Journal of Ilam University of Medical Sciences

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

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

A B S T R A C T

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

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

© The Author(s)

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

TThe 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

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

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.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

مجله دانشگاه علوم پزشکی ایلام

شاپای چاپی : ۱۵۶۳-۴۷۲۸

شاپای الکترونیک : ۲۵۸۸-۳۱۳۵

ارائه مدلی جدید به‌منظور مدل‌سازی شبکه‌های سرطانی در تشخیص زودرس تومورهای بدخیم در سرطان سینه با استفاده شبکه‌های عصبی پیچشی پیچیده

پیمان عاربی [1*]

[1] دانشکده مهندسی کامپیوتر، دانشگاه ملی مهارت، تهران، ایران

اطلاعات مقاله

نوع مقاله: پژوهشی

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۹/۱۷

تاریخ ویرایش: ۱۴۰۴/۱۱/۱۶

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۱۲/۰۲

تاریخ انتشار: ۱۴۰۵/۰۳/۰۵

نویسنده مسئول:

پیمان عاربی

دانشکده مهندسی کامپیوتر، دانشگاه ملی مهارت، تهران، ایران

Email:
peymanarebi@gmail.com

چکیده

مقدمه: سرطان سینه یکی از علل اصلی مرگ‌ومیر در میان زنان است و نیازمند روش‌های تشخیصی پیشرفته برای تشخیص زودهنگام و دقیق است. مدل‌سازی سرطان سینه با استفاده از شبکه‌های پیچیده شامل نمایش تعاملات بیولوژیکی به‌عنوان گره‌ها و لبه‌ها، برای کشف سازوکارهای بیماری و پیش‌بینی پیشرفت یا پاسخ‌های درمانی از طریق تجزیه‌وتحلیل توپولوژیکی و دینامیکی است. تکنیک‌های سنتی مانند ماموگرافی و بیوپسی، اغلب با محدودیت‌هایی در حساسیت و تفسیرپذیری مواجه هستند.

مواد و روش‌ها: این مقاله یک روش داده‌کاوی جدید برای شناسایی سرطان سینه با استفاده از طبقه‌بندی تومور از طریق شبکه‌های عصبی پیچشی گراف (GCNN) را ارائه می‌دهد. برخلاف مدل‌های یادگیری عمیق مرسوم، روش پیشنهادی به‌طور مؤثر ویژگی‌های رابطه‌ای پیچیده را در داده‌های غیراقلیدسی ثبت می‌کند و آن‌ها را برای تجزیه‌وتحلیل ساختارهای تومور ایدئال می‌سازد.

یافته‌های پژوهش: روش پیشنهادی داده‌های تصویربرداری پزشکی و هیستوپاتولوژی را در مرحلهٔ پیش‌پردازش به نمایش‌های گراف تبدیل می‌کند و امکان استخراج و طبقه‌بندی قوی ویژگی‌ها را فراهم می‌سازد.

بحث و نتیجه‌گیری: نتایج شبیه‌سازی روش پیشنهادی روی مجموعه‌داده‌های دنیای واقعی نشان می‌دهد که روش پیشنهادی در مقایسه با روش‌های مرسوم، به‌طور 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.

واژه‌های کلیدی: تشخیص پزشکی، سرطان سینه، طبقه‌بندی تومور با شبکهٔ پیچیده، شبکه‌های عصبی پیچشی گراف، کاوش ویژگی

استناد: عاربی پیمان. ارائهٔ مدلی جدید به‌منظور مدل‌سازی شبکه‌های سرطانی در تشخیص زودرس تومورهای بدخیم در سرطان سینه با استفاده شبکه‌های عصبی پیچشی پیچیده. *مجله دانشگاه علوم پزشکی ایلام*، خرداد ۱۴۰۵؛ (۲)۳۴: ۱۴۱-۱۱۴.

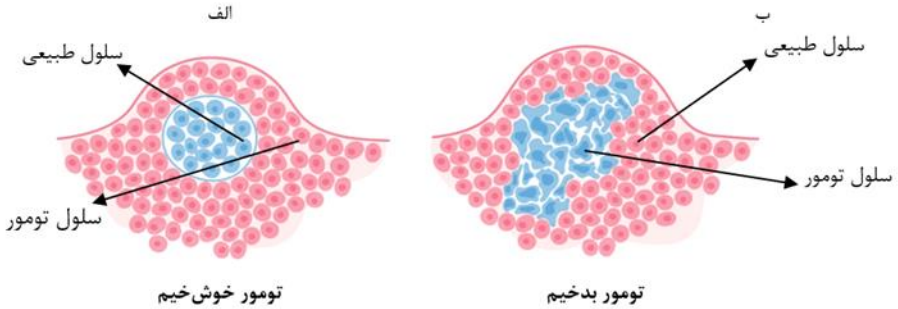
[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

CC BY NC

حق‌مؤلف © نویسندگان

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 به‌آرامی 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 تهدیدکنندهٔ 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، تهدیدکنندهٔ 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 شمارهٔ ۱ انواع تومورهای خوش‌خیم و بدخیم را نشان می‌دهد.



شکل شمارهٔ ۱. ساختار انواع تومورهای سینه

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

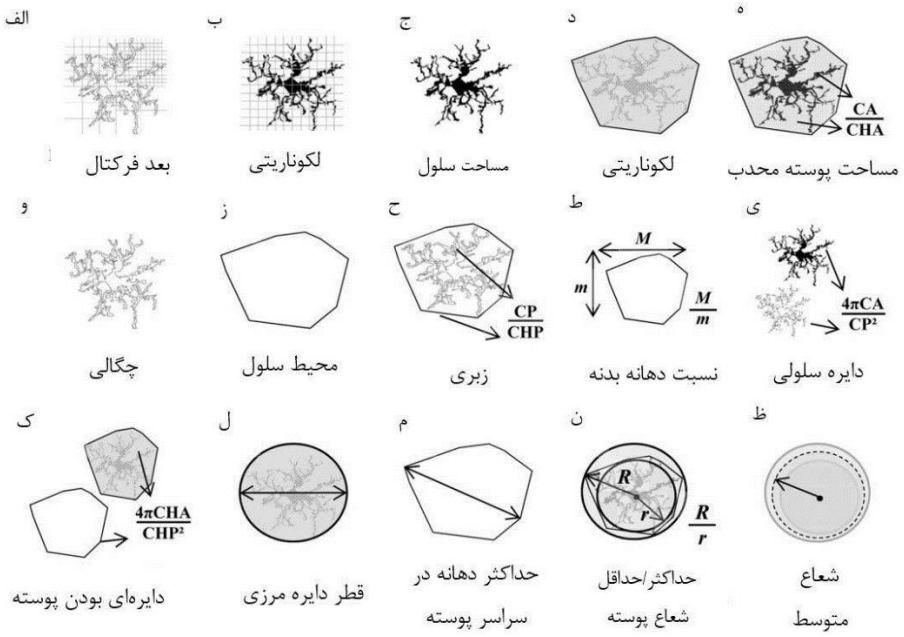
[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

نشان‌دهندهٔ یک سلول یا ساختاری مشابه است و روش‌های مختلفی را برای تعیین کمیت اندازه، شکل و پیچیدگی آن نشان می‌دهد. اولین مجموعهٔ مؤلفه‌هایی که در شکل شمارهٔ ۲. الف تا ۲. هـ نشان داده شده‌اند، بر جنبه‌های اساسی شکل و چگالی آن تمرکز دارند شکل شمارهٔ ۲. الف از شبکه‌هایی با اندازه‌های مختلف برای ارزیابی پیچیدگی و بی‌نظمی شکل در مقیاس‌های مختلف استفاده می‌کند. «لکوناریتی» (شکل شمارهٔ ۲. ب) توزیع و اندازه فضاهای خالی درون یا اطراف شکل را تعیین می‌نماید و بینشی دربارهٔ بافت آن ارائه می‌دهد. «مساحت سلول (ج)» (شکل شمارهٔ ۲. ج) به‌سادگی نشان‌دهندهٔ کل مساحت اشغال‌شده توسط شکل جامد است؛ سپس رابطهٔ آن با «مساحت پوستهٔ محدب» (د)، مساحت کوچک‌ترین چندضلعی محدب محصورکنندهٔ شکل، برای محاسبهٔ «چگالی» (شکل شمارهٔ ۲. هـ) به‌عنوان نسبت مساحت سلول به مساحت پوستهٔ محدب استفاده می‌شود که نشان می‌دهد چه مقدار از پوستهٔ احاطه‌کننده توسط شکل واقعی پر شده است.

شکل‌های شمارهٔ ۲. و تا ۲. ی به بررسی محیط و دایره‌ای بودن شکل می‌پردازند. «محیط سلول» (شکل شمارهٔ ۲. ح) طول کل مرز شکل است، درحالی‌که «محیط بدنهٔ محدب» (شکل شمارهٔ ۲. ط) محیط بدنهٔ محدب آن است. این دو محیط برای تعیین «زبری» (شکل شمارهٔ ۲. ز) استفاده می‌شوند که به‌صورت نسبت محیط سلول به محیط بدنهٔ محدب محاسبه می‌گردد و نشان‌دهندهٔ بی‌نظمی یا پیچش مرز شکل است. «نسبت دهانهٔ بدنهٔ محدب» (شکل شمارهٔ ۲. ک) میزان کشیدگی بدنهٔ محدب را با در نظر گرفتن نسبت حداکثر به حداقل دهانه‌های آن اندازه‌گیری می‌کند. «دایرهٔ سلولی» (شکل شمارهٔ ۲. ک) برای تعیین کمیت دایره‌ای بودن شکل واقعی اعمال می‌شود که مقدار ۱ نشان‌دهندهٔ یک دایرهٔ کامل است.

درنهایت، شکل‌های شمارهٔ ۲. ک تا ۲. ظ معیارهای اضافی مربوط به دایره‌ای بودن، ساختارهای مرزی و شعاع‌ها را ارائه می‌دهند. «دایره‌ای بودن پوستهٔ محدب» (شکل شمارهٔ ۲. م) مشابه دایره‌ای بودن سلول است؛ اما برای پوستهٔ محدب اعمال می‌گردد و دایره‌ای بودن آن را نشان می‌دهد. «قطر دایرهٔ مرزی» (شکل شمارهٔ ۲. ل) قطر کوچک‌ترین دایره‌ای را نشان می‌دهد که می‌تواند شکل را به‌طور کامل احاطه کند. «حداکثر دهانه در سراسر پوستهٔ محدب» (شکل شمارهٔ ۲. م) طولانی‌ترین بعد پوستهٔ محدب را مشخص می‌نماید. «نسبت حداکثر/حداقل شعاع پوستهٔ محدب» (شکل شمارهٔ ۲. ن) بی‌نظمی شعاعی پوستهٔ محدب را با مقایسهٔ بزرگ‌ترین و کوچک‌ترین شعاع آن از یک نقطهٔ مرکزی ارزیابی می‌کند. «شعاع متوسط» (شکل شمارهٔ ۲. ظ) میانگین فاصلهٔ شعاعی از یک نقطهٔ مرکزی تا مرز را نشان می‌دهد و یک معیار کلی از وسعت شکل از مرکز آن را ارائه می‌نماید.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]



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

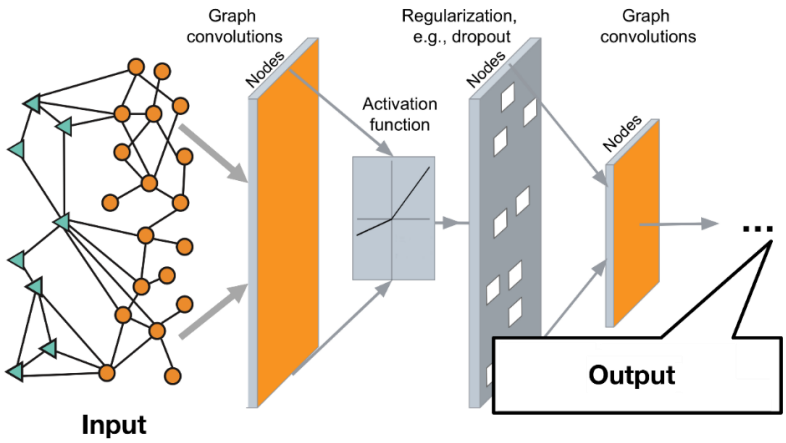
با پیشرفت‌های سریع در هوش مصنوعی و یادگیری ماشین، علاقه فزاینده‌ای به استفاده از تکنیک‌های محاسباتی برای بهبود تشخیص و طبقه‌بندی سرطان وجود دارد (۸) یادگیری ماشینی با خودکارسازی تجزیه‌وتحلیل تصویر، بهبود دقت تشخیصی و کاهش نتایج مثبت و منفی کاذب، به‌عنوان ابزاری قدرتمند برای افزایش تشخیص سرطان سینه ظهور کرده است. الگوریتم‌های یادگیری ماشینی با بهره‌گیری از مجموعه‌داده‌های 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، مجموعه‌داده‌های حاشیه‌نویسی‌شدهٔ 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 گردش‌های کاری موجود در حوزهٔ 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 و یادگیری چندوجهی با ترکیب تصویربرداری، ژنومیک و داده‌های بالینی برای تشخیص جامع‌تر است. با ادامهٔ 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 ماشین ازجمله مدل‌های تحت نظارت، بدون نظارت و یادگیری عمیق، برای تشخیص سرطان سینه به‌کار گرفته‌شده‌اند. رویکردهای یادگیری تحت نظارت مانند ماشین‌های بردار پشتیبان (SVM)، جنگل‌های تصادفی و رگرسیون لجستیک، به‌طور گسترده برای طبقه‌بندی تومورها به‌عنوان خوش‌خیم یا بدخیم، بر اساس ویژگی‌های استخراج‌شده از ماموگرافی، سونوگرافی یا تصاویر هیستوپاتولوژیک استفاده شده‌اند (۹) مدل‌های یادگیری عمیق، به‌ویژه شبکه‌های عصبی پیچی، به علت توانایی‌شان در یادگیری خودکار ویژگی‌های سلسله‌مراتبی، موفقیت چشمگیری در تجزیه‌وتحلیل 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 به‌عنوان یک رویکرد

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

یادگیری عمیق قدرتمند برای تجزیه‌وتحلیل ساختارهای داده غیر اقلیدسی، مانند شبکه‌های بیولوژیکی و داده‌های تصویربرداری پزشکی، ظهور کرده‌اند (۱۱). برخلاف شبکه‌های عصبی پیچشی مرسوم که روی داده‌های شبکه‌ای عمل می‌کنند، GCNها می‌توانند به‌طور مؤثر روابط و وابستگی‌های بین نقاط دادهٔ نامنظم را مدل‌ساز کنند که آن‌ها را به‌ویژه برای وظایف طبقه‌بندی تومور مناسب می‌سازد که در آن‌ها ویژگی‌های ساختاری و توپولوژیکی نقش حیاتی دارند (۱۲). شبکه‌های عصبی پیچشی گرافی (GCN) به‌عنوان یک رویکرد بسیار امیدوارکننده برای طبقه‌بندی تومور ظهور کرده‌اند و مزایای منحصربه‌فردی نسبت به شبکه‌های عصبی پیچشی سنتی، هنگام تجزیه‌وتحلیل داده‌های بیولوژیکی پیچیده ارائه می‌دهند. برخلاف روش‌های مرسوم که تصاویر پزشکی را به‌صورت شبکه‌های منظم پردازش می‌کنند، GCNها روی داده‌های ساختاریافتهٔ گراف عمل می‌نمایند و آن‌ها را قادر می‌سازند تا روابط پیچیدهٔ میان سلول‌های تومور و ریزمحیط آن‌ها را به‌طور مؤثر مدل‌سازی کنند (۱۳). این قابلیت، GCNها را برای تجزیه‌وتحلیل تصاویر کل اسلاید هیستوپاتولوژیک و اسکن‌های رادیولوژیکی فوق‌العاده مناسب می‌کند که در آن‌ها، روابط مکانی میان ساختارهای سلولی اطلاعات تشخیصی حیاتی را در خود جای داده‌اند. شکل شمارهٔ ۳ یک شبکهٔ عصبی پیچشی گراف را نشان می‌دهد که برای داده‌های گرافی به‌کار می‌رود. در ابتدا، گراف ورودی شامل گره‌ها و یال‌ها است که هر گره ویژگی‌هایی دارد؛ سپس لایه‌های پیچش گراف با تجمیع اطلاعات هر گره از همسایه‌هایش (بر اساس ساختار گراف)، نمایش‌های جدیدی از گره‌ها می‌سازند. خروجی هر لایه پس از عبور از تابع فعال‌ساز غیرخطی می‌شود و ممکن است برای جلوگیری از بیش‌برازش، از منظم‌سازی‌هایی مثل dropout استفاده گردد. با تکرار این مراحل در چندلایه، اطلاعات محلی و سپس سراسری گراف بهتر استخراج می‌شود و درنهایت، نمایش‌های نهایی گره‌ها یا کل گراف برای تولید خروجی‌هایی مانند دسته‌بندی گره، پیش‌بینی لینک یا طبقه‌بندی گراف استفاده می‌گردد. در این معماری، هدف اصلی شبکهٔ عصبی پیچشی گراف یادگیری نمایش‌های معنادار از داده‌هایی است که ساختار غیرمنظم دارند؛ مانند شبکه‌های اجتماعی، مولکول‌ها یا گراف‌های دانش. در مرحلهٔ ورودی، هر گره گراف یک بردار ویژگی اولیه دارد و یال‌ها روابط میان گره‌ها را مشخص می‌کنند. در لایه‌های پیچش گراف، برای هر گره، اطلاعات ویژگی‌های خودش و گره‌های همسایه‌اش با یکدیگر تجمیع می‌شوند. این کار معمولاً با استفاده از ماتریس مجاورت یا نسخهٔ نرمال‌سازی‌شده آن انجام می‌گردد تا تأثیر همسایه‌ها به‌صورت متعادل در نظر گرفته شود؛ سپس خروجی این تجمیع در یک تبدیل خطی (ضرب در وزن‌های قابل یادگیری) قرار می‌گیرد. پس از هر لایه پیچش، خروجی از یک تابع فعال‌ساز غیرخطی مانند ReLU عبور می‌کند تا شبکه بتواند الگوهای پیچیده‌تری را مدل نماید. در ادامه، برای افزایش پایداری آموزش و جلوگیری از بیش‌برازش، از روش‌های منظم‌سازی مانند dropout استفاده می‌شود که به‌طور تصادفی، برخی ارتباطات یا ویژگی‌ها را در حین آموزش غیرفعال می‌کند. با روی‌هم قرار گرفتن چندین لایه پیچش گراف، هر گره به‌تدریج اطلاعاتی از همسایه‌های دورتر (چند پرش دورتر در گراف) را نیز دریافت می‌نماید. درنهایت، لایهٔ خروجی بر اساس مسئلهٔ مدنظر (مثلاً دسته‌بندی گره، پیش‌بینی برچسب یا رگرسیون) نمایش نهایی گره‌ها یا کل گراف را به یک خروجی قابل تفسیر تبدیل می‌کند.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]



شکل شمارهٔ ۳. ساختار داخلی یک شبکهٔ عصبی پیچشی گراف (snap.stanford.edu)

کاربرد GCNها در تشخیص سرطان سینه معمولاً شامل تبدیل داده‌های تصویربرداری پزشکی به نمایش‌های گراف است که در آن، گره‌ها نشان‌دهندهٔ 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؛ به‌عنوان‌مثال، GCNها موفقیت ویژه‌ای در تجزیه‌وتحلیل زیرگروه‌های کارسینوم مجرایی درجا (DCIS) و کارسینوم مجرایی 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 حوزهٔ 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 توسعهٔ تکنیک‌های هوش مصنوعی قابل توضیح می‌شود که به‌طور خاص برای شبکه‌های عصبی گراف طراحی‌شده‌اند. جهت‌گیری‌های آینده در این زمینه شامل ادغام نمایش‌های گراف چندوجهی با ترکیب داده‌های هیستوپاتولوژیکی، ژنومی و بالینی و همچنین توسعهٔ 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 زرادخانهٔ پاتولوژیست‌ها تبدیل شوند و به‌طور بالقوه، تشخیص زودهنگام 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 نظارت‌شدهٔ سنتی مانند ماشین‌های بردار پشتیبان (SVM) و جنگل‌های تصادفی از ویژگی‌های دست‌ساز مانند مورفولوژی هسته‌ای و توصیف‌گرهای بافت استفاده می‌کنند. بااین‌حال، 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 نشان‌دهندهٔ 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 تجزیه‌وتحلیل معماری‌های ناهمگن تومور و تعاملات ریزمحیط که برای طبقه‌بندی دقیق

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

بسیار مهم هستند، مؤثر است.

طبقه‌بندی تومور مبتنی بر GCN چندین مزیت منحصربه‌فرد نسبت به روش‌های یادگیری عمیق مرسوم ارائه می‌دهد. GCNها می‌توانند با ساخت گراف‌های سلولی از تصاویر هیستوپاتولوژیک که در آن گره‌ها نشان‌دهندهٔ هسته‌ها و لبه‌ها نشان‌دهندهٔ تعاملات سلولی هستند، به‌طور مؤثر سازمان‌دهی توپولوژیکی تومور را مدل‌سازی کنند (۱۷). این رویکرد شناسایی الگوهای مرتبط با تشخیص مانند حاشیه‌های نفوذ تومور، الگوهای تشکیل مجرا و واکنش‌های استرومایی را امکان‌پذیر می‌سازد. مطالعات اخیر نشان داده‌اند که GCNها در تمایز میان تومورهای درجه پایین و درجه بالا و همچنین در پیش‌بینی زیرگروه‌های مولکولی مستقیماً از تصاویر بافت‌شناسی، عملکرد برتر دارند. علاوه بر این، سازوکارهای توجه در معماری‌های پیشرفته GCN می‌توانند مناطق مهم بالینی را برجسته کنند و هم دقت و هم قابلیت تفسیر را برای پاتولوژیست‌ها بهبود بخشند.

مواد و روش‌ها

در این مقاله، ما یک روش داده‌کاوی جدید برای شناسایی سرطان سینه با استفاده از طبقه‌بندی تومور مبتنی بر شبکه‌های عصبی پیچشی گراف ارائه می‌دهیم. رویکرد ما نمایش‌های مبتنی بر گراف از ویژگی‌های تومور را ادغام می‌کند و امکان استخراج ویژگی و طبقه‌بندی قوی‌تر را فراهم می‌سازد. با تبدیل داده‌های تصویربرداری پزشکی و هیستوپاتولوژی به ساختارهای گراف، الگوها و تعاملات پیچیده‌ای را ثبت می‌کنیم که روش‌های سنتی ممکن است نادیده بگیرند. مدل پیشنهادی روی مجموعه‌داده‌های معیار ارزیابی‌شده است و عملکرد برتر را از نظر دقت، حساسیت و ویژگی در مقایسه با تکنیک‌های یادگیری عمیق و یادگیری ماشین موجود نشان می‌دهد.

مهم‌ترین اهداف این مطالعه شامل موارد زیر است:

• یک نمایش مبتنی بر نمودار جدید از داده‌های تومور سینه برای افزایش یادگیری ویژگی‌ها؛

• یک چارچوب جدید مبتنی بر GCN برای طبقه‌بندی تومور پستان پیشنهاد شد که به‌طور مؤثر، تعاملات سلولی و روابط فضایی را در تصاویر هیستوپاتولوژیک مدل‌سازی می‌کند؛

• تکنیک‌های پیشرفتهٔ ساخت گراف را برای ثبت معماری‌های تومور مرتبط با تشخیص معرفی کرد تا دقت طبقه‌بندی را نسبت به CNNهای سنتی بهبود بخشد؛

• ارائهٔ روشی نوین برای جاسازی گره‌ها در شبکهٔ عصبی به‌منظور افزایش کارایی فرایند طبقه‌بندی تومور.

آثار مرتبط: تشخیص زودهنگام و دقیق سرطان سینه برای درمان مؤثر و بهبود نتایج بیمار بسیار مهم است. در سال‌های اخیر، تکنیک‌های یادگیری ماشین و یادگیری عمیق با ارائهٔ روش‌های طبقه‌بندی خودکار، عینی و بسیار دقیق، نویدبخش انقلابی در تشخیص سرطان سینه بوده‌اند. تشخیص سرطان سینه با استفاده از یادگیری ماشین به‌طور گسترده مطالعه شده است و رویکردهای مختلف پتانسیل چشمگیری را در بهبود دقت تشخیصی نشان داده‌اند. حوزهٔ تشخیص سرطان سینه شاهد پیشرفت‌های چشمگیری از طریق تکنیک‌های یادگیری ماشین و یادگیری عمیق بوده است. رویکردهای اولیه عمدتاً به روش‌های سنتی یادگیری ماشین متکی بودند. تنویر و همکارانش یک سامانهٔ تشخیصی مبتنی بر هوش مصنوعی با استفاده از یادگیری ماشین برای تشخیص زودهنگام سرطان سینه توسعه دادند که پتانسیل تجزیه‌وتحلیل خودکار را نشان می‌دهد (۱۸). فاطیما و همکارانش تحلیل جامعی با مقایسهٔ تکنیک‌های مختلف یادگیری ماشین و یادگیری عمیق برای شناسایی سرطان سینه انجام دادند (۱۹).

در سال‌های اخیر، شاهد پیشرفت‌های چشمگیری در کاربردهای یادگیری عمیق بوده‌ایم. وکالائو و همکارانش یک حسگر زیستی متاسطح گرافن تراهرتز بهبودیافته را معرفی کردند که با یادگیری ماشین برای تشخیص زودهنگام بهینه‌شده است (۲۰). احمد و همکارانش پیشرفت‌های یادگیری عمیق در تشخیص سرطان سینه را با تمرکز بر بهبود تشخیص و طبقه‌بندی بررسی کردند (۲۱). رحمان و همکارانش به‌طور خاص به مکان‌یابی تودهٔ تومور با استفاده از یادگیری عمیق در تصاویر ماموگرافی پرداختند (۲۲).

مطالعات متعددی بر بهینه‌سازی رویکردهای موجود

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

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). آل‌عمران 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 جنبهٔ 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). جابین 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 تودهٔ سینه، یادگیری ماشین و مدل‌های رگرسیون ارائه داده‌اند (۳۱).

روش‌های تشخیص تخصصی نیز توسعه یافته‌اند. وکالائو و همکاران (۱۵) یک حسگر زیستی تراهرتز با حساسیت بالا را با استفاده از متاسطوح نانوساختار 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) سامانهٔ بهینه‌سازی کارآمدی برای تشخیص زودهنگام مبتنی بر اینترنت اشیای پزشکی و یادگیری عمیق توسعه دادند. کومار و همکاران (۱۹) تجزیه‌وتحلیل مقایسه‌ای الگوریتم‌های یادگیری ماشینی را انجام دادند و ویژگی‌های پیش‌بینی‌کنندهٔ 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). تئو و همکارانش یک چارچوب یادگیری عمیق گروهی بهینه‌شده برای تشخیص میکروکلسیفیکاسیون توسعه دادند (۳۳). شاه و همکارانش یک سامانهٔ سنتز ماموگرافی مبتنی بر DCGAN برای تشخیص قابل‌اعتماد ایجاد کردند. این حوزه همچنان با معماری‌ها و تکنیک‌های جدید در حال تکامل است (۳۴). کبده و همکارانش یادگیری عمیق دوبعدی را برای غربالگری پیشرفتهٔ 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 تجزیه‌وتحلیل 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). سیوباتارو 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 G۵ را در مطالعات سرطان سینه بررسی کردند (۳). رویکردهای پیشرفتهٔ فعلی پیشرفت مداوم را نشان می‌دهند. کاریرو و همکارانش پیشرفت‌های اخیر در یادگیری عمیق برای تصویربرداری سرطان سینه را مستند کرده‌اند (۳۹).

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

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

شبکه‌های عصبی پیچشی همچنان سنگ بنای تحقیقات هستند. ابوناصر و همکارانش معماری‌های CNN را برای تشخیص و طبقه‌بندی 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 شبکه‌های عصبی پیچشی عمیق را برای تشخیص به کمک کامپیوتر بررسی کردند (۴۳). ابوناصر و همکارانش نتایج نهایی سامانهٔ تشخیص مبتنی بر CNN خود را ارائه دادند (۱۴). داس و همکارانش رویکردهای CNN سطحی و عمیق را مقایسه کردند (۴۴)، درحالی‌که جها و همکارانش شبکه‌های عصبی پیچشی را با استفاده از مناطق مدنظر بر روی تصاویر مادون‌قرمز اعمال نمودند (۸).

درحالی‌که این رویکردها در تشخیص سرطان سینه موفقیت نشان داده‌اند، روش پیشنهادی ما چندین نوآوری کلیدی را معرفی می‌کند. برخلاف CNNهای سنتی که تصاویر را به‌صورت جداگانه پردازش می‌نمایند، رویکرد GCN ما به‌صراحت روابط ساختاری میان سلول‌های تومور و ریزمحیط آن‌ها را مدل‌سازی می‌کند. این روش نقاط قوت تجزیه‌وتحلیل توپولوژیکی را با استخراج ویژگی پیشرفته ترکیب می‌نماید و در مقایسه با روش‌های موجود، قابلیت برتر در ثبت سازمان‌دهی فضایی پیچیدهٔ بافت‌های تومور را ارائه می‌دهد. رویکرد ما به‌طور خاص با ارائهٔ دقت بالا و قابلیت تفسیر بهبودیافته از طریق نمایش مبتنی بر نمودار ویژگی‌های هیستوپاتولوژیک، محدودیت‌های تکنیک‌های فعلی را برطرف می‌کند. جدول شمارهٔ ۱ مقایسهٔ روش پیشنهادی با سایر روش‌های طبقه‌بندی تومور در تشخیص سرطان سینه را نشان می‌دهد.

جدول شمارهٔ ۱. مقایسهٔ روش پیشنهادی با روش‌های مرسوم برجسته در تشخیص سرطان پستان

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

روش پیشنهادی استخراج: روش پیشنهادی یک چارچوب یادگیری عمیق مبتنی بر گراف را برای طبقه‌بندی تومورهای پستان به بدخیم یا خوش‌خیم، با استفاده از تصاویر هیستوپاتولوژیک معرفی می‌کند. این رویکرد با مدل‌سازی

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

ساختارهای بافتی به‌صورت گراف - که در آن گره‌ها نشان‌دهندهٔ سلول‌ها یا نواحی هستند و لبه‌ها روابط مکانی یا بافتی را ثبت می‌کنند - از شبکه‌های عصبی پیچشی گراف (GCNN) برای تجزیه‌وتحلیل تعاملات پیچیدهٔ 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 مجموعه‌داده‌های هیستوپاتولوژی اعتبارسنجی شده است، پتانسیل بهبود دقت تشخیصی را نشان می‌دهد و درعین‌حال، بینش‌های قابل‌توضیحی دربارهٔ ریزمحیط‌های تومور ارائه می‌نماید و تجزیه‌وتحلیل محاسباتی را با آسیب‌شناسی بالینی پیوند می‌دهد.

شکل شمارهٔ 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.مرحلهٔ پیش‌پردازش: فرایند پیش‌پردازش داده‌ها برای آماده‌سازی داده‌های تصویر برای ساخت نمودار؛

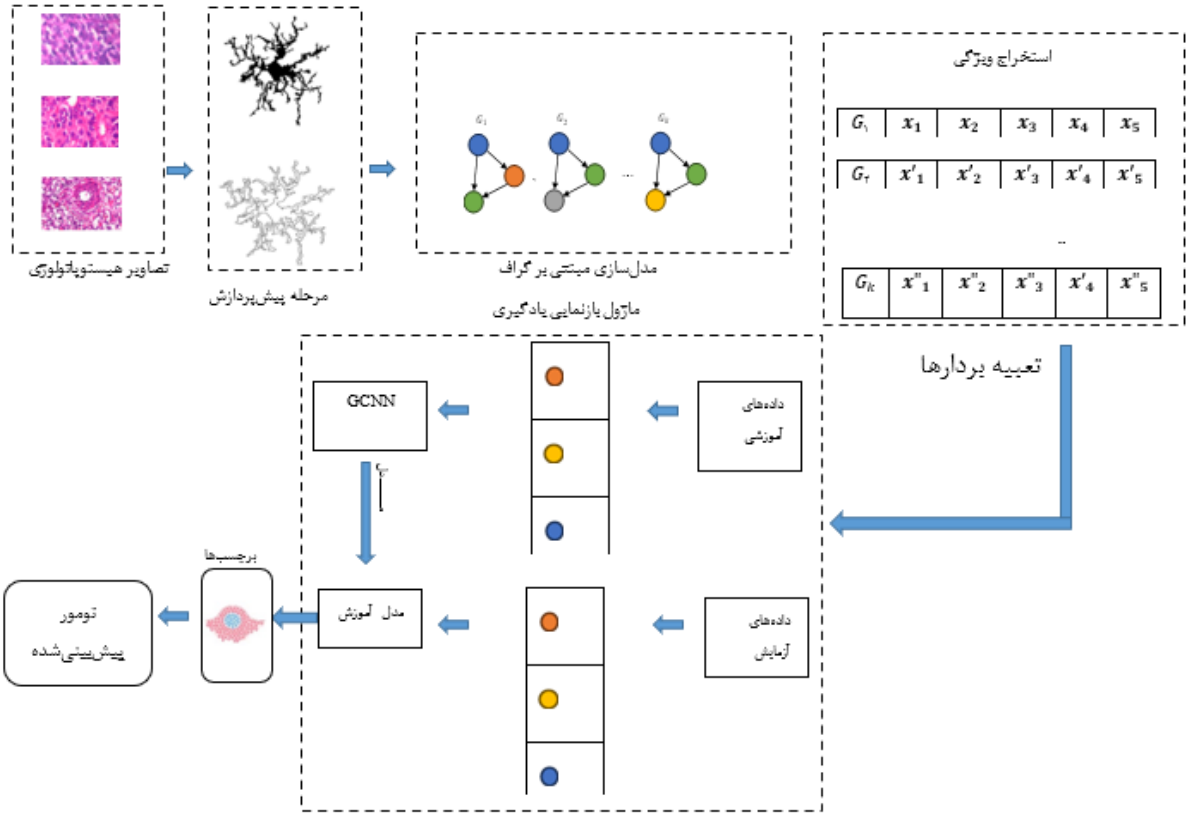
۳.ساخت گراف گره‌ها (سلول‌ها/نواحی بافت) و لبه‌ها (روابط مکانی/بافتی)؛

۴.خط لولهٔ 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 شمارهٔ ۴ نشان داده‌شده است، چارچوب کلی با مرحلهٔ 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 پیچیدهٔ درون تصاویر به نمایش‌های گراف تبدیل می‌شوند. در این مدل‌سازی، هر تصویر تومور به‌صورت یک گراف (G1، G2، ...، Gks) نمایش داده می‌شود که در آن، هر گراف از چندین گره (V1، V2، V3، V4، V5) تشکیل‌شده است. پس از مدل‌سازی مبتنی بر گراف، استخراج ویژگی انجام می‌گردد. این مرحله احتمالاً شامل استخراج ویژگی‌های مرتبط از گره‌ها و لبه‌های گراف‌های ساخته‌شده است. ویژگی‌های استخراج‌شده سپس به‌صورت بردارهای جاسازی نمایش داده می‌شوند. این بردارهای جاسازی به‌عنوان ورودی برای مراحل بعدی مدل عمل می‌کنند؛ سپس این فرایند به داده‌های آموزشی و داده‌های آزمایشی تقسیم می‌گردد. داده‌های آموزشی همراه با برچسب‌های مربوطهٔ آن‌ها (در اینجا مثبت یا منفی برای سرطان)، به مدل آموزشی وارد می‌شوند. هستهٔ اصلی این مدل آموزشی GCNN است. در GCNN، یک ماژول نمایش یادگیری مسئول یادگیری الگوها و روابط پیچیده از داده‌های ساختاریافتهٔ گراف است. پس از اینکه مدل بر اساس داده‌های برچسب‌گذاری‌شده آموزش داده شد، به یک مدل آموزش‌دیده تبدیل می‌شود؛ سپس از این مدل آموزش‌دیده برای پردازش داده‌های آزمایش استفاده می‌گردد. خروجی نهایی روش پیشنهادی، طبقه‌بندی تومور پیش‌بینی‌شده است که نشان می‌دهد، آیا یک تومور برای سرطان سینه به‌عنوان «مثبت» یا «منفی» طبقه‌بندی می‌شود.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]



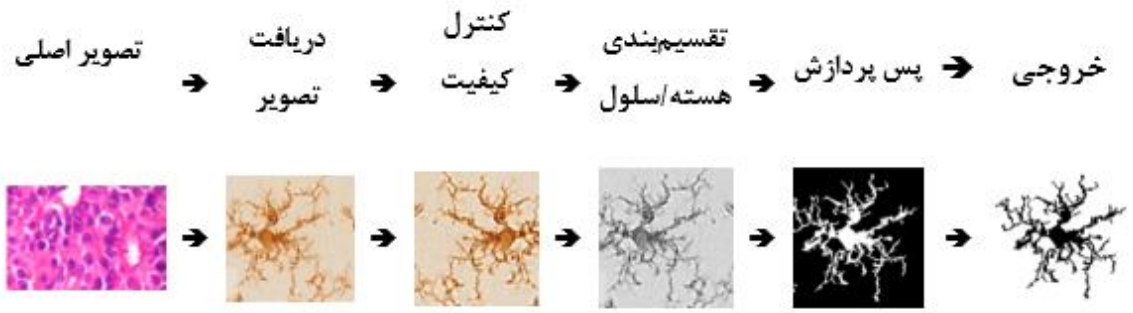
شکل شمارهٔ ٤. مؤلفه‌های فریمورک پیشنهادی

پیش‌پردازش و ساخت گراف: مرحلهٔ پیش‌پردازش تصاویر خام هیستوپاتولوژی را به نمودارهای ساختاریافتهٔ مناسب برای تحلیل شبکهٔ عصبی پیچشی گراف تبدیل می‌کند. این مرحله برای ثبت ویژگی‌های معنادار بیولوژیکی ضمن کاهش نویز و پیچیدگی محاسباتی بسیار مهم است. شکل شمارهٔ ۵ مراحل پیش‌پردازش روش پیشنهادی را نشان می‌دهد. مرحلهٔ پیش‌پردازش با اخذ تصویر آغاز می‌شود؛ جایی که اسلایدهای هیستوپاتولوژی با وضوح بالا دیجیتالی و استاندارد می‌گردند تا از ثبات اطمینان حاصل شود. در ادامه، کنترل کیفیت انجام می‌گردد که شامل نرمال‌سازی لکه برای اصلاح تغییرات رنگ و حذف آرتیفکت برای از بین بردن نویز است. در مرحلهٔ بعد، تقسیم‌بندی هسته/سلول، تصویر را با استفاده از مدل‌های یادگیری عمیق مانند U-Net، به مناطق مجزا تقسیم می‌کند. پس‌پردازش این بخش‌ها را با هموارسازی مرزها، حل همپوشانی‌ها و استخراج ویژگی‌های مورفولوژیکی و بافتی (مانند مساحت، بافت‌های هارالیک) برای هر هسته اصلاح می‌نماید. درنهایت، خروجی به‌صورت یک گراف ساختار می‌یابد که در آن، گره‌ها نشان‌دهندهٔ سلول‌ها (با ویژگی‌ها) هستند و لبه‌ها روابط مکانی یا مبتنی بر ویژگی را رمزگذاری می‌کنند و تجزیه‌وتحلیل پایین‌دست را با شبکه‌های عصبی گراف امکان‌پذیر می‌سازند. این فرایند سرتاسری تضمین می‌کند که داده‌ها الگوهای مرتبط بیولوژیکی را حفظ می‌نمایند و درعین‌حال، از نظر محاسباتی قابل‌ردیابی هستند. مرحلهٔ پیش‌پردازش تصاویر خام هیستوپاتولوژی را از طریق یک خط لولهٔ چندمرحله‌ای سیستماتیک به داده‌های نموداری ساختاریافته مناسب برای طبقه‌بندی تومور تبدیل می‌کند. این فرایند با اخذ تصویر آغاز می‌شود؛ جایی که تصاویر کل اسلاید (WSI) با وضوح بالا یا تکه‌های بافت با استفاده از اسکنرهای تخصصی در بزرگ‌نمایی استاندارد (x۲۰ یا x۴۰) دیجیتالی می‌گردند و به فرمت‌های قابل تجزیه‌وتحلیل تبدیل می‌شوند. کنترل کیفیت برای استانداردسازی داده‌ها انجام می‌گردد که شامل

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

نرمال‌سازی رنگ برای رفع تغییرات رنگ در اسلایدها، حذف آرتیفکت برای از بین بردن نواقص فیزیکی مانند چین‌خوردگی یا پارگی و ارزیابی فوکوس برای اطمینان از وضوح تصویر است. در مرحلهٔ بعد، هسته‌ها و تقسیم‌بندی سلول بافت را با استفاده از مدل‌های یادگیری عمیق مانند Hover-Net برای دقت بالا یا تکنیک‌های سنتی بینایی کامپیوتر مانند الگوریتم‌های آستانه‌گذاری و حوزهٔ آبخیز برای موارد ساده‌تر، به واحدهای معنادار بیولوژیکی تقسیم می‌کنند. این مرحله ماسک‌های برچسب‌گذاری‌شده‌ای را ایجاد می‌نماید که اجزای سلولی منفرد را شناسایی می‌کنند. مرحلهٔ پس‌پردازش بعدی این بخش‌ها را با حذف نویز از طریق فیلترهای اندازه و شکل، هموارسازی مرزها از طریق عملیات مورفولوژیکی و تفکیک هسته‌های همپوشانی با استفاده از تکنیک‌های جداسازی پیشرفته اصلاح می‌نماید. هم‌زمان، ویژگی‌های کمی ازجمله توصیف‌گرهای مورفولوژیکی، الگوهای بافتی و شدت لکه‌ها برای هر هسته استخراج می‌شوند تا به‌عنوان ویژگی‌های گره عمل کنند.

مرحلهٔ خروجی نهایی نمایش گراف را با تعریف گره‌ها (هسته‌ها/سلول‌های قطعه‌بندی‌شده) و لبه‌ها (روابط مکانی یا شباهت‌های ویژگی) ایجاد می‌نماید و درعین‌حال، داده‌ها را در ماتریس‌هایی سازگار با شبکه‌های عصبی گراف سازمان‌دهی می‌کند. ماتریس مجاورت ارتباطات میان گره‌ها را کدگذاری می‌کند، درحالی‌که ماتریس ویژگی، ویژگی‌های سلولی را ثبت می‌نماید. این خط لوله پیش‌پردازش جامع، حفظ الگوهای مکانی و مورفولوژیکی حیاتی تشخیصی را تضمین می‌کند و درعین‌حال، ورودی را برای تجزیه‌وتحلیل GCNN پایین‌دست استانداردسازی می‌نماید و داده‌های خام هیستوپاتولوژی را با چارچوب‌های طبقه‌بندی تومور محاسباتی پیوند می‌دهد. طراحی ماژولار هم قابلیت تفسیر بالینی و هم کارایی الگوریتمی را در خود جای می‌دهد و معیارهای اعتبارسنجی، دقت قطعه‌بندی و یکپارچگی گراف را در هر مرحله ارزیابی می‌کند.



شکل شمارهٔ ۵. مرحلهٔ پیش‌پردازش

مرحلهٔ ساخت گراف هسته‌ها/سلول‌های قطعه‌بندی‌شده و ویژگی‌های استخراج‌شده از آن‌ها را به یک نمایش گراف ساختاریافتهٔ مناسب برای تحلیل شبکهٔ عصبی گراف (GNN) تبدیل می‌کند. این فرایند روابط مکانی، مورفولوژیکی و توپولوژیکی حیاتی برای تشخیص تومورهای بدخیم و خوش‌خیم را کدگذاری می‌نماید.

در تحلیل مبتنی بر نمودار تصاویر هیستوپاتولوژی، گره‌ها رسماً به‌عنوان موجودیت‌های زیستی گسسته در ریزمحیط بافت تعریف می‌شوند که در آن، نشان‌دهندهٔ مجموعهٔ کامل گره‌ها و NN نشان‌دهندهٔ تعداد کل است. هر گره معمولاً با یک هستهٔ منفرد، یک خوشه از سلول‌ها یا یک ابرپیکسل بافتی مطابقت دارد که سطوح سلسله‌مراتبی متمایزی از سازمان‌دهی پاتولوژیک را ثبت می‌کند. v_i∈VV={v_1,v_2,...,v_N} (شکل شمارهٔ ۶).

هر گره با یک بردار ویژگی مرتبط است که در آن، نشان‌دهندهٔ ابعاد ویژگی است. ماتریس ویژگی به‌صورت زیر ساخته می‌شود:

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

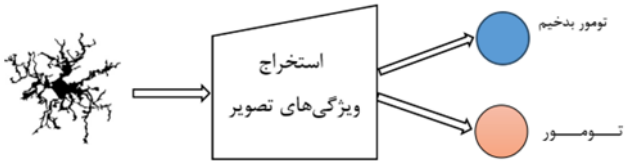
$$X = [x_1, x_2, \ldots, x_N]^\top$$

مایش ویژگی‌های تصویر در تحلیل گراف

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

هیستوپاتولوژی به‌طور رسمی از طریق یک چارچوب ریاضی جامع ساخته می‌شود که به‌طور سیستماتیک، ویژگی‌های مرتبط بیولوژیکی را در یک بردار ویژگی واحد برای هر گره کدگذاری می‌کند:

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



شکل شمارهٔ ٦. فرایند استخراج ویژگی‌های تصویر برای تشکیل نمودار

فضای ویژگی به چهار زیرفضای مکمل تجزیه می‌شود که هرکدام جنبه‌های متمایزی از مورفولوژی سلولی و سازماندهی بافت را در بر می‌گیرند. زیرفضای مورفولوژیکی ویژگی‌های هندسی را از طریق توصیف‌گرهای شکل اساسی شامل مساحت، دایره‌ای بودن مشتق‌شده از محیط، خروج از مرکز و گشتاورهای زرنیک مرتبهٔ بالاتر که پیچیدگی کانتور هسته‌ای را مشخص می‌کنند، کمّی می‌نماید. ویژگی‌های مورفولوژیکی به‌صورت زیر به‌دست می‌آیند:

$$x_i^{morph} x_i^{morph} = \left[Area, \frac{۴\pi . Area}{Perimeter^۲}, Eccentricity, \sum_{k=۰}^{K} Z_k \right]$$

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

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

ویژگی‌های بافتی الگوهای توزیع لکه را با ترکیب آماره‌های شدت مرتبهٔ اول (میانگین و واریانس) با معیارهای بافت مرتبهٔ دوم هارالیک (کنتراست و انرژی) و پاسخ‌های فیلتر گابور چندمقیاسی در حوزه‌های فرکانس و جهت‌گیری مدل‌سازی می‌کنند.

$$x_i^{tex} \mu_I \sigma_I^۲ G_{f,\theta}$$

ویژگی‌های بافتی الگوهای توزیع لکه را به‌صورت زیر ثبت کنید:

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

$$x_i^{tex} = [\mu_I, \sigma_I^۲, Contrast, Energy] \oplus G_{f,\theta}$$

با: میانگین شدت، واریانس، ویژگی‌های هارالیک و پاسخ‌های فیلتر گابور در فرکانس، جهت.

$$\mu_I \sigma_I^۲ G_{f,\theta} f\theta$$

ویژگی‌های اختصاصی رنگ‌آمیزی از تبدیل چگالی نوری برای جداسازی اجزای هماتوکسیلین و ائوزین ازجمله نسبت نسبی آن‌ها استفاده می‌کنند که به‌ویژه به تمایز هسته‌ای–سیتوپلاسمی حساس است. ویژگی‌های اختصاصی رنگ‌آمیزی (n) ویژگی‌های نوری زیر را کدگذاری می‌کنند:

$$x_i^{stain} x_i^{stain} \in R^{d^۳}\, e$$

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

که در آن، $OD = -log۱۰(I/I0)I\epsilon$ برای شدت و از تقسیم بر صفر جلوگیری می‌کند.

زیرفضای ویژگی مکانی زمینهٔ توپولوژیکی را از طریق مختصات مطلق، فاصلهٔ شعاعی تا مرکز تومور و اطلاعات موقعیتی میانگین همسایگی که سازماندهی سلولی محلی را ثبت می‌نماید، کدگذاری می‌کند. ویژگی‌های مکانی زمینهٔ توپولوژیکی را به‌صورت زیر نشان می‌دهند:

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

$$x_i^{spatial} p_i = (x_i, y_i) || pi - c ||^{۲} x_i^{spatial} \in R^{d۳}$$

$$x_i^{spatial} = \left[p_i, ||pi - c||^{۲}, \frac{۱}{|\mathcal{N}_i|} \sum_{j \in \mathcal{N}_i} p_i \right]$$

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

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

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

که در آن، این عملیات استقلال ابعادی را تضمین می‌کند و درعین‌حال، قابلیت تفسیر بیولوژیکی را حفظ می‌نماید و نشان‌دهندهٔ 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 اولیهٔ گره‌ها به دسته‌های بدخیم و خوش‌خیم در طول ساخت گراف، از خوشه‌بندی بدون نظارت روی بردارهای ویژگی کامل xixi استفاده می‌نماییم. این مرحله از تفکیک‌پذیری ذاتی الگوهای پاتولوژیک کدگذاری‌شده در زیرفضاهای ویژگی بهره می‌برد. هدف خوشه‌بندی به‌صورت زیر فرموله شده است:

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

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، طراحی‌شده است. برای نزدیکی مکانی، لبه‌ها بر اساس فاصلهٔ اقلیدسی میان مختصات گره‌ها ایجاد می‌شوند:

$$Epi = (xi, yi)$$

$$e_{ij}^{spatial} = \begin{cases} ۱ \ if \|p_i - p_j\| < r_{max} \\ ۰ \ otherwise \end{cases}$$

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

$$w_{ij}^{feture} = \frac{x_i . x_j}{\|x_i\| . \|x_j\|}^{r_{max}}$$

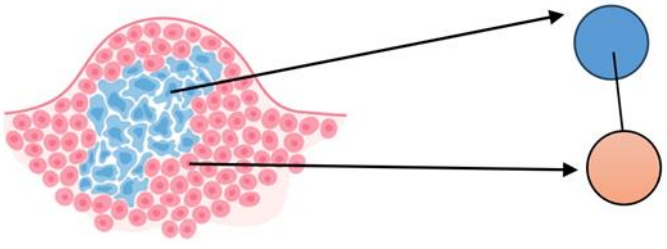
ماتریس مجاورت ترکیبی این معیارها را ادغام می‌کند:

$$A_{ij} = \alpha e_{ij}^{spatial} + (۱ - \alpha) w_{ij}^{feture} \quad A$$

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 شمارهٔ ۷ رابطهٔ میان گره‌ها را با استفاده از ویژگی‌های تصویر نشان می‌دهد.

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

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



شکل شمارهٔ ۷. فرایند تشکیل رابطهٔ میان گره‌ها با استفاده از ویژگی‌های تصویر

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

قطر گراف و بردارهای فاصله، برای تولید نمایش‌های متمایزکننده‌ای بهره می‌برد که ویژگی‌های ساختاری محلی و سراسری گراف هیستوپاتولوژی ساخته‌شده را ثبت می‌کنند. این معیارها در جاسازی‌های سطح گره و گراف ادغام می‌شوند تا طبقه‌بندی بدخیمی را بهبود بخشند. معیارهای جاسازی استفاده‌شده عبارت‌اند از:

$$G = (V, E)$$

* معیارهای مرکزیت برای جاسازی گره: معیارهای مرکزیت اهمیت توپولوژیکی گره‌ها را که اغلب با اهمیت پاتولوژیک همبستگی دارد، کمّی می‌کنند. برای هر گره، مرکزیت درجه به‌صورت زیر به‌دست می‌آید:

$$v_i$$

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

که در آن، $N((i)v_i$ همسایگی است. گره‌های با درجهٔ بالا ممکن است نشان‌دهندهٔ نواحی تومور تکثیرشونده باشند.

مرکزیت بینابینی به‌صورت زیر به‌دست می‌آید:

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

که در آن، کوتاه‌ترین کل مسیرها میان گره‌های SS و $\sigma_{st}t\sigma_{st}(v_i)v_i$ است و مسیرهای عبوری از آن‌ها را شمارش می‌کند. این امر گره‌های حیاتی برای گسترش تومور را برجسته می‌سازد.

بردار ویژه مرکزیت به‌صورت زیر به‌دست می‌آید:

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

مرکزیت بردار ویژه به‌عنوان بردار ویژهٔ اصلی حل می‌شود. این گره‌های متصل به سایر گره‌های تأثیرگذار را شناسایی می‌کند و پتانسیل متاستاتیک را مدل‌سازی می‌سازد.

قطر گراف برای زمینهٔ جهانی: قطر که به‌عنوان طولانی‌ترین و کوتاه‌ترین مسیر در تعریف می‌شود، پراکندگی تومور را کدگذاری می‌کند:

$$D(G)G$$

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

که در آن، $d(v_i, v_j)$ فاصلهٔ مسیر است. گراف‌های بدخیم اغلب به علت رشد تهاجمی، قطرهای بزرگ‌تری از خود نشان می‌دهند. این اسکالر به تعبیه‌های سطح گراف اضافه می‌شود.

بردارهای فاصله برای تحلیل همسایگی: برای هر گره، یک بردار فاصله کوتاه‌ترین فاصله‌های آن گره تا سایر گره‌ها را ذخیره می‌کند:

$$v_i d_i \in R^N$$

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

این، الگوهای نفوذ موضعی را ثبت می‌کند (در اینجا، گره‌های خوش‌خیم فواصل یکنواختی دارند و گره‌های بدخیم گسترش‌های نامنظمی را نشان می‌دهند).

بردار ویژگی نهایی تعبیه‌شده است که شامل ویژگی‌های استخراج‌شده از گراف است.

$$X = (\boldsymbol{x}_1, \boldsymbol{x}_2, \boldsymbol{x}_3, \boldsymbol{x}_4, \boldsymbol{x}_5)$$

شبکهٔ عصبی پیچشی گراف پیشنهادی: شبکهٔ GCN پیشنهادی برای طبقه‌بندی گره‌ها در گراف هیستوپاتولوژی به‌عنوان بدخیم یا خوش‌خیم به‌کار گرفته می‌شود. شبکهٔ GCN پیشنهادی از ساختار گراف و ویژگی‌های گره از طریق مجموعه‌ای از لایه‌های پیچشی گراف استفاده می‌کند که به‌صورت تکراری، نمایش گره‌ها را تجمیع و تبدیل می‌نمایند. قانون انتشار لایه‌به‌لایه به‌صورت زیر تعریف می‌شود:

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

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

جایی که

$\boldsymbol{H}^{(l)} \in R^{N \times d^{(l)}}$ ماتریس تعبیه گره‌ها در لایهٔ l است.

$\widehat{\boldsymbol{A}} = \widetilde{\boldsymbol{D}}^{-\frac{1}{2}}\widetilde{\boldsymbol{A}}\widetilde{\boldsymbol{D}}^{-\frac{1}{2}}$ ماتریس مجاورت نرمال‌شده متقارن با حلقه‌های خود است که در آن، $\widetilde{\boldsymbol{A}} = \boldsymbol{A} +$

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

$\boldsymbol{I_N \widetilde{D} \widetilde{A}}$ جمع خود-اتصال‌ها و ماتریس درجهٔ قطری است.

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

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

برای طبقه‌بندی بدخیمی، تعبیه‌های گره نهایی از آخرین لایهٔ GCN پیشنهادی از یک لایهٔ کاملاً متصل فعال‌شده با سیگموئید عبور داده می‌شوند:

$$\boldsymbol{P} = \sigma(\boldsymbol{H}^{(L)} \boldsymbol{w}_c + b_c$$

جایی که $H(L)$

$\boldsymbol{w}_c \in R^{d^{(L)}}$ و $b_c \in R$ به‌ترتیب وزن‌های طبقه‌بندی و بایاس هستند.

$\boldsymbol{P} \in R^{\mathrm{N}}$ شامل احتمالات پیش‌بینی‌شدهٔ بدخیمی برای هر گره است. $p \quad i = [۰,۱] v_i$

این مدل با به حداقل رساندن تلفات آنتروپی متقاطع دودویی در همهٔ گره‌های برچسب‌گذاری‌شده آموزش داده می‌شود. این به‌صورت زیر به‌دست می‌آید:

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

که در آن، برچسب حقیقت زمینه‌ای (۰: خوش‌خیم، ۱: بدخیم) است. برای افزایش قابلیت تفسیر می‌توان از سازوکارهای توجه یا نقشه‌های برجستگی مبتنی بر گرادیان 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 آن‌هم مورفولوژی سلولی و هم معماری بافت از نظر تشخیصی مرتبط هستند، مؤثر می‌کند. $y_i \in \{۰,۱\}$

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 خوشهٔ محاسباتی با کارایی بالا مجهز به پردازنده‌های گرافیکی NVIDIA Tesla V100 (حافظهٔ 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 ازجمله مقداردهی اولیهٔ وزن و جابجایی داده‌ها، مقداردهی کردیم. شبیه‌سازی مؤلفه‌های کلیدی مختلفی را تغییر داد: نرخ یادگیری (۰/۰۰۱–۰/۰۱)، اندازهٔ دسته (۳۲–۸ گراف) و شعاع ساخت گراف (۱۰۰–۲۰ میکرومتر)، با مقادیر بهینهٔ انتخاب‌شده از طریق جستجوی شبکه. مقاومت در برابر تغییرات لکه (شبیه‌سازی‌شده از طریق لرزش رنگ) و ناهمگونی اندازهٔ تومور (تغییر اندازهٔ وصله‌ها به ۲/۰–۰/۵میلی‌متر مربع) آزمایش شد.

برای بررسی اثربخشی روش پیشنهادی بر اساس داده‌های دنیای واقعی، دو مجموعه‌دادهٔ دنیای واقعی انتخاب گردیده‌اند. مجموعه‌دادهٔ BreakHis یک معیار در دسترس عموم شامل ۲۴۸۰ تصویر هیستوپاتولوژی با وضوح بالا (۷۰۰×۴۶۰ پیکسل) است که از ۸۲ بیمار با بزرگ‌نمایی ۴۰ برابر، شامل ۶۴۴ نمونه خوش‌خیم و ۱۴۳۷ نمونه بدخیم جمع‌آوری‌شده است. این مجموعه‌داده نمایش متعادلی از زیرگروه‌های تومور را ارائه می‌دهد، به‌طوری‌که موارد

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

خوش‌خیم شامل آدنوز، فیبروآدنوم، تومور فیلودس و آدنوم توبولار می‌شوند، درحالی‌که موارد بدخیم شامل کارسینوم داکتال، کارسینوم لوبولار، کارسینوم موکینوس و کارسینوم پاپیلاری می‌گردند. BreakHis به علت توزیع متعادل کلاس و حاشیه‌نویسی‌های مورفولوژیکی دقیق، به‌طور گسترده برای ارزیابی مدل‌های آسیب‌شناسی محاسباتی استفاده می‌شود. تصاویر با وضوح بالای آن، آتیپی سلولی را ثبت می‌کنند که برای تشخیص بدخیمی حیاتی است. در تکمیل آن، مجموعه‌داده‌های PUIH، مجموعه‌ای اختصاصی از بیمارستان بین‌المللی دانشگاه پکن، شامل ۴۰۲۰ تصویر (۱۲۴×۷۶۸ پیکسل) از ۲۱۶ بیمار است که شامل ۱۵۲۹ مورد خوش‌خیم و ۲۴۹۱ مورد بدخیم است. PUIH با در نظر گرفتن فنوتیپ‌های تهاجمی تومور که در شعاع هسته‌ای متوسط بزرگ‌تر (۲۰/۲۹ میکرومتر) و پیچیدگی بافت بالاتر (۱۴/۳۴) منعکس شده است، همراه با فرادادههای بالینی مانند وضعیت ER/PR/HER2 برای زیرگروه‌بندی مولکولی متمایز می‌شود. هر دو مجموعه‌داده‌ها برای پیشرفت طبقه‌بندی تومور مبتنی بر GCN محوری هستند؛ BreakHis تکرارپذیری را تضمین و PUIH شکاف را تا استقرار بالینی پر می‌کند. به‌منظور افزایش تفسیرپذیری مدل پیشنهادی و ارائهٔ شواهد تجربی از عملکرد سازوکار توجه، در این پژوهش نقشه‌های توجه (Attention Maps) استخراج و به‌صورت بصری تحلیل شده‌اند. این نقشه‌ها نشان می‌دهند که شبکهٔ عصبی پیچشی گراف در فرایند تصمیم‌گیری، بر کدام نواحی از بافت و کدام گره‌ها و ارتباطات گرافی تمرکز بیشتری دارد. نتایج بصری‌سازی حاکی از آن است که مدل عمدتاً نواحی دارای تراکم سلولی بالا، مرزهای نامنظم هسته‌ها و الگوهای معماری مرتبط با بدخیمی را به‌عنوان نواحی کلیدی تشخیصی برجسته می‌کند. این تمرکز با دانش پاتولوژیک موجود همخوانی دارد و نشان می‌دهد که مدل به‌جای تکیه بر الگوهای تصادفی، ویژگی‌های معنادار زیستی را برای طبقه‌بندی تومور شناسایی می‌نماید؛ بنابراین، ارائهٔ نقشه‌های توجه نه‌تنها عملکرد مدل را به‌صورت شهودی قابل درک می‌سازد، بلکه ادعای تفسیرپذیری چارچوب پیشنهادی را به‌طور ملموس و تجربی تأیید می‌کند. جدول شمارهٔ ۲ مهم‌ترین ویژگی‌های مجموعه داده‌های دنیای واقعی را نشان می‌دهد.

جدول شمارهٔ ۲. ویژگی‌های آماری مجموعه‌داده‌ها

	#خوش‌خیم	#بدخیم	$\overline{Radius}$	$\overline{Textur}$	$\overline{Perimeter}$	$\overline{Area}$	$\overline{Concavity}$	$\overline{Compactnes}$
BreakHis	۶۴۴	۱۴۳۷	۱۷/۹۹	۱۰/۳۸	۱۲۲/۸۰	۱۰۰۱/۰	۰/۳۰۰۱	۰/۲۷۷۶۰
PUIH	۱۵۲۹	۲۴۹۱	۲۰/۲۹	۱۴/۳۴	۱۳۵/۱۰	۱۲۹۷/۰	۰/۱۹۸۰	۰/۱۳۲۸۰

به‌منظور مقایسهٔ روش پیشنهادی با سایر روش‌ها، دو روش مرسوم در زمینهٔ تشخیص سرطان سینه با استفاده از طبقه‌بندی تومور انتخاب شده‌اند. روش پیشنهادی به‌طور دقیق در مقایسه با دو دسته از روش‌های پیشرفته، شامل یادگیری ماشین سنتی ارزیابی شد (۲۷) و یکی از روش‌ها، روش CNN برای مقایسه انتخاب گردید (۲۱). روش دیگر، روش سنتی یادگیری ماشین ازجمله روش پشتیبانی از k-نزدیک‌ترین همسایه‌ها (k-NN)، بر ویژگی‌های دست‌ساز مانند طبقه‌بندی مبتنی بر فاصلهٔ اقلیدسی توصیف‌کننده‌های شکل هسته‌ای متکی بود. رویکردهای مبتنی بر CNN به‌طور خودکار ویژگی‌ها را از تصاویر خام توسط ResNet-۵۰ یاد می‌گیرند.

به‌منظور اطمینان از مقایسه‌ای منصفانه و قابل تکرار میان روش پیشنهادی و روش‌های مرسوم، جزئیات پیاده‌سازی مدل‌های مبتنی بر یادگیری ماشین سنتی و شبکهٔ CNN در این مطالعه به‌طور خلاصه تشریح می‌شود. در روش‌های یادگیری ماشین سنتی، ابتدا ویژگی‌های دست‌ساز شامل ویژگی‌های مورفولوژیکی، بافتی و آماری از تصاویر هیستوپاتولوژیک استخراج و سپس این ویژگی‌ها به‌عنوان ورودی طبقه‌بندهایی نظیر k-نزدیک‌ترین همسایه‌ها و ماشین بردار پشتیبان استفاده

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

گردیده‌اند. برای مدل CNN، همان مجموعه‌داده و تنظیمات پیش‌پردازش مشابه روش پیشنهادی به‌کارگرفته و ویژگی‌ها به‌صورت خودکار از تصاویر خام استخراج شده‌اند. معماری CNNشامل چندلایه کانولوشن، لایه‌های تجمیع (Pooling)، توابع فعال‌ساز غیرخطی و لایه‌های کاملاً متصل است و مؤلفه‌های آموزشی نظیر نرخ یادگیری، اندازهٔ دسته، تعداد دوره‌های آموزش و بهینه‌ساز به‌گونه‌ای تنظیم شده‌اند که بهترین عملکرد ممکن حاصل شود. این یکسان‌سازی در داده‌ها، ویژگی‌ها و تنظیمات آموزشی تضمین می‌کند که نتایج مقایسه‌شده 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– به‌طور دقیق ارزیابی شد.

دقت درستی کلی پیش‌بینی‌های مدل را اندازه‌گیری می‌کند و به‌صورت نسبت نمونه‌های طبقه‌بندی‌شدهٔ صحیح به تعداد کل نمونه‌ها محاسبه می‌شود:

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

که در آن TP نشان‌دهندهٔ مثبت‌های واقعی (تومورهای بدخیم به‌درستی شناسایی‌شده)، TN نشان‌دهندهٔ منفی‌های واقعی (تومورهای خوش‌خیم به‌درستی شناسایی‌شده)، FP نشان‌دهندهٔ مثبت‌های کاذب (تومورهای خوش‌خیمی که به‌اشتباه به‌عنوان بدخیم طبقه‌بندی شده‌اند) و FN نشان‌دهندهٔ منفی‌های کاذب (تومورهای بدخیمی که توسط مدل از دست رفته‌اند) است، درحالی‌که دقت معیار کلی عملکرد را ارائه می‌دهد، می‌تواند در موارد تعادل نداشتن کلاس گمراه‌کننده 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 به‌ویژه در تشخیص‌های پزشکی که در آن‌هم نتایج مثبت کاذب و هم نتایج منفی کاذب پیامدهای قابل‌توجهی دارند، اهمیت دارد. امتیاز F_1 به‌عنوان 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 همهٔ پیش‌بینی‌های مثبت) به‌صورت زیر تعریف می‌شود:

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

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

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

جدول شمارهٔ ۳ عملکرد مدل یادگیری پیشنهادی را با روش‌های سنتی یادگیری ماشین (ML) و CNN در دو مجموعه‌داده مقایسه می‌کند: BreakHis و PUIH. معیارهای ارزیابی استفاده‌شده عبارت‌اند از: دقت (ACC) و امتیاز F_1 (F_1). برای مجموعه‌دادهٔ 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. به‌طور مشابه، برای مجموعه‌دادهٔ PUIH، روش پیشنهادی عملکرد برتر را در مقایسه با روش‌های سنتی یادگیری ماشین و CNN نشان می‌دهد.

جدول شمارهٔ۳. نتایج ارزیابی مدل یادگیری پیشنهادی در مقایسه با سایر مدل‌ها

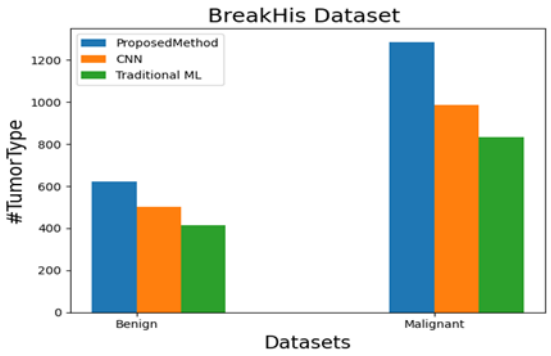
روش‌ها			**مدل**	
روش پیشنهادی	CNN	یادگیری ماشین سنتی	معیارهای ارزیابی	**مجموعه‌داده‌ها**
۰/۹۶۲	۰/۸۹۴	۰/۸۱۱	ACC	

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

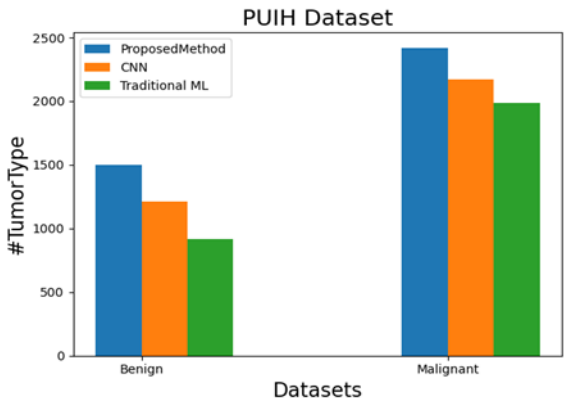
شکستن مجموع‌ها و مجموعه‌داده‌ها	F_1	۰/۸۴۲	۰/۹۲۲	۰/۹۸۸
مجموعه‌دادهٔ PUIH	ACC	۰/۷۶۴	۰.۸۵۷	۰.۹۴۳
	F_1	۰/۷۹۲	۰/۸۸۶	۰/۹۵۵

همان‌طور که شکل شمارهٔ ۸ نشان می‌دهد، نتایج بیان‌کنندهٔ آن است که روش پیشنهادی به‌طور قابل‌توجهی عملکرد طبقه‌بندی را بهبود می‌بخشد، احتمالاً به علت تکنیک‌های پیشرفتهٔ استخراج ویژگی یا بهینه‌سازی. امتیاز F1 بالاتر نشان‌دهندهٔ تعادل بهتر میان دقت و یادآوری است و این امر مدل را برای تشخیص‌های پزشکی که در آن‌ها هم مثبت‌های کاذب و هم منفی‌های کاذب حیاتی هستند، قابل‌اعتمادتر می‌کند

الف



ب



شکل شمارهٔ ۸. عملکرد مدل یادگیری پیشنهادی در مقایسه با سایر روش‌ها

جدول شمارهٔ ۴ فراوانی پیش‌بینی‌های تومور خوش‌خیم و بدخیم توسط روش پیشنهادی، یادگیری ماشین سنتی و CNN را برای مجموعه‌داده‌های BreakHis و PUIH نشان می‌دهد. در مجموعه‌داده‌های BreakHis، روش پیشنهادی ۶۲۲ تومور خوش‌خیم و ۱۲۸۵ تومور بدخیم را پیش‌بینی می‌کند که بیشتر از یادگیری ماشین سنتی و CNN است. برای مجموعه‌داده‌های PUIH، روش پیشنهادی همچنین تومورهای بیشتری را در مقایسه با یادگیری ماشین سنتی و CNN پیش‌بینی می‌نماید. افزایش تعداد تومورهای پیش‌بینی‌شده توسط روش پیشنهادی، حساسیت بالاتر در تشخیص موارد خوش‌خیم و بدخیم را نشان می‌دهد. این می‌تواند به علت توانایی مدل در ثبت الگوهای ظریف در داده‌ها باشد که تشخیص‌های ازدست‌رفته را کاهش می‌دهد. بااین‌حال، تجزیه‌وتحلیل بیشتری لازم است تا اطمینان حاصل شود که اعداد بالاتر ناشی از بیش‌برازش یا سوگیری در مجموعه‌داده‌ها نیستند.

جدول شمارهٔ ٤. فراوانی تومورهای خوش‌خیم و بدخیم در روش پیشنهادی در مقایسه با سایر روش‌ها

مدل		**روش‌ها**		
مجموعه‌داده‌ها	نوع تومور پیش‌بینی‌شده	یادگیری ماشین سنتی	CNN	روش پیشنهادی
BreakHis	خوش‌خیم	۴۱۵	۵۰۲	۶۲۲
	بدخیم	۸۳۲	۹۸۵	۱۲۸۵
PUIH	خوش‌خیم	۹۱۸	۱۲۱۰	۱۴۹۶
	بدخیم	۱۹۸۵	۲۲۶۹	۲۴۱۸

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

هدف از این آزمایش ارزیابی تأثیر وضوح تصویر ورودی بر عملکرد مدل یادگیری پیشنهادی بود. این مطالعه دقت (ACC) و امتیاز F (1F)۱ را در سه وضوح تصویر مختلف (۷۰۰×۴۶۰، ۱۰۲۴×۷۶۰ و ۲۰۴۸×۱۵۳۶) با استفاده از دو مجموعه‌دادهٔ BreakHis و PUIH اندازه‌گیری کرد. جدول شمارهٔ ۵ عملکرد روش پیشنهادی را در وضوح‌های تصویر مختلف (۷۰۰×۴۶۰، ۱۰۲۴×۷۶۰، ۲۰۴۸×۱۵۳۶) برای مجموعه‌داده‌های BreakHis و PUIH ارزیابی می‌کند. برای مجموعه‌دادهٔ BreakHis، دقت و امتیاز F۱ با وضوح‌های بالاتر بهبود می‌یابند. مجموعه‌دادهٔ PUIH روند مشابهی را نشان می‌دهد، به‌طوری‌که بالاترین وضوح بهترین نتایج را به همراه دارد. نتایج اهمیت وضوح تصویر را در عملکرد مدل برجسته می‌کند. وضوح‌های بالاتر احتمالاً ویژگی‌های دقیق‌تری را ارائه می‌دهند و مدل را قادر می‌سازند تا پیش‌بینی‌های دقیق‌تری انجام دهد. این یافته به‌ویژه برای تصویربرداری پزشکی که در آن جزئیات دقیق می‌توانند برای تشخیص صحیح بسیار مهم باشند، مرتبط است. بااین‌حال، هزینه‌های محاسباتی ممکن است با افزایش وضوح افزایش یابد که مستلزم تعادل میان عملکرد و عملی بودن است.

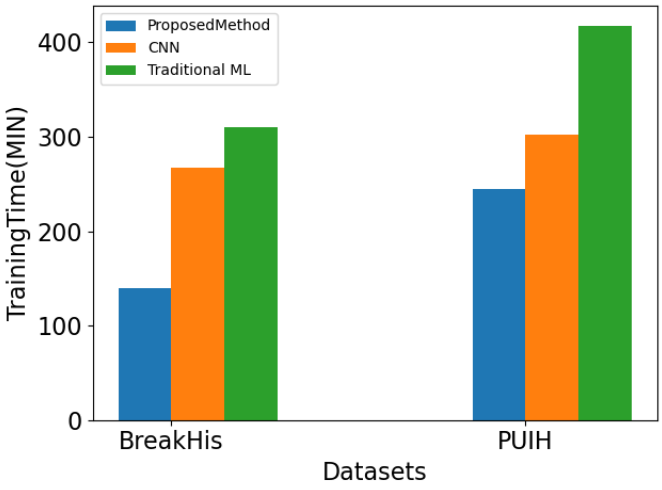
جدول شمارهٔ ۵. . دقت روش پیشنهادی در وضوح‌های مختلف تصاویر ورودی

	معیارهای مدل ارزیابی		
روش پیشنهادی	معیارهای ارزیابی	وضوح تصویر	مجموعه‌داده‌ها
۰/۹۵۱	ACC	۴۶۰×۷۰۰	BreakHis
۰/۹۶۲	F1		
۰/۹۵۹	ACC	۷۶۰×۱۰۲۴	
۰/۹۸۱	F1		
۰/۹۶۱	ACC	۱۵۳۶×۲۰۴۸	
۰/۹۸۸	F1		
۰/۹۲۳	ACC	۴۶۰×۷۰۰	PUIH
۰/۹۴۱	F1		
۰/۹۳۴	ACC	۷۶۰×۱۰۲۴	
۰/۹۴۲	F1		
۰/۹۴۳	ACC	۱۵۳۶×۲۰۴۸	
۰/۹۵۵	F1		

شکل شمارهٔ ۹ تجزیه‌وتحلیل مقایسه‌ای زمان آموزش در مدل‌های مختلف را نشان می‌دهد که مزایای قابل‌توجه کارایی روش پیشنهادی را آشکار می‌کند. در مجموعه‌دادهٔ BreakHis، مدل پیشنهادی آموزش را در ۱۴۰ دقیقه تکمیل می‌نماید که ۴۷/۶ درصد سریع‌تر از CNN ها و ۵۴/۸ درصد سریع‌تر از رویکردهای یادگیری ماشین سنتی است. این شکاف عملکرد در مجموعه‌دادهٔ PUIH بزرگ‌تر که در آن مدل پیشنهادی به ۲۴۵ دقیقه در مقایسه با ۳۰۲ دقیقه برای CNNها (کاهش ۱۸/۹ درصد) و ۴۱۸ دقیقه برای روش‌های سنتی (کاهش ۴۱/۴ درصد) نیاز دارد، حتی بیشتر می‌شود. این نتایج نشان می‌دهد که معماری مبتنی بر نمودار مدل پیشنهادی ما، ضمن حفظ مزایای دقت نشان داده‌شده در آزمایش‌های قبلی، کارایی محاسباتی چشمگیری را ارائه می‌دهد. کاهش زمان آموزش را می‌توان به توانایی مدل در پردازش نمایش‌های نموداری پراکنده از تصاویر هیستوپاتولوژی با کارایی بیشتر نسبت به CNNهایی که روی شبکه‌های پیکسلی متراکم یا روش‌های سنتی متکی بر ویژگی‌های دست‌ساز کار می‌کنند، نسبت داد. این مزیت محاسباتی به‌ویژه در محیط‌های

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

بالینی ارزشمند است که هم عملکرد مدل و هم ملاحظات استقرار عملی حیاتی هستند. صرفه‌جویی در زمان ثابت در اندازه‌های مختلف مجموعه‌داده‌ها، بیشتر نشان می‌دهد که معماری پیشنهادی نسبت به رویکردهای مرسوم، کارآمدتر و مقیاس‌پذیر است و آن را برای مجموعه‌داده‌های تصویربرداری پزشکی بزرگ‌تر که معمولاً در کاربردهای دنیای واقعی با آن مواجه می‌شوند، مناسب می‌سازد. این افزایش بهره‌وری همراه با بهبودهای استحکام و دقت که قبلاً نشان داده‌شده است، مدل پیشنهادی را به‌عنوان یک راه‌حل بالینی مناسب قرار می‌دهد که عملی بودن محاسباتی را با قابلیت اطمینان تشخیصی متعادل می‌کند.



شکل شمارهٔ ۹. تحلیل مقایسه‌ای زمان آموزش در مدل‌های مختلف

ضریب دقت (Accuracy Loss) میزان افت عملکرد طبقه‌بندی یک مدل را هنگام مواجهه با شرایط چالش‌برانگیز (مانند نویز، مصنوعات یا تغییرات دامنه) اندازه‌گیری می‌کند. این ضریب به‌صورت افت نسبی دقت میان عملکرد مدل روی داده‌های تمیز و عملکرد آن روی داده‌های آشفته محاسبه می‌شود. این ضریب به‌صورت زیر به‌دست می‌آید:

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

که در آن،

$Accuracy_{clean}$: دقت مدل روی داده‌های بدون اعوجاج

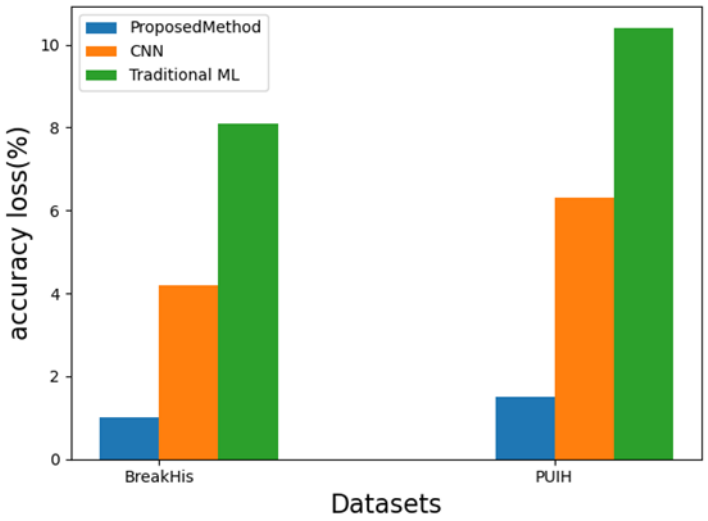
$Accuracy_{perturbed}$ دقت مدل تحت نویز/مصنوعات

تحلیل مقایسه‌ای کاهش دقت در مدل‌های مختلف، بینش‌های مهمی را دربارهٔ مقاومت آن‌ها در شرایط چالش‌برانگیز نشان می‌دهد.

شکل شمارهٔ ۱۰ تجزیه‌وتحلیل کاهش دقت در روش‌های مختلف را نشان می‌دهد که بینش‌های چشمگیری دربارهٔ استحکام مدل ارائه می‌دهد. رویکرد پیشنهادی مبتنی بر نمودار پایداری قابل‌توجهی را نشان می‌دهد و هنگام اعمال بر مجموعه‌داده‌های BreakHis و PUIH، افت عملکرد تقریباً ناچیزی را نشان می‌دهد. این کاهش حداقل دقت نشان‌دهندهٔ توانایی ذاتی مدل برای حفظ دقت تشخیصی، علی‌رغم تغییرات در کیفیت یا ویژگی‌های داده‌ها است. در مقابل، شبکه‌های عصبی پیچشی مرسوم کاهش دقت چشمگیری بالاتری را نشان می‌دهند که نشان‌دهندهٔ حساسیت بیشتر آن‌ها به اختلالات در داده‌های تصویربرداری پزشکی است. روش‌های یادگیری ماشین سنتی حتی بدتر عمل می‌کنند و بیشترین کاهش عملکرد را نشان می‌دهند که احتمالاً ناشی از اتکای آن‌ها به ویژگی‌های دست‌ساز است که ممکن است

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

به‌اندازهٔ 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 مجموعه‌داده‌های متنوع بسیار مهم است، مناسب می‌کند. یافته‌ها بر اهمیت حرکت فراتر از تجزیه‌وتحلیل 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 به‌عنوان یک کاندیدای امیدوارکنندهٔ برای پیاده‌سازی بالینی قرار می‌دهد که در آن، قابلیت اطمینان از اهمیت بالایی برخوردار است.



شکل شمارهٔ 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 لولهٔ 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 درنتیجه، دقت تشخیصی و قابلیت تعمیم مدل افزایش یابد. نتایج شبیه‌سازی و ارزیابی تجربی روی دو مجموعه‌دادهٔ 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 به‌دقت 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

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

دقت، تحلیل زمان آموزش نشان داد که چارچوب پیشنهادی از نظر محاسباتی نیز کارآمدتر است و با حفظ کیفیت پیش‌بینی، زمان آموزش کمتری نسبت به CNNها و روش‌های سنتی نیاز دارد. بررسی تأثیر وضوح تصویر نیز نشان داد که افزایش وضوح ورودی به بهبود عملکرد مدل منجر می‌شود، هرچند این امر مستلزم توجه به هزینه‌های محاسباتی و ملاحظات عملی در محیط‌های بالینی است. درمجموع، نتایج این پژوهش نشان می‌دهد که مدل‌سازی مبتنی بر گراف و استفاده از شبکه‌های عصبی پیچشی گراف می‌تواند به‌عنوان یک ابزار قدرتمند و قابل‌اعتماد در تشخیص زودهنگام سرطان سینه استفاده گردد. این رویکرد نه‌تنها دقت تشخیص را افزایش می‌دهد، بلکه با فراهم‌سازی امکان تفسیرپذیری بهتر از طریق تحلیل ساختار گراف و اهمیت گره‌ها می‌تواند به‌عنوان یک سیستم پشتیبان تصمیم‌گیری برای پاتولوژیست‌ها عمل کند. در ادامهٔ این پژوهش، می‌توان جهت‌گیری‌های آینده‌ای نظیر ادغام داده‌های چندوجهی (تصویربرداری، داده‌های ژنومی و اطلاعات بالینی)، توسعهٔ معماری‌های GCNN قابل توضیح‌تر و پیاده‌سازی چارچوب پیشنهادی در مقیاس بالینی واقعی را دنبال کرد. این مسیرها می‌توانند نقش مهمی در انتقال عملی این فناوری به دستگاه‌های تشخیص پزشکی هوشمند و بهبود نتایج درمانی بیماران مبتلا به سرطان سینه ایفا کنند.

تعارض منافع

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

حمایت مالی

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

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

References

1. 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.
2. 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.
3. 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.
4. 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.
5. 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.
6. 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.
7. 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.
8. 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.
9. 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.
10. 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
11. 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.
12. 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.
13. 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.
14. 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.
15. 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.compbiomed.2021.104248.
16. 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
17. 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.
18. 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.
19. Fatima A, et al. Analyzing breast cancer detection using machine learning & deep learning techniques. JCBI. 2024; 7.doi: 0.56979/702/2024.
20. 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.
21. 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.
22. 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.
23. Wang L. Mammography with deep learning for breast cancer detection. Front Oncol. 2024; 14:1281922. doi: 10.3389/fonc.2024.1281922.
24. 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.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]

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.

[Downloaded from sjimu.medilam.ac.ir on 2026-11-21]