر شباهت به ترتیب برای کل تومور، هسته تومور و مناطق افزایشی تومور ۰/۸۳، ۰/۷۷ و ۰/۷۷ به دست آمد (۱۲). در سال ۲۰۱۷، کامیتساس و همکاران یک شبکه عصبی کانولوشنی چند مقیاس کاملاً متصل^۵ را پیشنهاد کردند و از اولین کسانی بودند که از کانولوشن های سه بعدی استفاده کردند که شامل یک مسیر با وضوح بالا و یک مسیر با وضوح پایین است که ترکیب شده اند تا خروجی بخش بندی نهایی را تشکیل دهند (۱۳). دونگ و همکاران در سال ۲۰۱۷ مدلی مبتنی بر معماری U-Net را به منظور شناسایی و بخش بندی تومور مغزی ارائه دادند. در این مطالعه ۲۲۰ تصویر MRI از مجموعه داده های BRATS 2015 استفاده شد. پارامتر شباهت گزارش شده در این روش ۰/۸۶ است (۱۴). ایزنسی و همکاران در سال ۲۰۱۷ با استفاده از معماری U-Net مطالعه مشابهی را به منظور بخش بندی خودکار تومور مغزی مجموعه داده

FLAIR انجام دادند. در این مطالعه از تصاویر موجود در پایگاه داده BRATS 2018 و از مدل U-Net برای استخراج ویژگی استفاده شد. در این مطالعه، ابتدا در تصاویر T2 و FLAIR کل ناحیه تومور تشخیص داده شد. سپس این تصاویر به منظور یادگیری ناحیه هسته و ناحیه درحال افزایش تومور در تصاویر T1c استفاده شدند. نتیجه به دست آمده برای پارامتر شباهت ۰/۹۶ است (۱۸).

هدف از این تحقیق، بخش‌بندی خودکار تومورهای مغزی تصاویر MRI با استفاده از شبکه عصبی قدرتمند ResNet و بررسی میزان دقت توالی‌های مختلف MRI در بخش‌بندی تومور مغزی و معرفی کاراترین توالی به منظور کاهش زمان تصویربرداری است (۱۹-۲۱). شبکه‌های عصبی کانولوشنی یکی از بهترین ساختارهای عصبی توسعه یافته بر پایه شبکه‌های عصبی تصویرمحور است (۲۲-۲۴). مشخص کردن توالی از MRI با بهترین عملکرد در بخش‌بندی تومور مغزی (توالی که در آن تومور با بیشترین میزان دقت تشخیص داده می‌شود) می‌تواند مدت زمان تصویربرداری را کاهش دهد که این امر، راحتی بیمار و کاهش هزینه تصویربرداری را به همراه می‌آورد. برای این منظور، تصاویر موجود در پایگاه داده MICCAI brain tumor segmentaion (BRATS) بررسی شدند. مراحل انجام این مطالعه شامل پیش‌پردازش تصاویر (استخراج ناحیه مدنظر (ROI) و بهنجارکردن آنها)، آموزش شبکه و سپس بخش‌بندی تصاویر آزمایش با استفاده از بستر NiftyNet (۲۵) و شبکه عصبی اختصاصی ResNet و در نهایت ارزیابی نتایج به دست آمده است.

۲- مطالب اصلی

۲-۱- داده‌های MRI بیماران

در این مطالعه از تصاویر موجود در پایگاه داده BRATS به‌منظور آموزش و ارزیابی شبکه عصبی کانولوشنی برای بخش‌بندی تومور مغزی استفاده شده است. این پایگاه داده شامل ۳۷۰ تصویر MRI بیماران با گلیوم درجه بالا و گلیوم درجه پایین در چهار توالی تصویربرداری با وزن T1 (T1W)^۱، تصویربرداری با وزن T1 با کنتراست

BRATS 2015 ارائه کردند. مقدار پارامتر شباهت برای کل تومور، هسته تومور و مناطق افزایشی تومور به ترتیب ۰/۸۹۶، ۰/۷۹۷ و ۰/۷۳۲ به دست آمد (۹). وینگر و همکاران در سال ۲۰۱۸ از یک مدل U-Net ۳ بعدی به منظور بخش‌بندی خودکار تومور مغزی با استفاده از مجموعه داده BRATS 2018 استفاده کردند. با توجه به نتایج به دست آمده در این مطالعه، مقدار پارامتر شباهت برای کل تومور ۰/۸۴ است (۲). چن و همکارانش در سال ۲۰۲۰ یک روش دو مرحله‌ای برای بخش‌بندی خودکار تومور مغزی روی تصاویر پایگاه داده BRATS 2015 و BRATS 2018 انجام دادند. در این روش، ابتدا کل تومور مغزی با استفاده از طبقه‌بندی جنگل تصادفی و ویژگی‌های ظاهری مشخص شد. در مرحله دوم و کسل‌های موجود در ماسک به دست آمده به انواع مختلف تومور یا بافت طبقه‌بندی شدند. مقدار پارامتر شباهت به دست آمده در این مطالعه برای مجموعه داده‌های BRATS 2015 و BRATS 2018 به ترتیب ۰/۸۴ و ۰/۸۶ است (۱۵). دای و همکاران در سال ۲۰۲۰ مطالعه‌ای به منظور ساخت تصاویر MRI تومور مغزی انجام دادند. هدف از این مطالعه تولید توالی‌های یک تصویر از یکی از توالی‌ها به منظور کاهش زمان تصویربرداری از بیمار بوده است. در این مطالعه از یک شبکه عصبی به نام unified generative adversaria استفاده شده است که در آن تصویری به همراه برجسب توالی آن به شبکه داده می‌شود و در خروجی توالی‌های دیگر آن تصویر تولید می‌شود تا زمان طولانی تصویربرداری در MRI کاهش یابد (۱۶). زین‌الدین و همکاران در سال ۲۰۲۰ مطالعه‌ای به منظور بخش‌بندی خودکار تومور مغزی در توالی FLAIR تصاویر MRI موجود در پایگاه داده BRATS 2020 انجام دادند که در آن از شبکه عصبی عمیق استفاده شد. در این مطالعه، مدل U-Net به عنوان روش پایه یادگیری عمیق استفاده شد که در آن از ۳ مدل شبکه عمیق شامل ResNet، DenseNet و NASNet استفاده شد. نتایج به دست آمده برای پارامترهای شباهت و فاصله هاسدورف به ترتیب ۰/۸۴-۰/۸۱ و ۹/۷-۱۹/۷ است (۱۷). رینیواس و همکاران در سال ۲۰۲۰ مطالعه‌ای به منظور بخش‌بندی تومور مغزی با استفاده از توالی‌های T1c، T2 و

۲-۳- آموزش شبکه عصبی

به‌منظور آموزش شبکه عصبی کانولوشنی برای بخش‌بندی تومور مغزی، از نرم‌افزار NiftyNet استفاده شده است. این نرم‌افزار یک شبکه عصبی کانولوشن منبع - باز مبتنی بر تنسورفلو^۹ است که به‌منظور انجام مطالعات در زمینه تجزیه و تحلیل تصاویر پزشکی و درمان با کمک تصاویر کلینیکی استفاده می‌شود.

در این مطالعه، به‌منظور آموزش شبکه، ۳۱۰ تصویر MRI با ابعاد $144 \times 128 \times 96$ به‌عنوان ورودی در نظر گرفته شد. در مرحله آموزش شبکه از معماری شبکه HighRes3DNet استفاده شده است. شبکه ResNet از ۲۰ لایه کانولوشنی تشکیل شده است که در هفت لایه اول آن از هسته کانولوشن^{۱۱} با ابعاد $3 \times 3 \times 3$ و کسل استفاده می‌شود. این لایه‌ها ویژگی‌های سطح پایین مثل لبه‌ها را از داده ورودی استخراج می‌کنند. هفت لایه بعدی هسته کانولوشنی متسع^{۱۱} را با ضریب دو برای رمزگذاری ویژگی‌های سطح متوسط از ورودی به کار می‌گیرند. شش لایه آخر علاوه بر لایه‌های قبلی، هسته کانولوشنی متسع را با ضریب ۴ استفاده می‌کنند تا امکان استخراج ویژگی‌های سطح بالا فراهم شود. یک اتصال باقی‌مانده^{۱۲} هر دو لایه کانولوشن را به هم پیوند می‌دهد. یک نرمال‌سازی دسته‌ای^{۱۳} و تابع یک‌سوساز خطی^{۱۴} به لایه‌های کانولوشنی واقع در بلوک‌های باقی‌مانده^{۱۵} متصل می‌شود (شکل ۲) (۲۶).

در این مطالعه، تنظیمات شبکه عصبی ResNet به‌صورت زیر انجام شد: بهینه‌ساز Adam^{۱۶}، نرخ آموزش 0.01 ، Batch size ۱۰، تابع خطای Dice_NS و تعداد و تعداد تکرار ۱۰۰۰۰. در این مطالعه، هریک از تصاویر به‌طور جداگانه آموزش داده و بهینه‌سازی شدند تا بهترین تصویر برای جداسازی تومور مغزی از تصاویر MRI مشخص شود.

همچنین برای ارزیابی شبکه آموزش‌دیده برای بخش‌بندی تومور مغزی، ۶۰ تصویر MRI دیگر از پایگاه داده BRATS استفاده شدند. در این مرحله، ابتدا تصاویر در نرم‌افزار NiftyNet، بخش‌بندی و سپس برای ارزیابی میزان موفقیت شبکه، در نرم‌افزار متلب فراخوانده شدند.

تقویت‌کننده گادولینیوم ($T1ce$)، تصویربرداری با وزن T2 ($T2W$) و FLAIR است. تمام تصاویر توسط ۱ تا ۴ رادیولوژیست با تجربه، به چهار قسمت شامل بافت مغز، بافت مرده (necrotic) و تومور غیرافزایشی (non-enhancing tumor)، ورم اطراف تومور (peritumorat edema) و تومور درحال گسترش (enhancing tumor) بخش‌بندی شده است. تصاویر بخش‌بندی‌شده موجود در این پایگاه داده به‌عنوان مرجع اصلی برای آموزش و همچنین ارزیابی تصاویر بخش‌بندی‌شده توسط الگوریتم ارائه‌شده استفاده شده‌اند.

۲-۲- پیش‌پردازش

این مرحله شامل استخراج ناحیه مدنظر و همچنین بهنجار کردن تصاویر است. به‌منظور استخراج ناحیه مدنظر که همان ناحیه تومور است، تصاویر بخش‌بندی‌شده تومور تمام بیماران در نرم‌افزار متلب فراخوانده شدند. سپس از میان تمام تصاویر بخش‌بندی‌شده بیماران، بزرگ‌ترین اندازه تومور در سه جهت x، y و z مشخص شدند. هدف از این کار مشخص کردن کوچک‌ترین اندازه یکسان برای انتخاب ناحیه شامل تومور در تمام تصاویر است. با توجه به اینکه نرم‌افزار NiftyNet تصاویری با ابعاد مضرب ۸ را به‌عنوان ورودی می‌پذیرد، کوچک‌ترین اندازه ناحیه شامل تومور برای تمام تصاویر مقدار $144 \times 128 \times 96$ پیکسل برابر با $1 \times 1 \times 1$ میلی‌متر در نظر گرفته شد.

در مرحله بعد، با توجه به ابعاد مشخص‌شده برای ناحیه مدنظر، تمام تصاویر در توالی‌های مختلف شامل T1W، T1ce، T2W و FLAIR و همچنین تصاویر بخش‌بندی‌شده، به مرکزیت تومور بریده شدند. تصاویر بخش‌بندی‌شده به تصاویر دودویی شامل ناحیه تومور و ناحیه غیرتومور تبدیل شدند. همچنین تصاویر MRI در چهار توالی با تقسیم‌شدن بر بیشترین مقدار پیکسل هر تصویر به‌طور جداگانه (روش z-score) به تصاویر بهنجار تبدیل شدند (شکل ۱).

۲-۴- ارزیابی

به منظور ارزیابی نتایج حاصل از بخش بندی تومور مغزی تصاویر MRI توسط الگوریتم ارائه شده در این مطالعه، بررسی های کمی با استفاده از روابط ۱ تا ۵ انجام شده اند. نتایج این بررسی ها در جدول (۱) نشان داده شده اند.

به منظور بررسی دقیق تر عملکرد الگوریتم ارائه شده برای بخش بندی تومور مغزی، پارامترهای شباهت و فاصله هاسدورف برای تمام بیمارانی نشان داده شدند که تصاویر آنها آزمایش شده اند (شکل های ۴ و ۵).

۳-۲- بحث

تصویربرداری MRI روشی زمان بر بوده و برای بیماران ممکن است طاقت فرسا باشد. با توجه به آنچه در پیشینه این تحقیق ارائه شد، در سال های اخیر مطالعات گوناگونی در حوزه بخش بندی تومور مغزی انجام گرفته اند؛ اما تاکنون مطالعه ای به منظور بررسی میزان موفقیت توالی های مختلف در تشخیص تومور انجام نگرفته است و این نوآوری این تحقیق است.

هدف از این مطالعه، مشخص کردن توالی از MRI است که بتوان تومور مغزی را با دقت بالا تشخیص داد. در واقع مشخص کردن بهترین توالی MRI علاوه بر اینکه به ما کمک می کند در مدت زمان کمتری تومور مغزی با بیشترین میزان دقت تشخیص داده شود، بیمار مدت زمان کمتری را داخل دستگاه سپری می کند که موجب آسایش بیشتر بیمار می شود. برای رسیدن به هدف فوق، در این مطالعه بخش بندی تومور مغزی در تصاویر MRI موجود در پایگاه داده BRATS با استفاده از شبکه عصبی ResNet و مقایسه میزان دقت توالی های مختلف MRI به منظور یافتن کاراترین توالی انجام گرفت. برای این منظور، ابتدا پیش پردازشی روی تصاویر این پایگاه داده در نرم افزار متلب انجام شد. این پیش پردازش شامل استخراج ناحیه دلخواه، تومور مغزی و همچنین بهنجار کردن تصاویر MRI بوده است. مدت زمان اجرای این قسمت در نرم افزار متلب

به منظور ارزیابی عملکرد الگوریتم ارائه شده برای بخش بندی تومور مغزی، پارامترهای زیر محاسبه شده اند (۲۷).

$$(1) \text{ حساسیت } (S, M) = \frac{|S \cap M|}{|M|}$$

$$(2) \text{ دقت } (S, M) = \frac{|S \cap M|}{|S|}$$

$$(3) \text{ شباهت} = \frac{2 \times |S \cap M|}{|S| + |M|}$$

$$(4) \text{ شاخص جاکارد} = \frac{|S \cap M|}{|S \cup M|}$$

$$(5) \text{ فاصله هاسدورف } (S, M) = \max(h(A, M), h(M, S))$$

$$, h(S, M) = \max_{s \in S} \min_{m \in M} \|s - m\|$$

که در آنها، S ناحیه بخش بندی شده الگوریتم پیشنهادی و M ناحیه بخش بندی شده دستی یا مرجع است. پارامتر حساسیت^{۱۷} نسبتی از ناحیه شامل تومور به کل ناحیه تومور مرجع است که مدل به درستی تشخیص داده است. پارامتر دقت^{۱۸} نسبتی از ناحیه ای است که مدل به درستی به عنوان تومور تشخیص داده است، به کل ناحیه تومور تشخیص داده شده توسط مدل. پارامترهای شباهت^{۱۹} و شاخص جاکارد^{۲۰} به منظور بررسی میزان شباهت یا تفاوت ناحیه بخش بندی شده مرجع و مدل ارائه شده در این مطالعه اند. پارامتر فاصله هاسدورف^{۲۱} نیز به منظور اندازه گیری فاصله دو ناحیه بخش بندی شده مرجع و مدل ارائه شده است.

۳- نتیجه گیری

۳-۱- نتایج

در این مطالعه نتایج حاصل از بخش بندی تومور مغزی تصاویر MRI موجود در پایگاه داده BRATS بررسی شدند. در شکل (۳) دو نمونه از تصاویر MRI بیماران و نتایج بخش بندی آنها با استفاده از الگوریتم شبکه عصبی ارائه شده در این مطالعه نشان داده شده اند.

می‌گیرند. همان‌طور که در جدول (۱) مشاهده می‌شود، هر چهار توالی تقریباً عملکرد مشابهی درباره ارزیابی الگوریتم با استفاده از پارامتر فاصله هاسدورف نشان داده‌اند؛ هرچند T1ce و T2W به‌ترتیب بهترین و بدترین عملکرد را داشته‌اند.

جدول (۱): نتایج حاصل از بررسی عملکرد شبکه عصبی

ارائه‌شده:

توالی / ارزیابی	FLAIR	T1	T2	T1ce
Sensitivity (Mean \pm SD)	± 0.12 0.83	± 0.16 0.79	± 0.18 0.83	± 0.20 0.68
Precision (Mean \pm SD)	± 0.14 0.74	± 0.12 0.69	± 0.16 0.77	± 0.17 0.60
Dice (Mean \pm SD)	± 0.10 0.77	± 0.12 0.73	± 0.15 0.73	± 0.17 0.62
Jaccard (Mean \pm SD)	± 0.12 0.64	± 0.14 0.59	± 0.16 0.60	± 0.15 0.46
Hausdorff Distance (Mean \pm SD)	± 0.64 3/65	± 0.50 3/59	± 0.50 3/48	± 0.56 3/98

با بررسی دقیق‌تر نتیجه محاسبه هر پارامتر روی تک‌تک تصاویر بیماران، مشخص شد تعدادی از این تصاویر به‌دلیل نوفه بالا یا مشخص نبودن تومور به‌صورت واضح، عملکرد ضعیفی در تشخیص محل تومور داشته‌اند؛ برای مثال، در شکل (۶) که نشان‌دهنده تصویر MRI بیمار نمونه است، محل تومور در سه توالی T1W، T2W، T1ce نامشخص است. همین امر موجب افت شدید عملکرد الگوریتم ارائه‌شده روی تصاویری از این مجموعه شده است.

با توجه به اینکه تاکنون مطالعه‌ای برای مشخص کردن کاراترین توالی در تشخیص تومور مغزی انجام نشده است، مقایسه با سایر مطالعات صرفاً به مقایسه مقدار عددی پارامتر شباهت و آن هم برای داشتن حسی در خصوص محدوده عددی این پارامتر، محدود شده است. در مطالعه اصلی و همکاران اگرچه مقدار میانگین پارامتر شباهت،

۲۰۱۹، حدود ۸ ثانیه است. در ادامه، آموزش شبکه عصبی کانولوشنی در نرم‌افزار NiftyNet روی ۳۱۰ تصویر این پایگاه داده انجام گرفت. پس از آن، تصاویر آزمایش به تعداد ۶۰ عدد به‌عنوان ورودی به شبکه عصبی کانولوشنی طراحی‌شده در این تحقیق، وارد و در خروجی تصاویر بخش‌بندی‌شده دریافت شدند. مدت زمان آموزش هر تصویر در نرم‌افزار NiftyNet ۱۱/۳ ثانیه و مدت زمان بخش‌بندی هر تصویر ۱/۲ ثانیه است (مشخصات سیستم استفاده‌شده به این صورت است: GPU: Nvidia (CPU: Core i9-7900X و GeForce GTX 1070 Ti). به‌منظور بررسی عملکرد الگوریتم ارائه‌شده در این مطالعه، تصاویر بخش‌بندی‌شده به نرم‌افزار متلب، وارد و با تصاویر بخش‌بندی‌شده موجود در پایگاه داده مقایسه شدند. همچنین میزان دقت توالی‌های مختلف MRI شامل تصویربرداری با وزن T1، تصویربرداری با وزن T1 با کنتراست تقویت‌کننده گادولینیوم، تصویربرداری با وزن T2 و FLAIR برای بخش‌بندی تومور مغزی بررسی شد. تصاویر پردازش‌شده در صورت درخواست به‌صورت آماده (پیش‌پردازش‌شده) در اختیار دیگر محققان نیز قرار خواهند گرفت.

همان‌طور که در جدول (۱) نشان داده شده است، نتایج بخش‌بندی تومور در توالی FLAIR بهتر از نتیجه بخش‌بندی تصویر در توالی‌های T1W، T2W، T1ce است. با توجه به این جدول، حساسیت FLAIR در بخش‌بندی تومور مغزی نسبت به سایر توالی‌ها بیشتر است. توالی‌های T1W و T2W نیز به‌ترتیب در جایگاه دوم و سوم از نظر حساسیت قرار گرفته‌اند. با بررسی پارامتر شباهت (Dice) مشخص می‌شود تومورهای بخش‌بندی‌شده در توالی FLAIR بیشترین میزان شباهت را با تصاویر بخش‌بندی‌شده موجود در پایگاه داده دارند. نتایج به‌دست‌آمده از پارامتر شباهت برای سکانس‌های T1W و T2W تقریباً مشابه‌اند و این دو توالی در جایگاه دوم از نظر میزان شباهت با تصاویر بخش‌بندی‌شده در مرجع قرار

می‌شود استفاده هم‌زمان از این تصاویر امکان‌پذیر نباشد. الگوریتم‌های انطباق تصویر نیز بدون خطا نیستند؛ بنابراین، اگر فقط یک توالی MRI از بیمار گرفته شود و این توالی حداکثر اطلاعات مربوط به تومور را در اختیار قرار دهد، علاوه بر اینکه سبب کاهش زمان تصویربرداری می‌شود (که راحتی بیمار و کاهش هزینه را نیز به دنبال خواهد داشت)، از خطاهای ناشی از حرکت بیمار و عدم انطباق تصاویر نیز جلوگیری می‌کند. همچنین، در این مطالعه از شبکه HighRes3DNet استفاده شده است که از لایه‌های با قدرت تفکیک مکانی (تفکیک‌پذیری مکانی) بالا برای استخراج اطلاعات از تصاویر MRI استفاده می‌کند. معمولاً در شبکه‌های عصبی به‌منظور کاهش تعداد متغیرهای آموزش و کم کردن بار پردازش شبکه، از لایه‌های کاهش تفکیک‌پذیری مکانی استفاده می‌شود که سبب از دست رفتن اطلاعات مهمی از تصاویر می‌شود. این موضوع اهمیت ویژه‌ای در پردازش توالی‌های MRI دارد؛ زیرا با تفکیک‌پذیری مکانی بالای این تصاویر، استفاده از شبکه‌های متداول سبب از دست رفتن قسمتی از اطلاعات موجود در این تصاویر می‌شود. به همین دلیل در این مطالعه، شبکه HighRes3DNet پیشنهاد شده است که می‌تواند تصاویر MRI را بدون کاهش تفکیک‌پذیری مکانی و با همان دقت و جزئیات اصلی پردازش کند. روش‌های دیگر مانند جداسازی به کمک اطلس یا کانتور فعال برای تومورهای کاربرد چندانی ندارند که شکل و ابعاد کاملاً تصادفی دارند و تقریباً از هیچ نظامی پیروی نمی‌کنند. این روش‌ها بیشتر برای ارگان‌هایی با شکل و ابعاد قابل پیش‌بینی و مدل‌پذیر کاربرد دارند. همچنین، این روش‌ها در بسیاری از موارد به دخالت کاربر نیاز دارند و قادر به جداسازی تومور به‌طور کاملاً خودکار نیستند.

مطالعه انجام شده از لحاظ پزشکی نیز ارزش و اهمیت بسیاری دارد. به‌طور کلی در حوزه پزشکی مطالعات تخصصی به‌منظور مشخص کردن بهترین و کاراترین مد یا روش تصویربرداری، بهترین روش بخش‌بندی یا بهترین

۰/۸۲ و میانگین پارامتر هاسدورف ۱/۹۱ بوده است، روش ارائه شده بسیار زمان‌بر است و به‌طور میانگین حدود ۳/۲۵ دقیقه برای بخش‌بندی هر تصویر زمان لازم است (۱۱)؛ در حالی که در این مطالعه بخش‌بندی هر تصویر کمتر از ۳۰ ثانیه به طول می‌انجامد. در مطالعات دونگ، ایزنسی و ونینگر (۱۳، ۹، ۱) از شبکه عصبی U-Net استفاده شده است که نتایج پارامتر شباهت در این مطالعات به ترتیب برابر با ۰/۸۶، ۰/۸۹ و ۰/۸۴ است. گفتنی است در این مطالعات چهار توالی MRI به‌طور هم‌زمان به شبکه عصبی وارد شده‌اند و همین امر سبب افزایش مقدار پارامتر شباهت شده است. براساس نتایج ارائه شده در جدول (۱)، بیشترین مقدار به دست آمده برای پارامتر شباهت، ۰/۷۷ و مربوط به توالی FLAIR است. در مطالعه زین‌الدین (۱۷)، فقط توالی FLAIR آموزش داده شده است و سایر توالی‌ها به‌طور جداگانه بررسی نشده‌اند. به‌طور کلی هدف این مطالعه بهینه‌سازی نتایج بخش‌بندی تومور در این توالی خاص بوده است. در مطالعه رینیواس و همکاران، هدف بهینه‌سازی یک روش یادگیری عمیق برای بخش‌بندی تومور بوده است که در آن دو توالی FLAIR و T2 به‌منظور بخش‌بندی کل ناحیه تومور استفاده شدند و سپس نتیجه این قسمت به همراه توالی T1c برای بخش‌بندی هسته تومور و ناحیه درحال افزایش تومور استفاده شد و نتایج خوبی از این روش به دست آمد؛ گرچه ترکیب توالی‌ها در عملکرد روش ارائه شده تأثیر زیادی داشته است (۱۸). به‌طور کلی هدف مطالعات ذکر شده در بخش پیشینه بهینه‌سازی یک روش به‌منظور بخش‌بندی تومور مغزی بوده است؛ در حالی که هدف این تحقیق مشخص کردن توالی MRI با بهترین عملکرد و بیشترین اطلاعات برای جداسازی بافت تومور و تشخیص تومور مغزی، به‌منظور کاهش زمان تصویربرداری است که این مطلب مهم‌ترین نوآوری این تحقیق است. تصویربرداری هم‌زمان از بیمار برای چندین توالی MRI زمان‌بر بوده و همچنین به دلیل حرکت بیمار این تصاویر ممکن است بر هم منطبق نباشند. این عدم انطباق سبب

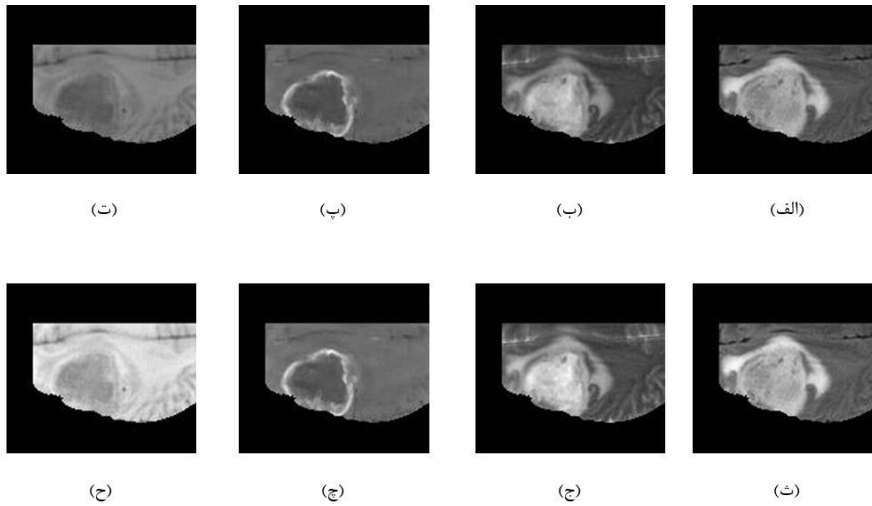
است و منجر به نتایج دقیق‌تری نسبت به مدل‌های کلی‌تر می‌شود، ترجیح محققان این است که تا حد امکان شبکه‌ها اختصاصی توسعه یابند (۲۱، ۲۶). در این مطالعه نیز شبکه پیشنهادی روی یک تعداد توالی MRI خاص (۳۱۰ تصویر برای آموزش و ۶۰ تصویر برای آزمایش) اعمال شده است که همگی از یک دستگاه با یک پروتکل و کیفیت ثابت به دست آمده‌اند؛ بنابراین، یافته‌های این تحقیق به‌طور اختصاصی مربوط به این مطالعه و داده‌ها است و نتیجه‌گیری کلی و بسط این یافته‌ها به دیگر دستگاه‌ها و الگوریتم‌ها بدون انجام مطالعه اختصاصی امکان‌پذیر نیست.

۳-۳- نتیجه‌گیری

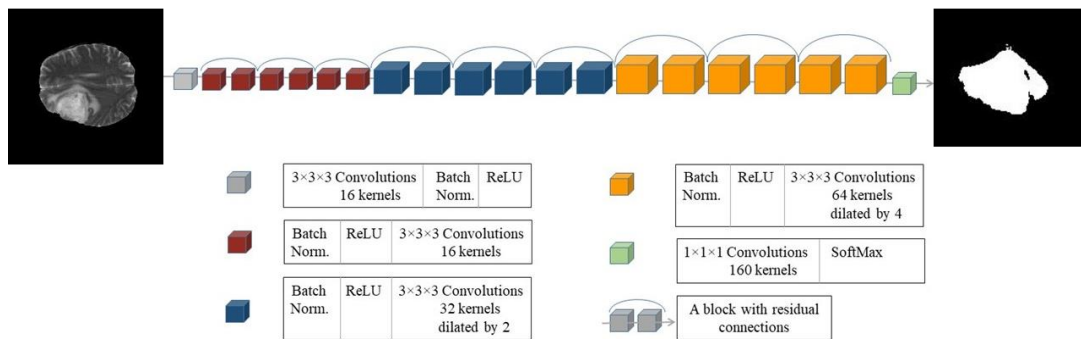
هدف از این مطالعه بخش‌بندی تومور مغزی تصاویر MRI با استفاده از شبکه عصبی ResNet و بررسی میزان موفقیت توالی‌های مختلف تصاویر MRI برای این منظور است. مشخص کردن توالی با بهترین عملکرد در تشخیص تومور مغزی، سبب می‌شود ضمن تشخیص تومور مغزی با بیشترین میزان دقت، زمان کمتری برای تصویربرداری از بیمار صرف شود که افزایش سرعت تصویربرداری و امکان انجام تصویربرداری از تعداد بیشتری بیمار و در نهایت کاهش هزینه‌های تصویربرداری را موجب می‌شود. با توجه به نتایج به‌دست‌آمده، شبکه عصبی معرفی‌شده عملکرد مناسبی برای بخش‌بندی تومور مغزی دارد. براساس این مطالعه، توالی FLAIR حساسیت بیشتری در بخش‌بندی تومور مغزی داشته است. همچنین مقدار پارامتر شباهت برای توالی FLAIR نسبت به سایر توالی‌ها بیشتر بوده است. همچنین نتایج این تحقیق نشان دادند میزان عملکرد توالی‌های T1W و T2W تقریباً یکسان است و در رتبه بعد از توالی FLAIR قرار دارند.

حالت ترکیب اطلاعات از روش‌ها یا متخصصان مختلف انجام می‌شود؛ برای مثال، در مطالعه‌ای که به‌منظور طبقه‌بندی آسیب‌شناسی دیجیتال سرطان پروستات انجام گرفته است، تصاویر بخش‌بندی‌شده با روش هوش مصنوعی و توسط ۶ متخصص با سابقه و تجربه متفاوت طبقه‌بندی شدند. هدف این مطالعه مشخص کردن بهترین تشخیص از میان تشخیص‌های این ۶ متخصص بوده است (۲۸). نتایج به‌دست‌آمده از این مطالعه و مطالعاتی مشابه می‌تواند از نظر کلینیکی اطلاعات بسیار مفید و ارزشمندی را در اختیار محققان قرار دهند.

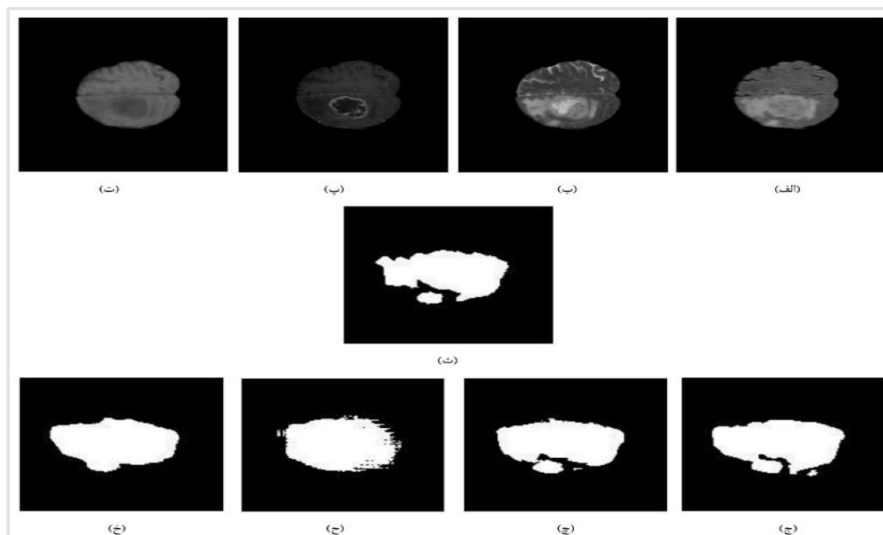
مشخص کردن توالی با بهترین عملکرد در تشخیص تومور مغزی، سبب می‌شود در کوتاه‌ترین مدت تصویربرداری اطلاعات مورد نیاز برای تشخیص و جداسازی تومور به دست آید. در سال‌های اخیر مطالعات فراوانی به‌منظور سنتز تصاویر پزشکی انجام شده‌اند که هدف آنها مدل‌سازی نقشه‌برداری از تصاویر منبع به تصاویر هدف است؛ برای مثال، در مطالعه دای بیان شده است که توالی‌های مختلف MRI قابلیت‌های مختلفی در تشخیص تومور مغزی دارند و بهره‌بردن از نقاط قوت هر کدام از توالی‌ها به تشخیص بهتر تومور مغزی کمک می‌کند؛ اما در تصویربرداری MRI، به‌دلیل محدود بودن زمان تصویربرداری، تنظیمات نادرست دستگاه، وجود مصنوعات و آلرژی بیمار به مواد حاجب، اعمال چندین توالی تصویربرداری برای هر بیمار دشوار است (۱۶). این موضوع بر هدف اصلی این مطالعه صحت می‌گذارد که کاهش زمان تصویربرداری و استفاده از یک توالی به‌منظور بخش‌بندی تومور مغزی بوده است. با توجه به اینکه آموزش یک شبکه به‌طور اختصاصی برای یک کاربرد خاص، یک دستگاه خاص یا یک پروتکل تصویربرداری خاص بهینه‌سازی شده



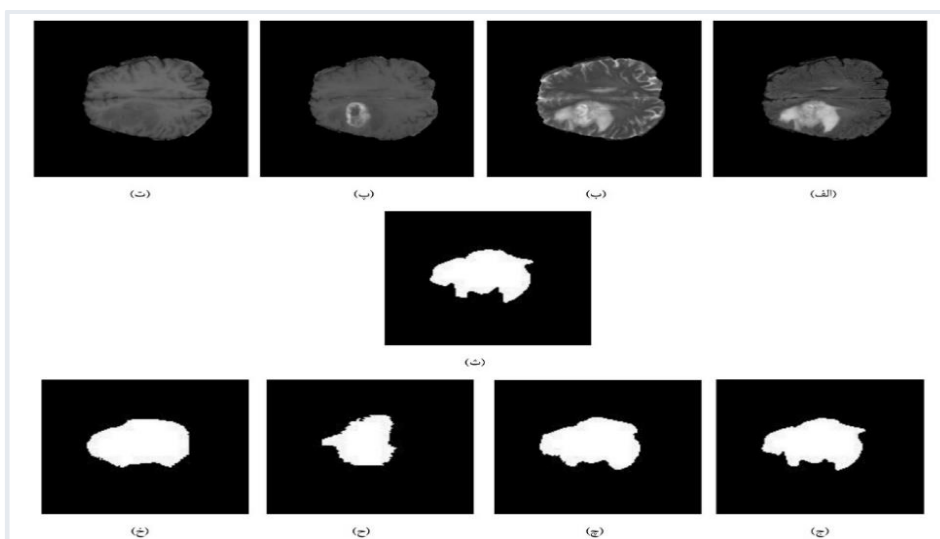
شکل (۱): نمونه تصاویر MRI یک بیمار موجود در پایگاه داده در ۴ توالی. تصاویر (الف)، (ب)، (پ) و (ت) به ترتیب تصاویر MRI پایگاه داده در ۴ توالی T1W, T1ce, T2W, FLAIR هستند. تصاویر تصویر (ث)، (ج)، (ج)، (ح) به ترتیب نتایج بهنجارسازی تصاویر MRI در ۴ توالی T1W, T1ce, T2W, FLAIR است. تصاویر تومور با بزرگنمایی دو برابر نسبت به تصاویر MRI نمایش داده شده‌اند.



شکل (۲): شمای کلی شبکه عصبی کانولوشنی ReLU

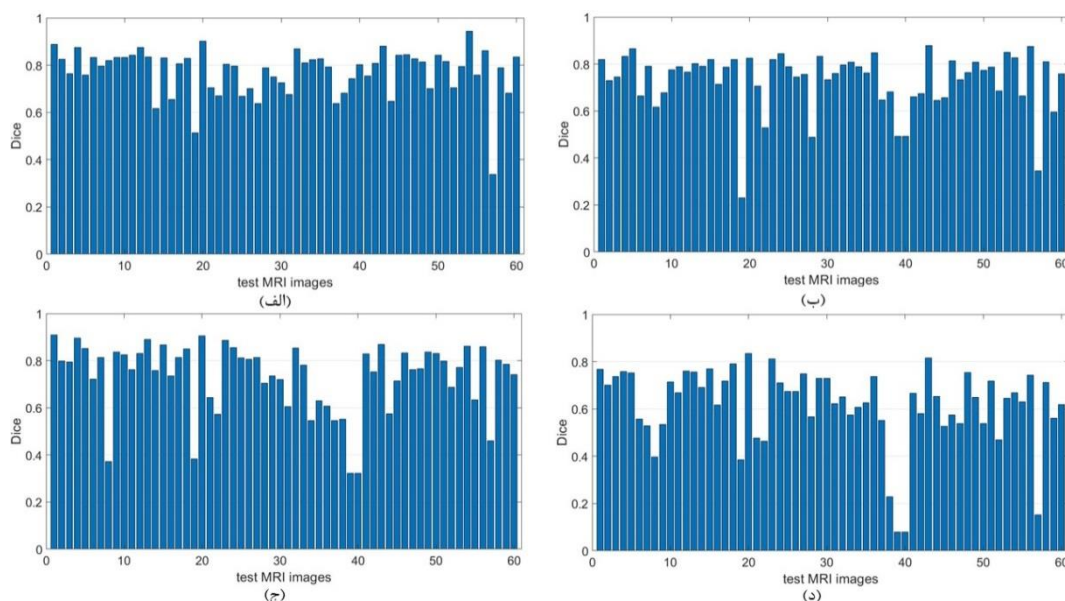


قالب ۱

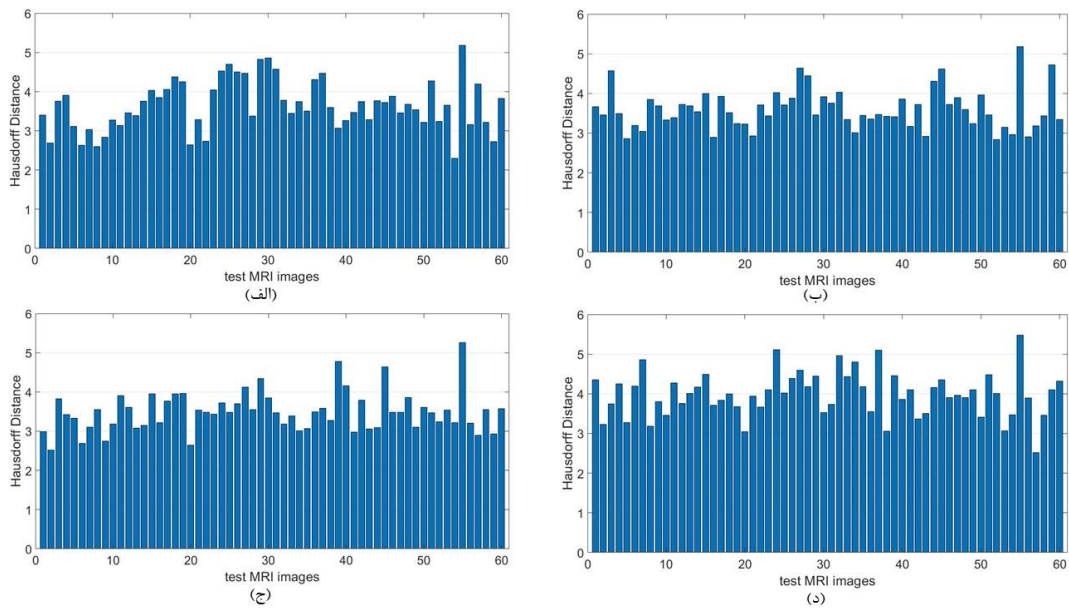


قالب ۲

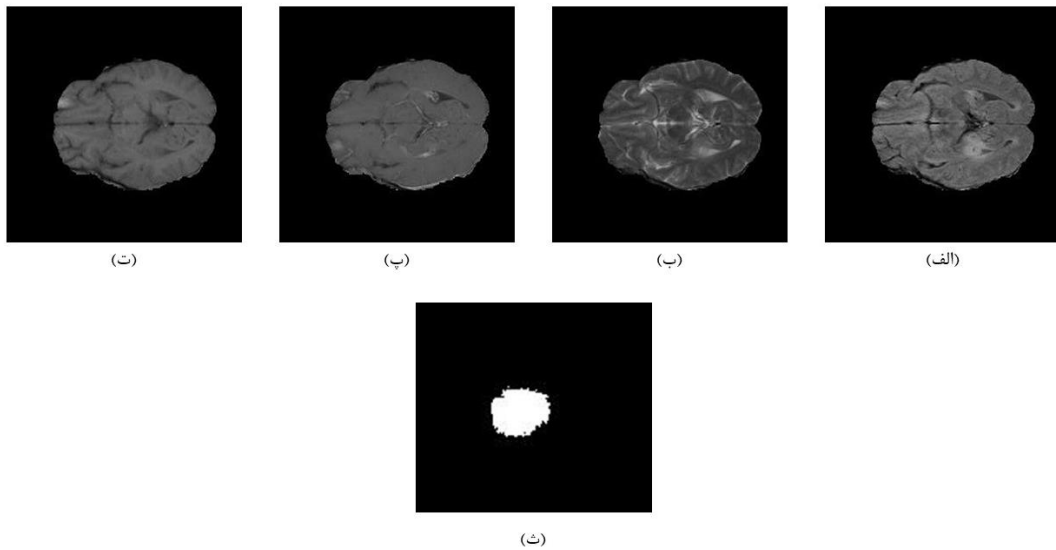
شکل (۳): نمونه تصاویر MRI دو بیمار موجود در پایگاه داده در ۴ توالی. در هر تصویر (قالب ۱ و ۲) بیمار نمونه، تصاویر (الف)، (ب)، (پ) و (ت) به ترتیب تصاویر MRI پایگاه داده در ۴ توالی T1W، T1ce، T2W، FLAIR هستند. تصویر (ث) تصویر بخش‌بندی شده توسط متخصصان در پایگاه داده است. تصاویر (ج)، (چ)، (ح) و (خ) به ترتیب نتایج بخش‌بندی تصاویر MRI توسط الگوریتم یادگیری عمیق ارائه شده در ۴ توالی T1W، T1ce، T2W، FLAIR است. تصاویر تومور با بزرگنمایی دو برابر نسبت به تصاویر MRI نمایش داده شده‌اند.



شکل (۴): نتایج محاسبه پارامتر شباهت برای تمام تصاویر MRI استفاده شده برای ارزیابی الگوریتم ارائه شده‌اند. تصاویر (الف)، (ب)، (ج) و (د) به ترتیب نتایج پارامتر شباهت برای تصاویر MRI در ۴ توالی T1W، T2W، T1ce هستند.



شکل (۵): نتایج محاسبه پارامتر فاصله هاسدورف برای تمام تصاویر MRI استفاده شده برای ارزیابی الگوریتم ارائه شده اند. تصاویر (الف)، (ب)، (ج) و (د) به ترتیب نتایج پارامتر فاصله هاسدورف برای تصاویر MRI در ۴ توالی T1W، FLAIR، T2W و T1ce هستند.



شکل (۶): نمونه‌ای از تصویر MRI یکی از بیماران در ۴ توالی که نتیجه بخش‌بندی ضعیفی داشته است. تصاویر (الف)، (ب)، (ب) و (ت) به ترتیب تصاویر MRI بیمار در ۴ توالی T1W، FLAIR، T2W، T1ce هستند. تصویر (ث) نیز تصویر بخش‌بندی شده مرجع است. مقدار پارامتر شباهت برای این بیمار در توالی‌های T1W، FLAIR، T2W، T1ce به ترتیب ۰/۲۹، ۰/۴۵، ۰/۱۵ و ۰/۳۴ است.

سپاسگزاری

از حمایت مادی و معنوی معاونت محترم پژوهش و فناوری دانشگاه اصفهان در قالب طرح مصوب با کد ۹۹۱۲۰۱۱، در اجرای این تحقیق سپاسگزاری می‌شود.

مراجع

- tumor segmentation and radiomics survival prediction: Contribution to the brats 2017 challenge. *International MICCAI Brainlesion Workshop*; 2017: Springer.
- [10] Arabi H, Zaidi H. Applications of artificial intelligence and deep learning in molecular imaging and radiotherapy. *European Journal of Hybrid Imaging*. Vol. 4, No.1, pp. 1-23, 2020.
- [11] Aslian H, Sadeghi M, Mahdavi SR, Mofrad FB, Astarakee M, Khaleidi N, et al. Magnetic resonance imaging-based target volume delineation in radiation therapy treatment planning for brain tumors using localized region-based active contour. *International Journal of Radiation Oncology* Biology* Physics*. Vol. 87, No. 1, pp. 195-201, 2013.
- [12] Pereira S, Pinto A, Alves V, Silva CA. Brain tumor segmentation using convolutional neural networks in MRI images. *IEEE transactions on medical imaging*. Vol. 35, No. 5, pp. 1240-51, 2016.
- [13] Kamnitsas K, Ledig C, Newcombe VF, Simpson JP, Kane AD, Menon DK, et al. Efficient multi-scale 3D CNN with fully connected CRF for accurate brain lesion segmentation. *Medical image analysis*. Vol. 36, pp. 61-78, 2017.
- [14] Dong H, Yang G, Liu F, Mo Y, Guo Y, editors. Automatic brain tumor detection and segmentation using U-Net based fully convolutional networks. *annual conference on medical image understanding and analysis*; 2017, Springer.
- [15] Chen G, Li Q, Shi F, Rekić I, Pan Z. RFDCR: Automated brain lesion segmentation using cascaded random forests with dense conditional random fields. *NeuroImage*. Vol. 211, p. 116620, 2020.
- [16] Dai X, Lei Y, Fu Y, Curran WJ, Liu T, Mao H, et al. Multimodal MRI synthesis using unified generative adversarial networks. *Medical physics*. Vol. 47, No. 12, pp. 6343-54, 2020.
- [17] Zeineldin RA, Karar ME, Coburger J, Wirtz CR, Burgert O. DeepSeg: deep neural network framework for automatic brain tumor segmentation using magnetic resonance FLAIR images. *International journal of computer assisted radiology and surgery*. Vol. 15, No. 6, pp. 909-20, 2020.
- [18] Srinivas B, Sasibhushana Rao G. Segmentation of Multi-Modal MRI Brain Tumor Sub-Regions Using Deep Learning. *Journal of Electrical Engineering & Technology*. Vol. 15, pp. 1899-909, 2020.
- [19] Li W, Wang G, Fidon L, Ourselin S, Cardoso MJ, Vercauteren T, editors. On the
- [1] Zhou C, Chen S, Ding C, Tao D, editors. Learning contextual and attentive information for brain tumor segmentation. *International MICCAI Brainlesion Workshop*, 2018, Springer.
- [2] Wengler L, Rippel O, Koppers S, Merhof D, editors. Segmentation of brain tumors and patient survival prediction: methods for the BraTS 2018 challenge. *International MICCAI Brainlesion Workshop*; 2018: Springer.
- [3] Havaei M, Davy A, Warde-Farley D, Biard A, Courville A, Bengio Y, et al. Brain tumor segmentation with deep neural networks. *Medical image analysis*. Vol. 35, pp.18-31, 2017.
- [4] Karimi D, Salcudean SE. Reducing the hausdorff distance in medical image segmentation with convolutional neural networks. *IEEE Transactions on medical imaging*. Vol. 39, No. 2, pp. 499-513, 2019.
- [5] Arabi H, Dowling JA, Burgos N, Han X, Greer PB, Koutsouvelis N, et al. Comparative study of algorithms for synthetic CT generation from MRI: Consequences for MRI-guided radiation planning in the pelvic region. *Medical physics*. Vol. 45, No.11, pp. 5218-33, 2018.
- [6] Arabi H, Zeng G, Zheng G, Zaidi H. Novel adversarial semantic structure deep learning for MRI-guided attenuation correction in brain PET/MRI. *European journal of nuclear medicine and molecular imaging*. Vol. 46, No. 13, pp. 2746-59, 2019.
- [7] Bahrami A, Karimian A, Fatemizadeh E, Arabi H, Zaidi H. A new deep convolutional neural network design with efficient learning capability: Application to CT image synthesis from MRI. *Medical physics*. 2020.
- [8] Arabi H, Zaidi H. Whole-body bone segmentation from MRI for PET/MRI attenuation correction using shape-based averaging. *Medical physics*. Vol. 43, No. 11, p. 5848, 2016.
- [9] Isensee F, Kickingereder P, Wick W, Bendszus M, Maier-Hein KH, editors. Brain

- Intelligence in Electrical Engineering*, Vol. 11, No. 3, pp. 1-12, 2020
- [24] Seyyedsalehi Z, Seyyedsalehi A. Bidirectional Layer-by-layer Pre-training Method. *Computational Intelligence in Electrical Engineering*, Vol. 6, No. 2, pp. 1-10, 2015
- [25] Gibson E, Li W, Sudre C, Fidon L, Shkir DI, Wang G, et al. NiftyNet: a deep-learning platform for medical imaging. *Computer methods and programs in biomedicine*. Vol. 158, pp. 113-22, 2018.
- [26] Arabi H, Zaidi H. Deep learning-based metal artefact reduction in PET/CT imaging. *Eur Radiol*. 2021, In press.
- [27] Taha AA, Hanbury A. Metrics for evaluating 3D medical image segmentation: analysis, selection, and tool. *BMC medical imaging*. Vol. 15, No. 1, p. 29, 2015.
- [28] Karimi D, Dou H, Warfield SK, Gholipour A. Deep learning with noisy labels: Exploring techniques and remedies in medical image analysis. *Medical Image Analysis*. Vol. 62, p. 101759, 2020.
- compactness, efficiency, and representation of 3D convolutional networks: brain parcellation as a pretext task. *International conference on information processing in medical imaging*; 2017: Springer.
- [20] Arabi H, Zaidi H. Deep learning-guided estimation of attenuation correction factors from time-of-flight PET emission data. *Med Image Anal*. Vol. 64, p. 101718, 2020.
- [21] Arabi H, Bortolin K, Ginovart N, Garibotto V, Zaidi H. Deep learning-guided joint attenuation and scatter correction in multitracer neuroimaging studies. *Human brain mapping*, Vol. 41, No. 13, pp 79-3667, 2020.
- [22] Rastiboroujeni R, Teshnehlab M, Jafari R. A CAD System for Identification and Classification of Breast Cancer Tumors in DCE-MR Images Based on Hierarchical Convolutional Neural Networks. *Computational Intelligence in Electrical Engineering*, Vol. 6, No. 1, pp. 1-14, 2015
- [23] Sheykhivand S, Meshgini S, Mousavi Z. Automatic Detection of Various Epileptic Seizures from EEG Signal Using Deep Learning Networks. *Computational*

-
- ¹ High Grade Gliomas
- ² Low Grade Gliomas
- ³ Magnetic Resonance Imaging
- ⁴ Cascade architecture
- ⁵ fully connected multi-scale CNN
- ⁶ T1-weighted
- ⁷ T1-weighted imaging with gadolinium enhancing contrast
- ⁸ T2-weighted
- ⁹ TensorFlow-based open-source convolutional neural networks
- ¹⁰ Convolution kernel
- ¹¹ Dilated convolutional kernel
- ¹² Residual connection
- ¹³ Batch normalization
- ¹⁴ ReLU
- ¹⁵ Residual blocks
- ¹⁶ Adaptive Moment Estimation
- ¹⁷ Sensitivity
- ¹⁸ Precision
- ¹⁹ Dice similarity coefficient
- ²⁰ Jaccard index
- ²¹ Hausdorff distance

