

A Novel Model for Modeling Cancer Networks in the Early Detection of Malignant Tumors in Breast Cancer Using Complex Convolutional Neural Networks

Peyman Arebi^{1*} 

¹ Dept of Computer Engineering, Technical and Vocational University (TVU), Tehran, Iran

Article Info

Article type:

Research article

Article History:

Received: Dec. 08, 2025

Received in revised form:
Feb. 05, 2026

Accepted: Feb. 21, 2026

Published Online: May. 26, 2026

* Correspondence to:

Peyman Arebi
Dept of Computer Engineering,
Technical and Vocational
University (TVU), Tehran, Iran

Email:

peymanarebi@gmail.com

ABSTRACT

Introduction: Breast cancer is a leading cause of death among women, requiring advanced diagnostic methods. Traditional techniques like mammography and biopsy have limitations, including low sensitivity in dense tissue and subjectivity. This paper presents a novel data mining method using Graph Convolutional Neural Networks (GCNNs) to capture complex, non-Euclidean relationships in tumour structures, improving diagnostic accuracy.

Materials & Methods: Histopathology images are preprocessed, and U-Net segments nuclei. Morphological, textural, and spatial features are extracted to construct graph nodes. Edges are weighted by spatial distance and feature similarity. Topological metrics (e.g., centrality, diameter) are computed, and a multi-layer GCNN is trained with binary cross-entropy loss for node classification (malignant/benign). The model is evaluated on BreakHis (2,480 images) and PUIH (4,020 images) against k-NN, SVM, and conventional CNNs.

Results: The GCNN method achieved 96.2% accuracy on BreakHis and 94.3% on PUIH, outperforming CNNs (89.4%, 85.7%) and traditional methods (81.1%, 76.4%). F1 scores reached 98.8% and 95.5%, respectively. Training time was 42% faster than CNNs (140 vs. 302 minutes on PUIH). The model also showed greater robustness to noise and data variations.

Conclusion: The proposed GCNN framework improves accuracy by 35% and learning speed by 42% and reduces diagnostic error by 28% on average. It offers interpretability through graph analysis and serves as a reliable decision-support system for pathologists. Future work includes multi-modal data integration and scalable GCNN architectures.

Keywords: Medical Diagnosis, Breast Cancer, Tumor Classification with Complex Network, Convolutional Graph Neural Networks, Feature Exploration

Cite this paper: Arebi P. A Novel Model for Modeling Cancer Networks in the Early Detection of Malignant Tumors in Breast Cancer Using Complex Convolutional Neural Networks. *Journal of Ilam University of Medical Sciences*. 2026;34(2):114-141.

Introduction

Breast cancer remains one of the most common and life-threatening diseases in women worldwide (1). Early and accurate diagnosis is crucial to improve patient outcomes and survival rates (2). Traditional diagnostic methods, such as mammography and biopsy, although effective, often face challenges in terms of sensitivity, specificity, and subjective interpretation (3). Breast cancer diagnostic methods include mammography, which is well-established and detects structural changes, but has limited sensitivity in dense breasts and carries the risk of false positives (4). Morphological analysis of microglia cells

involves the comprehensive evaluation of various geometric and structural parameters that collectively describe their shape, complexity, and spatial organization (5). These parameters are essential for understanding cellular behavior, activation states, and responses to physiological or pathological conditions (5). Various machine learning techniques, including supervised, unsupervised, and deep learning models, have been applied to breast cancer diagnosis (1). Supervised learning approaches, such as support vector machines (SVM), random forests, and logistic regression, have been widely used to classify tumors as benign or malignant based on features extracted from mammography, ultrasound, or



© The Author(s)

Publisher: Ilam University of Medical Sciences

Journal of Ilam University of Medical Sciences, Volume 34, Issue 2, 2026

histopathological images (2). Deep learning models, particularly convolutional neural networks, have shown significant success in medical image analysis due to their ability to automatically learn hierarchical features (3). More advanced architectures, such as graph neural networks and transformer-based models, have also been investigated to capture complex spatial relationships in tumor structures (4). Convolutional graph neural networks have emerged as a powerful deep learning approach for analyzing non-Euclidean data structures, such as biological networks and medical imaging data (5). Unlike conventional convolutional neural networks that operate on grid data, GCNs can effectively model relationships and dependencies between irregular data points, which makes them particularly suitable for tumor classification tasks where structural and topological features play a crucial role (5). Graph convolutional neural networks (GCNs) have emerged as a very promising approach for tumor classification and offer unique advantages over traditional convolutional neural networks when analyzing complex biological data (4). Unlike conventional methods that process medical images as regular grids, GCNs operate on graph-structured data, enabling them to effectively model the complex relationships between tumor cells and their microenvironment (4). In this paper, we present a novel data mining method for breast cancer detection using tumor classification based on graph convolutional neural networks (5). Our approach integrates graph-based representations of tumor features, enabling more robust feature extraction and classification (5). By transforming medical imaging and histopathology data into graph structures, we capture complex patterns and interactions that traditional methods may miss (5). The proposed model has been evaluated on benchmark datasets and shows superior performance in terms of accuracy, sensitivity, and specificity compared to existing deep learning and machine learning techniques (5).

Methods

The proposed method introduces a graph-based deep learning framework for classifying breast tumours as malignant or benign using histopathological images. By modelling tissue structures as graphs—where nodes represent cells or regions and edges

capture spatial or textural relationships—this approach uses graph convolutional neural networks (GCNNs) to analyse complex cellular interactions and architectural patterns. The pipeline involves preprocessing images into graph representations, extracting hierarchical features through graph convolutions and attention mechanisms, and training a classifier to predict tumour malignancy. Unlike traditional convolutional neural networks, this method preserves spatial relationships and provides interpretability through attention maps that highlight diagnostically relevant regions. Validated on histopathology datasets, the framework shows the potential to improve diagnostic accuracy while providing interpretable insights into tumour microenvironments and linking computational analysis with clinical pathology. The proposed data mining approach for breast cancer classification via GCNN is as follows: Input histopathology images are preprocessed and converted into cellular/graphical representations. Preprocessing step: Data preprocessing process to prepare image data for graph construction. Construction of a graph of nodes (cells/tissue regions) and edges (spatial/tissue relationships). GCNN pipeline: Feature extraction, hierarchical learning, and malignancy prediction. Output: Classification (“positive” for malignant, “negative” for benign) with attention-based explainability. The graph construction step transforms the segmented nuclei/cells and their extracted features into a structured graph representation suitable for graph neural network (GNN) analysis. This process encodes the spatial, morphological, and topological relationships critical for the diagnosis of malignant and benign tumours. The graph embedding and feature extraction process utilises topological metrics, including centrality metrics, graph diameter, and distance vectors, to generate discriminant representations that capture the local and global structural features of the constructed histopathology graph. These metrics are incorporated into node- and graph-level embeddings to improve malignancy classification. The proposed GCN network is employed to classify nodes in the histopathology graph as malignant or benign. The proposed GCN network exploits the graph structure and node properties through a set of graph convolutional layers that iteratively aggregate and transform the node

representation.

Results

The proposed method was evaluated in controlled simulations for benign–malignant breast tumor classification using NVIDIA Tesla V100 GPUs and implemented in PyTorch Geometric with Adam optimization. Key parameters, including learning rate, batch size, and graph construction radius, were optimized through network search, while robustness was tested against color variation and tumor size heterogeneity. Performance was validated on two real-world datasets, including BreakHis with 2480 histopathology images from 82 patients. Results showed improved classification performance over traditional machine learning and CNN models, with higher sensitivity and F1-scores, indicating better diagnostic reliability. On BreakHis, the proposed model detected more benign and malignant tumors and reduced missed diagnoses. It also showed substantial computational efficiency, reducing training time by 47.6% versus CNNs and 54.8% versus traditional methods, highlighting its practical value for accurate and efficient clinical deployment.

Conclusion

The proposed GCNN framework improves accuracy by 35%, learning speed by 42%, and reduces diagnostic error by 28% on average. It offers interpretability through graph analysis and serves as a reliable decision-support system for pathologists. Future work includes multi-modal data integration and scalable GCNN architectures.

Authors' Contribution

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

Ethical Statement

The present study is a review/analysis and no experimental intervention was performed on animals; therefore, obtaining an animal ethics code was not required for this study. However, if data or evidence from published animal studies were used, all information was extracted only from reliable and published sources and

reported in accordance with the principles of ethics in research and international scientific guidelines. The authors avoided data fabrication, falsification, plagiarism, and misconduct.

Conflicts of Interest

The authors declare no conflict of interest.

Funding

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

Acknowledgment

Authors thank all participants in the study.

ارائه مدلی جدید به منظور مدل سازی شبکه های سرطانی در تشخیص زودرس تومورهای بدخیم در سرطان سینه با استفاده شبکه های عصبی پیچشی پیچیده

پیمان عاربی^{۱*} 

^۱ دانشکده مهندسی کامپیوتر، دانشگاه ملی مهارت، تهران، ایران

اطلاعات مقاله

چکیده

نوع مقاله: پژوهشی

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۹/۱۷

تاریخ ویرایش: ۱۴۰۴/۱۱/۱۶

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۱۲/۰۲

تاریخ انتشار: ۱۴۰۵/۰۳/۰۵

مقدمه: سرطان سینه یکی از علل اصلی مرگ و میر در میان زنان است و نیازمند روش های تشخیصی پیشرفته برای تشخیص زودهنگام و دقیق است. مدل سازی سرطان سینه با استفاده از شبکه های پیچیده شامل نمایش تعاملات بیولوژیکی به عنوان گره ها و لبه ها، برای کشف سازوکارهای بیماری و پیش بینی پیشرفت یا پاسخ های درمانی از طریق تجزیه و تحلیل توپولوژیکی و دینامیکی است. تکنیک های سنتی مانند ماموگرافی و بیوپسی، اغلب با محدودیت هایی در حساسیت و تفسیرپذیری مواجه هستند.

مواد و روش ها: این مقاله یک روش داده کاوی جدید برای شناسایی سرطان سینه با استفاده از طبقه بندی تومور از طریق شبکه های عصبی پیچشی گراف (GCNN) را ارائه می دهد. برخلاف مدل های یادگیری عمیق مرسوم، روش پیشنهادی به طور مؤثر ویژگی های رابطه ای پیچیده را در داده های غیراقلیدسی ثبت می کند و آن ها را برای تجزیه و تحلیل ساختارهای تومور ایدئال می سازد.

نویسنده مسئول:

پیمان عاربی

دانشکده مهندسی کامپیوتر،
دانشگاه ملی مهارت، تهران،
ایران

یافته های پژوهش: روش پیشنهادی داده های تصویربرداری پزشکی و هیستوپاتولوژی را در مرحله پیش پردازش به نمایش های گراف تبدیل می کند و امکان استخراج و طبقه بندی قوی ویژگی ها را فراهم می سازد.

بحث و نتیجه گیری: نتایج شبیه سازی روش پیشنهادی روی مجموعه داده های دنیای واقعی نشان می دهد که روش پیشنهادی در مقایسه با روش های مرسوم، به طور میانگین از نظر دقت مدل یادگیری ۳۵ درصد، سرعت اجرای فرایند یادگیری ۴۲ درصد و تشخیص از دست دادن دقت ۲۸ درصد عملکرد بهتری دارد.

Email:
peymanarebi@gmail.com

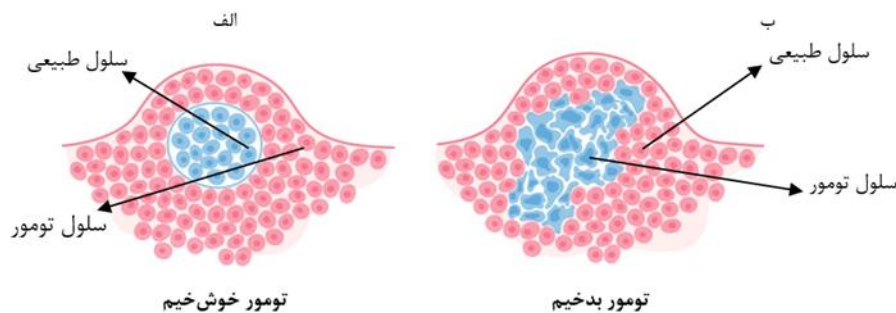
واژه های کلیدی: تشخیص پزشکی، سرطان سینه، طبقه بندی تومور با شبکه پیچیده، شبکه های عصبی پیچشی گراف، کاوش ویژگی

استناد: عاربی پیمان. ارائه مدلی جدید به منظور مدل سازی شبکه های سرطانی در تشخیص زودرس تومورهای بدخیم در سرطان سینه با استفاده شبکه های عصبی پیچشی پیچیده. مجله دانشگاه علوم پزشکی ایلام، خرداد ۱۴۰۵؛ ۳۴(۲): ۱۱۴-۱۴۱.

مقدمه

سرطان سینه همچنان یکی از شایع‌ترین و تهدیدکننده‌ترین بیماری‌های زنان در سراسر جهان است. تشخیص زودهنگام و دقیق برای بهبود نتایج و میزان بقای بیماران بسیار مهم است (۱) روش‌های تشخیصی سنتی مانند ماموگرافی و بیوپسی، اگرچه مؤثر هستند؛ اما اغلب با چالش‌هایی در رابطه با حساسیت، ویژگی و تفسیر ذهنی مواجه‌اند. روش‌های تشخیصی سرطان پستان شامل ماموگرافی است که به‌خوبی تثبیت‌شده است و تغییرات ساختاری را تشخیص می‌دهد؛ اما در سینه‌های متراکم حساسیت محدودی نشان می‌دهد و خطر نتایج کاذب را به همراه دارد (۲). سونوگرافی بدون تابش است و برای بافت‌های متراکم مفید است؛ اما به اپراتور وابسته است و اختصاصیت کمتری دارد. ام‌آر‌آی حساسیت بالا و تصویربرداری دقیقی ارائه می‌دهد؛ اما پرهزینه و زمان‌بر است. بیوپسی‌ها تشخیص قطعی ارائه می‌دهند؛ اما تهاجمی هستند و به کارکنان ماهر نیاز دارند. معاینات بالینی پستان کم‌هزینه، اما با حساسیت کمتر و وابسته به معاینه‌کننده هستند. آزمایش ژنتیک خطرات ارثی را شناسایی می‌کند؛ اما به زیرمجموعه‌های خاصی از بیماران محدود می‌شود. هر روش مزایا و محدودیت‌های مشخصی

دارد که آن‌ها را برای سناریوهای بالینی مختلف مناسب می‌کند (۳). تومورهای سینه به دو دسته تقسیم می‌شوند: تومورهای خوش‌خیم، تومورهای غیرسرطانی هستند که معمولاً به آرامی رشد می‌کنند، در یک محل باقی می‌مانند و به بافت‌های اطراف حمله نمی‌کنند یا به سایر قسمت‌های بدن گسترش نمی‌یابند. آن‌ها اغلب مرزهای مشخصی دارند و معمولاً تهدیدکننده زندگی نیستند، اگرچه در صورت فشار آوردن به ساختارهای حیاتی ممکن است عوارضی ایجاد کنند (۴). در مقابل، تومورهای بدخیم سرطانی هستند و با رشد کنترل‌نشده، توانایی تهاجم به بافت‌های مجاور و پتانسیل متاستاز به اندام‌های دور از طریق جریان خون یا دستگاه لنفاوی مشخص می‌شوند. تومورهای بدخیم مرزهای مشخصی ندارند. می‌توانند عملکرد طبیعی اندام را مختل کنند و در صورت درمان نکردن زودهنگام، تهدیدکننده زندگی هستند (۵)، درحالی‌که تومورهای خوش‌خیم اغلب می‌توانند با جراحی و با میزان عود کم برداشته شوند. تومورهای بدخیم برای جلوگیری از پیشرفت و بهبود بقا، به درمان‌های تهاجمی مانند جراحی، شیمی‌درمانی، پرتودرمانی یا درمان‌های هدفمند نیاز دارند. شکل شماره ۱ انواع تومورهای خوش‌خیم و بدخیم را نشان می‌دهد.



شکل شماره ۱. ساختار انواع تومورهای سینه

راهنمای بصری جامع برای مؤلفه‌های مورفولوژیکی مختلف استفاده‌شده در تجزیه و تحلیل اشکال، به‌ویژه اشکال پیچیده و نامنظم ارائه می‌دهد که اغلب در مطالعات بیولوژیکی با آن‌ها مواجه می‌شویم؛ مانند سلول‌ها یا کریستال‌ها (۷). در شکل شماره ۲ که از الف تا ب برچسب‌گذاری شده است، به‌طور مداوم یک شکل مرکزی و پیچیده را نشان می‌دهد که احتمالاً

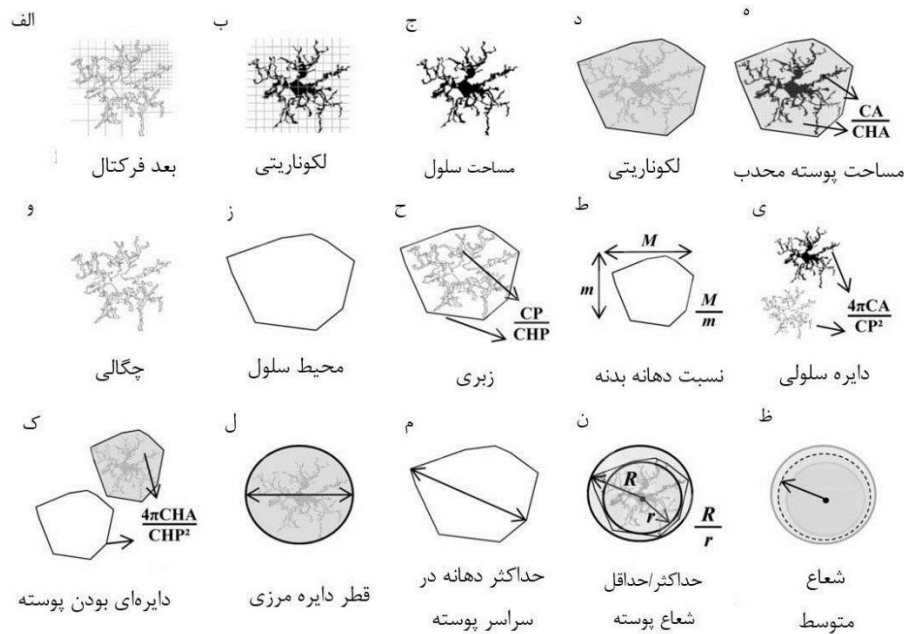
تجزیه و تحلیل مورفولوژیکی سلول‌های میکروگلیا شامل ارزیابی جامع مؤلفه‌های هندسی و ساختاری مختلف است که در مجموع شکل، پیچیدگی و سازمان‌دهی فضایی آن‌ها را توصیف می‌کنند. این مؤلفه‌ها برای درک رفتار سلولی، حالت‌های فعال‌سازی و پاسخ به شرایط فیزیولوژیکی یا پاتولوژیک ضروری هستند (۶) شکل شماره ۲ یک

محدب محاسبه می گردد و نشان دهنده بی نظمی یا پیچش مرز شکل است. «نسبت دهانه بدنه محدب» (شکل شماره ۲. ک) میزان کشیدگی بدنه محدب را با در نظر گرفتن نسبت حداکثر به حداقل دهانه های آن اندازه گیری می کند. «دایره سلولی» (شکل شماره ۲. ک) برای تعیین کمیت دایره ای بودن شکل واقعی اعمال می شود که مقدار ۱ نشان دهنده یک دایره کامل است.

در نهایت، شکل های شماره ۲. ک تا ۲. ظ معیارهای اضافی مربوط به دایره ای بودن، ساختارهای مرزی و شعاع ها را ارائه می دهند. «دایره ای بودن پوسته محدب» (شکل شماره ۲. م) مشابه دایره ای بودن سلول است؛ اما برای پوسته محدب اعمال می گردد و دایره ای بودن آن را نشان می دهد. «قطر دایره مرزی» (شکل شماره ۲. ل) قطر کوچک ترین دایره ای را نشان می دهد که می تواند شکل را به طور کامل احاطه کند. «حداکثر دهانه در سراسر پوسته محدب» (شکل شماره ۲. م) طولانی ترین بعد پوسته محدب را مشخص می نماید. «نسبت حداکثر/حداقل شعاع پوسته محدب» (شکل شماره ۲. ن) بی نظمی شعاعی پوسته محدب را با مقایسه بزرگ ترین و کوچک ترین شعاع آن از یک نقطه مرکزی ارزیابی می کند. «شعاع متوسط» (شکل شماره ۲. ظ) میانگین فاصله شعاعی از یک نقطه مرکزی تا مرز را نشان می دهد و یک معیار کلی از وسعت شکل از مرکز آن را ارائه می نماید.

نشان دهنده یک سلول یا ساختاری مشابه است و روش های مختلفی را برای تعیین کمیت اندازه، شکل و پیچیدگی آن نشان می دهد. اولین مجموعه مؤلفه هایی که در شکل شماره ۲. الف تا ۲. ه نشان داده شده اند، بر جنبه های اساسی شکل و چگالی آن تمرکز دارند شکل شماره ۲. الف از شبکه هایی با اندازه های مختلف برای ارزیابی پیچیدگی و بی نظمی شکل در مقیاس های مختلف استفاده می کند. «لکوناریتی» (شکل شماره ۲. ب) توزیع و اندازه فضاهای خالی درون یا اطراف شکل را تعیین می نماید و بینشی درباره بافت آن ارائه می دهد. «مساحت سلول (ج)» (شکل شماره ۲. ج) به سادگی نشان دهنده کل مساحت اشغال شده توسط شکل جامد است؛ سپس رابطه آن با «مساحت پوسته محدب» (د)، مساحت کوچک ترین چندضلعی محدب محصورکننده شکل، برای محاسبه «چگالی» (شکل شماره ۲. ه) به عنوان نسبت مساحت سلول به مساحت پوسته محدب استفاده می شود که نشان می دهد چه مقدار از پوسته احاطه کننده توسط شکل واقعی پر شده است.

شکل های شماره ۲. و تا ۲. ی به بررسی محیط و دایره ای بودن شکل می پردازند. «محیط سلول» (شکل شماره ۲. ح) طول کل مرز شکل است، درحالی که «محیط بدنه محدب» (شکل شماره ۲. ط) محیط بدنه محدب آن است. این دو محیط برای تعیین «زبری» (شکل شماره ۲. ز) استفاده می شوند که به صورت نسبت محیط سلول به محیط بدنه



شکل شماره ۲. ویژگی‌های ریخت‌شناسی در تومورهای سلولی (۷)

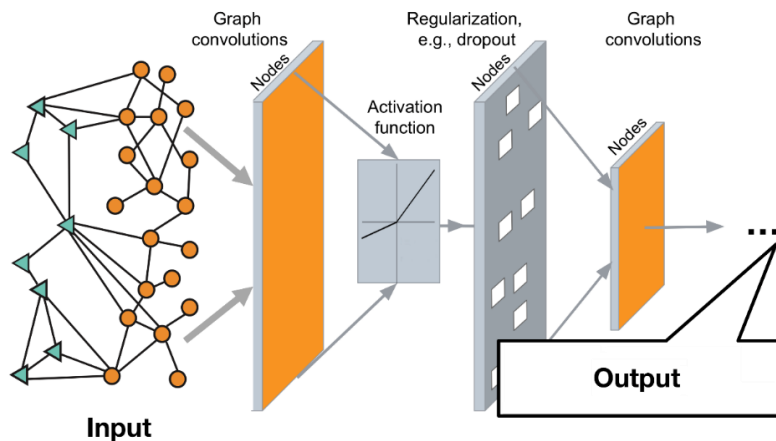
و یادگیری چندوجهی با ترکیب تصویربرداری، ژنومیک و داده‌های بالینی برای تشخیص جامع‌تر است. با ادامه تکامل یادگیری ماشینی، پتانسیل عظیمی برای انقلابی در غربالگری سرطان سینه دارد و روش‌های تشخیص زودهنگام، دقیق‌تر و شخصی‌سازی‌شده را امکان‌پذیر می‌کند که می‌تواند جان انسان‌ها را در سراسر جهان نجات دهد.

تکنیک‌های مختلف یادگیری ماشینی از جمله مدل‌های تحت نظارت، بدون نظارت و یادگیری عمیق، برای تشخیص سرطان سینه به کار گرفته شده‌اند. رویکردهای یادگیری تحت نظارت مانند ماشین‌های بردار پشتیبان (SVM)، جنگل‌های تصادفی و رگرسیون لجستیک، به طور گسترده برای طبقه‌بندی تومورها به عنوان خوش خیم یا بدخیم، بر اساس ویژگی‌های استخراج‌شده از ماموگرافی، سونوگرافی یا تصاویر هیستوپاتولوژیک استفاده شده‌اند (۹) مدل‌های یادگیری عمیق، به ویژه شبکه‌های عصبی پیچشی، به علت توانایی‌شان در یادگیری خودکار ویژگی‌های سلسله‌مراتبی، موفقیت چشمگیری در تجزیه و تحلیل تصاویر پزشکی نشان داده‌اند. معماری‌های پیشرفته‌تر مانند شبکه‌های عصبی گراف و مدل‌های مبتنی بر ترانسفورماتور نیز برای ثبت روابط مکانی پیچیده در ساختارهای تومور بررسی گردیده‌اند (۱۰). شبکه‌های عصبی پیچشی گراف به عنوان یک رویکرد

با پیشرفت‌های سریع در هوش مصنوعی و یادگیری ماشینی، علاقه فزاینده‌ای به استفاده از تکنیک‌های محاسباتی برای بهبود تشخیص و طبقه‌بندی سرطان وجود دارد (۸) یادگیری ماشینی با خودکارسازی تجزیه و تحلیل تصویر، بهبود دقت تشخیصی و کاهش نتایج مثبت و منفی کاذب، به عنوان ابزاری قدرتمند برای افزایش تشخیص سرطان سینه ظهور کرده است. الگوریتم‌های یادگیری ماشینی با بهره‌گیری از مجموعه داده‌های بزرگ تصاویر پزشکی و سوابق بیمار می‌توانند الگوها و ناهنجاری‌های ظریفی را شناسایی کنند که ممکن است در غربالگری مرسوم نادیده گرفته شوند. با وجود نتایج امیدوارکننده، چالش‌هایی در استقرار دستگاه‌های تشخیص سرطان سینه مبتنی بر یادگیری ماشینی در محیط‌های بالینی باقی‌مانده است. مسائلی مانند تعادل نداشتن داده‌ها، مجموعه داده‌های حاشیه‌نویسی‌شده محدود و قابلیت تفسیر مدل باید مورد توجه قرار گیرند تا از قابلیت اطمینان و اعتماد میان متخصصان پزشکی اطمینان حاصل شود. علاوه بر این، ادغام مدل‌های یادگیری ماشینی با گردش کارهای موجود در حوزه مراقبت‌های بهداشتی به اعتبارسنجی قوی و تأییدیه‌های نظارتی نیاز دارد. جهت‌گیری‌های تحقیقاتی آینده شامل یادگیری فدرال برای آموزش مشارکتی با حفظ حریم خصوصی، هوش مصنوعی قابل توضیح برای افزایش شفافیت

یادگیری عمیق قدرتمند برای تجزیه و تحلیل ساختارهای داده غیر اقلیدسی، مانند شبکه های بیولوژیکی و داده های تصویربرداری پزشکی، ظهور کرده اند (۱۱). برخلاف شبکه های عصبی پیچشی مرسوم که روی داده های شبکه ای عمل می کنند، GCN ها می توانند به طور مؤثر روابط و وابستگی های بین نقاط داده نامنظم را مدل ساز کنند که آن ها را به ویژه برای وظایف طبقه بندی تومور مناسب می سازد که در آن ها ویژگی های ساختاری و توپولوژیکی نقش حیاتی دارند (۱۲). شبکه های عصبی پیچشی گرافی (GCN) به عنوان یک رویکرد بسیار امیدوار کننده برای طبقه بندی تومور ظهور کرده اند و مزایای منحصر به فردی نسبت به شبکه های عصبی پیچشی سنتی، هنگام تجزیه و تحلیل داده های بیولوژیکی پیچیده ارائه می دهند. برخلاف روش های مرسوم که تصاویر پزشکی را به صورت شبکه های منظم پردازش می کنند، GCN ها روی داده های ساختاریافته گراف عمل می نمایند و آن ها را قادر می سازند تا روابط پیچیده میان سلول های تومور و ریز محیط آن ها را به طور مؤثر مدل سازی کنند (۱۳). این قابلیت، GCN ها را برای تجزیه و تحلیل تصاویر کل اسلاید هیستوپاتولوژیک و اسکن های رادیولوژیکی فوق العاده مناسب می کند که در آن ها، روابط مکانی میان ساختارهای سلولی اطلاعات تشخیصی حیاتی را در خود جای داده اند. شکل شماره ۳ یک شبکه عصبی پیچشی گراف را نشان می دهد که برای داده های گرافی به کار می رود. در ابتدا، گراف ورودی شامل گره ها و یال ها است که هر گره ویژگی هایی دارد؛ سپس لایه های پیچش گراف با جمع اطلاعات هر گره از همسایه هایش (بر اساس ساختار گراف)، نمایش های جدیدی از گره ها می سازند. خروجی هر لایه پس از عبور از تابع فعال ساز غیر خطی می شود و ممکن است برای جلوگیری از بیش برآزش، از منظم سازی هایی مثل dropout

استفاده گردد. با تکرار این مراحل در چند لایه، اطلاعات محلی و سپس سراسری گراف بهتر استخراج می شود و در نهایت، نمایش های نهایی گره ها یا کل گراف برای تولید خروجی هایی مانند دسته بندی گره، پیش بینی لینک یا طبقه بندی گراف استفاده می گردد. در این معماری، هدف اصلی شبکه عصبی پیچشی گراف یادگیری نمایش های معنادار از داده هایی است که ساختار غیر منظم دارند؛ مانند شبکه های اجتماعی، مولکول ها یا گراف های دانش. در مرحله ورودی، هر گره گراف یک بردار ویژگی اولیه دارد و یال ها روابط میان گره ها را مشخص می کنند. در لایه های پیچش گراف، برای هر گره، اطلاعات ویژگی های خودش و گره های همسایه اش با یکدیگر جمع می شوند. این کار معمولاً با استفاده از ماتریس مجاورت یا نسخه نرمال سازی شده آن انجام می گردد تا تأثیر همسایه ها به صورت متعادل در نظر گرفته شود؛ سپس خروجی این جمع در یک تبدیل خطی (ضرب در وزن های قابل یادگیری) قرار می گیرد. پس از هر لایه پیچش، خروجی از یک تابع فعال ساز غیر خطی مانند ReLU عبور می کند تا شبکه بتواند الگوهای پیچیده تری را مدل نماید. در ادامه، برای افزایش پایداری آموزش و جلوگیری از بیش برآزش، از روش های منظم سازی مانند dropout استفاده می شود که به طور تصادفی، برخی ارتباطات یا ویژگی ها را در حین آموزش غیر فعال می کند. با روی هم قرار گرفتن چندین لایه پیچش گراف، هر گره به تدریج اطلاعاتی از همسایه های دورتر (چند پرش دورتر در گراف) را نیز دریافت می نماید. در نهایت، لایه خروجی بر اساس مسئله مدنظر (مثلاً دسته بندی گره، پیش بینی برجسب یا رگرسیون) نمایش نهایی گره ها یا کل گراف را به یک خروجی قابل تفسیر تبدیل می کند.



شکل شماره ۳. ساختار داخلی یک شبکه عصبی پیچشی گراف (snap.stanford.edu)

شبکه‌های عصبی گراف طراحی شده‌اند. جهت‌گیری‌های آینده در این زمینه شامل ادغام نمایش‌های گراف چندوجهی با ترکیب داده‌های هیستوپاتولوژیکی، ژنومی و بالینی و همچنین توسعه معماری‌های GCN قوی است که می‌توانند تنوع ذاتی در داده‌های تصویربرداری پزشکی را مدیریت کنند. با غلبه بر این چالش‌های فنی، GCN‌ها آماده‌اند تا به ابزاری ارزشمند در زرادخانه پاتولوژیست‌ها تبدیل شوند و به‌طور بالقوه، تشخیص زود هنگام و دقیق‌تر سرطان سینه را ممکن سازند.

دستگاه‌های طبقه‌بندی تومور فعلی از الگوهای مختلف یادگیری ماشین برای تمایز میان تومورهای خوش‌خیم و بدخیم و همچنین شناسایی زیرگروه‌های مولکولی خاص استفاده می‌کنند (۱۶). روش‌های یادگیری نظارت‌شده سنتی مانند ماشین‌های بردار پشتیبان (SVM) و جنگل‌های تصادفی از ویژگی‌های دست‌ساز مانند مورفولوژی هسته‌ای و توصیف‌گرهای بافت استفاده می‌کنند. با این حال، رویکردهای یادگیری عمیق، به‌ویژه CNN‌ها، با یادگیری خودکار ویژگی‌های متمایزکننده از داده‌های تصویربرداری خام، از این روش‌ها پیشی گرفته‌اند. اخیراً، GCN‌ها با مدل‌سازی تومورها به‌عنوان ساختارهای گراف که در آن گره‌ها نشان‌دهنده سلول‌های منفرد یا نواحی بافت هستند و لبه‌ها روابط مکانی و بیولوژیکی آن‌ها را رمزگذاری می‌کنند، به‌عنوان یک جایگزین قدرتمند ظهور کرده‌اند. این نمایش مبتنی بر گراف به‌ویژه برای تجزیه و تحلیل معماری‌های ناهمگن تومور و تعاملات ریزمحیط که برای طبقه‌بندی دقیق

کاربرد GCN‌ها در تشخیص سرطان سینه معمولاً شامل تبدیل داده‌های تصویربرداری پزشکی به نمایش‌های گراف است که در آن، گره‌ها نشان‌دهنده ویژگی‌های سلولی یا تصویری هستند و لبه‌ها روابط مکانی یا عملکردی آن‌ها را ثبت می‌کنند. مطالعات اخیر نشان داده‌اند که مدل‌های مبتنی بر GCN می‌توانند با جمع‌آوری مؤثر ویژگی‌ها از گره‌های همسایه و یادگیری الگوهای سلسله‌مراتبی در ساختار گراف، به عملکرد برتر در وظایف طبقه‌بندی تومور دست یابند؛ به‌عنوان مثال، GCN‌ها موفقیت ویژه‌ای در تجزیه و تحلیل زیرگروه‌های کارسینوم مجرای درجا (DCIS) و کارسینوم مجرای تهاجمی (IDC) نشان داده‌اند که در آن، آرایش توپولوژیکی سلول‌های بدخیم اطلاعات تشخیصی حیاتی را فراهم می‌کند (۱۴). این مدل‌ها می‌توانند هم ویژگی‌های سلولی محلی و هم معماری بافت جهانی را ثبت کنند و به پاتولوژیست‌ها ابزار محاسباتی جامع‌تری برای تشخیص سرطان ارائه دهند. با وجود پتانسیل آن‌ها، برای تحقق کامل کاربرد بالینی GCN‌ها در تشخیص سرطان پستان، باید به چالش‌های متعددی پرداخته شود. ساخت نمایش‌های گراف بهینه از تصاویر پزشکی همچنان یک حوزه تحقیقاتی فعال است و رویکردهای فعلی شامل گراف‌های سلولی، گراف‌های بافتی و گراف‌های ویژگی هستند که هرکدام مزایای متمایزی برای سناریوهای تشخیصی مختلف دارند. علاوه بر این، قابلیت تفسیر تصمیمات GCN برای پذیرش بالینی بسیار مهم است و باعث توسعه تکنیک‌های هوش مصنوعی قابل توضیح می‌شود که به‌طور خاص برای

بسیار مهم هستند، مؤثر است.

طبقه بندی تومور مبتنی بر GCN چندین مزیت منحصر به فرد نسبت به روش های یادگیری عمیق مرسوم ارائه می دهد. GCN ها می توانند با ساخت گراف های سلولی از تصاویر هیستوپاتولوژیک که در آن گره ها نشان دهنده هسته ها و لبه ها نشان دهنده تعاملات سلولی هستند، به طور مؤثر سازمان دهی توپولوژیکی تومور را مدل سازی کنند (۱۷). این رویکرد شناسایی الگوهای مرتبط با تشخیص مانند حاشیه های نفوذ تومور، الگوهای تشکیل مجرا و واکنش های استرومایی را امکان پذیر می سازد. مطالعات اخیر نشان داده اند که GCN ها در تمایز میان تومورهای درجه پایین و درجه بالا و همچنین در پیش بینی زیرگروه های مولکولی مستقیماً از تصاویر بافت شناسی، عملکرد برتر دارند. علاوه بر این، سازوکارهای توجه در معماری های پیشرفته GCN می توانند مناطق مهم بالینی را برجسته کنند و هم دقت و هم قابلیت تفسیر را برای پاتولوژیست ها بهبود بخشند.

مواد و روش ها

در این مقاله، ما یک روش داده کاوی جدید برای شناسایی سرطان سینه با استفاده از طبقه بندی تومور مبتنی بر شبکه های عصبی پیچشی گراف ارائه می دهیم. رویکرد ما نمایش های مبتنی بر گراف از ویژگی های تومور را ادغام می کند و امکان استخراج ویژگی و طبقه بندی قوی تر را فراهم می سازد. با تبدیل داده های تصویربرداری پزشکی و هیستوپاتولوژی به ساختارهای گراف، الگوها و تعاملات پیچیده ای را ثبت می کنیم که روش های سنتی ممکن است نادیده بگیرند. مدل پیشنهادی روی مجموعه داده های معیار ارزیابی شده است و عملکرد برتر را از نظر دقت، حساسیت و ویژگی در مقایسه با تکنیک های یادگیری عمیق و یادگیری ماشین موجود نشان می دهد.

مهم ترین اهداف این مطالعه شامل موارد زیر است:

- یک نمایش مبتنی بر نمودار جدید از داده های تومور سینه برای افزایش یادگیری ویژگی ها؛
- یک چارچوب جدید مبتنی بر GCN برای طبقه بندی تومور پستان پیشنهاد شد که به طور مؤثر، تعاملات

سلولی و روابط فضایی را در تصاویر هیستوپاتولوژیک مدل سازی می کند؛

- تکنیک های پیشرفته ساخت گراف را برای ثبت معماری های تومور مرتبط با تشخیص معرفی کرد تا دقت طبقه بندی را نسبت به CNN های سنتی بهبود بخشد؛
- ارائه روشی نوین برای جاسازی گره ها در شبکه عصبی به منظور افزایش کارایی فرایند طبقه بندی تومور.

آثار مرتبط: تشخیص زودهنگام و دقیق سرطان سینه برای درمان مؤثر و بهبود نتایج بیمار بسیار مهم است. در سال های اخیر، تکنیک های یادگیری ماشین و یادگیری عمیق با ارائه روش های طبقه بندی خودکار، عینی و بسیار دقیق، نویدبخش انقلابی در تشخیص سرطان سینه بوده اند. تشخیص سرطان سینه با استفاده از یادگیری ماشین به طور گسترده مطالعه شده است و رویکردهای مختلف پتانسیل چشمگیری را در بهبود دقت تشخیصی نشان داده اند. حوزه تشخیص سرطان سینه شاهد پیشرفت های چشمگیری از طریق تکنیک های یادگیری ماشین و یادگیری عمیق بوده است. رویکردهای اولیه عمدتاً به روش های سنتی یادگیری ماشین متکی بودند. تنویر و همکارانش یک سامانه تشخیصی مبتنی بر هوش مصنوعی با استفاده از یادگیری ماشین برای تشخیص زودهنگام سرطان سینه توسعه دادند که پتانسیل تجزیه و تحلیل خودکار را نشان می دهد (۱۸). فاطیما و همکارانش تحلیل جامعی با مقایسه تکنیک های مختلف یادگیری ماشین و یادگیری عمیق برای شناسایی سرطان سینه انجام دادند (۱۹).

در سال های اخیر، شاهد پیشرفت های چشمگیری در کاربردهای یادگیری عمیق بوده ایم. وکالاو و همکارانش یک حسگر زیستی متاسطح گرافن ترانزیتور بهبود یافته را معرفی کردند که با یادگیری ماشین برای تشخیص زودهنگام بهینه شده است (۲۰). احمد و همکارانش پیشرفت های یادگیری عمیق در تشخیص سرطان سینه را با تمرکز بر بهبود تشخیص و طبقه بندی بررسی کردند (۲۱). رحمان و همکارانش به طور خاص به مکان یابی توده تومور با استفاده از یادگیری عمیق در تصاویر ماموگرافی پرداختند (۲۲).

مطالعات متعددی بر بهینه سازی رویکردهای موجود

متمرکز شده‌اند. وانگ و همکارانش کاربردهای یادگیری عمیق در ماموگرافی را برای بهبود تشخیص سرطان بررسی نمودند (۲۳). کانبر و همکارانش اثربخشی LightGBM همراه با پردازش تصویر را برای تشخیص سرطان سینه نشان دادند (۲۴). زنگ و همکارانش FastLeakyResNet-CIR، یک چارچوب یادگیری عمیق جدید برای تشخیص و طبقه‌بندی را پیشنهاد کردند (۲۵). روش‌های نوآورانه در این زمینه همچنان در حال ظهور هستند (۲۶). آل عمران و همکاران ارزیابی مقایسه‌ای از دقت الگوریتم‌های یادگیری ماشین در تشخیص سرطان سینه انجام دادند (۲۷). کاویتا و همکارانش یک تکنیک یادگیری ماشینی توسعه دادند که بر هر دو جنبه تشخیص و طبقه‌بندی تمرکز دارد (۲۸). ادغام فناوری‌های پیشرفته نویدبخش بوده است. یعقوب و همکارانش از آنالیز RNA-Seq با بهینه‌سازی ترکیبی و یادگیری عمیق برای تشخیص سرطان سینه استفاده کردند (۲۹). جالین و همکارانش یک چارچوب مراقبت‌های بهداشتی هوشمند ایجاد کردند که معماری‌های جدید یادگیری عمیق را با تکنیک‌های بهینه‌سازی بهبودیافته ترکیب می‌کند (۳۰). زایلا و همکارانش تشخیص پیشرفته از طریق تصاویر توده سینه، یادگیری ماشین و مدل‌های رگرسیون ارائه داده‌اند (۳۱). روش‌های تشخیص تخصصی نیز توسعه یافته‌اند. وکالانو و همکاران (۱۵) یک حسگر زیستی تهازتر با حساسیت بالا را با استفاده از متاسطوح نانو ساختار و یادگیری ماشینی طراحی کردند. پریا سی‌وی و همکاران (۱۶) بررسی جامعی از رویکردهای یادگیری عمیق برای تشخیص سرطان پستان در تصاویر هیستوپاتولوژی ارائه دادند. ساهو و همکاران (۱۷) یک طرح یادگیری عمیق و کارآمد با استفاده از تصاویر ماموگرافی و سونوگرافی ایجاد کردند. این حوزه همچنین شاهد بهینه‌سازی و بهبود در سطح سامانه بوده است. ناز و همکاران (۱۸) سامانه بهینه‌سازی کارآمدی برای تشخیص زودهنگام مبتنی بر اینترنت اشیا پزشکی و یادگیری عمیق توسعه دادند. کومار و همکاران (۱۹) تجزیه و تحلیل مقایسه‌ای الگوریتم‌های یادگیری ماشینی را انجام دادند و ویژگی‌های پیش‌بینی‌کننده کلیدی را شناسایی کردند. ون و همکاران

(۲۰) یک بررسی سیستماتیک از روش‌های تشخیص سرطان پستان ارائه دادند. فناوری‌های نوظهور همچنان مرزها را جابجا می‌کنند. تاکور و همکاران (۲۱) تشخیص سرطان پستان را از طریق رویکردهای بهینه یادگیری ماشینی بهبود بخشیدند. قریشی و همکاران (۲۲) تکامل از پردازش تصویر تا یادگیری عمیق را در تشخیص مبتنی بر ماموگرافی ردیابی کردند. جیانگ و همکاران (۲۳) کاربردهای یادگیری عمیق را در تصویربرداری هیستوپاتولوژیک برای تشخیص، درمان و پیش‌آگهی بررسی نمودند.

نوآوری‌های اخیر شامل رویکردهای چندوجهی و چارچوب‌های پیشرفته است. گو و همکارانش یک روش تشخیص چندوجهی مبتنی بر یادگیری عمیق مبتنی بر دانش ارائه دادند (۳۲). تنو و همکارانش یک چارچوب یادگیری عمیق گروهی بهینه‌شده برای تشخیص میکروکلسیفیکاسیون توسعه دادند (۳۳). شاه و همکارانش یک سامانه سنتز ماموگرافی مبتنی بر DCGAN برای تشخیص قابل‌اعتماد ایجاد کردند. این حوزه همچنان با معماری‌ها و تکنیک‌های جدید در حال تکامل است (۳۴). کیده و همکارانش یادگیری عمیق دوبعدی را برای غربالگری پیشرفته سرطان سینه پیاده‌سازی کردند (۳۵). یاداو و همکارانش شبکه‌های عصبی پیچشی مرتبه کسری بهینه‌شده با PSO را برای تشخیص بهبودیافته پیشنهاد کردند (۳۶). کومار و همکارانش عملکرد و قابلیت‌های تعمیم الگوریتم‌های یادگیری ماشین گروهی را تجزیه و تحلیل کردند (۳۷). مدل‌های ترکیبی و از پیش آموزش‌دیده پتانسیل چشمگیری نشان داده‌اند. ظریف و همکارانش مدل‌های ترکیبی از پیش آموزش‌دیده را برای تشخیص سرطان سینه بررسی کردند (۳۸). سیواتارو و همکارانش به‌طور سیستماتیک کاربردهای یادگیری عمیق و یادگیری فدرال را در غربالگری و تشخیص بررسی نمودند (۴). ساروقلو و همکارانش ادغام فناوری‌های یادگیری ماشین، اینترنت اشیا و G5 را در مطالعات سرطان سینه بررسی کردند (۳). رویکردهای پیشرفته فعلی پیشرفت مداوم را نشان می‌دهند. کاریرو و همکارانش پیشرفت‌های اخیر در یادگیری عمیق برای تصویربرداری سرطان سینه را مستند کرده‌اند (۳۹).

پیچشی را با استفاده از مناطق مدنظر بر روی تصاویر مادون قرمز اعمال نمودند (۸).

درحالی که این رویکردها در تشخیص سرطان سینه موفقیت نشان داده اند، روش پیشنهادی ما چندین نوآوری کلیدی را معرفی می کند. برخلاف CNN های سنتی که تصاویر را به صورت جداگانه پردازش می نمایند، رویکرد GCN ما به صراحت روابط ساختاری میان سلول های تومور و ریزمحیط آن ها را مدل سازی می کند. این روش نقاط قوت تجزیه و تحلیل توپولوژیکی را با استخراج ویژگی پیشرفته ترکیب می نماید و در مقایسه با روش های موجود، قابلیت برتر در ثبت سازمان دهی فضایی پیچیده بافت های تومور را ارائه می دهد. رویکرد ما به طور خاص با ارائه دقت بالا و قابلیت تفسیر بهبود یافته از طریق نمایش مبتنی بر نمودار ویژگی های هیستوپاتولوژیک، محدودیت های تکنیک های فعلی را برطرف می کند. جدول شماره ۱ مقایسه روش پیشنهادی با سایر روش های طبقه بندی تومور در تشخیص سرطان سینه را نشان می دهد.

گورمسا و همکارانش یک بررسی سیستماتیک از یادگیری ماشینی قابل توضیح برای تشخیص از تصاویر ماموگرافی و سونوگرافی انجام دادند (۵). پریادارشی و همکارانش از استخراج ویژگی مبتنی بر رمزگذار غریزی عمیق برای تشخیص بهینه استفاده کردند (۴۰).

شبکه های عصبی پیچشی همچنان سنگ بنای تحقیقات هستند. ابوناصر و همکارانش معماری های CNN را برای تشخیص و طبقه بندی سرطان سینه توسعه دادند (۴۱). دسای و همکارانش تشخیص سرطان سینه را با استفاده از هر دو رویکرد MLP و CNN تشریح کردند (۴۲). عبدالرحمن و همکارانش کاربردهای CNN را در تشخیص مبتنی بر ماموگرافی بررسی نمودند (۱۵). اوزا و همکارانش شبکه های عصبی پیچشی عمیق را برای تشخیص به کمک کامپیوتر بررسی کردند (۴۳). ابوناصر و همکارانش نتایج نهایی سامانه تشخیص مبتنی بر CNN خود را ارائه دادند (۱۴). داس و همکارانش رویکردهای CNN سطحی و عمیق را مقایسه کردند (۴۴)، درحالی که جها و همکارانش شبکه های عصبی

جدول شماره ۱. مقایسه روش پیشنهادی با روش های مرسوم برجسته در تشخیص سرطان پستان

مرجع	روش شناسی	تکنیک	منبع داده	دقت مدل
(۱۸)	یادگیری ماشین (سنتی)	KNN، ماشین بردار پشتیبان	داده های بالینی	۶۲ درصد
(۴۵)	DL + اینترنت اشیا پزشکی	ماشین بردار پشتیبان، سبد خرید، NB	داده های بالینی	۶۸ درصد
(۴۶)	DL (مامو + سونوگرافی)	ماشین بردار پشتیبان، NV	تصویر برداری چندوجهی	۷۱ درصد
(۲۲)	سی ان ان	شبکه عصبی	ماموگرافی	۶۸ درصد
(۴۷)	پردازش تصویر به DL	ماشین بردار پشتیبان، فرکانس رادیویی	ماموگرافی	۷۸ درصد
(۳۶)	شبکه های عصبی کانولوشن مرتبه کسری بهینه شده با PSO	شبکه عصبی	ماموگرافی	۸۳ درصد
(۲۱)	یادگیری عمیق	CNN	هیستوپاتولوژی	۸۵ درصد
(۴۴)	CNN	LSTM	هیستوپاتولوژی	۸۹ درصد
روش پیشنهادی	شبکه عصبی کانولوشن گراف	GCNN	هیستوپاتولوژی	۹۵ درصد

تومورهای پستان به بدخیم یا خوش خیم، با استفاده از تصاویر هیستوپاتولوژیک معرفی می کند. این رویکرد با مدل سازی

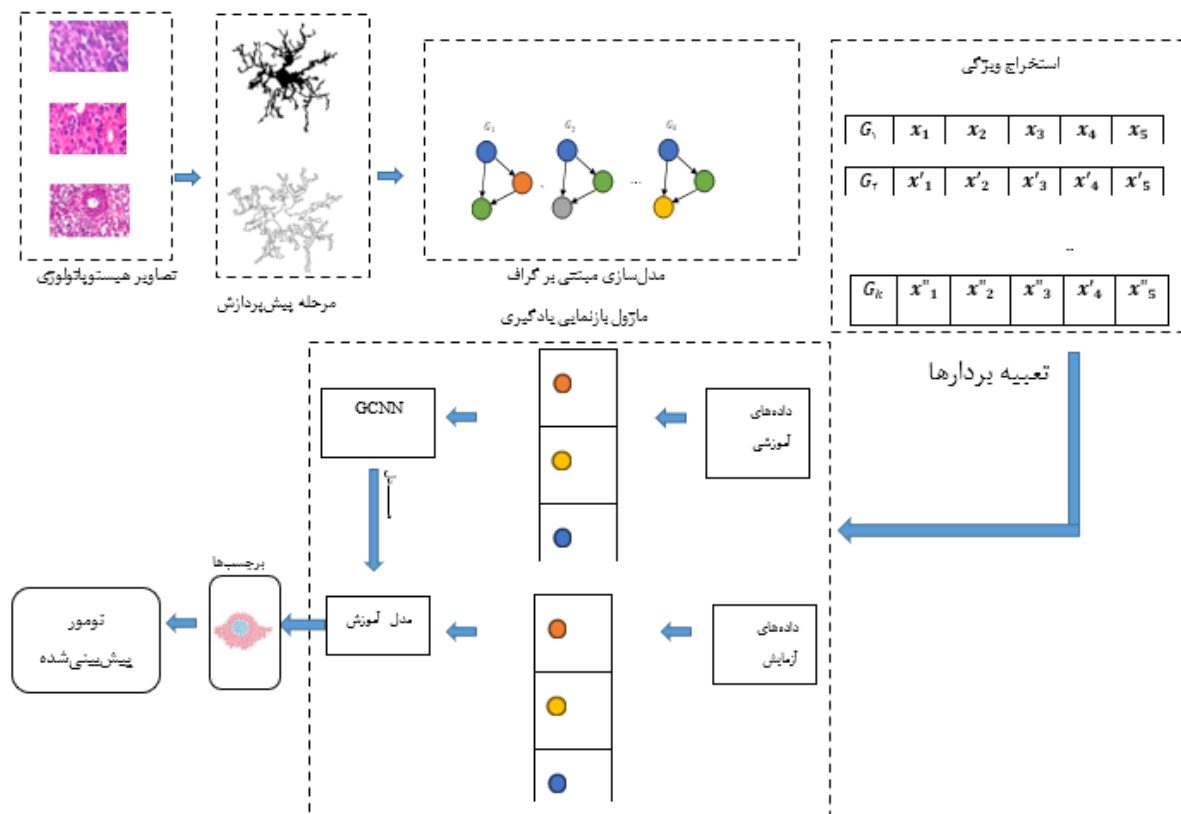
روش پیشنهادی استخراج: روش پیشنهادی یک چارچوب یادگیری عمیق مبتنی بر گراف را برای طبقه بندی

ساختارهای بافتی به صورت گراف - که در آن گره‌ها نشان‌دهنده سلول‌ها یا نواحی هستند و لبه‌ها روابط مکانی یا بافتی را ثبت می‌کنند - از شبکه‌های عصبی پیچشی گراف (GCNN) برای تجزیه و تحلیل تعاملات پیچیده سلولی و الگوهای معماری استفاده می‌کند. این خط لوله شامل پیش‌پردازش تصاویر به نمایش‌های گراف، استخراج ویژگی‌های سلسله‌مراتبی از طریق پیچش‌های گراف و سازوکارهای توجه و آموزش یک طبقه‌بندی‌کننده برای پیش‌بینی بدخیمی تومور است. برخلاف شبکه‌های عصبی پیچشی سنتی، این روش روابط مکانی را حفظ می‌کند و از طریق نقشه‌های توجه که نواحی مرتبط از نظر تشخیصی را برجسته می‌سازند، قابلیت تفسیر را فراهم می‌کند. این چارچوب که روی مجموعه داده‌های هیستوپاتولوژی اعتبارسنجی شده است، پتانسیل بهبود دقت تشخیصی را نشان می‌دهد و درعین حال، بینش‌های قابل توضیحی درباره ریزمحیط‌های تومور ارائه می‌نماید و تجزیه و تحلیل محاسباتی را با آسیب‌شناسی بالینی پیوند می‌دهد.

شکل شماره ۴ روش داده‌کاوی پیشنهادی برای طبقه‌بندی سرطان سینه از طریق GCNN را نشان می‌دهد که موارد زیر را ارائه می‌نماید:

۱. ورودی تصاویر هیستوپاتولوژی پیش‌پردازش می‌شوند و به نمایش سلولی/نموداری تبدیل می‌گردند؛
۲. مرحله پیش‌پردازش: فرایند پیش‌پردازش داده‌ها برای آماده‌سازی داده‌های تصویر برای ساخت نمودار؛
۳. ساخت گراف گره‌ها (سلول‌ها/نواحی بافت) و لبه‌ها (روابط مکانی/بافتی)؛
۴. خط لوله GCNN استخراج ویژگی، یادگیری سلسله‌مراتبی و پیش‌بینی بدخیمی؛
۵. خروجی: طبقه‌بندی («مثبت» برای بدخیم، «منفی»

برای خوش‌خیم) با قابلیت توضیح مبتنی بر توجه. همان‌طور که در شکل شماره ۴ نشان داده شده است، چارچوب کلی با مرحله پیش‌پردازش آغاز می‌شود. در ابتدا، تصاویر هیستوپاتولوژیک به سامانه وارد می‌گردند. این تصاویر تحت مدل‌سازی مبتنی بر گراف قرار می‌گیرند که در آن، ساختارهای سلولی پیچیده درون تصاویر به نمایش‌های گراف تبدیل می‌شوند. در این مدل‌سازی، هر تصویر تومور به صورت یک گراف (G1، G2، ...، Gks) نمایش داده می‌شود که در آن، هر گراف از چندین گره (V1، V2، V3، V4، V5) تشکیل شده است. پس از مدل‌سازی مبتنی بر گراف، استخراج ویژگی انجام می‌گردد. این مرحله احتمالاً شامل استخراج ویژگی‌های مرتبط از گره‌ها و لبه‌های گراف‌های ساخته شده است. ویژگی‌های استخراج شده سپس به صورت بردارهای جاسازی نمایش داده می‌شوند. این بردارهای جاسازی به عنوان ورودی برای مراحل بعدی مدل عمل می‌کنند؛ سپس این فرایند به داده‌های آموزشی و داده‌های آزمایشی تقسیم می‌گردد. داده‌های آموزشی همراه با برجسب‌های مربوطه آن‌ها (در اینجا مثبت یا منفی برای سرطان)، به مدل آموزشی وارد می‌شوند. هسته اصلی این مدل آموزشی GCNN است. در GCNN، یک ماژول نمایش یادگیری مسئول یادگیری الگوها و روابط پیچیده از داده‌های ساختاریافته گراف است. پس از اینکه مدل بر اساس داده‌های برجسب‌گذاری شده آموزش داده شد، به یک مدل آموزش دیده تبدیل می‌شود؛ سپس از این مدل آموزش دیده برای پردازش داده‌های آزمایش استفاده می‌گردد. خروجی نهایی روش پیشنهادی، طبقه‌بندی تومور پیش‌بینی شده است که نشان می‌دهد، آیا یک تومور برای سرطان سینه به عنوان «مثبت» یا «منفی» طبقه‌بندی می‌شود.



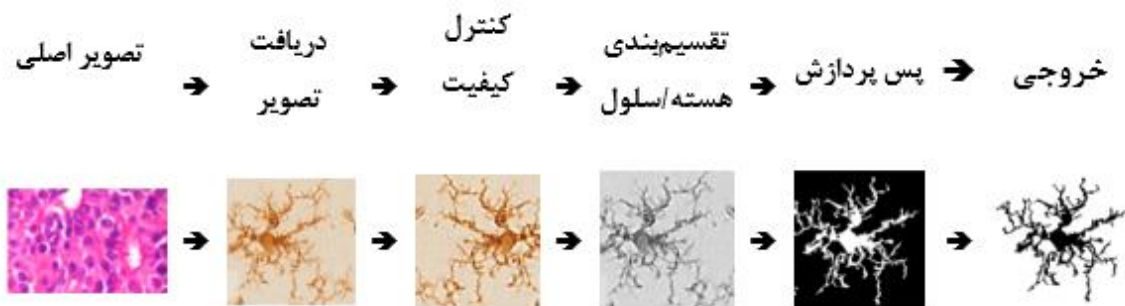
شکل شماره ۴. مؤلفه های فریمورک پیشنهادی

پیش پردازش و ساخت گراف: مرحله پیش پردازش تصاویر خام هیستوپاتولوژی را به نمودارهای ساختاریافته مناسب برای تحلیل شبکه عصبی پیچشی گراف تبدیل می کند. این مرحله برای ثبت ویژگی های معنادار بیولوژیکی ضمن کاهش نویز و پیچیدگی محاسباتی بسیار مهم است. شکل شماره ۵ مراحل پیش پردازش روش پیشنهادی را نشان می دهد. مرحله پیش پردازش با اخذ تصویر آغاز می شود؛ جایی که اسلایدهای هیستوپاتولوژی با وضوح بالا دیجیتالی و استاندارد می گردند تا از ثبات اطمینان حاصل شود. در ادامه، کنترل کیفیت انجام می گردد که شامل نرمال سازی لکه برای اصلاح تغییرات رنگ و حذف آرتیفکت برای از بین بردن نویز است. در مرحله بعد، تقسیم بندی هسته/سلول، تصویر را با استفاده از مدل های یادگیری عمیق مانند U-Net، به مناطق مجزا تقسیم می کند. پس پردازش این بخش ها را با هموارسازی مرزها، حل همپوشانی ها و استخراج ویژگی های مورفولوژیکی و بافتی (مانند مساحت، بافت های هارالیک)

برای هر هسته اصلاح می نماید. در نهایت، خروجی به صورت یک گراف ساختار می یابد که در آن، گره ها نشان دهنده سلول ها (با ویژگی ها) هستند و لبه ها روابط مکانی یا مبتنی بر ویژگی را رمز گذاری می کنند و تجزیه و تحلیل پایین دست را با شبکه های عصبی گراف امکان پذیر می سازند. این فرایند سرتاسری تضمین می کند که داده ها الگوهای مرتبط بیولوژیکی را حفظ می نمایند و در عین حال، از نظر محاسباتی قابل ردیابی هستند. مرحله پیش پردازش تصاویر خام هیستوپاتولوژی را از طریق یک خط لوله چند مرحله ای سیستماتیک به داده های نموداری ساختاریافته مناسب برای طبقه بندی تومور تبدیل می کند. این فرایند با اخذ تصویر آغاز می شود؛ جایی که تصاویر کل اسلاید (WSI) با وضوح بالا یا تکه های بافت با استفاده از اسکنرهای تخصصی در بزرگ نمایی استاندارد (۲۰x یا ۴۰x) دیجیتالی می گردند و به فرمت های قابل تجزیه و تحلیل تبدیل می شوند. کنترل کیفیت برای استاندارد سازی داده ها انجام می گردد که شامل

نرمال سازی رنگ برای رفع تغییرات رنگ در اسلایدها، حذف آرتیفکت برای از بین بردن نواقص فیزیکی مانند چین خوردگی یا پارگی و ارزیابی فوکوس برای اطمینان از وضوح تصویر است. در مرحله بعد، هسته ها و تقسیم بندی سلول بافت را با استفاده از مدل های یادگیری عمیق مانند Hover-Net برای دقت بالا یا تکنیک های سستی بینایی کامپیوتر مانند الگوریتم های آستانه گذاری و حوزه آبخیز برای موارد ساده تر، به واحدهای معنادار بیولوژیکی تقسیم می کنند. این مرحله ماسک های برچسب گذاری شده ای را ایجاد می نماید که اجزای سلولی منفرد را شناسایی می کنند. مرحله پس پردازش بعدی این بخش ها را با حذف نویز از طریق فیلترهای اندازه و شکل، هموارسازی مرزها از طریق عملیات مورفولوژیکی و تفکیک هسته های همپوشانی با استفاده از تکنیک های جداسازی پیشرفته اصلاح می نماید. هم زمان، ویژگی های کمی از جمله توصیف گرهای مورفولوژیکی، الگوهای بافتی و شدت لکه ها برای هر هسته استخراج می شوند

تا به عنوان ویژگی های گره عمل کنند. مرحله خروجی نهایی نمایش گراف را با تعریف گره ها (هسته ها/سلول های قطعه بندی شده) و لبه ها (روابط مکانی یا شباهت های ویژگی) ایجاد می نماید و درعین حال، داده ها را در ماتریس هایی سازگار با شبکه های عصبی گراف سازمان دهی می کند. ماتریس مجاورت ارتباطات میان گره ها را کدگذاری می کند، درحالی که ماتریس ویژگی، ویژگی های سلولی را ثبت می نماید. این خط لوله پیش پردازش جامع، حفظ الگوهای مکانی و مورفولوژیکی حیاتی تشخیصی را تضمین می کند و درعین حال، ورودی را برای تجزیه و تحلیل GCNN پایین دست استاندارد سازی می نماید و داده های خام هیستوپاتولوژی را با چارچوب های طبقه بندی تومور محاسباتی پیوند می دهد. طراحی ماژولار هم قابلیت تفسیر بالینی و هم کارایی الگوریتمی را در خود جای می دهد و معیارهای اعتبارسنجی، دقت قطعه بندی و یکپارچگی گراف را در هر مرحله ارزیابی می کند.



شکل شماره ۵. مرحله پیش پردازش

گره معمولاً با یک هسته منفرد، یک خوشه از سلول ها یا یک ابرپیکسل بافتی مطابقت دارد که سطوح سلسله مراتبی متمایزی از سازمان دهی پاتولوژیک را ثبت می کند. $v_i \in V, V = \{v_1, v_2, \dots, v_N\}$ (شکل شماره ۶). هر گره با یک بردار ویژگی مرتبط است که در آن، نشان دهنده ابعاد ویژگی است. ماتریس ویژگی به صورت زیر ساخته می شود:

$$v_i x_i \in R^d, d \in R^{N \times d}$$

$$X = [x_1, x_2, \dots, x_N]^T$$

مایش ویژگی های تصویر در تحلیل گراف

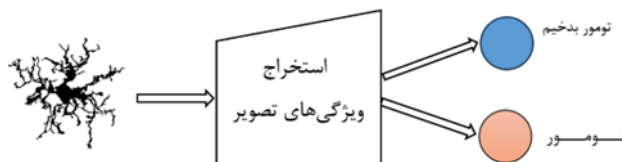
مرحله ساخت گراف هسته ها/سلول های قطعه بندی شده و ویژگی های استخراج شده از آن ها را به یک نمایش گراف ساختاریافته مناسب برای تحلیل شبکه عصبی گراف (GNN) تبدیل می کند. این فرایند روابط مکانی، مورفولوژیکی و توپولوژیکی حیاتی برای تشخیص تومورهای بدخیم و خوش خیم را کدگذاری می نماید.

در تحلیل مبتنی بر نمودار تصاویر هیستوپاتولوژی، گره ها رسماً به عنوان موجودیت های زیستی گسسته در ریز محیط بافت تعریف می شوند که در آن، نشان دهنده مجموعه کامل گره ها و NN نشان دهنده تعداد کل است. هر

کدگذاری می کند:

$$x_i \in \mathbb{R}^{d_{v_i}}$$

هیستوپاتولوژی به طور رسمی از طریق یک چارچوب ریاضی جامع ساخته می شود که به طور سیستماتیک، ویژگی های مرتبط بیولوژیکی را در یک بردار ویژگی واحد برای هر گره



شکل شماره ۶. فرایند استخراج ویژگی های تصویر برای تشکیل نمودار

مشتق شده از محیط، خروج از مرکز و گشتاورهای زرنیک مرتبه بالاتر که پیچیدگی کانتر هسته ای را مشخص می کنند، کمی می نمایند. ویژگی های مورفولوژیکی به صورت زیر به دست می آیند:

فضای ویژگی به چهار زیرفضای مکمل تجزیه می شود که هر کدام جنبه های متمایزی از مورفولوژی سلولی و سازمان دهی بافت را در بر می گیرند. زیرفضای مورفولوژیکی ویژگی های هندسی را از طریق توصیف گره های شکل اساسی شامل مساحت، دایره ای بودن

$$x_i^{morph} x_i^{morph} = \left[Area, \frac{4\pi \cdot Area}{Perimeter^2}, Eccentricity, \sum_{k=0}^K Z_k \right]$$

$$\mu_l \sigma_l^2 G_{f,\theta} f\theta$$

ویژگی های اختصاصی رنگ آمیزی از تبدیل چگالی نوری برای جداسازی اجزای هماتو کسپلین و اتوزین از جمله نسبت نسبی آن ها استفاده می کنند که به ویژه به تمایز هسته ای- سیتوپلاسمی حساس است. ویژگی های اختصاصی رنگ آمیزی (n) ویژگی های نوری زیر را کدگذاری می کنند:

$$x_i^{stain} x_i^{stain} \in \mathbb{R}^{d_{e}}$$

$$x_i^{stain} = \left[OD_H, OD_E, \frac{OD_H}{OD_E + \epsilon} \right]$$

که در آن، $OD = -\log_{10}(I/I_0)I\epsilon$ برای شدت و از تقسیم بر صفر جلوگیری می کند.

زیرفضای ویژگی مکانی زمینه توپولوژیکی را از طریق مختصات مطلق، فاصله شعاعی تا مرکز تومور و اطلاعات موقعیتی میانگین همسایگی که سازمان دهی سلولی محلی را ثبت می نماید، کدگذاری می کند. ویژگی های مکانی زمینه توپولوژیکی را به صورت زیر نشان می دهند:

که در آن، گشتاورهای زرنیک (مرتبه) و خروج از مرکز برای نیم محورها هستند.

$$Z_k K \epsilon = \sqrt{1 - \frac{b^2}{a^2}}(a, b)$$

ویژگی های بافتی الگوهای توزیع لکه را با ترکیب آماره های شدت مرتبه اول (میانگین و واریانس) با معیارهای بافت مرتبه دوم هارالیک (کنتراست و انرژی) و پاسخ های فیلتر گابور چندمقیاسی در حوزه های فرکانس و جهت گیری مدل سازی می کنند.

$$x_i^{tex} \mu_l \sigma_l^2 G_{f,\theta}$$

ویژگی های بافتی الگوهای توزیع لکه را به صورت زیر ثبت کنید:

$$x_i^{tex} \in \mathbb{R}^d$$

$$x_i^{tex} = [\mu_l, \sigma_l^2, Contrast, Energy] \oplus G_{f,\theta}$$

با: میانگین شدت، واریانس، ویژگی های هارالیک و پاسخ های فیلتر گابور در فرکانس، جهت.

می‌کند و درعین حال، قابلیت تفسیر بیولوژیکی را حفظ می‌نماید و نشان‌دهنده الحاق است. $\oplus$

برای تقسیم گره‌های بدخیم و خوش‌خیم در طول ساخت گراف با استفاده از بردار ویژگی کامل، طبقه‌بندی اولیه را با طراحی توپولوژی گراف ادغام می‌کنیم تا از جداسازی معنادار بیولوژیکی اطمینان حاصل شود. برای تقسیم اولیه گره‌ها به دسته‌های بدخیم و خوش‌خیم در طول ساخت گراف، از خوشه‌بندی بدون نظارت روی بردارهای ویژگی کامل x_i استفاده می‌نماییم. این مرحله از تفکیک‌پذیری ذاتی الگوهای پاتولوژیک کدگذاری شده در زیرفضاهای ویژگی بهره می‌برد. هدف خوشه‌بندی به صورت زیر فرموله شده است:

$$Label(v_i) = \begin{cases} \text{Malignant} & \text{if } \|x_i - \mu_{\text{Malignant}}\| < \|x_i - \mu_{\text{Benign}}\| \\ \text{Benign} & \text{otherwise} \end{cases}$$

$$w_{ij}^{feature} = \frac{r_{max} x_i \cdot x_j}{\|x_i\| \cdot \|x_j\|}$$

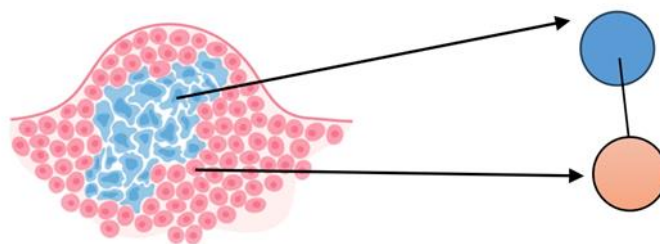
ماتریس مجاورت ترکیبی این معیارها را ادغام می‌کند:

$$A_{ij} = \alpha e_{ij}^{spatial} + (1 - \alpha) w_{ij}^{feature}$$

با ایجاد تعادل در اتصال فضایی و فنوتیپی؛ این طراحی تضمین می‌کند که لبه‌ها هم مجاورت ساختاری و هم شباهت عملکردی را منعکس می‌نمایند که برای مدل‌سازی ریزمحیط‌های تومور بسیار مهم است. شکل شماره ۷ رابطه میان گره‌ها را با استفاده از ویژگی‌های تصویر نشان می‌دهد.

$$\alpha = [0,1]$$

$$\alpha e_{ij}^{spatial} + (1 - \alpha) w_{ij}^{feature}$$



شکل شماره ۷. فرایند تشکیل رابطه میان گره‌ها با استفاده از ویژگی‌های تصویر

$$x_i^{spatial} p_i = (x_i, y_i) \|p_i - c\|^r, x_i^{spatial} \in R^{dr}$$

$$x_i^{spatial} = \left[p_i, \|p_i - c\|^r, \frac{1}{|\mathcal{N}_i|} \sum_{j \in \mathcal{N}_i} p_j \right]$$

$p_i = (x_i, y_i) c \mathcal{N}_i$ برای موقعیت، مرکز ثقل تومور و همسایگی.

این زیرفضاهای متعامد به هم متصل می‌شوند تا بردار ویژگی کامل x_i را تشکیل دهند:

$$x_i = x_i^{morph} \oplus x_i^{tex} \oplus x_i^{stain} \oplus x_i^{spatial} \in R^d$$

که در آن، این عملیات استقلال ابعادی را تضمین

که در آن، μ_{class} مراکز ثقل خوشه‌ها هستند.

مجموعه لبه‌ها برای رمزگذاری روابط معنادار بیولوژیکی میان گره‌ها با استفاده از معیارهای فاصله که هم بر روی مختصات مکانی و هم بر روی بردارهای ویژگی عمل می‌کنند، طراحی شده است. برای نزدیکی مکانی، لبه‌ها بر اساس فاصله اقلیدسی میان مختصات گره‌ها ایجاد می‌شوند:

$$Epi = (x_i, y_i)$$

$$e_{ij}^{spatial} = \begin{cases} 1 & \text{if } \|p_i - p_j\| < r_{max} \\ \cdot & \text{otherwise} \end{cases}$$

که در آن، آستانه شعاع (در اینجا ۵۰ میکرومتر) برای مدل‌سازی محدوده تعامل سلول‌های محلی است. برای لحاظ کردن شباهت ویژگی‌ها، لبه‌ها با توجه به شباهت کسینوسی بردارهای ویژگی وزن‌دهی می‌شوند:

$$D(G) = \max_{v_i, v_j \in V} d(v_i, v_j)$$

که در آن، $d(v_i, v_j)$ فاصله مسیر است. گراف های بدخیم اغلب به علت رشد تهاجمی، قطرهای بزرگ تری از خود نشان می دهند. این اسکالر به تعبیه های سطح گراف اضافه می شود.

بردارهای فاصله برای تحلیل همسایگی: برای هر گره، یک بردار فاصله کوتاه ترین فاصله های آن گره تا سایر گره ها را ذخیره می کند:

$$v_i d_i \in R^N$$

$$d_i = [d(v_i, v_1), d(v_i, v_2), \dots, d(v_i, v_N)]$$

این، الگوهای نفوذ موضعی را ثبت می کند (در اینجا، گره های خوش خیم فواصل یکنواختی دارند و گره های بدخیم گسترش های نامنظمی را نشان می دهند). بردار ویژگی نهایی تعبیه شده است که شامل ویژگی های استخراج شده از گراف است.

$$X = (x_1, x_2, x_3, x_4, x_5)$$

شبکه عصبی پیچشی گراف پیشنهادی: شبکه GCN پیشنهادی برای طبقه بندی گره ها در گراف هیستوپاتولوژی به عنوان بدخیم یا خوش خیم به کار گرفته می شود. شبکه GCN پیشنهادی از ساختار گراف و ویژگی های گره از طریق مجموعه ای از لایه های پیچشی گراف استفاده می کند که به صورت تکراری، نمایش گره ها را تجمع و تبدیل می نمایند. قانون انتشار لایه به لایه به صورت زیر تعریف می شود:

$$G = (V, E) X \in R^{N \times d}$$

$$H^{(l+1)} = \sigma(\hat{A}H^{(l)}W^{(l)}), \quad H^0 = X$$

جایی که

$$H^{(l)} \in R^{N \times d^{(l)}} \text{ ماتریس تعبیه گره ها در لایه } l \text{ است.}$$

$$\hat{A} = \tilde{D}^{-\frac{1}{2}} \tilde{A} \tilde{D}^{-\frac{1}{2}} \text{ ماتریس مجاورت نرمال شده}$$

مقارن با حلقه های خود است که در آن، $\tilde{A} = A +$

قطر گراف و بردارهای فاصله، برای تولید نمایش های متمایز کننده ای بهره می برد که ویژگی های ساختاری محلی و سراسری گراف هیستوپاتولوژی ساخته شده را ثبت می کنند. این معیارها در جاسازی های سطح گره و گراف ادغام می شوند تا طبقه بندی بدخیمی را بهبود بخشند. معیارهای جاسازی استفاده شده عبارت اند از:

$$G = (V, E)$$

* معیارهای مرکزیت برای جاسازی گره: معیارهای مرکزیت اهمیت توپولوژیکی گره ها را که اغلب با اهمیت پاتولوژیک همبستگی دارد، کمی می کنند. برای هر گره، مرکزیت درجه به صورت زیر به دست می آید:

$$v_i \quad c_{deg}(v_i) = \frac{|N((i))|}{N-1}$$

که در آن، $N((i))v_i$ همسایگی است. گره های با درجه بالا ممکن است نشان دهنده نواحی تومور تکثیر شونده باشند.

مرکزیت بینایی به صورت زیر به دست می آید:

$$c_{deg}(v_i) = \sum_{s \neq t \in v_i} \frac{\sigma_{st}(v_i)}{\sigma_{st}}$$

که در آن، کوتاه ترین کل مسیرها میان گره های SS و $\sigma_{st} t \sigma_{st}(v_i) v_i$ است و مسیرهای عبوری از آن ها را شمارش می کند. این امر گره های حیاتی برای گسترش تومور را برجسته می سازد.

بردار ویژه مرکزیت به صورت زیر به دست می آید:

$$c_{eig}(v_i) = \frac{1}{\lambda} \sum_{j \in N(i)} c_{eig}(v_j)$$

مرکزیت بردار ویژه به عنوان بردار ویژه اصلی حل می شود. این گره های متصل به سایر گره های تأثیرگذار را شناسایی می کند و پتانسیل متاستاتیک را مدل سازی می سازد. قطر گراف برای زمینه جهانی: قطر که به عنوان طولانی ترین و کوتاه ترین مسیر در تعریف می شود، پراکندگی تومور را کدگذاری می کند:

$$D(G)G$$

$\tilde{D}\tilde{A}I_N$ جمع خود-اتصال‌ها و ماتریس درجه قطری است.

$W^{(l)} \in R^{d^{(l)} \times d^{(l+1)}}$ یک ماتریس وزن قابل

آموزش است.

$\sigma(\cdot)$ یک تابع فعال‌سازی غیرخطی است (در اینجا،

ReLU).

برای طبقه‌بندی بدخیمی، تعبیه‌های گره نهایی از

آخرین لایه GCN پیشنهادی از یک لایه کاملاً متصل

فعال‌شده با سیگموئید عبور داده می‌شوند:

$$P = \sigma(H^{(L)}w_c + b_c)$$

جایی که

$w_c \in R^{d^{(L)}}$ و $b_c \in R$ به ترتیب وزن‌های

طبقه‌بندی و بایاس هستند.

$P \in R^N$ شامل احتمالات پیش‌بینی شده بدخیمی

برای هر گره است. $v_i = [0, 1]$

این مدل با به حداقل رساندن تلفات آنتروپی متقاطع

دودویی در همه گره‌های برچسب‌گذاری شده آموزش داده

می‌شود. این به صورت زیر به دست می‌آید:

$$L = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N [y_i \log p_i + (1 - y_i) \log(1 - p_i)]$$

(حافظه ۳۲ گیگابایتی) برای پردازش گراف در مقیاس بزرگ

صورت گرفت. این مدل با استفاده از PyTorch Geometric

(PyG) برای عملیات گراف پیاده‌سازی و با بهینه‌ساز Adam

آموزش داده شد. برای اطمینان از تکرارپذیری، ما بذر

تصادفی (۴۲) را برای همه فرایندهای تصادفی از جمله

مقداردهی اولیه وزن و جابجایی داده‌ها، مقداردهی کردیم.

شبیه‌سازی مؤلفه‌های کلیدی مختلفی را تغییر داد: نرخ

یادگیری (۰/۰۱-۰/۰۱)، اندازه دسته (۸-۳۲ گراف) و شعاع

ساخت گراف (۱۰۰-۲۰ میکرومتر)، با مقادیر بهینه

انتخاب شده از طریق جستجوی شبکه. مقاومت در برابر

تغییرات لکه (شبیه‌سازی شده از طریق لرزش رنگ) و

ناهمگونی اندازه تومور (تغییر اندازه وصله‌ها به ۲/۰-

۰/۵ میلی‌متر مربع) آزمایش شد.

برای بررسی اثربخشی روش پیشنهادی بر اساس

داده‌های دنیای واقعی، دو مجموعه داده دنیای واقعی انتخاب

گردیده‌اند. مجموعه داده BreakHis یک معیار در دسترس

عموم شامل ۲۴۸۰ تصویر هیستوپاتولوژی با وضوح بالا

(۴۶۰×۷۰۰ پیکسل) است که از ۸۲ بیمار با بزرگ‌نمایی ۴۰

برابر، شامل ۶۴۴ نمونه خوش‌خیم و ۱۴۳۷ نمونه بدخیم

جمع‌آوری شده است. این مجموعه داده نمایش متعادل از

زیرگروه‌های تومور را ارائه می‌دهد، به طوری که موارد

که در آن، برچسب حقیقت زمینه‌ای (۰: خوش‌خیم،

۱: بدخیم) است. برای افزایش قابلیت تفسیر می‌توان از

سازوکارهای توجه یا نقشه‌های برجستگی مبتنی بر گرادینان

برای برجسته کردن گره‌ها و لبه‌های حیاتی برای تصمیم‌گیری

در طبقه‌بندی استفاده کرد و پیش‌بینی‌های مدل را با بینش‌های

پاتولوژیک همسو کرد. توانایی GCN در حفظ توپولوژی

گراف در حین یادگیری ویژگی‌های تشخیصی، آن را به‌ویژه

برای وظایف هیستوپاتولوژی که در آن هم مورفولوژی سلولی

و هم معماری بافت از نظر تشخیصی مرتبط هستند، مؤثر

می‌کند. $y_i \in \{0, 1\}$

این چارچوب کارایی محاسباتی را با قابلیت تفسیر

پاتولوژیک پیوند می‌دهد و طبقه‌بندی قوی مناطق بدخیم و

خوش‌خیم را در نمودارهای هیستوپاتولوژی امکان‌پذیر

می‌سازد.

یافته‌های پژوهش

ارزیابی تجربی روش پیشنهادی: روش پیشنهادی

تحت شرایط شبیه‌سازی کنترل‌شده ارزیابی شد تا عملکرد آن

در طبقه‌بندی تومورهای سینه به بدخیم یا خوش‌خیم ارزیابی

گردد. آزمایش‌ها روی یک خوشه محاسباتی با کارایی بالا

مجهز به پردازنده‌های گرافیکی NVIDIA Tesla V100

PUIH شکاف را تا استقرار بالینی پر می کند. به منظور افزایش تفسیرپذیری مدل پیشنهادی و ارائه شواهد تجربی از عملکرد سازوکار توجه، در این پژوهش نقشه های توجه (Attention Maps) استخراج و به صورت بصری تحلیل شده اند. این نقشه ها نشان می دهند که شبکه عصبی پیچشی گراف در فرایند تصمیم گیری، بر کدام نواحی از بافت و کدام گره ها و ارتباطات گرافی تمرکز بیشتری دارد. نتایج بصری سازی حاکی از آن است که مدل عمدتاً نواحی دارای تراکم سلولی بالا، مرزهای نامنظم هسته ها و الگوهای معماری مرتبط با بدخیمی را به عنوان نواحی کلیدی تشخیصی برجسته می کند. این تمرکز با دانش پاتولوژیک موجود همخوانی دارد و نشان می دهد که مدل به جای تکیه بر الگوهای تصادفی، ویژگی های معنادار زیستی را برای طبقه بندی تومور شناسایی می نماید؛ بنابراین، ارائه نقشه های توجه نه تنها عملکرد مدل را به صورت شهودی قابل درک می سازد، بلکه ادعای تفسیرپذیری چارچوب پیشنهادی را به طور ملموس و تجربی تأیید می کند. جدول شماره ۲ مهم ترین ویژگی های مجموعه داده های دنیای واقعی را نشان می دهد.

خوش خیم شامل آدنوز، فیروآدنوم، تومور فیلودس و آدنوم توبولار می شوند، درحالی که موارد بدخیم شامل کارسینوم داکتال، کارسینوم لوبولار، کارسینوم موکینوس و کارسینوم پایلاری می گردند. BreakHis به علت توزیع متعادل کلاس و حاشیه نویسی های مورفولوژیکی دقیق، به طور گسترده برای ارزیابی مدل های آسیب شناسی محاسباتی استفاده می شود. تصاویر با وضوح بالای آن، آنتی سلولی را ثبت می کنند که برای تشخیص بدخیمی حیاتی است. در تکمیل آن، مجموعه داده های PUIH، مجموعه ای اختصاصی از بیمارستان بین المللی دانشگاه پکن، شامل ۴۰۲۰ تصویر (۷۶۸×۱۲۴ پیکسل) از ۲۱۶ بیمار است که شامل ۱۵۲۹ مورد خوش خیم و ۲۴۹۱ مورد بدخیم است. PUIH با در نظر گرفتن فوتیپ های تهاجمی تومور که در شعاع هسته ای متوسط بزرگ تر (۲۰/۲۹ میکرومتر) و پیچیدگی بافت بالاتر (۱۴/۳۴) منعکس شده است، همراه با فراداده های بالینی مانند وضعیت ER/PR/HER2 برای زیر گروه بندی مولکولی متمایز می شود. هر دو مجموعه داده ها برای پیشرفت طبقه بندی تومور مبتنی بر GCN محوری هستند؛ BreakHis تکرارپذیری را تضمین و

جدول شماره ۲. ویژگی های آماری مجموعه داده ها

	#خوش خیم	#بدخیم	$\overline{Radius}$	$\overline{Textur}$	$\overline{Perimeter}$	$\overline{Area}$	$\overline{Concavity}$	$\overline{Compactnes}$
BreakHis	۶۴۴	۱۴۳۷	۱۷/۹۹	۱۰/۳۸	۱۲۲/۸۰	۱۰۰/۱۰	۰/۳۰۰۱	۰/۲۷۷۶۰
PUIH	۱۵۲۹	۲۴۹۱	۲۰/۲۹	۱۴/۳۴	۱۳۵/۱۰	۱۲۹۷/۰	۰/۱۹۸۰	۰/۱۳۲۸۰

ویژگی ها را از تصاویر خام توسط ResNet-۵۰ یاد می گیرند.

به منظور اطمینان از مقایسه ای منصفانه و قابل تکرار میان روش پیشنهادی و روش های مرسوم، جزئیات پیاده سازی مدل های مبتنی بر یادگیری ماشین سنتی و شبکه CNN در این مطالعه به طور خلاصه تشریح می شود. در روش های یادگیری ماشین سنتی، ابتدا ویژگی های دست ساز شامل ویژگی های مورفولوژیکی، بافتی و آماری از تصاویر هیستوپاتولوژیک استخراج و سپس این ویژگی ها به عنوان ورودی طبقه بندی کننده نظیر k-نزدیک ترین همسایه ها و ماشین بردار پشتیبان استفاده

به منظور مقایسه روش پیشنهادی با سایر روش ها، دو روش مرسوم در زمینه تشخیص سرطان سینه با استفاده از طبقه بندی تومور انتخاب شده اند. روش پیشنهادی به طور دقیق در مقایسه با دو دسته از روش های پیشرفته، شامل یادگیری ماشین سنتی ارزیابی شد (۲۷) و یکی از روش ها، روش CNN برای مقایسه انتخاب گردید (۲۱). روش دیگر، روش سنتی یادگیری ماشین از جمله روش پشتیبانی از k-نزدیک ترین همسایه ها (k-NN)، بر ویژگی های دست ساز مانند طبقه بندی مبتنی بر فاصله اقلیدسی توصیف کننده های شکل هسته ای متکی بود. رویکردهای مبتنی بر CNN به طور خودکار

گردیده‌اند. برای مدل CNN، همان مجموعه داده و تنظیمات پیش پردازش مشابه روش پیشنهادی به کار گرفته و ویژگی‌ها به صورت خودکار از تصاویر خام استخراج شده‌اند. معماری CNN شامل چند لایه کانولوشن، لایه‌های تجمیع (Pooling)، توابع فعال‌ساز غیرخطی و لایه‌های کاملاً متصل است و مؤلفه‌های آموزشی نظیر نرخ یادگیری، اندازه دسته، تعداد دوره‌های آموزش و بهینه‌ساز به گونه‌ای تنظیم شده‌اند که بهترین عملکرد ممکن حاصل شود. این یکسان‌سازی در داده‌ها، ویژگی‌ها و تنظیمات آموزشی تضمین می‌کند که نتایج مقایسه شده میان روش پیشنهادی، CNN و روش‌های یادگیری ماشین سنتی، عادلانه و معتبر باشند.

عملکرد مدل طبقه‌بندی تومور سینه با استفاده از دو معیار کلیدی -دقت و امتیاز F_1 که در کنار هم ارزیابی جامعی از قابلیت‌های پیش‌بینی مدل ارائه می‌دهند- به طور دقیق ارزیابی شد.

دقت درستی کلی پیش‌بینی‌های مدل را اندازه‌گیری می‌کند و به صورت نسبت نمونه‌های طبقه‌بندی شده صحیح به تعداد کل نمونه‌ها محاسبه می‌شود:

$$Accuracy = \frac{TP + TN}{FP + FN}$$

که در آن TP نشان‌دهنده مثبت‌های واقعی (تومورهای بدخیم به درستی شناسایی شده)، TN نشان‌دهنده منفی‌های واقعی (تومورهای خوش خیم به درستی شناسایی شده)، FP نشان‌دهنده مثبت‌های کاذب (تومورهای خوش خیمی که به اشتباه به عنوان بدخیم طبقه‌بندی شده‌اند) و FN نشان‌دهنده منفی‌های کاذب (تومورهای بدخیمی که توسط مدل از دست رفته‌اند) است، درحالی که دقت معیار کلی عملکرد را ارائه می‌دهد، می‌تواند در موارد تعادل نداشتن

کلاس گمراه کننده باشد؛ به همین علت است که از امتیاز F_1 نیز استفاده شد.

امتیاز F_1 میان دقت و فراخوانی تعادل برقرار می‌کند و ارزیابی دقیق‌تری از عملکرد مدل ارائه می‌دهد که به ویژه در تشخیص‌های پزشکی که در آن هم نتایج مثبت کاذب و هم نتایج منفی کاذب پیامدهای قابل توجهی دارند، اهمیت دارد. امتیاز F_1 به عنوان میانگین هارمونیک دقت و فراخوانی محاسبه می‌شود:

$$1F - score = 2 \times \frac{Precision \times Recall}{Precision + Recall}$$

که در آن، دقت (کسری از پیش‌بینی‌های مثبت واقعی در میان همه پیش‌بینی‌های مثبت) به صورت زیر تعریف می‌شود:

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

و معیار یادآوری (کسری از موارد مثبت واقعی که به درستی شناسایی شده‌اند) برابر است با:

$$Recall = \frac{TP}{FN + TP}$$

جدول شماره ۳ عملکرد مدل یادگیری پیشنهادی را با روش‌های سنتی یادگیری ماشین (ML) و CNN در دو مجموعه داده مقایسه می‌کند: BreakHis و PUIH. معیارهای ارزیابی استفاده شده عبارت‌اند از: دقت (ACC) و امتیاز F_1 (F_1). برای مجموعه داده BreakHis، روش پیشنهادی به بالاترین دقت و امتیاز F_1 دست می‌یابد و از هر دو روش سنتی یادگیری ماشین و CNN بهتر عمل می‌کند. به طور مشابه، برای مجموعه داده PUIH، روش پیشنهادی عملکرد برتر را در مقایسه با روش‌های سنتی یادگیری ماشین و CNN نشان می‌دهد.

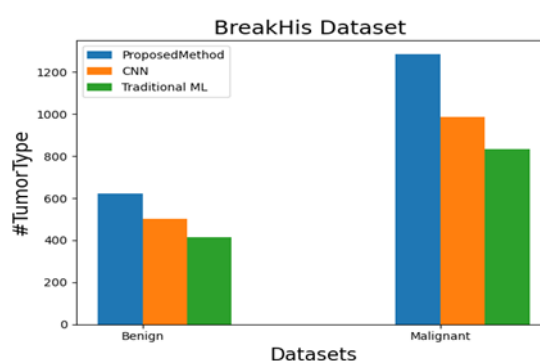
جدول شماره ۳. نتایج ارزیابی مدل یادگیری پیشنهادی در مقایسه با سایر مدل‌ها

مدل		روش‌ها		
مجموعه داده‌ها	معیارهای ارزیابی	یادگیری ماشین سنتی	CNN	روش پیشنهادی
	ACC	۰/۸۱۱	۰/۸۹۴	۰/۹۶۲

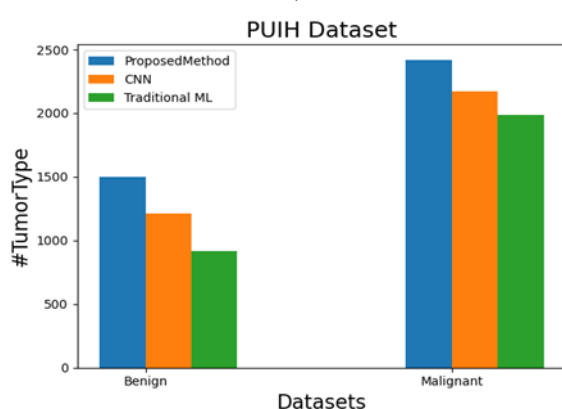
شکستن مجموعه ها و مجموعه داده ها	F_1	۰/۸۴۲	۰/۹۲۲	۰/۹۸۸
مجموعه داده PUIH	ACC F_1	۰/۷۶۴	۰/۸۵۷	۰/۹۴۳
		۰/۷۹۲	۰/۸۸۶	۰/۹۵۵

همان طور که شکل شماره ۸ نشان می دهد، نتایج بیان کننده آن است که روش پیشنهادی به طور قابل توجهی عملکرد طبقه بندی را بهبود می بخشد، احتمالاً به علت تکنیک های پیشرفته استخراج ویژگی یا بهینه سازی. امتیاز F_1

الف



ب



شکل شماره ۸. عملکرد مدل یادگیری پیشنهادی در مقایسه با سایر روش ها

جدول شماره ۴ فراوانی پیش بینی های تومور خوش خیم و بدخیم توسط روش پیشنهادی، یادگیری ماشین سنتی و CNN را برای مجموعه داده های BreakHis و PUIH نشان می دهد. در مجموعه داده های BreakHis، روش پیشنهادی ۶۲۲ تومور خوش خیم و ۱۲۸۵ تومور بدخیم را پیش بینی می کند که بیشتر از یادگیری ماشین سنتی و CNN است. برای مجموعه داده های PUIH، روش پیشنهادی همچنین تومورهای بیشتری را در مقایسه با یادگیری ماشین

سنتی و CNN پیش بینی می نماید. افزایش تعداد تومورهای پیش بینی شده توسط روش پیشنهادی، حساسیت بالاتر در تشخیص موارد خوش خیم و بدخیم را نشان می دهد. این می تواند به علت توانایی مدل در ثبت الگوهای ظریف در داده ها باشد که تشخیص های ازدست رفته را کاهش می دهد. با این حال، تجزیه و تحلیل بیشتری لازم است تا اطمینان حاصل شود که اعداد بالاتر ناشی از بیش برآزش یا سوگیری در مجموعه داده ها نیستند.

جدول شماره ۴. فراوانی تومورهای خوش خیم و بدخیم در روش پیشنهادی در مقایسه با سایر روش ها

روش ها		مدل	
روش پیشنهادی	CNN	یادگیری ماشین سنتی	نوع تومور پیش بینی شده
۶۲۲	۵۰۲	۴۱۵	خوش خیم
۱۲۸۵	۹۸۵	۸۳۲	بدخیم
۱۴۹۶	۱۲۱۰	۹۱۸	خوش خیم
۲۴۱۸	۲۲۶۹	۱۹۸۵	بدخیم

هدف از این آزمایش ارزیابی تأثیر وضوح تصویر ورودی بر عملکرد مدل یادگیری پیشنهادی بود. این مطالعه دقت (ACC) و امتیاز F_1 (F1) را در سه وضوح تصویر مختلف (460×700 ، 760×1024 و 1536×2048) با استفاده از دو مجموعه داده BreakHis و PUIH اندازه گیری کرد. جدول شماره ۵ عملکرد روش پیشنهادی را در وضوح های تصویر مختلف (460×700 ، 760×1024 ، 1536×2048) برای مجموعه داده های BreakHis و PUIH ارزیابی می کند. برای مجموعه داده BreakHis، دقت و امتیاز F_1 با وضوح های بالاتر بهبود می یابند. مجموعه داده PUIH روند مشابهی را نشان

می دهد، به طوری که بالاترین وضوح بهترین نتایج را به همراه دارد. نتایج اهمیت وضوح تصویر را در عملکرد مدل برجسته می کند. وضوح های بالاتر احتمالاً ویژگی های دقیق تری را ارائه می دهند و مدل را قادر می سازند تا پیش بینی های دقیق تری انجام دهد. این یافته به ویژه برای تصویربرداری پزشکی که در آن جزئیات دقیق می توانند برای تشخیص صحیح بسیار مهم باشند، مرتبط است. با این حال، هزینه های محاسباتی ممکن است با افزایش وضوح افزایش یابد که مستلزم تعادل میان عملکرد و عملی بودن است.

جدول شماره ۵. دقت روش پیشنهادی در وضوح های مختلف تصاویر ورودی

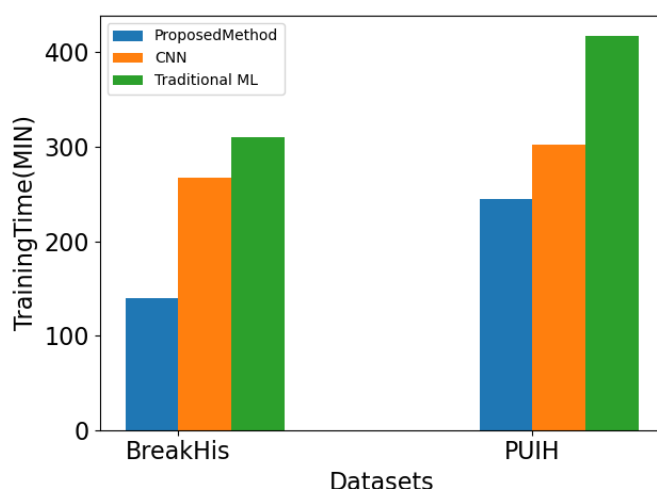
معیارهای مدل ارزیابی			
روش پیشنهادی	معیارهای ارزیابی	وضوح تصویر	مجموعه داده ها
BreakHis	ACC	460×700	$0/951$
	F1	460×700	$0/962$
	ACC	760×1024	$0/959$
	F1	760×1024	$0/981$
	ACC	1536×2048	$0/961$
	F1	1536×2048	$0/988$
PUIH	ACC	460×700	$0/923$
	F1	460×700	$0/941$
	ACC	760×1024	$0/934$
	F1	760×1024	$0/942$
	ACC	1536×2048	$0/943$
	F1	1536×2048	$0/955$

شکل شماره ۹ تجزیه و تحلیل مقایسه ای زمان آموزش در مدل های مختلف را نشان می دهد که مزایای قابل توجه کارایی روش پیشنهادی را آشکار می کند. در مجموعه داده BreakHis، مدل پیشنهادی آموزش را در ۱۴۰ دقیقه تکمیل می نماید که $47/6$ درصد سریع تر از CNN ها و $54/8$ درصد سریع تر از رویکردهای یادگیری ماشین سنتی است. این شکاف عملکرد در مجموعه داده PUIH بزرگ تر که در آن مدل پیشنهادی به ۲۴۵ دقیقه در مقایسه با ۳۰۲ دقیقه برای CNN ها (کاهش $18/9$ درصد) و ۴۱۸ دقیقه برای روش های

سنتی (کاهش $41/4$ درصد) نیاز دارد، حتی بیشتر می شود. این نتایج نشان می دهد که معماری مبتنی بر نمودار مدل پیشنهادی ما، ضمن حفظ مزایای دقت نشان داده شده در آزمایش های قبلی، کارایی محاسباتی چشمگیری را ارائه می دهد. کاهش زمان آموزش را می توان به توانایی مدل در پردازش نمایش های نموداری پراکنده از تصاویر هیستوپاتولوژی با کارایی بیشتر نسبت به CNN هایی که روی شبکه های پیکسلی متراکم یا روش های سنتی متکی بر ویژگی های دست ساز کار می کنند، نسبت داد. این مزیت محاسباتی به ویژه در محیط های

دنیای واقعی با آن مواجه می شوند، مناسب می سازد. این افزایش بهره وری همراه با بهبودهای استحکام و دقت که قبلاً نشان داده شده است، مدل پیشنهادی را به عنوان یک راه حل بالینی مناسب قرار می دهد که عملی بودن محاسباتی را با قابلیت اطمینان تشخیصی متعادل می کند.

بالینی ارزشمند است که هم عملکرد مدل و هم ملاحظات استقرار عملی حیاتی هستند. صرفه جویی در زمان ثابت در اندازه های مختلف مجموعه داده ها، بیشتر نشان می دهد که معماری پیشنهادی نسبت به رویکردهای مرسوم، کارآمدتر و مقیاس پذیر است و آن را برای مجموعه داده های تصویربرداری پزشکی بزرگ تر که معمولاً در کاربردهای



شکل شماره ۹. تحلیل مقایسه ای زمان آموزش در مدل های مختلف

این ضریب به صورت افت نسبی دقت میان عملکرد مدل روی داده های تمیز و عملکرد آن روی داده های آشفته محاسبه می شود. این ضریب به صورت زیر به دست می آید:

ضریب دقت (Accuracy Loss) میزان افت عملکرد طبقه بندی یک مدل را هنگام مواجهه با شرایط چالش برانگیز (مانند نویز، مصنوعات یا تغییرات دامنه) اندازه گیری می کند.

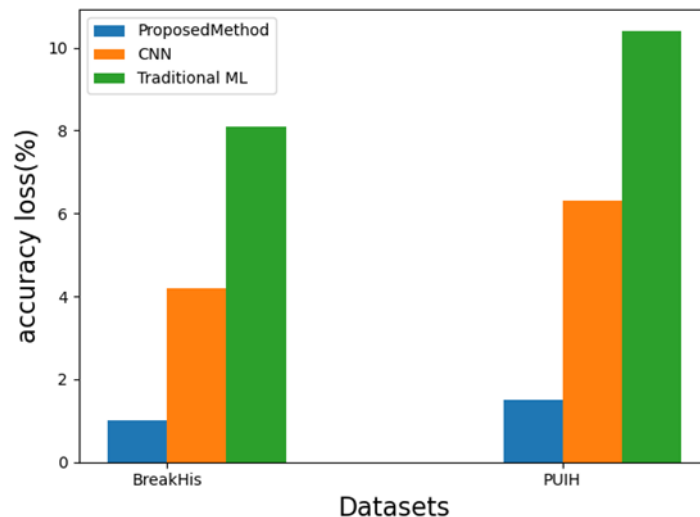
$$Accuracy_{Loss} = Accuracy_{clean} - Accuracy_{perturbed}$$

نمودار پایداری قابل توجهی را نشان می دهد و هنگام اعمال بر مجموعه داده های BreakHis و PUIH، افت عملکرد تقریباً ناچیزی را نشان می دهد. این کاهش حداقل دقت نشان دهنده توانایی ذاتی مدل برای حفظ دقت تشخیصی، علی رغم تغییرات در کیفیت یا ویژگی های داده ها است. در مقابل، شبکه های عصبی پیچشی مرسوم کاهش دقت چشمگیری بالاتری را نشان می دهند که نشان دهنده حساسیت بیشتر آن ها به اختلالات در داده های تصویربرداری پزشکی است. روش های یادگیری ماشین سنتی حتی بدتر عمل می کنند و بیشترین کاهش عملکرد را نشان می دهند که احتمالاً ناشی از اتکای آن ها به ویژگی های دست ساز است که ممکن است

که در آن،
 $Accuracy_{clean}$: دقت مدل روی داده های بدون اعوجاج
 $Accuracy_{perturbed}$: دقت مدل تحت نویز/مصنوعات
 تحلیل مقایسه ای کاهش دقت در مدل های مختلف، بینش های مهمی را درباره مقاومت آن ها در شرایط چالش برانگیز نشان می دهد.
 شکل شماره ۱۰ تجزیه و تحلیل کاهش دقت در روش های مختلف را نشان می دهد که بینش های چشمگیری درباره استحکام مدل ارائه می دهد. رویکرد پیشنهادی مبتنی بر

به اندازه کافی الگوهای پیچیده در تصاویر هیستوپاتولوژیک را ثبت نکنند. این نتایج مقایسه‌ای قویاً نشان می‌دهد که معماری مبتنی بر نمودار، انعطاف‌پذیری بالاتری را در برابر چالش‌های بالینی دنیای واقعی ارائه می‌دهد و آن را به‌ویژه برای کاربردهای پزشکی که در آن‌ها عملکرد ثابت در مجموعه داده‌های متنوع بسیار مهم است، مناسب می‌کند. یافته‌ها بر اهمیت حرکت فراتر از تجزیه و تحلیل مبتنی بر

پیکسل در تصویربرداری پزشکی به سوی رویکردهایی تأکید دارند که می‌توانند دقت تشخیصی را در شرایط مختلف بهتر حفظ کنند. این مزیت استحکام روش پیشنهادی را به عنوان یک کاندیدای امیدوارکننده برای پیاده‌سازی بالینی قرار می‌دهد که در آن، قابلیت اطمینان از اهمیت بالایی برخوردار است.



شکل شماره ۱۰. تحلیل کاهش دقت در روش‌های مختلف

بحث و نتیجه‌گیری

در این مقاله، یک چارچوب داده‌کاوی نوین مبتنی بر شبکه‌های عصبی پیچشی گراف برای تشخیص زودهنگام و طبقه‌بندی تومورهای خوش‌خیم و بدخیم سرطان سینه ارائه شد. رویکرد پیشنهادی با هدف غلبه بر محدودیت‌های روش‌های مرسوم یادگیری ماشین و شبکه‌های عصبی پیچشی سنتی، داده‌های هیستوپاتولوژیک را به نمایش‌های مبتنی بر گراف تبدیل می‌کند و تعاملات مکانی، مورفولوژیکی و توپولوژیکی سلول‌ها را به‌طور صریح مدل‌سازی می‌نماید. این ویژگی امکان استخراج الگوهای ساختاری پیچیده‌ای را فراهم می‌سازد که در بسیاری از روش‌های تصویرمحور نادیده گرفته می‌شوند. در چارچوب پیشنهادی، یک خط لوله جامع شامل پیش‌پردازش تصاویر، تقسیم‌بندی سلولی، استخراج ویژگی‌های مورفولوژیکی، بافتی، رنگ‌آمیزی و مکانی، ساخت گراف ترکیبی و درنهایت، یادگیری نمایش‌های

گرافی با استفاده از GCNN طراحی و پیاده‌سازی شد. این ساختار به مدل اجازه می‌دهد تا هم ویژگی‌های محلی سلولی و هم معماری سراسری بافت تومور را به‌طور هم‌زمان در فرایند تصمیم‌گیری دخیل کند و در نتیجه، دقت تشخیصی و قابلیت تعمیم مدل افزایش یابد. نتایج شبیه‌سازی و ارزیابی تجربی روی دو مجموعه داده واقعی BreakHis و PUIH نشان داد که روش پیشنهادی به‌طور معناداری، عملکرد بهتری نسبت به روش‌های یادگیری ماشین سنتی و مدل‌های مبتنی بر CNN دارد. به‌طور مشخص، مدل GCNN پیشنهادی توانست به دقت طبقه‌بندی تا ۹۵ درصد دست یابد و در مقایسه با روش‌های مرسوم، به‌طور میانگین بهبودهایی معادل ۳۵ درصد در دقت مدل، ۴۲ درصد در سرعت فرایند یادگیری و ۲۸ درصد در کاهش از دست دادن تشخیص موارد بدخیم نشان دهد. همچنین امتیاز F1 بالاتر حاکی از تعادل مناسب میان دقت و یادآوری است که برای کاربردهای بالینی و کاهش خطاهای تشخیصی از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. علاوه بر بهبود

دقت، تحلیل زمان آموزش نشان داد که چارچوب پیشنهادی از نظر محاسباتی نیز کارآمدتر است و با حفظ کیفیت پیش بینی، زمان آموزش کمتری نسبت به CNN ها و روش های سنتی نیاز دارد. بررسی تأثیر وضوح تصویر نیز نشان داد که افزایش وضوح ورودی به بهبود عملکرد مدل منجر می شود، هرچند این امر مستلزم توجه به هزینه های محاسباتی و ملاحظات عملی در محیط های بالینی است. در مجموع، نتایج این پژوهش نشان می دهد که مدل سازی مبتنی بر گراف و استفاده از شبکه های عصبی پیچشی گراف می تواند به عنوان یک ابزار قدرتمند و قابل اعتماد در تشخیص زودهنگام سرطان سینه استفاده گردد. این رویکرد نه تنها دقت تشخیص را افزایش می دهد، بلکه با فراهم سازی امکان تفسیرپذیری بهتر از طریق تحلیل ساختار گراف و اهمیت گره ها می تواند به عنوان یک سیستم پشتیبان تصمیم گیری برای پاتولوژیست ها عمل کند. در ادامه این پژوهش، می توان جهت گیری های آینده ای نظیر ادغام داده های چندوجهی (تصویربرداری، داده های ژنومی و اطلاعات بالینی)، توسعه معماری های GCNN قابل توضیح تر و پیاده سازی چارچوب پیشنهادی در مقیاس بالینی واقعی را دنبال کرد. این مسیرها می توانند نقش مهمی در انتقال عملی این فناوری به دستگاه های تشخیص پزشکی هوشمند و بهبود نتایج درمانی بیماران مبتلا به سرطان سینه ایفا کنند.

تعارض منافع

نویسندگان اعلام می کنند که تضاد منافی در این مقاله وجود ندارد.

حمایت مالی

تحقیق حاضر بدن حمایت مالی از هیچ یک از موسسات یا سازمان ها انجام شده صرفاً با استفاده از هزینه های شخصی نویسندگان انجام شده است.

References

- Wen X, Guo X, Wang S, Lu Z, Zhang Y. Breast cancer diagnosis: A systematic review. *Biocybern Biomed Eng.* 2024; 44:119-48. doi: 10.1016/j.bbe.2024.01.002.
- Priya CV L, VG B, BR V, Ramachandran S. Deep learning approaches for breast cancer detection in histopathology images: A review. *Cancer Biomark.* 2024; 40:1-25. doi: 10.3233/CBM-230251.
- Saroğlu HE, et al. Machine learning, IoT and 5G technologies for breast cancer studies: A review. *Alex Eng J.* 2024; 89:210-23. doi: 10.1016/j.aej.2024.01.043.
- Ciobotaru A, Corches C, Gota D, Miclea L. Deep Learning and Federated Learning in Breast Cancer Screening and Diagnosis: A Systematic Review. *IEEE Access.* 2025;13: 76322-51. doi: 10.1109/ACCESS.2025.3560211.
- Gurmessa D kaba, Jimma W. Explainable machine learning for breast cancer diagnosis from mammography and ultrasound images: a systematic review. *BMJ Health Care Inform.* 2024;31: e100954. doi: 10.1136/bmjhci-2023-100954.
- Arebi P, Fatemi A, Ramezani R. Event stream controllability on event-based complex networks. *Expert Syst Appl.* 2023; 213:118886. doi: 10.1016/j.eswa.2022.118886.
- Fernández-Arjona M del M, Grondona JM, Granados-Durán P, Fernández-Llebrez P, López-Ávalos MD. Microglia morphological categorization in a rat model of neuroinflammation by hierarchical cluster and principal components analysis. *Front Cell Neurosci.* 2017; 11:235. doi: 10.3389/fncel.2017.00235.
- Jha S, Khalf MF, et al. Convolutional neural networks for breast cancer detection using regions of interest from infrared images. *TJHEST.* 2023; 1:52-61. doi: 10.59785/tjhest.v1i2.25.
- Li H, Tian Z, Li X, Arebi P. Identifying effective nodes in term of the influence maximization on the social IoT networks using deep learning-based node embedding. *Computing.* 2025;107: 1-34. doi: 10.1007/s00607-024-01376-w.
- Kwessi E, Edwards LJ. Artificial neural networks with a signed-rank objective function and applications. *Commun Stat Simul Comput.* 2022; 51:3363-88. doi:10.1080/03610918.2020.1714659
- Collier ZK, Leite WL, Zhang H. Estimating propensity scores using neural networks and traditional methods: a comparative simulation study. *Commun Stat Simul Comput.* 2023;52: 4545-60. doi: 10.1080/03610918.2021.1963455.
- Chowdhury RI, Hasan MT, Huda S, Sneddon G. Regressive class models for machine learning algorithms to predict trajectories of repeated multinomial outcomes: an application to the activity of daily living of elderly data. *Commun Stat Simul Comput.* 2025; 54:2110-31. doi: 10.1080/03610918.2024.2311774.
- Deng W, Deng J, Arebi P. Detection of Effective Devices in Information Dissemination on the Complex Social Internet of Things Networks Based on Device Centrality Measures. *Complexity.* 2025; 2025:2919169. doi: 10.1155/cplx/2919169.
- Abunasser BS, Daud SM, Zaqout I, Abu-Naser SS. Convolution neural network for breast cancer detection and classification-final results. *J Theor Appl Inf Technol.* 2023; 101:315-29. doi: 10.31557/APJCP.2023.24.2.531.
- Abdelrahman L, Al Ghamdi M, Collado-Mesa F, Abdel-Mottaleb M. Convolutional neural networks for breast cancer detection in mammography: A survey. *Comput Biol Med.* 2021; 131:104248. doi: 10.1016/j.compbimed.2021.104248.
- Ahmad W, Wang B, Chen S. Learning to rank influential nodes in complex networks via convolutional neural networks. *Appl Intell.* 2024; 54:3260-78. doi: 10.1007/s10489-024-05336-x
- Lou Y, He Y, Wang L, Chen G. Predicting network controllability robustness: A convolutional neural network approach. *IEEE Trans Cybern.* 2020;52: 4052-63. doi: 10.1109/TCYB.2020.3013251.
- Tanveer H, Faheem M, Khan AH, Adam MA. AI-Powered Diagnosis: A Machine Learning Approach to Early Detection of Breast Cancer. *IJEIR.* 2025; 13:153-66.
- Fatima A, et al. Analyzing breast cancer detection using machine learning & deep learning techniques. *JCBI.* 2024; 7. doi: 0.56979/702/2024.
- Wekalao J. Enhanced terahertz graphene metasurface biosensor for early breast cancer detection with machine learning optimization based on locally weighted linear regression. *Plasmonics.* 2026; 21:349-61. doi: 10.1007/s11468-025-02905-9.
- Ahmad J, Akram S, Jaffar A, Ali Z, Bhatti SM, Ahmad A, et al. Deep learning empowered breast cancer diagnosis: Advancements in detection and classification. *PLoS One.* 2024;19: e0304757. doi: 10.1371/journal.pone.0304757.
- Rahman MM, et al. Breast cancer detection and localizing the mass area using deep learning. *Big Data Cogn Comput.* 2024; 8:80. doi: 10.3390/bdcc8070080.
- Wang L. Mammography with deep learning for breast cancer detection. *Front Oncol.* 2024; 14:1281922. doi: 10.3389/fonc.2024.1281922.
- Kanber BM, Al Smadi A, Noaman NF, Liu B, Gou S, Alsmadi MK. Lightgbm: A leading force in breast cancer diagnosis through machine learning and image processing. *IEEE Access.* 2024; 12:39811-32. doi: 10.1109/ACCESS.2024.3375755.

25. Zeng R, et al. FastLeakyResNet-CIR: A novel deep learning framework for breast cancer detection and classification. *IEEE Access*. 2024;12: 70825-70832. doi: 10.1109/ACCESS.2024.3401729.
26. Mahmood T, Saba T, Rehman A, Alamri FS. Harnessing the power of radiomics and deep learning for improved breast cancer diagnosis with multiparametric breast mammography. *Expert Syst Appl*. 2024; 249:123747. doi: 10.1016/j.eswa.2024.123747.
27. Al-Imran M, et al. Evaluating Machine Learning Algorithms for Breast Cancer Detection: A Study on Accuracy and Predictive Performance. *TAJET*. 2024; 6:22-33. doi: 10.37547/tajet/Volume06Issue09-04.
28. Kavitha N, Madhumathy P, Prasad RM, Chandrappa DN. Machine learning technique for breast cancer detection and classification. *Mach Learn Comput Sci Eng*. 2025; 1:16. doi: 10.1007/s44379-025-00018-y.
29. Yaqoob A, Verma NK, Aziz RM, Shah MA. RNA-Seq analysis for breast cancer detection: a study on paired tissue samples using hybrid optimization and deep learning techniques. *J Cancer Res Clin Oncol*. 2024; 150:455. doi: 10.1007/s00432-024-05968-z.
30. Jabeen K, et al. An intelligent healthcare framework for breast cancer diagnosis based on the information fusion of novel deep learning architectures and improved optimization algorithm. *Eng Appl Artif Intell*. 2024; 137:109152. doi: 10.1016/j.engappai.2024.109152.
31. Zaylaa AJ, Kourtian S. Advancing breast cancer diagnosis through breast mass images, machine learning, and regression models. *Sensors*. 2024; 24:2312. doi: 10.3390/s24072312.
32. Guo D, et al. A multimodal breast cancer diagnosis method based on Knowledge-Augmented Deep Learning. *Biomed Signal Process Control*. 2024; 90: 105843. doi: 10.1016/j.bspc.2023.105843.
33. Teoh JR, Hasikin K, Lai KW, Wu X, Li C. Enhancing early breast cancer diagnosis through automated microcalcification detection using an optimized ensemble deep learning framework. *Peer J Comput Sci*. 2024;10: e2082. doi: 10.7717/peerj-cs.2082.
34. Shah D, Ullah Khan MA, Abrar M. Reliable Breast Cancer Diagnosis with Deep Learning: DCGAN-Driven Mammogram Synthesis and Validity Assessment. *Appl. Comput Intell Soft Comput*. 2024; 2024:1122109. doi: 10.1155/2024/1122109.
35. Kebede SR, et al. Dual view deep learning for enhanced breast cancer screening using mammography. *Sci Rep*. 2024; 14:3839. doi: 10.1038/s41598-023-50797-8.
36. Yadav AR, Kumar VN. PSO-optimized fractional order CNNs for enhanced breast cancer detection. *Results Eng*. 2025; 26:104559. doi: 10.1016/j.rineng.2025.104559.
37. Kumar R, Chaudhry M, Patel HK, Prakash N, Dogra A, Kumar S. An analysis of ensemble machine learning algorithms for breast cancer detection: Performance and Generalization," 2024 11th International Conference on Computing for Sustainable Global Development (INDIACom), New Delhi, India, 2024, pp. 366-370, doi: 10.23919/INDIACom61295.2024.10498618.
38. Zarif S, Abdulkader H, Elaraby I, Alharbi A, Elkilani WS, Pławiak P. Using hybrid pre-trained models for breast cancer detection. *PLoS One*. 2024;19: e0296912. doi: 10.1371/journal.pone.0296912.
39. Carriero A, Groenhoff L, Vologina E, Basile P, Albera M. Deep learning in breast cancer imaging: State of the art and recent advancements in early 2024. *Diagnostics*. 2024; 14:848. doi: 10.3390/diagnostics14080848.
40. Priyadarshni V, Sharma SK, Rahmani MKI, Kaushik B, Almajalid R. Machine Learning Techniques Using Deep Instinctive Encoder-Based Feature Extraction for Optimized Breast Cancer Detection. *Comput Mater Contin*. 2024;78. doi: 10.32604/cmc.2024.044963.
41. Abunasser BS, Al-Hiealy MRJ, Zaqout IS, Abu-Naser SS. Convolution neural network for breast cancer detection and classification using deep learning. *Asian Pac J Cancer Prev*. 2023; 24:531-44. doi: 10.31557/APJCP.2023.24.2.531.
42. Desai M, Shah M. An anatomization on breast cancer detection and diagnosis employing multi-layer perceptron neural network (MLP) and Convolutional neural network (CNN). *Clin eHealth*. 2021; 4:1-11. doi: 10.1016/j.ceh.2020.11.002.
43. Oza P, Sharma P, Patel S, Kumar P. Deep convolutional neural networks for computer-aided breast cancer diagnostic: a survey. *Neural Comput Appl*. 2022; 34:1815-36. doi: 10.1007/s00521-021-06804-y
44. Das HS, Das A, Neog A, Mallik S, Bora K, Zhao Z. Breast cancer detection: Shallow convolutional neural network against deep convolutional neural networks-based approach. *Front Genet*. 2023; 13:1097207. doi: 10.3389/fgene.2022.1097207.
45. Naz A, Khan H, Din IU, Ali A, Husain M. An Efficient Optimization System for Early Breast Cancer Diagnosis based on Internet of Medical Things and Deep Learning. *Eng Technol Appl Sci Res*. 2024; 14:15957-62. doi: 10.48084/etasr.8080.
46. Sahu A, Das PK, Meher S. An efficient deep learning scheme to detect breast cancer using mammogram and ultrasound breast images. *Biomed Signal Process Control*. 2024; 87:105377. doi: 10.1016/j.bspc.2023.105377.
47. Qureshi SA, et al. Breast Cancer Detection using Mammography: Image Processing to Deep Learning. *IEEE Access* 2025;13: 60776-801. doi: 10.1109/ACCESS.2024.3523745.