Journal of Ilam University of Medical Sciences

P-ISSN: 1563-4728
E-ISSN: 2588-3135

A Systematic Review of Convolutional Neural Network for Brain Tumor Segmentation in MRI

Hajar Danesh [1*] , **Zahra Ghasemi** [1]

[1] Dept of Electrical and Biomedical Engineering, Faculty of Engineering and Technology, Shahid Ashrafi Esfahani University, Isfahan, Iran

Article Info

Article type:
Systematic Review

Article History:
Received: Jul. 14, 2025
Received in revised form: Sept. 03, 2025
Accepted: Sept. 30, 2025
Published Online: Nov. 26, 2025

**** Correspondence to:***
Hajar Danesh
Dept of Electrical and Biomedical Engineering, Faculty of Engineering and Technology, Shahid Ashrafi Esfahani University, Isfahan, Iran

Email:
hajardanesh@yahoo.com

A B S T R A C T

Introduction: Brain tumors are caused by abnormal cell proliferation and can lead to neurological disorders by affecting the structure and function of the brain. Therefore, their accurate and timely diagnosis plays a significant role in reducing clinical risks for patients. Magnetic resonance imaging, as a non-invasive and highly accurate method, is widely used in identifying tumor areas in the diagnosis and treatment planning process.

Materials & Methods: This study is a qualitative systematic review based on the PRISMA guideline, which was conducted by comprehensively searching the Web of Science, Google Scholar, Springer, Scopus, IEEE Xplore, and Elsevier scientific databases. Studies related to convolutional neural networks (CNN) for brain tumor segmentation in Magnetic Resonance Imaging (MRI) images, focusing on advanced architectures including U-Net, nnU-Net, V-Net, DeepMedic, and DeepLabV3+, were selected based on specific inclusion and exclusion criteria and subjected to qualitative and comparative analysis.

Results: The results of the reviewed articles showed that the DeepLabV3+ model had the highest accuracy with an average Dice score of 0.917 and the other models U-Net, nnU-Net, V-Net, and DeepMedic had average Dice scores of 0.827, 0.793, 0.819, and 0.752, respectively. All of these models performed better than manual or traditional methods in different data conditions such as 2D, 3D, and unbalanced data. However, the reported performance for each model is affected by several factors, including the quality and volume of training data, data augmentation strategies, the loss function used, and post-processing steps.

Conclusion: This study shows that novel image analysis methods significantly improve the accuracy of diagnostic assistance systems in brain imaging by automatically extracting diagnostic features. However, the performance of the models is the result of a combination of the main architecture and complementary techniques, and their evaluation should be performed within the overall framework of the analysis pipeline (from preprocessing to post-processing). Developing models with high generalizability in diverse data conditions is the main path of progress in this field. Given the time-consuming and complex nature of manual interpretation of MRI images, deep learning-based systems can help reduce human errors and facilitate clinical decision-making. Consequently, optimization and development of these models is an important step towards improving the diagnosis and management of patients with brain tumors.

Keywords: Brain tumor segmentation, Convolutional neural network, Magnetic resonance imaging, Deep learning

Cite this paper: Danesh H, Ghasemi Z. A Systematic Review of Convolutional Neural Network for Brain Tumor Segmentation in MRI. *Journal of Ilam University of Medical Sciences*. 2025;33(5):53-80.

Introduction

Brain tumours arise from unregulated cellular proliferation and can significantly compromise the structural and functional integrity of the central nervous system (1). Depending on the histological type (e.g., glioblastoma, meningioma, or low-grade glioma), the malignancy grade (according to WHO classification), and the anatomical site (e.g., frontal or temporal lobes), these lesions exhibit diverse clinical manifestations, including refractory headaches, seizures, motor

© The Author(s)

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

dysfunction, cognitive decline, and, in advanced stages, premature mortality (2). The World Health Organisation (WHO) says that brain tumours are the second most common cause of cancer deaths around the world (1). For effective therapeutic planning (surgery, radiotherapy, chemotherapy), prognostic assessment, and patient survival optimisation (2), it is very important to make an accurate and timely diagnosis, especially by accurately dividing the tumour into subregions (enhancing tumour, tumour core, and peritumoral edoema). Magnetic Resonance Imaging (MRI) is the best non-invasive way to check for brain tumours. It uses multimodal sequences (T1, T1c, T2, FLAIR) to give high spatial resolution and tissue contrast (3). T1c with contrast agent shows tumour parts that are getting bigger, while T2 and FLAIR show edoema and infiltration that aren't getting bigger (3).Nevertheless, manual MRI interpretation is labor intensive, subjective, and susceptible to inter observer variability, especially in cases of ill defined margins, low contrast, or tumor tissue overlap (4). Conventional segmentation methods including thresholding, edge based, and region growing techniques fail under conditions of noise, extreme class imbalance, and morphological complexity (4). In contrast, convolutional neural networks (CNNs) enable robust, hierarchical feature extraction from edges and textures to complex anatomical patterns significantly improving segmentation accuracy (5). The aim of this study was to systematically review and compare the performance of advanced CNN architectures in brain tumor segmentation on MRI.

Methods

This qualitative systematic review was conducted in accordance with the PRISMA guidelines. The study population consisted of articles published between 2015 and 2023 that employed convolutional neural networks (CNNs) specifically U-Net, nnU-Net, V-Net, DeepMedic, and DeepLabV3+for brain tumor segmentation in MRI. A comprehensive search was performed in across six scientific databases: Web of Science, Google Scholar, Springer, Scopus, IEEE Xplore, and Elsevier. Studies were included if they: (1) used high-quality MRI data, preferably from standard public datasets (BraTS, BraTS-GLI, BraTS-PEDs, TCIA, LGG); (2) reported quantitative performance metrics (Dice score, Accuracy, Sensitivity); and (3) focused on advanced deep learning architectures. Articles limited to tumor detection (without segmentation), conventional methods, or lacking sufficient metrics were excluded. Data extraction covered architecture type, dataset specifications, segmented regions, and methodological enhancements (e.g., loss functions, augmentation, post-processing).

Results

Systematic analysis revealed that the performance of the five architectures is highly dependent on evaluation protocols, data characteristics, and methodological configurations. Nevertheless, aggregated metrics from BraTS challenges enabled relative comparison.

DeepLabV3+ had the highest mean Dice score (0.917), which shows that it was better at defining tumour boundaries. This was mostly because of the atrous (dilated) convolutions and the Atrous Spatial Pyramid Pooling (ASPP) module, which extracts features at different scales. This design gathers information about the context across different receptive fields, which is very important for irregular tumour margins. But its sensitivity (0.794) was lower than that of other models, probably because it was sensitive to noise or needed a lot of tuning of hyperparameters. U-Net demonstrated balanced performance (Dice: 0.827; Accuracy: 0.935; Sensitivity: 0.873). Skip connections helped keep spatial detail and make it easier to separate irregular tumour boundaries by combining high-resolution encoder features with upsampled decoder outputs. 3D U-Net and BU-Net are examples of advanced variants that improved performance on volumetric and imbalanced data by adding residual blocks or attention modules. For example, BU-Net adds custom RES and WC blocks as well as a custom loss function to make receptive fields bigger and make it easier to extract structural-textural features.

nnU-Net had a very high accuracy of 0.994, but a lower sensitivity of 0.767 and a moderate Dice of 0.793. This means that it was hard to fully capture diffuse or low-contrast tumour areas. Its self-configuring capability automatically adapting network topology, normalization strategy (instance normalization), and post-processing based on dataset statistics makes it suitable for multi center applications. Deep supervision further stabilizes training in sparse tumor scenarios. V-Net (mean Dice:

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

0.819) effectively processed 3D data and preserved inter slice contextual information through 3D convolutions and residual connections, enabling more accurate volumetric segmentation than slice by slice approaches. By modeling spatial dependencies across all three dimensions, V-Net reduces false discontinuities in tumor boundaries across adjacent slices a common pitfall in 2D segmentation pipelines.

In contrast, DeepMedic showed the lowest performance (Dice: 0.752). Although its dual-path design processing high and low resolution inputs in parallel aims to detect both focal and diffuse lesions simultaneously, its high computational complexity and sensitivity to noise have limited its practical utility. Critically, final performance was not solely determined by core architecture but resulted from complex interactions with pipeline components. Factors such as loss function design (e.g., hybrid Dice Cross Entropy to mitigate class imbalance), data augmentation (elastic deformations mimicking anatomical variability), and post processing (removal of small disconnected components) exerted direct and sometimes decisive influence on outcomes. For example, nnU-Net's automated post-processing significantly boosts Dice in sparse tumor scenarios.

Conclusion

This study demonstrates that deep learning–based image analysis methods significantly enhance the accuracy of computer-aided systems for brain tumor segmentation in MRI through automated, hierarchical feature extraction. However, reported performance reflects the integrated pipeline not just the backbone architecture. Therefore, fair model evaluation requires holistic assessment of all components, from pre-processing to post-processing.

Because interpreting MRIs by hand takes a lot of time and is prone to mistakes, CNN-based models can be useful decision-support tools that help radiologists make decisions more quickly, improve the consistency of diagnoses, and make clinical workflow easier without replacing expert judgement. The architecture you choose should fit the clinical situation: DeepLabV3+ for tasks that need to be sensitive to boundaries, U-Net for tasks that need to work well with limited resources, nnU-Net for heterogeneous multi-institutional data, and V-Net for full 3D volumetric analysis. DeepMedic is an interesting idea, but it isn't very useful because it isn't stable.

For translation into routine clinical practice in the future, we need models that work well with a wide range of data types (like paediatric cases, rare tumours, and low-quality scans) and standardised ways to evaluate them. Combining clinical and genetic data with imaging could make biologically informed segmentation even easier. Improving these methods will not only make diagnoses more accurate, but it will also help with personalised treatment planning and better care of brain tumour patients.

Authors' Contribution

Conceptualization, Methodology: Validation, Formal Analysis, Investigation, Resources, Software, Data Curation, Writing Original Draft Preparation, Writing– Review & Editing, Visualization, Supervision, Project Administration: HD, ZGH.

Ethical Statement

Due to the lack of animal testing, there was no need to obtain an ethics code. The authors avoided data fabrication, falsification, plagiarism, and misconduct.

Conflicts of Interest

The authors declare no conflict of interest.

Funding

Authors declare that no funds, grants, or other support were received during the preparation of this manuscript.

Acknowledgment

The authors thank the all of participants and persons who help in this project.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

مجله دانشگاه علوم پزشکی ایلام

JIUMS

شاپای چاپی : ۱۵۶۳-۴۷۲۸

شاپای الکترونیک : ۲۵۸۸-۳۱۳۵

مرور سیستماتیک روش‌های بخش‌بندی تومور در تصاویر MRI با استفاده از شبکهٔ عصبی کانولوشنی

هاجر دانش [1*]، **زهرا قاسمی** [1]

[1] گروه برق و مهندسی پزشکی، دانشکده فنی و مهندسی، دانشگاه شهید اشرفی اصفهانی، اصفهان، ایران

اطلاعات مقاله

نوع مقاله: مرور سیستماتیک

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۴/۲۳

تاریخ ویرایش: ۱۴۰۴/۰۶/۱۲

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۷/۰۸

تاریخ انتشار: ۱۴۰۴/۰۹/۰۵

نویسنده مسئول:

هاجر دانش

گروه برق و مهندسی پزشکی، دانشکده فنی و مهندسی، دانشگاه شهید اشرفی اصفهانی، اصفهان، ایران

Email:
hajardanesh@yahoo.com

چکیده

مقدمه: تومورهای مغزی ناشی از تکثیر غیرطبیعی سلول‌ها هستند و با تأثیر بر ساختار و عملکرد مغز می‌توانند به اختلالات عصبی منجر شوند؛ ازاین‌رو، تشخیص دقیق و به‌موقع آن‌ها نقش بسزایی در کاهش خطرات بالینی برای بیماران دارد. تصویربرداری تشدید مغناطیسی به‌عنوان یک روش غیرتهاجمی و با دقت بالا، کاربرد گسترده‌ای در شناسایی نواحی توموری در فرایند تشخیص و برنامه‌ریزی درمان دارد.

مواد و روش‌ها: این مطالعه یک مرور سیستماتیک کیفی بر اساس دستورالعمل PRISMA است که با جستجوی جامع در پایگاه‌های علمی Web of Science، Google Scholar، Springer، Scopus، IEEE Xplore و Elsevier انجام شد. مطالعات مرتبط با شبکه‌های عصبی کانولوشنی (CNN) برای بخش‌بندی تومور مغزی در تصاویر Magnetic Resonance Imaging (MRI)، با تمرکز بر معماری‌های پیشرفته شامل U-Net، nnU-Net، V-Net، DeepMedic و DeepLabV3+، بر اساس معیارهای ورود و خروج مشخص انتخاب و تحلیل کیفی و مقایسه‌ای گردیدند.

یافته‌های پژوهش: نتایج مقالات بررسی‌شده نشان داد، مدل DeepLabV3+ بالاترین دقت را با میانگین امتیاز دایس ۰/۹۱۷ دارد و سایر مدل‌های U-Net، nnU-Net، V-Net و DeepMedic به‌ترتیب با میانگین امتیاز دایس ۰/۸۲۷، ۰/۷۹۳، ۰/۸۱۹ و ۰/۷۵۲ هستند. همهٔ این مدل‌ها در شرایط مختلف داده‌ای مانند تصاویر دوبعدی، سه‌بعدی و داده‌های نامتوازن، عملکردی بهتر از روش‌های دستی یا سنتی داشتند. بااین‌حال، عملکرد گزارش‌شده برای هر مدل تحت تأثیر عوامل متعددی ازجمله کیفیت و حجم داده‌های آموزشی، راهبردهای افزایش داده، تابع زیان استفاده‌شده و مراحل پس‌پردازش است.

بحث و نتیجه‌گیری: این مطالعه نشان می‌دهد، روش‌های نوین تحلیل تصویر با استخراج خودکار ویژگی‌های تشخیصی، دقت دستگاه‌های کمک تشخیصی در تصویربرداری مغزی را به‌طور چشمگیری ارتقا می‌دهند. بااین‌حال، عملکرد مدل‌ها حاصل ترکیب معماری اصلی و فن‌های مکمل است و ارزیابی آن‌ها باید در چارچوب کلی پایپلاین (از پیش‌پردازش تا پس‌پردازش) تحلیل انجام شود. توسعهٔ مدل‌هایی با قابلیت تعمیم‌پذیری بالا در شرایط داده‌ای متنوع مسیر اصلی پیشرفت در این حوزه است. با توجه به زمان‌بر و پیچیده بودن تفسیر دستی تصاویر MRI، دستگاه‌های مبتنی بر یادگیری عمیق می‌توانند به کاهش خطاهای انسانی و تسهیل تصمیم‌گیری بالینی کمک کنند؛ درنتیجه، بهینه‌سازی و توسعهٔ این مدل‌ها گامی مهم برای بهبود تشخیص و مدیریت بیماران مبتلا به تومور مغزی محسوب می‌شود.

واژه‌های کلیدی: بخش‌بندی تومور مغزی، شبکهٔ عصبی کانولوشنی، تصویربرداری تشدید مغناطیسی، یادگیری عمیق

استناد: دانش هاجر، قاسمی زهرا. مرور سیستماتیک روش‌های بخش‌بندی تومور در تصاویر MRI با استفاده از شبکهٔ عصبی کانولوشنی. *مجله دانشگاه علوم پزشکی ایلام*، آذر ۱۴۰۴؛ (۵)۳۳ : ۸۰-۵۳.

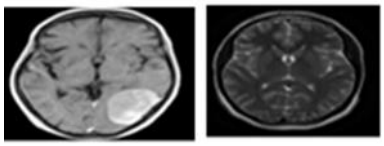
[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

CC BY NC

حق‌مؤلف © نویسندگان

مقدمه

تومورهای مغزی از تکثیر غیرطبیعی سلول‌های مغزی و اختلال در دستگاه‌های تنظیمی مغز به وجود می‌آیند. سازمان بهداشت جهانی این تومورها را به‌عنوان دومین عامل مهم مرگ‌ومیر در سطح جهانی شناسایی کرده است (۲، ۱). استفاده از تصاویر MRI یکی از روش‌های تشخیص این تومورها است. به علت پیچیدگی شکل تومورها، شباهت بافت‌های سالم و بیمار، خطاهای انسانی و دشواری تجزیه‌وتحلیل، از روش‌های بخش‌بندی اتوماتیک برای پردازش و آنالیز این تصاویر استفاده می‌گردد (۵-۳). شکل شمارهٔ ۱ یک نمونه تصویر MRI مغز سالم و مبتلا به تومور گلیوما را نشان می‌دهد.



شکل شمارهٔ ۱. تصویر MRI. الف. مغز سالم؛ ب. مغز دارای تومور گلیوما. منبع تصویر: مجموعه‌دادهٔ BraTS

در گذشته، روش‌های مختلفی برای بخش‌بندی تصاویر تومور مغزی استفاده می‌شد که ازجملهٔ آن‌ها می‌توان به روش آستانه‌گذاری، روش‌های مبتنی بر لبه و مبتنی بر منطقه اشاره کرد (۶). روش آستانه‌گذاری یکی از ابتدایی‌ترین تکنیک‌های بخش‌بندی تصویر است که بر اساس یک مقدار آستانهٔ مشخص، پیکسل‌های تصویر را به دو یا چند دسته تقسیم می‌کند. علی‌رغم سادگی پیاده‌سازی، این روش در برابر نویز حساس است و در تصاویر با کیفیت پایین یا تومورهایی با مرز نامشخص و کنتراست پایین، عملکرد ضعیفی دارد (۷).

روش مبتنی بر منطقه نیز یکی دیگر از رویکردهای اصلی در بخش‌بندی تصویر است که بر اساس ویژگی‌های داخلی مناطق تصویر برای جداسازی ناحیهٔ تومور عمل می‌کند. مراحل این روش شامل تقسیم‌بندی اولیه، استخراج ویژگی‌ها و طبقه‌بندی مناطق است. نیاز به پردازش‌های پیچیده‌تر و حساسیت به انتخاب مؤلفه‌های روش‌های طبقه‌بندی از معایب این روش است (۸).

در مقابل، روش‌های مبتنی بر لبه با هدف شناسایی و استخراج مرزهای تصویر، ناحیهٔ تومور را از سایر بافت‌های سالم جدا می‌سازند. این تکنیک متشکل از مراحل تشخیص لبه، پردازش آن‌ها و بازسازی ناحیهٔ مدنظر است؛ اما این روش نیز در برابر نویز آسیب‌پذیر است، دقت پایینی در تصاویر با کیفیت نامطلوب دارد و اغلب نیازمند پردازش‌های تکمیلی برای بازسازی کامل ناحیهٔ تومور است (۹). به‌طورکلی، روش‌های سنتی به علت وابستگی بالا به تخصص فردی، پیچیدگی بالا در تنظیم مؤلفه‌ها، زمان‌بر بودن فرایند اجرا و محدودیت در تعمیم‌پذیری، به‌ویژه در شرایط وجود نویز یا داده‌های پیچیده، کمتر استفاده می‌شوند؛ همچنین این روش‌ها در مقایسه با الگوریتم‌های نوین یادگیری عمیق، توانایی کمتری در شناسایی الگوهای پیچیده دارند و مستعد خطاهای انسانی هستند (۱۱، ۱۰). یادگیری عمیق به علت قابلیت تشخیص الگوهای پیچیده، دقت بالا، انعطاف‌پذیری، امکان کار با داده‌های بزرگ در بسیاری از زمینه‌ها ازجمله پردازش تصاویر، موردتوجه قرارگرفته است. شبکهٔ عصبی کانولوشنال یکی از زیرمجموعه‌های یادگیری عمیق است که در بسیاری از کاربردها به‌ویژه بخش‌بندی تصاویر پزشکی استفاده می‌گردد (۱۴-۱۲).

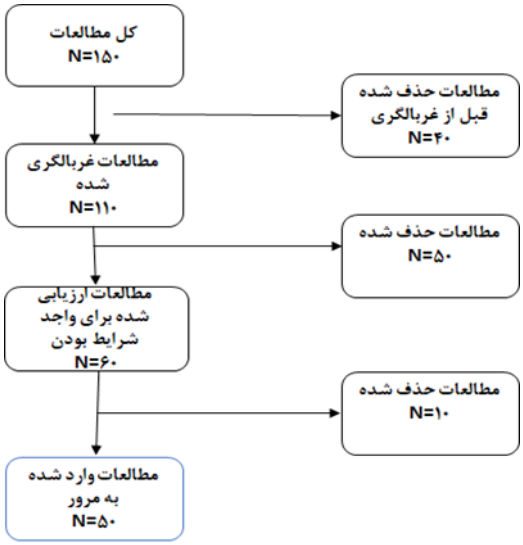
در این مقاله به بررسی روش شبکهٔ عصبی کانولوشن (CNN) و معرفی معماری‌های مهم و کاربردی آن در بخش‌بندی تومور مغزی در تصاویر MRI پرداخته می‌شود. این روش قادر به استخراج ویژگی‌های پیچیده از تصاویر پزشکی است و امکان یادگیری خودکار ویژگی‌ها بدون نیاز به طراحی دستی و بخش‌بندی دقیق تومورها را ممکن می‌سازد.

مواد و روش‌ها

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

این پژوهش به‌عنوان یک مرور سیستماتیک کیفی و با بهره‌گیری از چارچوب استاندارد PRISMA انجام‌شده است. هدف اصلی بررسی و مقایسه معماری‌های پیشرفتهٔ شبکه‌های عصبی کانولوشن در زمینهٔ بخش‌بندی تومور مغزی در تصاویر رزونانس مغناطیسی است. جستجوی جامعی در پایگاه‌های اطلاعاتی معتبر علمی شامل Web of Science، Scholar، Springer، Scopus، IEEE Xplore و Elsevier انجام شد تا مطالعات مرتبط با استفاده از مدل‌های نوینی مانند U-Net، nnU-Net، V-Net، DeepMedic و DeepLabV3+ شناسایی گردند.

مطالعات بررسی‌شده بر اساس معیارهای مشخصی انتخاب شدند که شامل استفاده از تصاویر MRI با کیفیت بالا، ترجیحاً از مجموعه داده‌های استاندارد مانند BraTS، ارائهٔ داده‌های کمّی عملکرد مانند امتیاز Dice، دقت و حساسیت، دسترسی به متن کامل و تمرکز بر معماری‌های پیشرفته یادگیری عمیق بود. مطالعاتی که تنها به تشخیص تومور بدون بخش‌بندی پرداخته بودند، از روش‌های سنتی استفاده کرده یا بدون داده‌های کمّی لازم بودند و مقالات بدون دسترسی به متن کامل، از مطالعه حذف شدند. فرایند انتخاب مطالعات بر اساس نمودار جریان PRISMA انجام گردید (نمودار شمارهٔ ۱). ابتدا همهٔ مقالات با استفاده از مدیریت‌کنندهٔ مراجع مانند EndNote جمع‌آوری و موارد تکراری حذف شدند. داده‌های مرتبط ازجمله نویسندگان و سال انتشار، مجموعه دادهٔ استفاده‌شده، نوع معماری شبکه، مناطق تومور بخش‌بندی‌شده (تومور کامل، هستهٔ تومور، تومور تقویت‌شده)، معیارهای ارزیابی عملکرد و تکنیک‌های بهبوددهنده (مانند افزایش داده، توابع زیان ترکیبی و پس‌پردازش) به‌صورت سیستماتیک استخراج گردیدند. یافته‌ها در قالب تحلیل توصیفی و مقایسه‌ای ارائه شدند تا بینشی جامع از عملکرد نسبی و ویژگی‌های هر مدل فراهم گردد. این رویکرد امکان ارزیابی دقیق مزایا و معایب هر معماری را در شرایط مختلف داده‌ای (دوبعدی، سه‌بعدی، داده‌های نامتوازن) فراهم می‌کند. کیفیت مطالعات اولیه با استفاده از معیارهایی مانند شفافیت گزارش روش‌ها، استفاده از مجموعه داده‌های استاندارد و گزارش کامل معیارهای ارزیابی شد.



نمودار شمارهٔ ۱. نمودار جریان فرایند انتخاب مطالعات بر اساس دستورالعمل PRISMA 2020

بر اساس مطالعات بررسی‌شده، فرایند کلی تشخیص تومور شامل مراحل جمع‌آوری داده، پیش‌پردازش، استخراج ویژگی، طبقه‌بندی، بخش‌بندی، تحلیل تصویر و پردازش نهایی است. در مرحلهٔ جمع‌آوری داده، تصاویر MRI مغزی معمولاً از دستگاه‌های تصویربرداری پزشکی یا پایگاه‌های داده عمومی مانند BraTS و TCIA استخراج می‌شوند و برای آموزش و ارزیابی مدل‌ها استفاده می‌گردند. در مرحلهٔ پیش‌پردازش، تصاویر از نظر کیفیت، اندازه و وضوح بررسی می‌شوند و اقداماتی همچون نرمال‌سازی، تنظیم روشنایی و کاهش نویز انجام می‌گردد. مرحلهٔ استخراج ویژگی شامل

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

شناسایی خصوصیات مهمی نظیر بافت، شکل، اندازه و موقعیت تومور است که به تفکیک دقیق نواحی آسیب‌دیده از بافت سالم کمک می‌کند.

مرحلهٔ کلیدی در این پژوهش، بررسی تکنیک‌های بخش‌بندی تصویر با استفاده از شبکه‌های عصبی کانولوشنی است. در این مرحله موقعیت، شکل و ابعاد تومور در تصاویر MRI به‌صورت دقیق مشخص می‌شود. تمرکز اصلی مقاله بر معرفی و تحلیل معماری‌های پیشرفته شبکه‌های CNN برای بهبود عملکرد بخش‌بندی در داده‌های پزشکی است؛ همچنین مجموعه داده‌های معتبر استفاده‌شده در این حوزه نیز معرفی و بررسی شده‌اند.

مجموعه داده‌های MRI تومور مغزی: در این پژوهش، مجموعه داده‌های مختلفی شامل نسخه‌های متعدد BraTS(2015_2020)، BraTS-PEDs، BraTS-GLI، TCIA و LGG بررسی شده‌اند که در ادامه معرفی می‌گردند.

BraTS یکی از معروف‌ترین و پرکاربردترین مجموعه داده برای بخش‌بندی تومور مغزی در تصاویر MRI است. این مجموعه توسط چالش‌های سالانه MICCAI ارائه می‌شود و شامل تصاویر MRI چندکاناله (مانند T1، T1c، T2 و FLAIR) از بیماران مبتلا به تومورهای مغزی مختلف است و برچسب‌های دقیقی برای نواحی مختلف تومور شامل تومور فعال، تومور غیرفعال و نواحی ادما ارائه می‌دهد. این مجموعه داده به‌طور گسترده در تحقیقات مرتبط با بخش‌بندی تومور مغزی و ارزیابی عملکرد معماری‌های مختلف شبکهٔ عصبی کانولوشنی مانند U-Net، V-Net و DeepMedic استفاده می‌شود و به‌صورت سالانه با داده‌های جدید به‌روزرسانی می‌گردد.

TCIA یک مخزن عمومی و رایگان برای تصاویر پزشکی مرتبط با سرطان است که شامل داده‌های تصویربرداری از بیماران مبتلا به انواع مختلف سرطان، ازجمله تومورهای مغزی است. داده‌های متنوع از نظر نوع تومور، مرحلهٔ بیماری و روش تصویربرداری (MRI، CT و PET)، اطلاعات جانبی مانند داده‌های بالینی و ژنتیکی در این مجموعه داده موجود است. این مجموعه داده برای تحقیقاتی که به‌دنبال تحلیل چندوجهی تومورها و ارتباط آن‌ها با داده‌های بالینی هستند، بسیار مفید است.

LGG مجموعه تصاویر MRI از بیماران مبتلا به تومورهای مغزی کم گرید است و شامل تصاویر FLAIR از بیماران مبتلا به تومور است و برچسب‌های دقیق برای بخش‌بندی تومورها دارد و برای تحقیقاتی که به‌دنبال تحلیل تومورهای خاص هستند، مناسب است.

بیشتر این مجموعه داده‌ها از مدالیته‌های مشترک تصویربرداری شامل T1، T1CE، T2 و FLAIR استفاده می‌کنند و وضوح مکانی یکسان با ابعاد وُکسل برابر با ۱×۱×۱ دارند. از نظر ابعاد پیکسلی، مجموعه‌های BraTS همهٔ نسخه‌های BraTS، BraTS-GLI و BraTS-PED و LGG ابعاد ثابتی برابر با ۲۴۰×۲۴۰×۱۵۵ دارند، درحالی‌که TCIA از ابعاد متغیر بهره می‌برد که آن را برای کاربردهای واقع‌گرایانه‌تر و عمومی‌تر مناسب می‌سازد.

نسخه‌های خاصی از BraTS نظیر BraTS-PED و BraTS-PED2023s متمرکز بر داده‌های کودکان و BraTS-GLI متمرکز بر تومورهای گلیوما، هرکدام چالش‌ها و شرایط تخصصی خاص خود را فراهم کرده‌اند. این تنوع ساختاری درحالی‌که استانداردهای فنی مشترکی را حفظ کرده‌اند، امکان ارزیابی روش‌های مختلف بخش‌بندی در سناریوهای متنوع را فراهم می‌سازد و اعتبارپذیری نتایج پژوهشی را افزایش می‌دهد. در جدول شمارهٔ ۱، مجموعه داده‌های استفاده‌شده در مطالعات تومور مغزی به‌طور جامع‌تری معرفی شده‌اند.

جدول شمارهٔ ۱. مجموعه داده‌های MRI تومور مغزی

مجموعه داده‌ها	روش تصویربرداری	ابعاد تصویر	تعداد بیماران	ناحیهٔ تصویرب رداری	نوع تومور	رفرنس

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

BraTS http://braintumorsegmentation.org/	۲۰۱۵	T1، T1c، T2، FLAIR	۲۴۰*۲۴۰*۱۵ ۵ حجمی سه‌بعدی	۲۷۴	تمام مغز	گلیوبلاستوما و منتژیوم	(۱۵، ۱۶)
	۲۰۱۷			۲۸۵	تمام مغز	گلیوبلاستوما و منتژیوم	(۱۷، ۱۸)
	۲۰۱۸			۲۸۵	تمام مغز	گلیوبلاستوما و منتژیوم	(۱۹، ۲۰)
	۲۰۲۰			۳۶۹	تمام مغز	گلیوبلاستوما و منتژیوم	(۲۱، ۲۲)
	BraTS_GLI			۲۰۰	تمام مغز	گلیوما	(۲۳، ۲۴)
	BraTS-PED			۲۰۰	تمام مغز	تومورهای مغزی در کودکان	(۲۳، ۲۵)
	BraTS-PEDs2023			۲۵۰	تمام مغز	تومورهای مغزی در کودکان	(۲۶، ۲۷)
TCIA http://www.cancerimagingarchive.net/		MRI، CT، PET	متغیر (وابسته به نوع تصویربرداری)	متغیر	متغیر	انواع تومورهای مغزی	(۲۸، ۲۹)
LGG http://www.kaggle.com/datasets/mateuszbuda/lgg-mri-segmentation		MRI (FLAIR)	۲۵۶×۲۵۶ تصاویر دوبعدی	۱۱۰ بیمار	تمام مغز	Low-Grade Gliomas	(۲۹، ۳۰)

شبکهٔ عصبی کانولوشن (CNN): شبکهٔ عصبی کانولوشنی نوعی از شبکه‌های عصبی عمیق است که به‌طور خاص برای پردازش تصاویر و شناسایی الگوها در آن‌ها طراحی‌شده است. این شبکه با استفاده از لایه‌های کانولوشنی، ویژگی‌های تصویری را استخراج می‌کند و به‌صورت خودکار الگوهای هندسی و عناصر مهم تصویر را شناسایی می‌نماید. ساختار شبکهٔ عصبی کانولوشنی از چندین لایهٔ اصلی تشکیل‌شده است که به‌صورت هماهنگ با یکدیگر، وظایف پردازش تصویر را انجام می‌دهند. در ابتدا، لایهٔ ورودی داده‌های تصویری را به شبکه وارد می‌کند؛ سپس در لایه‌های کانولوشنی، مجموعه‌ای از فیلترها یا کرنل‌ها بر روی تصویر اعمال می‌شود و با حرکت بر روی آن، نقشه‌های ویژگی را تولید می‌کنند. این نقشه‌ها نمایانگر ویژگی‌های مختلف استخراج‌شده از تصویر هستند. این فیلترها قادرند لبه‌ها، زوایا و سایر الگوهای پایه‌ای را تشخیص دهند.

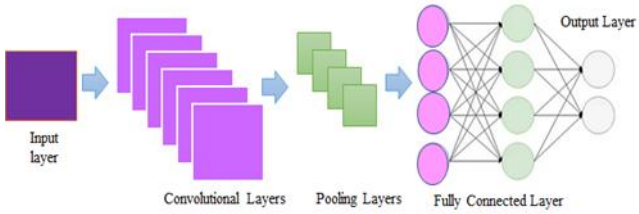
پس از این مرحله، معمولاً از یک تابع فعال‌سازی غیرخطی مانند ReLU استفاده می‌گردد. این تابع با افزودن قابلیت‌های غیرخطی به مدل، امکان یادگیری الگوهای پیچیده‌تر را برای شبکه فراهم می‌آورد. در ادامه، لایه‌های ادغام وارد عمل می‌شوند که با استفاده از تکنیک‌هایی مانند Max Pooling، ابعاد فضایی نقشه‌های ویژگی را کاهش می‌دهند. این کاهش ابعاد ضمن حفظ اطلاعات کلیدی، باعث کاهش حجم محاسبات و بهبود کارایی مدل می‌گردد.

برای جلوگیری از پیچیدگی بیش از حد مدل و کاهش خطر بیش‌برازش، از لایهٔ Dropout نیز در معماری شبکه استفاده می‌شود. این لایه به‌صورت تصادفی برخی از نورون‌ها را در مرحلهٔ آموزش غیرفعال می‌سازد و بدین ترتیب، شبکه را وادار به یادگیری ویژگی‌های عمومی‌تر و مستقل‌تر می‌نماید. در مراحل نهایی، لایه‌های کاملاً متصل قرار دارند که در آن‌ها، هر نورون به همهٔ نورون‌های لایهٔ قبلی متصل می‌گردد. این لایه‌ها معمولاً وظیفهٔ طبقه‌بندی و تفسیر ویژگی‌های استخراج‌شده را بر عهده دارند و به‌عنوان مرحلهٔ نهایی پیش از لایهٔ خروجی عمل می‌کنند. در پایان، لایهٔ خروجی نتایج نهایی شبکه را تولید می‌کند که این خروجی می‌تواند شامل برچسب‌های طبقه‌بندی، موقعیت اشیای شناسایی‌شده یا سایر اطلاعات مرتبط با تصویر باشد (۳۱).

شبکه‌های عصبی کانولوشنی از انعطاف‌پذیری بالایی برخوردارند و قابلیت سفارشی‌سازی بر اساس نیازهای خاص

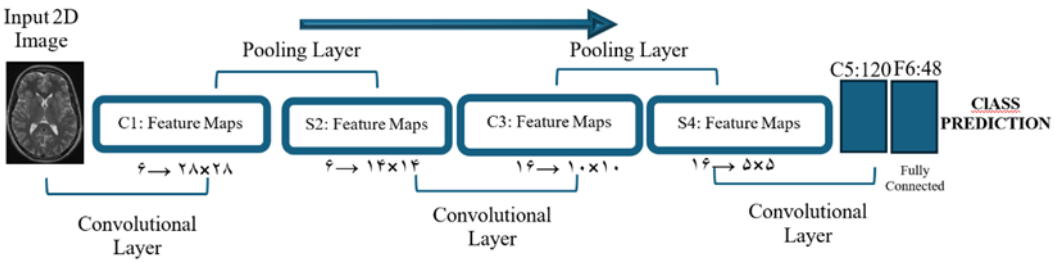
[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

هر مسئله را دارند. ساختار لایه به لایهٔ آن‌ها امکان استخراج ویژگی‌ها به‌صورت سلسله مراتبی را فراهم می‌سازد، به‌گونه‌ای که در لایه‌های ابتدایی، ویژگی‌های ساده‌ای نظیر لبه‌ها و زوایا استخراج می‌شوند و در لایه‌های عمیق‌تر، ویژگی‌های پیچیده‌تری همچون اشیا و ساختار کلی تصویر شناسایی می‌گردند. این فرایند سلسله مراتبی دقت خروجی شبکه را به‌طور چشمگیری افزایش داده و CNN را به ابزاری قدرتمند برای انجام وظایفی نظیر تشخیص اشیا، طبقه‌بندی تصاویر و بخش‌بندی تصویر تبدیل کرده است. شکل شمارهٔ ۲ معماری پایهٔ شبکهٔ عصبی کانولوشنی را نشان می‌دهد.



شکل شمارهٔ ۲. معماری پایهٔ شبکهٔ عصبی کانولوشن

در این بخش، دو نوع معماری متفاوت از شبکه‌های عصبی کانولوشنی بررسی می‌گردد تا نشان داده شود که اگرچه ساختار پایه‌ای همهٔ این شبکه‌ها مشابه است؛ اما در جزئیاتی نظیر تعداد و نوع فیلترها، نوع لایه‌های فعال‌سازی، ترتیب قرارگیری لایه‌ها، نرخ یادگیری، ابعاد ورودی و خروجی و راهبردهای کاهش ابعاد، تفاوت‌هایی وجود دارد (۳۳، ۳۲). شکل شمارهٔ ۳ معماری نمونه‌ای از شبکهٔ عصبی کانولوشنی و فرایند پردازش تصویر مرتبط با عملکرد مغز را در یک مدل پایهٔ CNN نمایش می‌دهد. در این مدل، تصویر ورودی با ابعاد ۳۲×۳۲ پیکسل وارد شبکه می‌شود. نخست، این تصویر به یک لایهٔ کانولوشنی با ۶ فیلتر منتقل می‌گردد. اعمال این فیلترها به تولید نقشه‌های ویژگی با ابعاد ۲۸×۲۸ منجر می‌شود. پس از آن، یک لایهٔ ادغام معمولاً از نوع Max Pooling با هدف کاهش ابعاد مکانی اعمال می‌گردد و خروجی به ابعاد ۱۴×۱۴ کاهش می‌یابد. در گام بعد، یک لایهٔ کانولوشنی با ۱۶ فیلتر اعمال می‌شود و نقشهٔ ویژگی حاصل ابعادی برابر با ۱۰×۱۰ دارد. این نقشه‌ها مجدداً از طریق یک لایهٔ ادغام، به ابعاد ۵×۵ کاهش می‌یابند؛ سپس لایه‌ای شامل ۱۲۰ فیلتر کانولوشنی اعمال می‌گردد که هریک ویژگی‌هایی با ابعاد ۱×۱ استخراج می‌کنند. این لایه به‌عنوان آخرین مرحله در فرایند استخراج ویژگی عمل می‌نماید و اطلاعات حیاتی تصویر را برای طبقه‌بندی آماده می‌سازد. در ادامه، یک لایهٔ کاملاً متصل با ۸۴ نورون مسئول ترکیب ویژگی‌های استخراج‌شده و آماده‌سازی آن‌ها برای مرحلهٔ نهایی تصمیم‌گیری است. درنهایت، خروجی شبکه به‌صورت یک بردار طبقه‌بندی ارائه می‌شود که نمایانگر نتیجهٔ پیش‌بینی مدل دربارهٔ دسته‌بندی تصویر ورودی است (شکل شمارهٔ ۳).

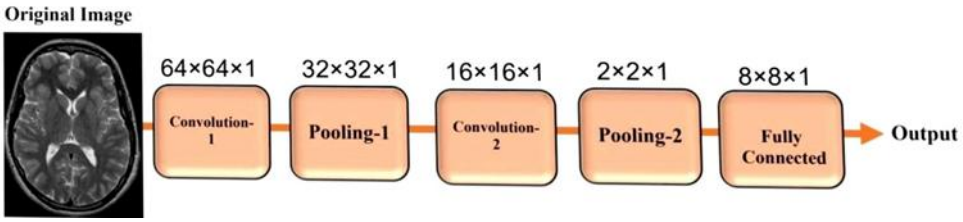


شکل شمارهٔ ۳. نوعی از ساختار شبکهٔ عصبی کانولوشن، الهام‌گرفته از مرجع (۳۲)

شکل شمارهٔ ۴ معماری دیگری از یک شبکهٔ عصبی کانولوشنی را نمایش می‌دهد که به‌طور خاص برای تحلیل تصاویر پزشکی طراحی‌شده است (۳۳). در این مدل، تصویر ورودی با ابعاد ۱×۶۴×۶۴ به شبکه داده می‌شود. در گام

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

نخست، تصویر وارد یک لایهٔ کانولوشنی می‌گردد که خروجی آن ابعادی برابر با ۱×۳۲×۳۲ دارد. این لایه وظیفهٔ استخراج ویژگی‌های ابتدایی مانند لبه‌ها، زوایا و بافت‌های سطحی را بر عهده دارد؛ سپس یک لایهٔ ادغام برای کاهش ابعاد فضایی داده به‌کار گرفته می‌شود و اندازهٔ تصویر به ۱×۱۶×۱۶ کاهش می‌یابد. در مرحلهٔ بعد، لایهٔ کانولوشنی دوم اعمال می‌گردد و ویژگی‌های سطح بالاتری از تصویر استخراج می‌شود. پس از آن، دومین لایهٔ Pooling ابعاد داده را به ۱×۸×۸ کاهش می‌دهد. این فرایند کاهش ابعاد، ضمن حفظ اطلاعات مهم، موجب کاهش پیچیدگی محاسباتی و بهبود عملکرد مدل می‌گردد. در مرحلهٔ نهایی، خروجی به یک لایهٔ کاملاً متصل با ابعاد ۲×۲×۱ وارد می‌شود که وظیفهٔ ترکیب نهایی ویژگی‌ها و آماده‌سازی آن‌ها برای طبقه‌بندی را بر عهده دارد. خروجی شبکه در این مدل نیز به‌صورت یک بردار تصمیم ارائه می‌گردد که می‌تواند برای شناسایی، طبقه‌بندی یا تشخیص محتوای تصویر استفاده شود. این ساختار به علت توانایی بالای آن در استخراج و فشرده‌سازی اطلاعات، به‌عنوان گزینه‌ای مناسب برای کاربردهای تحلیل تصویر در حوزهٔ پزشکی شناخته می‌گردد.



شکل شمارهٔ ٤. نوعی از ساختار شبکهٔ عصبی کانولوشن، الهام‌گرفته از مرجع (۳۳)

با نگاهی تطبیقی به ساختارهای ارائه‌شده در شکل‌های شمارهٔ ۳ و ۴ می‌توان دریافت که علی‌رغم تفاوت در تعداد فیلترها، اندازهٔ نقشه‌های ویژگی و ابعاد ورودی و خروجی، چارچوب کلی شبکه‌های کانولوشنی حفظ‌شده است. این ساختار سلسله‌مراتبی شبکه را قادر می‌سازد تا به‌صورت مؤثر ویژگی‌های کلیدی تصاویر را استخراج کند و در فرایندهای تحلیل و طبقه‌بندی به‌کار گیرد. معماری‌های مختلف این شبکه‌ها بسته به نوع داده و نیازهای خاص هر مسئله، امکان تطبیق و بهینه‌سازی را فراهم می‌سازند و ازاین‌رو، به‌عنوان ابزارهایی انعطاف‌پذیر و کارآمد در حوزه‌های مختلف استفاده می‌گردد. در ادامه، به بررسی و تحلیل انواع معماری‌های شبکهٔ عصبی کانولوشنی پرداخته خواهد شد.

انواع معماری‌های شبکهٔ عصبی کانولوشن: معماری‌های مختلف شبکه‌های عصبی کانولوشن نقش مهمی در بهبود عملکرد و دقت مدل‌ها ایفا می‌کنند. این معماری‌ها شامل واحدهای مختلفی مانند لایه‌های کانولوشن، لایه‌های فشرده‌سازی، لایه‌های حذف و بایاس هستند که به‌ترتیب برای استخراج ویژگی‌ها، ترکیب آن‌ها و طبقه‌بندی ورودی‌ها استفاده می‌شوند. اهمیت انتخاب معماری مناسب در شبکه‌های عصبی کانولوشنی به تأثیر مستقیم آن بر خروجی نهایی مدل بازمی‌گردد. انتخاب صحیح نوع و ترتیب لایه‌ها، تعیین تعداد فیلترها، نرخ یادگیری و ساختار شبکه می‌تواند تأثیر چشمگیری بر دقت مدل و کاهش نرخ خطا داشته باشد. بدین منظور، معماری‌های مشهوری همچون LeNet، AlexNet، VGGNet، GoogleNet و ResNet توسعه یافته‌اند که عمدتاً برای وظایف طبقه‌بندی تصاویر عمومی طراحی شده‌اند و با استفاده از ساختارهای عمیق و توابع غیرخطی، توانایی بالایی در شناسایی الگوها و اشیای مختلف دارند. با این حال، این معماری‌ها به علت ساختار عمومی خود، برای کاربردهای تخصصی مانند بخش‌بندی تصاویر پزشکی به‌اندازهٔ کافی مؤثر نیستند. در چنین مواردی، معماری‌های ویژه‌ای نظیر U-Net، V-Net، DeepMedic، nnU-Net و DeepLabV3+ استفاده می‌گردد. این معماری‌ها با بهره‌گیری از ساختارهایی مانند رمزگذار–رمزگشا، مسیرهای موازی و اتصالات پرشی قادرند ویژگی‌های مهم تصویر را با دقت بالاتری استخراج کنند و نواحی هدف را در تصاویر پزشکی، به‌ویژه در تصاویر MRI، با تفکیک‌پذیری بیشتری شناسایی نمایند.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

معماری U-Net: معماری U-Net یکی از پیشرفته‌ترین و منحصربه‌فردترین ساختارهای شبکه‌های عصبی کانولوشنی است که اولاف رورنبرگر و همکارانش در سال ۲۰۱۵، آن را به‌عنوان راه‌حلی برای بخش‌بندی تصاویر پزشکی معرفی کردند (۳۴). این معماری به‌طور خاص برای کاربردهای بخش‌بندی ناحیه‌ای در تصاویر دوبعدی پزشکی طراحی‌شده و نام آن برگرفته از شکل U مانندی است که ساختار شبکه ایجاد می‌کند و شامل دو مسیر اصلی، رمزگذار یا مسیر کاهشی و رمزگشا یا مسیر افزایشی است. مسیر کاهشی نقش استخراج ویژگی‌های تصویر را بر عهده دارد. این مسیر شامل چندین بلوک کانولوشن با فیلترهای ۳×۳ و توابع فعال‌سازی ReLU است که پس از هر مرحله، عملیات کاهش ابعاد فضایی با استفاده از Max Pooling با اندازه ۲×۲ انجام می‌شود. این فرایند باعث افزایش تدریجی عمق ویژگی‌ها و کاهش ابعاد مکانی تصویر می‌گردد که درنهایت، به استخراج ویژگی‌های انتزاعی‌تر منجر خواهد شد. مسیر افزایشی وظیفهٔ بازسازی تصویر از ویژگی‌های استخراج‌شده را بر عهده دارد. عملیات Upsampling به‌تدریج ابعاد مکانی را افزایش می‌دهد و پس از هر مرحلهٔ افزایش ابعاد، یک اتصال پرشی با لایهٔ متناظر در مسیر رمزگذار انجام می‌گیرد. این اتصالات پرشی که با فلش‌های خاکستری در شکل شمارهٔ ۵ نمایش داده شده‌اند، به انتقال اطلاعات مکانی دقیق از مراحل ابتدایی استخراج ویژگی به مراحل بازسازی کمک می‌کنند و دقت تفکیک نواحی، به‌ویژه در مرزها را به‌طور قابل‌توجهی افزایش می‌دهند. در انتهای شبکه، یک لایهٔ کانولوشن با فیلتر ۱×۱ به‌کار گرفته می‌شود تا نقشهٔ ویژگی نهایی به نقشهٔ خروجی با تعداد کلاس‌های مدنظر برای بخش‌بندی تبدیل گردد؛ به‌عنوان‌مثال، در بخش‌بندی تصاویر MRI مغز، این لایه می‌تواند کلاس‌هایی مانند نواحی تومور، بافت سالم و ناحیهٔ زمینه را تفکیک کند. معماری اصلی U-Net در ابتدا برای تصاویر دوبعدی طراحی‌شده بود؛ اما نسخه‌های توسعه‌یافته‌تری نظیر ۳D U-Net نیز برای پردازش تصاویر سه‌بعدی مانند تصاویر حجمی MRI معرفی شده‌اند. این نسخه‌ها با افزودن قابلیت پردازش در بعد سوم، دقت بالاتری در شناسایی نواحی پیچیده‌تر از تصویر ارائه می‌دهند. U-Net با بهره‌گیری از ساختار سلسله مراتبی کانولوشنی، عملیات کاهش و افزایش ابعاد و اتصالات پرشی مؤثر، توانایی بالایی در استخراج ویژگی‌های غنی و بازسازی دقیق آن‌ها دارد و در فرایند بخش‌بندی دودویی قادر است به‌خوبی نواحی هدف مانند تومور را از نواحی پس‌زمینه تفکیک نماید (۳۴).

مطالعهٔ ریه‌من و همکاران (۲۰۲۰) یک روش جدید به نام BU-Net را ارائه می‌دهد که به‌طور خاص برای تقسیم‌بندی تومور مغزی طراحی‌شده است. BU-Net با استفاده از دو بلوک جدید به نام‌های RES و WC و همچنین یک تابع هزینهٔ سفارشی، به استخراج ویژگی‌های متنوع‌تر و بهبود عملکرد تقسیم‌بندی کمک می‌کند. این تغییرات به افزایش میدان دید مؤثر شبکه و استخراج بهتر اطلاعات ساختاری و بافتی از تصاویر MRI منجر می‌گردد (۱۷).

تصویر ورودی با ابعاد ۲۵۶×۲۵۶×۶ به‌عنوان دادهٔ چندکاناله (احتمالاً شامل برش‌های مختلف MRI یا ترکیبی از توالی‌های مختلف) وارد مسیر رمزگذار می‌شود. این مسیر شامل چندین بلوک کانولوشنی همراه با عملیات کاهش ابعاد است که در هر مرحله، ابعاد مکانی کاهش و در عوض، تعداد کانال‌های ویژگی افزایش می‌یابد. خروجی لایه‌ها به‌ترتیب شامل ابعاد ۲۵۶×۲۵۶×۶۴، ۱۲۸×۱۲۸×۱۲۸، ۶۴×۶۴×۲۵۶، ۳۲×۳۲×۵۱۲ و درنهایت ۱۶×۱۶×۱۰۲۴ است. هدف از این ساختار استخراج ویژگی‌های سطح بالاتر و انتزاعی‌تر از تصویر اولیه در مراحل عمیق‌تر شبکه است. علاوه بر آن، استفاده از بلوک‌های باقیمانده در این مسیر، موجب پایداری گرادیان‌ها در حین آموزش و افزایش کارایی یادگیری شبکه‌های عمیق می‌گردد. در مسیر رمزگشا بازسازی تدریجی ابعاد مکانی تصویر از طریق لایه‌های کانولوشن ترانهاده یا عملیات افزایش ابعاد انجام می‌شود. در هر مرحله، ویژگی‌های متقابل از مسیر رمزگذار از طریق اتصالات میان‌بر به لایهٔ متناظر در رمزگشا منتقل می‌گردد و با آن ادغام می‌شود. این سازوکار به حفظ اطلاعات مکانی دقیق کمک می‌کند. ابعاد لایه‌های بازسازی‌شده در این مسیر به‌ترتیب ۳۲×۳۲×۵۱۲، ۶۴×۶۴×۲۵۶، ۱۲۸×۱۲۸×۱۲۸ و ۲۵۶×۲۵۶×۶۴ هستند. در

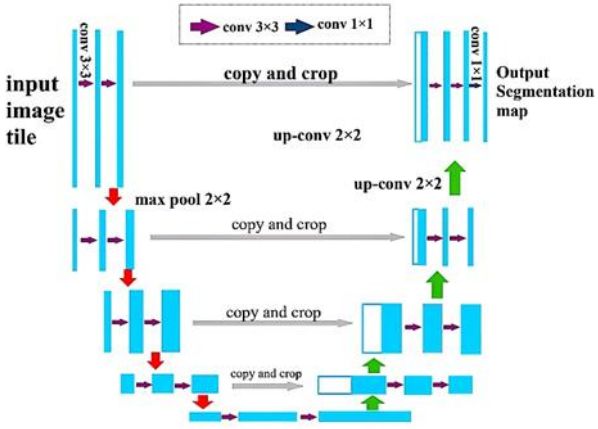
[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

پایان، یک لایهٔ کانولوشنی نهایی با ابعاد ۲۵۶×۲۵۶×۶ خروجی مدل را تشکیل می‌دهد که برای طبقه‌بندی هر پیکسل به یکی از کلاس‌های ممکن طراحی‌شده باشد (که بسته به مجموعه داده می‌تواند شامل کلاس‌هایی مانند بافت سالم، بافت متورم، نواحی ادم و غیره باشد).

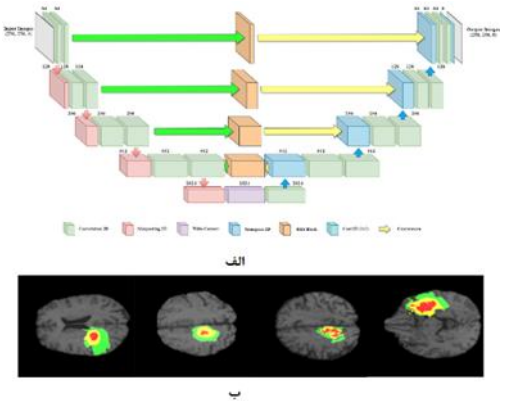
این معماری تلفیقی از مزایای ساختار U-Net برای بازسازی دقیق تصویر و قابلیت یادگیری عمیق‌تر با استفاده از بلوک‌های باقیمانده است. BU-Net عملکرد مناسبی در وظایف پیچیده‌ای مانند بخش‌بندی دقیق نواحی توموری و بازسازی ساختارهای ظریف ارائه می‌دهد. در نمایش گرافیکی معماری (شکل شمارهٔ ۶)، از رنگ‌های مختلف برای تفکیک انواع لایه‌ها استفاده‌شده است:

بلوک‌های آبی‌رنگ نمایانگر لایه‌های کانولوشنی هستند که در هر دو مسیر رمزگذار و رمزگشا، برای استخراج و بازسازی ویژگی‌ها به‌کار می‌روند. بلوک‌های صورتی‌رنگ نشان‌دهندهٔ لایه‌های فشرده‌سازی یا Pooling هستند که به کاهش ابعاد مکانی تصویر و استخراج ویژگی‌های سطح بالا کمک می‌کنند. بلوک‌های سبزرنگ معرف لایه‌های افزایش ابعاد در مسیر رمزگشا هستند. بلوک بنفش‌رنگ مرکزی به‌عنوان لایهٔ گلوگاهی عمل می‌کند و فشرده‌ترین نمایش از اطلاعات تصویری را ارائه می‌دهد. این لایه نقش کلیدی در اتصال دو مسیر کاهشی و افزایشی ایفا می‌کند.

ساختار متقارن BU-Net همراه با اتصالات پرشی میان لایه‌های متناظر دو مسیر، به حفظ جزئیات فضایی و بهبود کیفیت بازسازی کمک شایانی می‌نماید. در جدول شمارهٔ ۲، نمونه‌هایی از مقالاتی بررسی شده است که از معماری U-Net و انواع مشتق‌شدهٔ آن مانند BU-Net برای بخش‌بندی تومور مغزی استفاده کرده‌اند.



شکل شمارهٔ ۵. معماری پایهٔ U-Net، الهام‌گرفته از مرجع (۳۴)

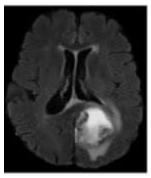
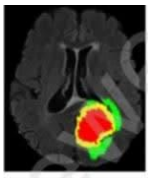
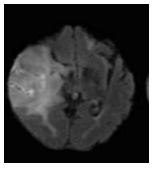
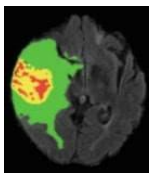
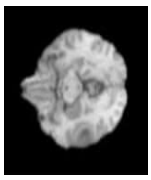
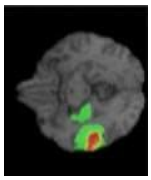
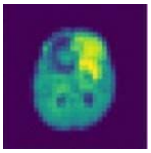
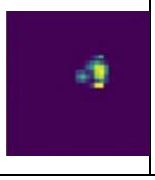


شکل شمارهٔ ٦ الف. معماری BU-Net؛ ب. نتایج بخش‌بندی.

تصویر تومور مغزی بازچاپ‌شده از مرجع (۱۷) تحت مجوز Creative Commons Attribution (CC BY 4.0)

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

جدول شمارهٔ ۲. مقایسهٔ معماری U_Net در مقالات مختلف

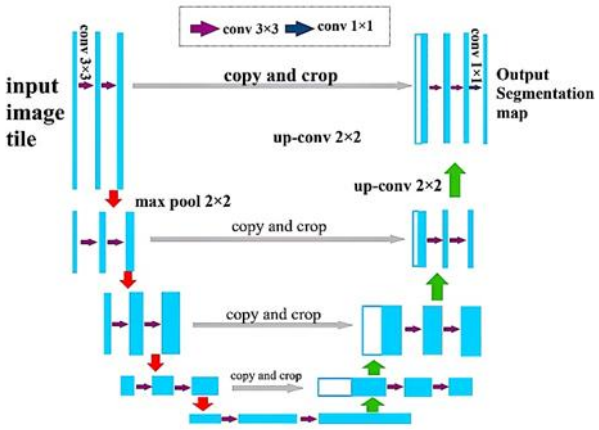
نویسندگان	داده‌ها	معماری	مناطق تومور	حساسیت	دقت	امتیاز Dice	تصویر ورودی	تصویر خروجی
رهان رضا (۲۱)	BraTS2020	dResU_Net ترکیبی از U_Net و شبکه‌های عمیق باقی‌مانده	تقویت تومور	۰/۹۶۴۸	۰/۹۷۹۱	۰/۸۰۰۴		
			تومور کامل	۰/۹۷۸۶	۰/۹۹۳۶	۰/۸۶۶۰		
			هستهٔ تومور	۰/۹۶۹۵	۰/۹۸۶۲	۰/۸۳۵۷		
عادل کرمی (۱۹)	BraTS2018	U_Net استفاده از توابع هزینه برای متعادل‌سازی کلاس‌ها	تقویت تومور	۰/۸۲۶	۰/۹۹۷	۰/۷۸۳		
			تومور کامل	۰/۸۹۵	۰/۹۹۱	۰/۸۶۸		
			هستهٔ تومور	۰/۸۰۷	۰/۹۹۷	۰/۸۰۵		
مبین رحمان (۱۷)	BraTS2017	BU-Net استفاده از دو بلوک RES و WC و یک تابع هزینهٔ سفارشی	تقویت تومور	–	–	۰/۷۸۸		
			تومور کامل	–	–	۰/۹۰۱		
			هستهٔ تومور	–	–	۰/۸۳۷		
سمعی (۱۵)	BraTS2015	U_Net+DCNN ترکیبی از معماری اصلی و کانولوشن‌های عمیق برای گلیوما درجه بالا	تقویت تومور	۰/۷۳	۰/۷۴۳	۰/۷۱۸		
			تومور کامل	۰/۸۹۴	۰/۸۸۶	۰/۸۸۸		
			هستهٔ تومور	۰/۸۰	۰/۸۵۱	۰/۸۳۲		

ساختار کلی nnU_Net: معماری nnU-Net به‌عنوان یک چارچوب یادگیری عمیق کاملاً خودپیکربند طراحی‌شده است که هدف آن ارائهٔ راهکاری عمومی و قابل انطباق برای تقسیم‌بندی دقیق تصاویر پزشکی است برخلاف معماری‌های کلاسیک که نیازمند تنظیمات دستی، مهندسی ویژگی و تنظیمات پیچیده هستند، در این چارچوب، همهٔ مؤلفه‌های طراحی شبکه به‌صورت خودکار و بر اساس ویژگی‌های آماری مجموعه‌داده پیکربندی می‌گردند. این ویژگی‌ها شامل وضوح تصویر، اندازهٔ نواحی ضایعه، فواصل فضایی بین پیکسل‌ها و توزیع شدت روشنایی در داده‌های ورودی است. معماری nnU-Net در سه نسخهٔ اصلی، دوبعدی مبتنی بر U-Net، نسخهٔ سه‌بعدی کامل و نسخهٔ سه‌بعدی مرحله‌ای پیاده‌سازی شده است. ویژگی متمایزکنندهٔ این چارچوب نسبت به معماری سنتی U-Net در قابلیت تطبیق خودکار آن با داده‌ها نهفته است، به‌گونه‌ای که مؤلفه‌هایی نظیر تعداد لایه‌ها، ابعاد کرنل‌ها، روش نرمال‌سازی و حتی مراحل پس‌پردازش بدون نیاز به مداخله انسانی و بر مبنای تحلیل خودکار داده‌ها تعیین می‌گردند. در مسیر رمزگذار از توالی لایه‌های کانولوشن سه‌بعدی، نرمال‌سازی و توابع فعال‌سازی استفاده‌شده است. این لایه‌ها در ترکیب با عملیات فشرده‌سازی، به استخراج تدریجی ویژگی‌های سطح بالا از تصاویر حجیم پزشکی می‌پردازند. در مقابل، مسیر رمزگشا با بهره‌گیری از لایه‌های کانولوشن ترانهاده و اتصالات میان‌بر با لایه‌های متناظر در رمزگذار، بازسازی ویژگی‌ها را به‌صورت تدریجی و با دقت فضایی بالا انجام می‌دهد. در این چارچوب، به‌جای نرمال‌سازی دسته‌ای که به‌ویژه در دسته‌های کوچک عملکرد مناسبی ندارد، از نرمال‌سازی مبتنی بر نمونه استفاده‌شده است تا سازگاری بیشتری با حجم بالای داده‌های پزشکی حاصل شود؛ همچنین تابع فعال‌سازی Leaky ReLU در سراسر شبکه استفاده گردیده است. یکی از جنبه‌های

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

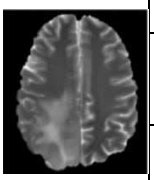
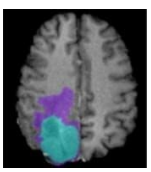
کلیدی در بهبود کیفیت آموزش در nnU-Net، استفاده از سازوکار نظارت عمیق است که با اعمال خروجی‌های کمکی در لایه‌های میانی، موجب انتشار مؤثرتر گرادیان‌ها و بهبود فرایند بهینه‌سازی در سطوح مختلف می‌شود. تابع هدف در این معماری، ترکیبی از تابع زیان دایس و زیان آنتروپی متقاطع است که به‌منظور مقابله با نبودِ توازن کلاس‌ها طراحی‌شده است. برای افزایش توانایی تعمیم مدل، از مجموعه‌ای متنوع از تکنیک‌های افزایش داده استفاده گردیده است که شامل چرخش، مقیاس‌دهی، کشیدگی الاستیک، تصحیح گامای شدت و آینه‌سازی است؛ همچنین مرحلهٔ پس‌پردازش به‌صورت خودکار و با هدف بهبود نتایج نهایی شامل حذف اجزای کوچک ناخواسته و تنظیم آستانه‌های تصمیم‌گیری بهینه پیاده‌سازی شده است (۲۳).

در نسخهٔ سه‌بعدی کامل از این معماری، ورودی شبکه ابعاد ۱۲۸×۱۲۸×۱۲۸ دارد و اندازهٔ دسته برابر با ۲ در نظر گرفته‌شده است. رمزگذار با استفاده از کانولوشن‌های گام‌دار، ابعاد مکانی را پنج بار کاهش می‌دهد و درنهایت، به یک گره باریک با ابعاد ۴×۴×۴ می‌رسد، درحالی‌که تعداد فیلترها از ۳۲ شروع و در هر مرحله دو برابر می‌شود (تا حداکثر ۳۲۰). در مسیر رمزگشا، بازسازی ابعاد با استفاده از کانولوشن‌های ترانهاده انجام می‌گردد و ویژگی‌ها به‌اندازهٔ اولیه بازگردانده می‌شوند. خروجی‌های کمکی برای نظارت عمیق در همهٔ سطوح به‌جز دو سطح پایینی اعمال شده‌اند. در شکل شمارهٔ ۷، ساختار کلی این معماری نمایش داده‌شده است که شامل مسیرهای رمزگذار و رمزگشا به همراه جزئیات لایه‌های استخراج و بازسازی ویژگی است. نمونه‌ای از نتایج بخش‌بندی تومور با استفاده از nnU-Net نیز در همین شکل ارائه‌شده است. در ادامه، چند نمونهٔ دیگر از تحقیقات مبتنی بر این معماری در جدول شمارهٔ ۳ بررسی شده است .

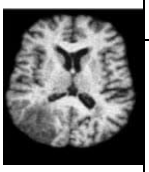
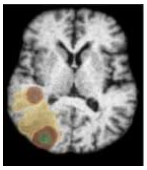
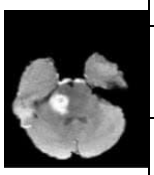
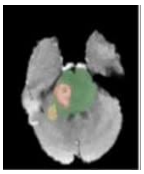
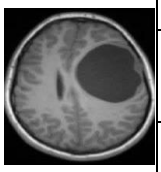
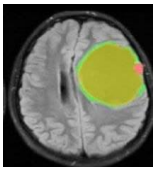
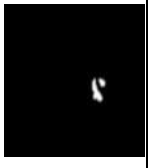
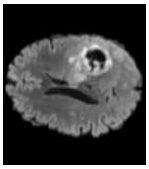
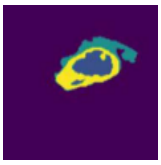


شکل شمارهٔ ۷. الف. ساختار کلی معماری nnU-Net؛ ب. تومور استخراج‌شده، الهام‌گرفته از مرجع (۳۵)

جدول شمارهٔ ۳. مقایسهٔ معماری nnU_Net در مقالات مختلف

نویسندگان	داده‌ها	معماری	مناطق تومور	دقت	حساسیت	امتیاز Dice	تصویر ورودی	تصویر خروجی
فابیان ایزنسی (۳۵)	BraTS2020	nnU-Net	تقویت تومور	-	-	۰/۸۲۰۳		
			تومور کامل	-	-	۰/۸۸۹۵		
			هستهٔ تومور	-	-	۰/۸۵۰۶		
	BraTSGLI	nnU-Net	تقویت تومور	-	-	۰/۷۹		

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

مونا خراجی (۲۳)		ترکیب بلوک‌های باقی‌مانده، دروازه‌های توجه و تابع زیان HD	تومور کامل	-	-	۰/۹۰		
			هستهٔ تومور	-	-	۰/۸۱		
مونا خراجی (۲۳)	BraTSPED	nnU-Net	تقویت تومور	-	-	۰/۵۲		
			تومور کامل	-	-	۰/۷۹		
			هستهٔ تومور	-	-	۰/۶۱		
ارسطو وثوق (۲۶)	BraTS_PEDs2023	nnU-Net	تقویت تومور	-	۰/۵۵	۰/۴۸		
			تومور کامل	-	۰/۸۲	۰/۸۷		
			هستهٔ تومور	-	۰/۸۲	۰/۸۳		
لینا هوانگ (۳۶)	TCIA	nnU-Net	به‌طورکلی	۰/۹۹۴	۰/۸۸۱	۰/۸۵۰		
جیوتی(۳۷)	BraTS2022	nnU-Net بهبودیافته	تقویت تومور	-	-	۰/۹۲۸۸		
			تومور کامل	-	-	۰/۹۰۶۹		
			هستهٔ تومور	-	-	۰/۸۵۵		

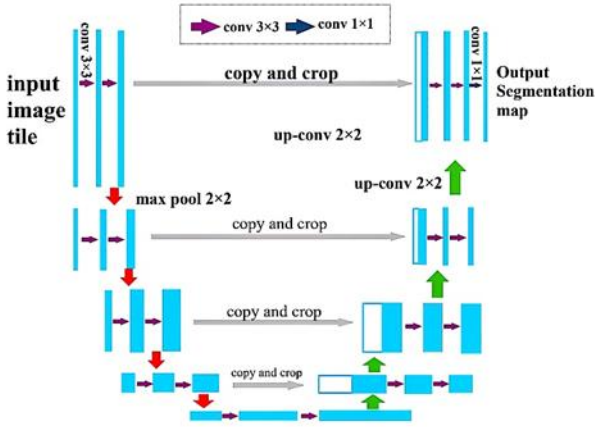
معماری V-Net: شبکه‌های عصبی کانولوشنی در ابتدا با هدف پردازش تصاویر دوبعدی توسعه یافته‌اند و در این زمینه عملکرد چشمگیری از خود نشان داده‌اند. با این حال، به‌دنبال پیشرفت‌های فناورانه در حوزهٔ بینایی ماشین و نیازهای روزافزون در تحلیل داده‌های پزشکی، این معماری‌ها به‌طور گسترده برای پردازش داده‌های سه‌بعدی نیز گسترش یافته‌اند. در تصاویر پزشکی، به‌ویژه در داده‌هایی نظیر تصاویر MRI و CT، ساختار اطلاعات معمولاً به‌صورت حجمی و سه‌بعدی ذخیره می‌شود؛ ازاین‌رو، نیاز به شبکه‌هایی با قابلیت پردازش فضایی در سه بُعد، به یک ضرورت بدل شده است. معماری U-Net در ابتدا با هدف بخش‌بندی تصاویر دوبعدی پزشکی طراحی‌شده و به‌طور مؤثری در کاربردهایی مانند MRI دوبعدی به‌کار گرفته‌شده است. در مواردی که داده‌های تصویری به‌صورت سه‌بعدی موجود هستند، مدل‌های U-Net کلاسیک اغلب به‌صورت اسلایس‌به‌اسلایس روی برش‌های دوبعدی داده اعمال می‌گردند؛ درنتیجه، علی‌رغم ماهیت سه‌بعدی داده‌ها، پردازش به‌صورت دوبعدی باقی می‌ماند که ممکن است به از دست رفتن اطلاعات بین‌برشی و مکانی منجر شود.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

برای پاسخ به این چالش، نسخه‌های پیشرفته‌ای نظیر U-Net۳D توسعه داده شده‌اند که قادرند مستقیماً روی داده‌های حجمی سه‌بعدی عمل کنند. این معماری‌ها برای بخش‌بندی دقیق‌تر ساختارهای پیچیده پزشکی، ازجمله تومورهای مغزی در تصاویر MRI استفاده شده‌اند. یکی از برجسته‌ترین نمونه‌های این خانواده، شبکهٔ V-Net است که به‌عنوان نسخه‌ای کاملاً سه‌بعدی از U-Net شناخته می‌شود. در V-Net، همهٔ عملیات کانولوشن، نرمال‌سازی و افزایش یا کاهش ابعاد به‌صورت سه‌بعدی انجام می‌گیرد و بدین ترتیب، ویژگی‌های فضایی دقیق‌تر و روابط مکانی بین برش‌ها بهتر مدل‌سازی می‌گردند. مسیر رمزگذار در این معماری وظیفهٔ استخراج تدریجی ویژگی‌ها از تصاویر حجمی را بر عهده دارد، درحالی‌که مسیر رمزگشا با استفاده از لایه‌های کانولوشن ترانهادهٔ سه‌بعدی، به بازسازی نقشه‌های ویژگی و بازگرداندن آن‌ها به ابعاد اصلی تصویر می‌پردازد. در لایهٔ خروجی، از تابع Softmax سه‌بعدی برای تولید نقشهٔ بخش‌بندی نهایی استفاده می‌شود. این بخش‌بندی شامل نواحی مختلفی همچون تومور تقویت‌شده، هستهٔ تومور، کل تومور و بافت‌های پس‌زمینه است که هریک نقش حیاتی در تحلیل‌های بالینی و تشخیص بیماری ایفا می‌کنند (۳۸). شکل شمارهٔ ۸ معماری پایهٔ V-Net را نشان می‌دهد.

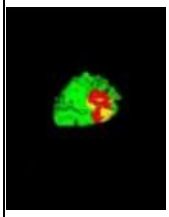
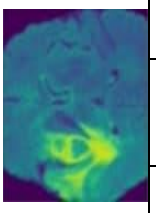
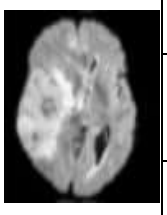
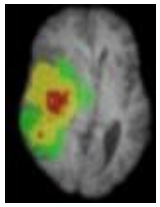
مقالهٔ (۳۹) از روش V-Net (3DU_Net) برای بخش‌بندی تصاویر MRI استفاده نموده است. این معماری که به‌طور خاص برای بخش‌بندی تصاویر سه‌بعدی پزشکی طراحی‌شده است و ساختاری U شکل و متقارن دارد و از بلوک‌های کانولوشن سه‌بعدی (S3D) بهره می‌برد. تصویر ورودی با ابعاد اولیهٔ ۱۶×۱۲۸×۱۲۸ به بلوک ابتدایی S3D بدون اتصال باقی‌مانده وارد می‌گردد. در این مرحله، با حفظ ابعاد مکانی، تعداد کانال‌ها به ۳۲ افزایش داده می‌شود. در ادامه، مسیر رمزگذار با بهره‌گیری از عملیات Transition Down ابعاد مکانی تصویر را کاهش و همزمان، تعداد کانال‌ها را افزایش می‌دهد. در این مسیر، ابعاد فضایی به‌ترتیب به ۶۴×۳۲×۳۲، ۱۲۸×۱۶×۱۶ و ۲۵۶×۸×۸ کاهش می‌یابد و تعداد کانال‌ها به‌ترتیب به ۶۴، ۱۲۸ و ۲۵۶ ارتقا پیدا می‌کند. این روند موجب استخراج ویژگی‌های سطح بالا از داده‌های حجمی می‌شود. در مسیر رمزگشا با اعمال عملیات Transition Up، ابعاد مکانی تصویر به‌ترتیب به ۱۲۸×۱۶×۱۶، ۶۴×۳۲×۳۲، ۳۲×۶۴×۶۴ و درنهایت ۱۶×۱۲۸×۱۲۸ بازگردانده می‌شود، درحالی‌که تعداد کانال‌ها به‌تدریج کاهش می‌یابد. اتصالات میان‌مرحله‌ای میان مسیرهای رمزگذار و رمزگشا، اطلاعات ویژگی استخراج‌شده از مراحل متناظر رمزگذار را به مسیر بازسازی منتقل می‌کنند تا دقت بخش‌بندی و حفظ اطلاعات مکانی تقویت گردد. در انتهای معماری، یک لایهٔ کانولوشن با هستهٔ ۱×۱ اعمال می‌شود که تعداد کانال‌های خروجی را به سه کانال کاهش می‌دهد. این کانال‌ها نشان‌دهندهٔ کلاس‌های مختلف در نقشهٔ نهایی بخش‌بندی هستند. عملکرد این مدل در بخش‌بندی دقیق تصاویر MRI مغزی، به‌ویژه در تشخیص و تفکیک نواحی مختلف تومور، مؤثر ارزیابی شده است و شکل شمارهٔ ۸ نتایج بصری این فرایند را نشان می‌دهد؛ همچنین مجموعه‌ای از مقالات که از معماری V-Net در بخش‌بندی تومورهای مغزی بهره گرفته‌اند، در جدول شمارهٔ ۴ گردآوری و به‌صورت مقایسه‌ای بررسی شده‌اند.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

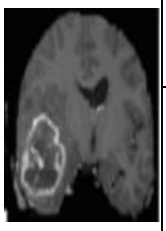
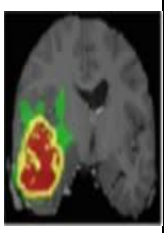
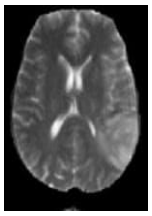
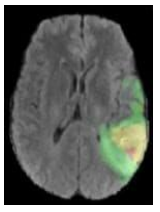


شکل شمارهٔ ۸. الف. معماری V-Net (3DU_Net)؛ ب. نتایج بخش‌بندی، الهام‌گرفته از مرجع (۳۹)

جدول شمارهٔ ٤. مقایسهٔ معماری V_Net در مقالات مختلف

نویسندگان	داده‌ها	معماری	مناطق تومور	حساسیت	دقت	امتیاز Dice	تصویر ورودی	تصویر خروجی
گوان (۳۸)	BraTs2020	AGSE_Vnet اضافه کردن ماژول‌های جدید به معماری اصلی	تقویت تومور	۰/۶۸	۰/۹۹	۰/۶۸		
			تومور کامل	۰/۸۳	۰/۹۹	۰/۸۵		
			هستهٔ تومور	۰/۶۵	۰/۹۹	۰/۶۹		
ابوصالح (۲۲)	BraTS2020	+3DUV-NetR ترکیب V-Net و 3 DU-Net	تقویت تومور	–	–	۰/۸۱۷۰		
			تومور کامل	–	–	۰/۹۱۹۵		
			هستهٔ تومور	–	–	۰/۸۲۸۰		
روی‌ها (۴۰)	BraTS2018	V_Net	تقویت تومور	-	–	۰/۷۷۴۸		
			تومور کامل	-	–	۰/۹۰۴۸		
			هستهٔ تومور	–	–	۰/۸۳۶۴		
			تقویت تومور	۰/۸۱۱۶	_	۰/۷۷۶۸		

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

رویها (۴۱)		cascaded V-Nets	تومور کامل	۰/۹۱۴۶	–	۰/۹۰۴۸		
			هستهٔ تومور	۰/۸۴۵۳	-	۰/۸۳۶۴		
وچاندرا (۴۲)	BraTS2018	V_Net	تقویت تومور	۰/۸۲۱	–	۰/۷۶۶		
			تومور کامل	۰/۹۰۹	–	۰/۸۹۶		
			هستهٔ تومور	۰/۸۱۵	–	۰/۸۱۰		

ساختار کلی DeepMedic: معماری DeepMedic به‌عنوان یک شبکهٔ عصبی کانولوشنی سه‌بعدی طراحی‌شده است که با هدف بخش‌بندی دقیق ضایعات مغزی در تصاویر MRI توسعه‌یافته است. این مدل از یک ساختار ۱۱ لایه‌ای بهره می‌برد و دو مسیر موازی کانولوشنی دارد که ورودی‌ها را در مقیاس‌های متفاوت پردازش می‌کنند. این طراحی چندمقیاسی به مدل امکان می‌دهد تا ویژگی‌ها را از جنبه‌های مختلف داده‌های تصویری استخراج کند و در شبیه‌سازی ساختارهای پیچیده، عملکرد مؤثری داشته باشد. در هر بلوک از لایه‌ها، عملیات به‌گونه‌ای سازمان‌دهی شده‌اند که درنهایت، یک میدان پذیرندهٔ بزرگ برای طبقه‌بندی نهایی حاصل شود، درحالی‌که بار محاسباتی به حداقل ممکن کاهش یافته است. یکی از ویژگی‌های برجستهٔ این معماری، بهره‌گیری از هسته‌های کانولوشنی کوچک (معمولاً با ابعاد ۳×۳) است که از معماری VGG الهام گرفته شده‌اند. استفاده از این هسته‌ها به کاهش تعداد مؤلفه‌ها و درنتیجه، کاهش پیچیدگی محاسباتی منجر می‌شود، درحالی‌که توانایی مدل در استخراج ویژگی‌های مؤثر از تصویر حفظ می‌گردد. این مزیت در پردازش داده‌های حجمی پزشکی که نیازمند دقت فضایی بالا هستند، بسیار حیاتی است.

به‌منظور بهبود عملکرد در شبکه‌های عمیق، در این معماری از اتصالات باقی‌مانده نیز استفاده‌شده است. این اتصالات که از معماری‌هایی مانند ResNet الهام گرفته شده‌اند، نقش مؤثری در حفظ جریان سیگنال در لایه‌های عمیق ایفا می‌کنند. آن‌ها با جلوگیری از افت سیگنال و از بین رفتن اطلاعات در لایه‌های پایین‌تر، موجب تسهیل فرایند آموزش مدل‌های عمیق‌تر می‌شوند و قابلیت همگرایی مدل را بهبود می‌بخشند.

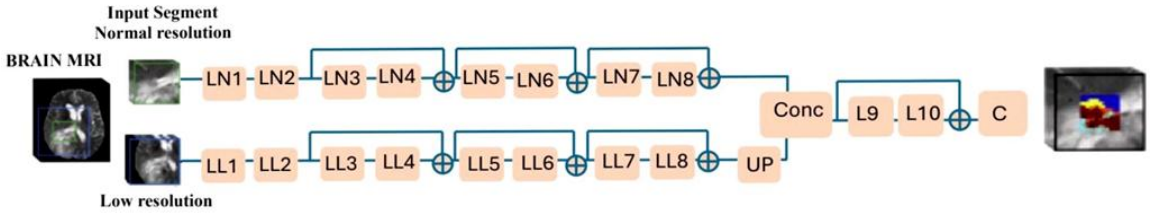
در مرحلهٔ نهایی، از تابع Softmax برای تولید خروجی استفاده می‌شود تا بخش‌بندی نهایی با دقت بیشتری انجام گردد. این بخش‌بندی شامل نواحی مختلف تومور مانند تومور تقویت‌شده، کل تومور، هستهٔ تومور و بافت‌های پس‌زمینه است که برای تحلیل دقیق تصاویر MRI از اهمیت بالایی برخوردارند (۱۶).

این ویژگی‌ها موجب شده‌اند که DeepMedic به‌عنوان ابزاری قدرتمند در تحلیل ضایعات مغزی در کاربردهای بالینی و تحقیقاتی شناخته شود. مراحل مختلف پردازش در این معماری به شرح زیر است: در گام نخست، تصاویر MRI مغزی شامل تومور به دو دسته با وضوح معمولی و وضوح پایین تفکیک می‌گردند. در مسیر وضوح معمولی، تصاویر به بلوک‌هایی با ابعاد ۴×۲۵×۲۵ تقسیم می‌شوند و از طریق لایه‌های مختلف شبکه پردازش می‌گردند. در هر مرحله، ویژگی‌های خاصی استخراج می‌شود و ابعاد داده‌ها کاهش می‌یابد. به‌صورت مشابه، در مسیر وضوح پایین، بلوک‌هایی با ابعاد ۴×۱۹×۱۹ پردازش می‌گردند که تفاوت آن‌ها در اندازهٔ ورودی است؛ اما ساختار کلی پردازش حفظ‌شده است. در گام بعد، خروجی‌های حاصل از هر دو مسیر

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

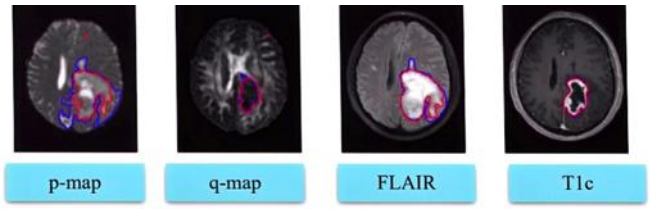
ترکیب می‌شود و یک نمایهٔ ترکیبی از ویژگی‌ها ایجاد می‌گردد. این نمایهٔ ترکیبی به مدل اجازه می‌دهد تا از اطلاعات چندمقیاسی برای تحلیل دقیق‌تر استفاده کند.

در ادامه، این نمایهٔ ترکیبی از طریق لایه‌های نهایی پردازش و تعداد کانال‌ها تنظیم می‌شود تا نقشهٔ نهایی بخش‌بندی سه‌بعدی تولید گردد. نتیجهٔ نهایی یک نقشهٔ سه‌بعدی است که نواحی مختلف تومور مغزی را در تصویر MRI مشخص می‌سازد. شکل شمارهٔ ۹ معماری کلی DeepMedic را نمایش می‌دهد (۴۳).



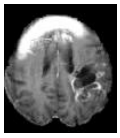
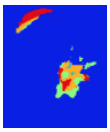
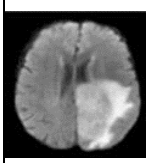
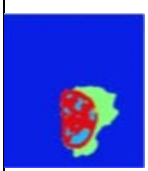
شکل شمارهٔ ۹. معماری DeepMedic، الهام‌گرفته از مرجع (۴۳)

شکل شمارهٔ ۱۰ نتایج بخش‌بندی تصویر MRI با استفاده از این مدل را نشان می‌دهد. در این شکل، نقشه‌های P_Map و Q_Map ارائه شده‌اند که حاوی اطلاعات عددی در رابطه با ویژگی‌های بافتی مغز هستند و احتمال وجود ضایعه یا تغییرات فیزیولوژیک را نمایش می‌دهند؛ همچنین در این تصاویر از سکانس‌های مختلف تصویربرداری MRI استفاده‌شده است: تصاویر FLAIR با هدف حذف سیگنال مایعات مانند CSF، مشاهدهٔ واضح‌تر ضایعات پنهان را امکان‌پذیر می‌سازند و در تشخیص ضایعات کوچک بسیار مؤثر هستند. تصاویر T1C یا T1CE نیز با استفاده از مادهٔ حاجب گادولینیوم، نواحی پاتولوژیک مانند تومورها را با وضوح بالاتری نمایش می‌دهند. این نوع تصویربرداری در ارزیابی مرزهای تومور و تشخیص تومورهای بدخیم مغزی کاربرد فراوان دارد. در ادامه، مقالاتی که از این معماری استفاده کرده‌اند، در جدول شمارهٔ ۵ بررسی می‌شوند.



شکل شمارهٔ ۱۰. تصویر پردازش‌شدهٔ تومور مغزی با معماری DeepMedic، الهام‌گرفته از مرجع (۴۳)

جدول شمارهٔ ۵. مقایسهٔ معماری DeepMedic در مقالات مختلف

نویسندگان	داده‌ها	معماری	مناطق تومور	حساسیت	دقت	امتیاز Dice	تصویر ورودی	تصویر خروجی
کنستانز کامنیتزاس (۱۶)	BraTS2015	DeepMedic	تقویت تومور	۰/۷۳۰	۰/۷۴۳	۰/۷۱۸		
			تومور کامل	۰/۹۰۳	۰/۸۹۷	۰/۸۹۶		
			هستهٔ تومور	۰/۷۳	۰/۸۴۵	۰/۷۵۴		
کنستانز کامنیتزاس (۱۶)	BraTS2015	DeepMedic با افزودن اتصالات باقی‌مانده	تقویت تومور	۰/۷۶۳	۰/۷۲۵	۰/۷۲۴		
			تومور کامل	۰/۹۲۲	۰/۸۷۶	۰/۸۹۶		
			هستهٔ تومور	۰/۷۵۴	۰/۸۲۴	۰/۷۶۳		

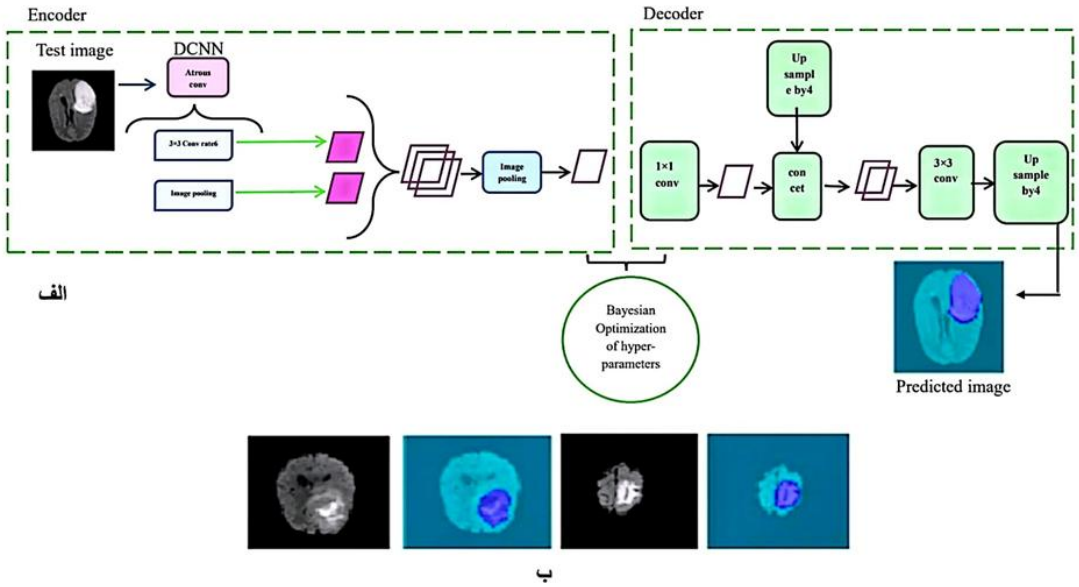
[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

چن و همکاران (۱۸)	BraTS2017	DeepMedic	تقویت تومور	۰/۷۵۴۹	–	۰/۶۹۳۴		
			تومور کامل	۰/۸۵۶۵	–	۰/۸۳۳۴		
			هستهٔ تومور	۰/۷۵۸۹	–	۰/۷۲۲۴		
چن و همکاران (۱۸)	BraTS2017	DeepMedic چند سطحی	تقویت تومور	۰/۷۶۹۶	–	۰/۶۹۹۶		
			تومور کامل	۰/۸۵۷۲	–	۰/۸۳۲۵		
			هستهٔ تومور	۰/۷۴۶۷	–	۰/۷۳۲۵		
کامنیتزاس (۴۴)	BRATS2015	DeepMedic	تقویت تومور	۰/۶۵۶	۰/۶۴	۰/۶۲۹		
			تومور کامل	۰/۸۸۵	۰/۸۲۳	۰/۸۳۶		
			هستهٔ تومور	۰/۶۱۶	۰/۸۴۶	۰/۶۷۴		
کامنیتزاس (۴۴)	BRATS2015	DeepMed + (CRF)	تقویت تومور	۰/۶۶۲	۰/۶۳۴	۰/۶۲۹		
			تومور کامل	۰/۸۷۶	۰/۸۵۰	۰/۸۴۷		
			هستهٔ تومور	۰/۶۰۷	۰/۸۴۸	۰/۶۷۰		

ساختار کلی معماری DeepLabV3+: معماری DeepLabV3+ یک شبکهٔ عصبی کانولوشنی عمیق است که به‌منظور بخش‌بندی معنایی تصاویر توسعه‌یافته است. این مدل توانایی بالایی در شناسایی دقیق پیکسل‌های مربوط به یک شیء خاص، مانند نواحی تومور در تصاویر MRI مغزی دارد. ساختار این مدل شامل دو بخش اصلی است: رمزگذار که وظیفهٔ استخراج ویژگی‌های کلیدی تصویر را بر عهده دارد و رمزگشا که با بازسازی نقشهٔ بخش‌بندی، موقعیت دقیق تومور را در تصویر مشخص می‌کند. در شکل شمارهٔ ۱۱، تصویر MRI مغز با ابعاد ۲۵۶×۲۵۶ پیکسل به‌عنوان ورودی به مدل داده‌شده است. در بخش رمزگذار، از ResNet-18 به‌عنوان شبکهٔ پشتیبان برای استخراج ویژگی‌های عمیق‌تر استفاده‌شده است؛ سپس لایه‌های کانولوشن آتروس به مدل افزوده می‌شوند تا با گسترش میدان دید مؤثر، امکان درک بهتر از ساختارهای فضایی و جزئیات ریز تومور فراهم گردد. پس از آن، ماژول ASPP با نرخ‌های دیلاتیون مختلف، اطلاعات را در چند مقیاس استخراج می‌کند تا مدل نسبت به اندازه و موقعیت تومورها مقاوم‌تر عمل کند. در مرحلهٔ رمزگشا، نقشهٔ ویژگی‌ها به کمک عملیات نمونه‌برداری افزایشی و ترکیب با لایه‌های سطح پایین بازسازی می‌شود تا نقشهٔ بخش‌بندی با دقت بالا تولید گردد. خروجی نهایی مدل تصویری هم‌اندازه با ورودی است که هر پیکسل آن با یک برچسب مشخص‌شده است و نشان‌دهندهٔ تعلق آن پیکسل به ناحیهٔ تومور یا بافت سالم است. به‌منظور بهینه‌سازی عملکرد مدل، هایپرمؤلفه‌ها با استفاده از روش بیزی تنظیم شده‌اند؛ همچنین از تکنیک نگاشت فعال‌سازی کلاس با وزن گرادیان برای مشخص کردن محل دقیق تومور در تصویر اولیه استفاده‌شده است (۴۵). این روش باعث شفاف‌تر شدن تصمیمات مدل می‌شود و به پزشکان کمک می‌کند تا با اطمینان بیشتری از نتایج مدل بهره ببرند. در ادامه، مقالات دیگری بررسی

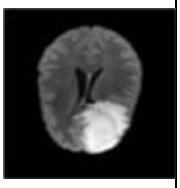
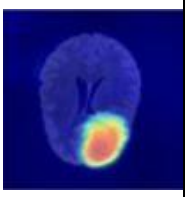
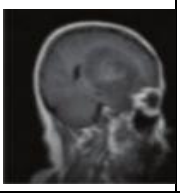
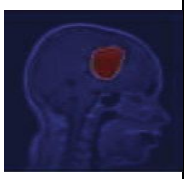
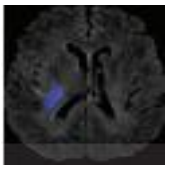
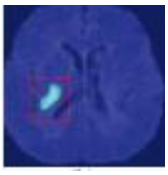
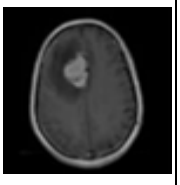
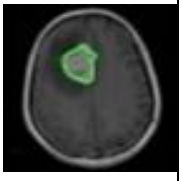
[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

می‌شوند که از معماری DeepLabV3+ برای بخش‌بندی تومور استفاده کرده‌اند.

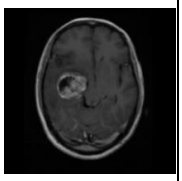
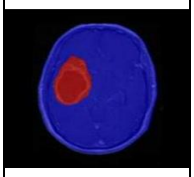
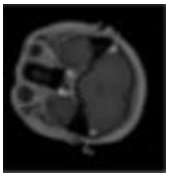
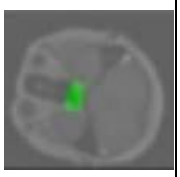


شکل شمارهٔ ۱۱. الف. ساختار معماری DeepLabV3+؛ ب. تومور استخراج‌شده، الهام‌گرفته از مرجع (۴۵)

جدول شمارهٔ ٦. مقایسهٔ معماری DeepLabV3+

نویسندگان	داده‌ها	معماری	دقت	حساسیت	امتیاز Dice	تصویر ورودی	تصویر خروجی
طلحه سعید (۴۵)	BraTS2021	DeepLab V3+ با تنظیم هایپرمؤلفه ا به‌کمک بهینه‌سازی بیزین	–	–	۰/۹۸		
رتینندردیت سینگ (۴۶)	BraTS2015	DeepLab V3 و ResNen50	۰/۹۹	–	۰/۹۳		
آهوجا (۴۷)	BraTS 2020	DeepLab V3+ با توابع زیان متغیر	۰/۹۹	–	۰/۹۲		
سیف‌اله (۴۸)	3064 تصویر MRI	DeepLab V3 با انکودر Xception	۰/۹۹	–	۰/۹۵		

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

نارامون یامچارون (۴۹)	Glioma	DeepLab V3+ بهینه‌سازی نرخ یادگیری	۰/۵۷	۰/۸۵	–		
امیلا آکاگیگ (۵۰)	Figshare Brain Tumor Dataset	DeepLab +V3 تابع زیان‌های متفاوت	۰/۹۹	۰/۷۳	۰/۸۰		

یافته‌های پژوهش

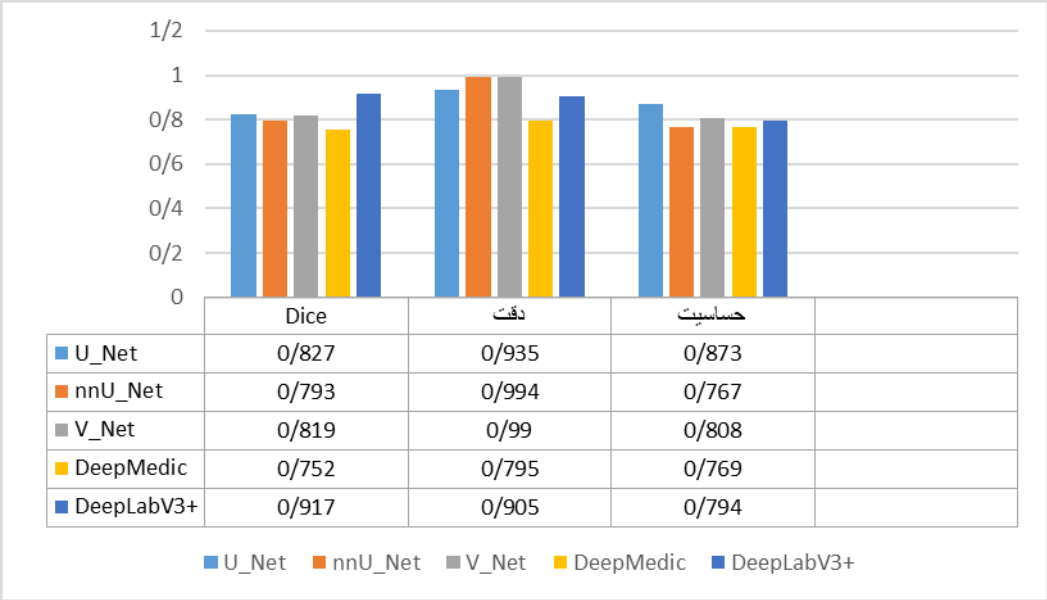
در این مقاله به بررسی کاربرد شبکه‌های عصبی کانولوشنی در بخش‌بندی تصاویر MRI تومور مغزی پرداخته‌شده و پنج معماری مهم و پرکاربرد در این زمینه ارزیابی شده‌اند. نتایج بررسی مطالعات نشان می‌دهد که عملکرد گزارش‌شده برای هر معماری به‌طور قابل‌توجهی تحت تأثیر شرایط ارزیابی قرار دارد. بر اساس گزارش‌های مستقیم از مطالعات اولیه، این تفاوت‌ها به عوامل متعددی ازجمله ویژگی‌های داده (مانند حجم نمونه، کیفیت تصویر و تعادل کلاسی)، نوع و محل تومور (مثلاً تومورهای گلیوبلاستوما در بزرگ‌سالان در مقابل تومورهای گلیوما در کودکان) و اهداف بالینی (نیاز به دقت بالا در مرزها یا تشخیص کلی تومور) مرتبط است. این نکته از طریق تحلیل توصیفی و مقایسهٔ یافته‌های گزارش‌شده در مطالعات مختلف استخراج گردیده است.

عملکرد معماری‌ها با استفاده از سه معیار اصلی امتیاز Dice، دقت و حساسیت ارزیابی‌شده است. نمودار شمارهٔ ۲ میانگین این مؤلفه‌ها در مطالعات بررسی‌شده برای هر مدل نشان می‌دهد. میانگین‌های نمایش داده‌شده در این نمودار از طریق محاسبهٔ میانگین سادهٔ این معیارها در مطالعات مختلف ازجمله BraTS2015، BraTS2017 و BraTS2018 به‌دست آمده‌اند. این معیارها به‌عنوان شاخص‌های استاندارد در ارزیابی الگوریتم‌های بخش‌بندی تصویر در مقالات بررسی‌شده در این پژوهش نیز استفاده گردیده‌اند و به‌عنوان مؤلفه‌های استاندارد برای ارزیابی عملکرد مدل‌ها در بخش‌بندی تصاویر پزشکی شناخته می‌شوند.

معماری DeepLabV3+ به‌واسطهٔ استفاده از کانولوشن‌های حفره‌دار و ماژول ASPP برای استخراج ویژگی‌ها در مقیاس‌های مختلف، توجه گستردهٔ پژوهشگران را به خود جلب کرده است و بهترین عملکرد را در معیار Dice (۰/۹۱۷) دارد که نشان‌دهندهٔ توانایی بالای آن در شناسایی مرزهای دقیق تومور است؛ همچنین با دقت ۰/۹۰۵ عملکرد خوبی در شناسایی کلی دارد، هرچند که حساسیت آن (۰/۷۹۴) نسبت به برخی مدل‌ها پایین‌تر است که ممکن است به‌سبب حساسیت آن به نویز و نیاز به تنظیمات دقیق هایپرمؤلفه‌ها باشد.U-Net تعادلی خوب میان دقت (۰/۹۳۵) و حساسیت (۰/۸۷۳) برقرار کرده و امتیاز Dice آن نیز نسبتاً بالا (۰/۸۲۷) است. این ویژگی‌ها باعث می‌شود U-Net یکی از مدل‌های قابل‌اعتماد در بخش‌بندی دقیق مرزهای تومور باشد. وجود اتصالات پرشی در طراحی این مدل، به حفظ ویژگی‌های محلی در مراحل بازسازی کمک می‌کند. nnU-Net بیشترین دقت (۰/۹۹۴) را میان مدل‌ها دارد که نشان‌دهندهٔ توانایی بالا در شناسایی نواحی صحیح است. بااین‌حال، حساسیت پایین‌تر (۰/۷۶۷) و Dice نسبتاً کمتر (۰/۷۹۳) ممکن است نشانه‌ای از چالش در شناسایی نواحی مثبت پیچیده باشد. ازجمله مزایای آن تنظیمات خودکار و تطبیق‌پذیری بالا با مجموعه داده‌های متنوع است. با وجود این، پیچیدگی محاسباتی بالا و نیاز به منابع پردازشی فراوان از چالش‌های آن محسوب می‌شود. DeepMedic بهترین امتیاز Dice (۰/۷۵۲) و دقت (۰/۷۹۵) را

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

در بین مدل‌ها دارد و حساسیت آن نیز پایین (۰/۷۶۹) است. این معماری در مقایسه با سایرین عملکرد ضعیف‌تری دارد و ممکن است برای کاربردهای دقیق‌تر، نیاز به بهینه‌سازی یا ترکیب با سایر روش‌ها داشته باشد. تحلیل نتایج نشان می‌دهد که معماری DeepLabV3+ با وجود حساسیت نسبتاً پایین، بهترین عملکرد کلی را دارد. معماری U-Net نیز با توازن میان دقت و حساسیت، گزینه‌ای قابل‌اتکا برای شناسایی دقیق مرزهای تومور است. V-Net و nnU-Net نیز بسته به نوع داده و نیاز پردازشی، انتخاب‌های مناسبی به‌شمار می‌روند. جدول شمارهٔ ۷ خلاصه‌ای دقیق از مقایسهٔ معیارهای عملکردی بین این معماری‌ها را ارائه می‌دهد.



	Dice	دقت	حساسیت
U_Net	0/827	0/935	0/873
nnU_Net	0/793	0/994	0/767
V_Net	0/819	0/99	0/808
DeepMedic	0/752	0/795	0/769
DeepLabV3+	0/917	0/905	0/794

نمودار شمارهٔ ۲. مقایسهٔ میانگین مؤلفه‌های ارزیابی معماری‌های مختلف

جدول شمارهٔ۷. مقایسهٔ معماری‌های مختلف

نوع معماری	شرح مختصر معماری	قابلیت‌های معماری	مزایا	معایب	شباهت‌ها	ابعاد پردازش	پیچیدگی محاسباتی	لایه‌ها و توابع کلیدی
U-Net	رمزگذار: استخراج ویژگی‌ها رمزگشا: بازسازی جزئیات	بخش‌بندی دقیق مرزها، مناسب برای داده‌های کم و چند کلاسه، پشتیبانی از داده‌های چندکاناله	طراحی متقارن، دقت بالا، پشتیبانی از داده‌های چندکاناله، اتصالات skip connection	حساسیت به تعادل نداشتن داده‌ها، حجم بالای محاسبات، نیاز به حافظهٔ بالا	U-Net، V-Net: اتصالات skip	دوبعدی (قابل تنظیم برای سه‌بعدی)	متوسط	لایه‌های کانولوشنی، Max Pooling، Upsampling، اتصالات skip
V-Net	رمزگذار: استخراج ویژگی‌ها و کاهش ابعاد تصاویر حجمی	بخش‌بندی تصاویر سه‌بعدی، شناسایی تومورهای کوچک، بخش‌بندی دقیق مرزها	طراحی ویژه برای داده‌های سه‌بعدی، استفاده از Residual Connection، بازسازی دقیق	نیاز به منابع محاسباتی بالا، زمان آموزش طولانی، حساسیت به	V-Net، DeepMedic: **بخش‌بندی** سه‌بعدی	سه‌بعدی	بالا	لایه‌های کانولوشنی سه‌بعدی، Residual Connections، Max Pooling،

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

	رمزگشا: تولید نقشه‌های بخش‌بندی سه‌بعدی		اطلاعات حجمی	تنظیم هایپرمؤلفه‌ها				Upsampling
DeepMedic	شامل دو مسیر پردازش موازی: وضوح بالا: جزئیات دقیق وضوح پایین: ویژگی‌های کلی‌تر	بخش‌بندی دقیق ساختارهای پزشکی، شناسایی همزمان تومورهای کوچک و بزرگ	طراحی چندمقیاسی، توانایی کار با حجم‌های سه‌بعدی، مدیریت داده‌های نامتوازن	پیچیدگی محاسباتی بالا، زمان آموزش طولانی، حساسیت به نویز	DeepMednnU-،dicNet: مدیریت داده‌های نامتوازن	چندمقیاسی (پردازش موازی با وضوح بالا و پایین)	بسیار بالا	لایه‌های کانولوشنی، Max Pooling
nnU-Net	نسخهٔ بهینه‌شدهٔ U-Net تنظیمات خودکار برای داده‌های پزشکی	خودتنظیمی برای داده‌های مختلف، پشتیبانی از داده‌های چندکاناله و چندمقیاسی	دقت بالا، قابلیت تطبیق با انواع داده‌ها، کاهش نیاز به تنظیم دستی هایپرمؤلفه‌ها	نیاز به منابع محاسباتی بالا، پیچیدگی در تنظیمات خودکار	nnU-،Net DeepLab V3+: تکنیک‌های چندمقیاسی	خودتنظیمی برای داده‌های مختلف	متوسط تا بالا	لایه‌های کانولوشنی، Max ،Pooling Upsampling
DeepLab V3+	بخش استخراج ویژگی: Atrous Convolution و ماژول ASPPبخش بازسازی سبک: برای بهبود مرزها	استخراج ویژگی‌های چندمقیاسی، پشتیبانی از داده‌های پیچیده	دقت بالا در بخش‌بندی، قابلیت استخراج ویژگی‌های چندمقیاسی، پشتیبانی از داده‌های پیچیده	حساسیت به نویز، پیچیدگی محاسباتی بالا، نیاز به تنظیم دقیق هایپرمؤلفه‌ها		دوبعدی (قابل تنظیم برای سه‌بعدی)	بالا	Atrous Convolutio ،ASPP ،n لایه‌های کانولوشنی

بحث و نتیجه‌گیری

یافته‌های این مرور سیستماتیک کیفی نشان می‌دهد که معماری‌های مختلف شبکه‌های عصبی کانولوشنی، ازجمله U-Net، V-Net، DeepMedic، nnU-Net و DeepLabV3+، در بخش‌بندی تومورهای مغزی در تصاویر MRI عملکرد بهبودیافته‌ای نسبت به روش‌های سنتی دارند. بااین‌حال، مقایسهٔ مستقیم و ارزیابی قطعی عملکرد این مدل‌ها با چالش‌هایی همراه است. یکی از مهم‌ترین عوامل مؤثر بر عملکرد گزارش‌شده، ناهمگونی بالا در شرایط ارزیابی مطالعات است. اختلاف عملکرد این مدل‌ها تحت تأثیر عوامل مداخله‌گر متعددی ازجمله کیفیت و وضوح تصاویر MRI، مدالیته‌های تصویربرداری استفاده‌شده، حجم و تنوع نمونه‌های آموزشی و راهبردهای پیش‌پردازش و افزایش داده قرار دارد؛ به‌عنوان‌مثال، عملکرد مدل‌هایی که روی مجموعه دادهٔ بزرگ و متنوع BraTS2020 آموزش دیده‌اند، احتمالاً با مدل‌هایی که روی داده‌های کوچک‌تر یا داخلی آموزش دیده‌اند، قابل

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

مقایسه نیست. این تفاوت‌ها مقایسهٔ نقطه‌به‌نقطه و نتیجه‌گیری مطلق را غیرممکن می‌سازد. علاوه بر این، عملکرد نهایی مدل‌ها تنها ناشی از معماری اصلی نیست، بلکه حاصل ترکیب هوشمندانهٔ تکنیک‌های مکمل در پایپلاین تحلیل است. مواردی مانند استفاده از توابع زیان ترکیبی، افزایش داده با تکنیک‌هایی مانند چرخش و کشیدگی الاستیک و مراحل پس‌پردازش (مانند حذف مؤلفه‌های کوچک ناخواسته) تأثیر قابل‌توجهی بر بهبود نتایج نهایی دارند. این نکته بر اهمیت گزارش شفاف همهٔ جنبه‌های روش‌شناختی در مطالعات آینده تأکید دارد. محدودیت‌های این مرور استفاده از میانگین ساده برای محاسبهٔ عملکرد کلی مدل‌ها، به علت کمبود دسترسی به اطلاعات استاندارد (مانند خطای استاندارد یا حجم دقیق نمونه در همهٔ مطالعات) است و این امر می‌تواند بر نمایش دقیق وزن هر مطالعه تأثیر بگذارد و محدودیت در پایگاه‌های دادهٔ جستجو ممکن است به حذف برخی مطالعات مرتبط منجر شده باشد؛ همچنین گزارش نکردن کامل معیارهای ارزیابی (مانند حساسیت یا دقت) در برخی مقالات، تحلیل جامع‌تری را دشوار کرد.

با توجه به این ملاحظات، انتخاب یک مدل مناسب باید بر اساس ویژگی‌های خاص داده (حجم، کیفیت و تعادل کلاسی)، اهداف بالینی (نیاز به دقت بالا در مرزها یا تشخیص کلی تومور) و محدودیت‌های عملیاتی (قابلیت محاسباتی و زمان پردازش) انجام شود؛ به‌عنوان‌مثال، مدل‌هایی با پیچیدگی محاسباتی بالا مانند DeepLabV3+ ممکن است برای تحقیقات دانشگاهی مناسب باشند، درحالی‌که مدل‌های سبک‌تر و سریع‌تر مانند U-Net برای ادغام در جریان کار بالینی عملی‌تر باشند.

برای پیشرفت در این حوزه، تحقیقات آینده باید به‌سوی ایجاد چارچوب‌های ارزیابی استاندارد حرکت کنند که در آن، همهٔ مدل‌ها در شرایط یکسان (داده، پیش‌پردازش، معیارهای ارزیابی) مقایسه شوند. استفاده از داده‌های چندبعدی و بزرگ‌مقیاس می‌تواند به تعمیم‌پذیری مدل‌ها کمک کند؛ همچنین ادغام معماری‌های مکمل و بهره‌گیری از روش‌های جدید مانند ترنسفورمرها و یادگیری انتقالی می‌تواند به بهبود عملکرد منجر گردد. درنهایت، توسعهٔ دستگاه‌هایی که بتوانند داده‌های تصویری را با اطلاعات بالینی و ژنتیکی تلفیق کنند، مسیر اصلی برای دستیابی به تشخیص و برنامه‌ریزی درمانی شخصی‌سازی‌شده خواهد بود.

سپاس‌گزاری

از تمامی عزیزانی که در انجام این مطالعه همکاری داشتند، صمیمانه تشکر و قدردانی می‌نماییم.

تعارض منافع

نویسندگان اعلام می‌کنند که تضاد منافعی در این مقاله وجود ندارد.

کد اخلاق

با توجه به بررسی داده‌های موجود با دسترسی آزاد نیازی به کد اخلاق نداشت.

حمایت مالی

در جهت انجام این مطالعه از هیچ سازمانی حمایت مالی دریافت نشده است.

مشارکت نویسندگان

تمامی نویسندگان در نگارش مقاله مشارکت نموده‌اند.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

References

1. Khazaei Z, Goodarzi E, Borhaninejad V, Iranmanesh F, Mirshekarpour H, Mirzaei B, et al. The association between incidence and mortality of brain cancer and human development index (HDI): an ecological study. BMC Public Health. 2020;20:1696. doi:10.1186/s12889-020-09838-4.
2. Wild CP, Stewart BW, editors. World cancer report 2014. Geneva, Switzerland: World Health Organization; 2014.
3. Ranjbarzadeh R, Caputo A, Tirkolaee EB, Ghoushchi SJ, Bendechache M. Brain tumor segmentation of MRI images: A comprehensive review on the application of artificial intelligence tools. Comput Biol Med. 2023; 152:106405. doi: 10.1016/j.compbiomed.2022.106405.
4. Jiao C, Yang T. An overview of multimodal brain tumor MR image segmentation methods. In: Third International Conference on Artificial Intelligence, Automation, and High-Performance Computing (AIAHPC 2023); 2023; 12717. Bellingham, WA: SPIE; 2023. p. 725–33. doi:10.1117/12.2685325.
5. Anantharajan S, Gunasekaran S, Subramanian T. MRI brain tumor detection using deep learning and machine learning approaches. Meas Sens. 2024; 31:101026. doi: 10.1016/j.measen.2024.101026.
6. Ilhan U, Ilhan A. Brain tumor segmentation based on a new threshold approach. Procedia Comput Sci. 2017; 120:580-7. doi: 10.1016/j.procs.2017.11.282.
7. Jardim S, António J, Mora C. Image thresholding approaches for medical image segmentation—short literature review. Procedia Comput Sci. 2023; 219:1485-92. doi: 10.1016/j.procs.2023.01.439
8. Kashyap R, Gautam P. Modified region-based segmentation of medical images. In: 2015 International Conference on Communication Networks (ICCN); 2015 Nov 19; Gwalior, India. Piscataway, NJ: IEEE; 2015. p. 209-16. doi:10.1109/ICCN.2015.41.
9. Liu HX, Fang JX, Zhang ZJ, Lin YC. Localised edge-region-based active contour for medical image segmentation. IET Image Process. 2021;15:1567-82. doi:10.1049/ipr2.12126.
10. Abidin ZU, Naqvi RA, Haider A, Kim HS, Jeong D, Lee SW. Recent deep learning-based brain tumor segmentation models using multi-modality magnetic resonance imaging: A prospective survey. Front Bioeng Biotechnol. 2024; 12:1392807. doi:10.3389/fbioe.2024.1392807.
11. Swathi VN, Sinduja K, Kumar VR, Mahendar A, Prasad GV, Samya B. Deep learning-based brain tumor detection: An MRI segmentation approach. MATEC Web Conf. 2024; 392:01157. doi:10.1051/matecconf/202439201157.
12. Shrestha A, Mahmood A. Review of deep learning algorithms and architectures. IEEE Access. 2019; 7:53040-65. doi:10.1109/ACCESS.2019.2912200.
13. Shinde PP, Shah S. A review of machine learning and deep learning applications. In: 2018 Fourth International Conference on Computing Communication Control and Automation (ICCUBEA); 2018 Aug 16; Pune, India. Piscataway, NJ: IEEE; 2018. p. 1–6. doi:10.1109/ICCUBEA.2018.8697857.
14. Ganaie MA, Hu M, Malik AK, Tanveer M, Suganthan PN. Ensemble deep learning: A review. Eng Appl Artif Intell. 2022; 115:105151. doi: 10.1016/j.engappai.2022.105151.
15. Samee NA, Ahmad T, Mahmoud NF, Atteia G, Abdallah HA, Rizwan A. Clinical decision support framework for segmentation and classification of brain tumor MRIs using a U-Net and DCNN cascaded learning algorithm. Healthcare. 2022;10:2340. doi:10.3390/healthcare10122340.
16. Kamnitsas K, Ferrante E, Parisot S, Ledig C, Nori AV, Criminisi A, et al. DeepMedic for brain tumor segmentation. In: International Workshop on Brainlesion: Glioma, Multiple Sclerosis, Stroke and Traumatic Brain Injuries; 2016 Oct 16; Athens, Greece. Cham: Springer International Publishing; 2017. p. 138–49. doi:10.1007/978-3-319-55524-9_14.
17. Rehman MU, Cho S, Kim JH, Chong KT. Bu-net: Brain tumor segmentation using modified u-net architecture. Electronics. 2020;9:2203. doi:10.3390/electronics9122203.
18. Chen S, Ding C, Liu M. Dual-force convolutional neural networks for accurate brain tumor segmentation. Pattern Recognit. 2019; 88:90-100. doi: 10.1016/j.patcog.2018.11.009.
19. Kermi A, Mahmoudi I, Khadir MT. Deep convolutional neural networks using U-Net for automatic brain tumor segmentation in multimodal MRI volumes. In: International MICCAI Brainlesion Workshop; 2018 Sep 16; Granada, Spain. Cham: Springer International Publishing; 2019. p. 37-48. doi:10.1007/978-3-030-11726-9_4.
20. Türkmen Y. Brain lesion segmentation using deep learning [Master's thesis]. Ankara: Ankara Üniversitesi; 2023.
21. Raza R, Bajwa UI, Mehmood Y, Anwar MW, Jamal MH. dResU-Net: 3D deep residual U-Net based brain tumor segmentation from multimodal MRI. Biomed Signal Process Control. 2023; 79:103861. doi: 10.1016/j.bspc.2022.103861.
22. Aboussaleh I, Riffi J, El Fazazy K, Mahraz AM, Tairi H. 3DUV-NetR+: A 3D hybrid semantic

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

architecture using transformers for brain tumor segmentation with MultiModal MR images. Results Eng. 2024; 21:101892. doi: 10.1016/j.rineng.2024.101892.
23. Kharaji M, Abbasi H, Orouskhani Y, Shomalzadeh M, Kazemi F, Orouskhani M. Brain tumor segmentation with advanced nnU-Net: pediatrics and adults tumors. Neurosci Inform. 2024;4:100156. doi: 10.1016/j.neuri.2024.100156.
24. Bonato B. From BraTS Challenges to an Extended Glioma Dataset: State-of-the-Art BrainSegFounder Model Optimization and a Decade of Insights into Multi-Class Glioma Tumor Segmentation.
25. Hashmi S, Lugo J, Elsayed A, Saggurthi D, Elseiagy M, Nurkamal A, et al. Optimizing brain tumor segmentation with MedNeXt: BraTS 2024 SSA and pediatrics. arXiv [preprint]. 2024. arXiv:2411.15872. doi:10.48550/arXiv.2411.15872.
26. Vossough A, Khalili N, Familiar AM, Gandhi D, Viswanathan K, Tu W, et al. Training and comparison of nnU-Net and DeepMedic methods for autosegmentation of pediatric brain tumors. AJNR Am J Neuroradiol. 2024;45:1081-9. doi:10.3174/ajnr.A8293.
27. Kazerooni AF, Khalili N, Liu X, Haldar D, Jiang Z, Zapaishchykova A, et al. BraTS-PEDs: Results of the multi-consortium international pediatric brain tumor segmentation challenge 2023. arXiv [preprint]. 2024. arXiv:2407.08855. doi:10.48550/arXiv.2407.08855.
28. Asiri AA, Shaf A, Ali T, Aamir M, Irfan M, Alqahtani S, et al. Brain tumor detection and classification using fine-tuned CNN with ResNet50 and U-Net model: A study on TCGA-LGG and TCIA dataset for MRI applications. Life. 2023;13:1449. doi:10.3390/life13071449.
29. Aish MA, Iqbal A, Ahmad J, Nasim F. Brain MRI Classification and Segmentation on TCGA-LGG and TCIA Dataset. JICET. 2025; 5: 1-16.
30. Shomirov A, Zhang J, Billah MM. Brain tumor segmentation of HGG and LGG MRI images using WFL-based 3D U-net. J Biomed Sci Eng. 2022;15:241-60.
31. Mutasa S, Sun S, Ha R. Understanding artificial intelligence-based radiology studies: CNN architecture. Clin Imaging. 2021; 80:72–6. doi: 10.1016/j.clinimag.2021.06.033.
32. Anwar SM, Majid M, Qayyum A, Awais M, Alnowami M, Khan MK. Medical image analysis using convolutional neural networks: a review. J Med Syst. 2018;42:226. doi:10.1007/s10916-018-1088-1.
33. Kumar A. Study and analysis of different segmentation methods for brain tumor MRI application. Multimed Tools Appl. 2023;82:7117-39. doi:10.1007/s11042-022-13636-y.
34. Ronneberger O, Fischer P, Brox T. U-net: Convolutional networks for biomedical image segmentation. In: International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI); 2015; Munich, Germany. Cham: Springer International Publishing; 2015. p. 234-41. doi:10.1007/978-3-319-24574-4_28.
35. Isensee F, Jäger PF, Full PM, Vollmuth P, Maier-Hein KH. nnU-Net for brain tumor segmentation. In: International MICCAI Brainlesion Workshop; 2020 Oct 4; Lima, Peru. Cham: Springer International Publishing; 2021. p. 118-32. doi:10.1007/978-3-030-72087-2_11.
36. Huang L, Miron A, Hone K, Li Y. Segmenting medical images: from UNet to res-UNet and nnUNet. In: 2024 IEEE 37th International Symposium on Computer-Based Medical Systems. IEEE. 2024; 483-9. doi:10.1109/CBMS61543.2024.00086.
37. Jyothi CK, Awati A, Torse D. Optimizing Brain Tumor Segmentation in MRI images with Enhanced nnU-Net. In: 2024 Second International Conference on Networks, Multimedia and Information Technology (NMITCON); 2024 Aug 9; Belgaum, India. Piscataway, NJ: IEEE; 2024. p. 1-6. doi:10.1109/NMITCON62075.2024.10698771.
38. Guan X, Yang G, Ye J, Yang W, Xu X, Jiang W, et al. 3D AGSE-VNet: an automatic brain tumor MRI data segmentation framework. BMC Med Imaging. 2022;22:6. doi:10.1186/s12880-021-00728-8.
39. Chen W, Liu B, Peng S, Sun J, Qiao X. S3D-UNet: separable 3D U-Net for brain tumor segmentation. In: International MICCAI Brainlesion Workshop; 2018 Sep 16; Granada, Spain. Cham: Springer International Publishing; 2019. p. 358-68. doi:10.1007/978-3-030-11726-9_32.
40. Hua R, Huo Q, Gao Y, Sun Y, Shi F. Multimodal brain tumor segmentation using cascaded V-Nets. In: International MICCAI Brainlesion Workshop; 2018 Sep 16; Granada, Spain. Cham: Springer International Publishing; 2019. p. 49-60. doi:10.1007/978-3-030-11726-9_5.
41. Hua R, Huo Q, Gao Y, Sui H, Zhang B, Sun Y, et al. Segmenting brain tumor using cascaded V-Nets in multimodal MR images. Front Comput Neurosci. 2020; 14:9. doi:10.3389/fncom.2020.00009.
42. Chandra S, Vakalopoulou M, Fidon L, Battistella E, Estienne T, Sun R, et al. Context aware 3D CNNs for brain tumor segmentation. In: International MICCAI Brainlesion Workshop; 2018 Sep 16; Granada, Spain. Cham: Springer International Publishing; 2019.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]

p. 299–310. doi:10.1007/978-3-030-11726-9_27.
43. Rahmat R, Saednia K, Khani MR, Rahmati M, Jena R, Price SJ. Multi-scale segmentation in GBM treatment using diffusion tensor imaging. Comput Biol Med. 2020; 123:103815. doi: 10.1016/j.compbiomed.2020.103815.
44. 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. Med Image Anal. 2017; 36:61–78. doi: 10.1016/j.media.2016.10.004.
45. Saeed T, Khan MA, Hamza A, Shabaz M, Khan WZ, Alhayan F, et al. Neuro-XAI: Explainable deep learning framework based on DeeplabV3+ and Bayesian optimization for segmentation and classification of brain tumor in MRI scans. J Neurosci Methods. 2024; 410:110247. doi: 10.1016/j.jneumeth.2024.110247.
46. Berghout T. The neural frontier of future medical imaging: a review of deep learning for brain tumor detection. J Imaging. 2024;11:2. doi:10.3390/jimaging11010002.
47. Ahuja S, Panigrahi BK, Gandhi TK. Fully automatic brain tumor segmentation using DeepLabv3+ with variable loss functions. In: 2021 8th International Conference on Signal Processing and Integrated Networks (SPIN); 2021 Aug 26; Noida, India. Piscataway, NJ: IEEE; 2021. p. 522–6. doi:10.1109/SPIN52536.2021.9566128.
48. Saifullah S, Drężewski R, Yudhana A. Advanced brain tumor segmentation using DeepLabV3Plus with Xception encoder on a multi-class MR image dataset. Multimed Tools Appl. 2025:1-22. doi:10.1007/s11042-025-20702-8.
49. Piboonthummasak T, Yamcharoen N, Nobnop N, Charoenpong T. A Method for Brain Tumor Segmentation Using DeeplabV3+: Learning Rate Optimization. In: 2024 16th Biomedical Engineering International Conference (BMEiCON); 2024 Nov 21; Bangkok, Thailand. Piscataway, NJ: IEEE; 2024. p. 1–4. doi:10.1109/BMEiCON64021.2024.10896264.
50. Akagic A, Kapo M, Kandić E, Bećirović M, Kadrić N. Brain Tumor Segmentation of MRI Images with U-Net and DeepLabV3+. In: 2024 IEEE 3rd International Conference on Computing and Machine Intelligence (ICMI); 2024 Apr 13; Dhaka, Bangladesh. Piscataway, NJ: IEEE; 2024. p. 1–6. doi:10.1109/ICMI60790.2024.10585749.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-11]