Medical Journal of Tabriz University of Medical Sciences

Lotfi , et al. *Med J Tabriz Uni Med Sciences.* 2022;44(4):281-289
doi: 10.34172/mj.2022.034
https://mj.tbzmed.ac.ir

TUOMS PRESS

Original Article

Detection of cervical precancerous cells from Pap-smear images using ensemble classification

Marziyeh Lotfi[1], **Mohammadreza Momenzadeh**[2*]

[1]Department of Biomedical Engineering, Sepahan Science and Technology Institute of Higher Education, Isfahan, Iran
[2]Artificial Intelligent Department, Smart University of Medical Sciences, Tehran, Iran

ARTICLE INFO

Article History:
Received: 16 Jun 2022
Accepted: 13 Aug 2022
ePublished: 9 Oct 2022

Keywords:
- Cervical cancer
- Pap smear test
- Feature extraction
- Classification

Abstract

Background. Cervical cancer begins in superficial cells and over time can invade deeper tissues and surrounding tissues. This paper presents a creative idea of using an ensemble classification algorithm that improves the predictive performance of an artificial intelligence system based on cervical cancer screening. This study aimed to classify Pap-smear images by different machine learning methods to achieve high accuracy detection.

Methods. This study was performed on 917 Pap-smear images from the Herlev public database. In the feature extraction stage, 20 geometric features and 76 texture features were extracted. After that, using ensemble classification method, the images were classified into two categories (i.e., normal and abnormal) and then into seven categories (i.e., superficial epithelial, intermediate epithelial, columnar epithelial, mild dysplasia, moderate dysplasia, severe dysplasia and carcinoma) and the accuracy of the proposed method was evaluated.

Results. The algorithm in the ensemble classification was able to achieve accuracy of 99.9% with a processing time of 0.028 second in the two-class classification and accuracy of 76.5% with a processing time of 0.033 second in the seven-class classification.

Conclusion. Based on the results, the designed algorithm can be used as a computer aided diagnostic tool to increase the accuracy and speed of predicting the risk of cervical cancer.

Practical Implications. Cervical cancer is one of the most common cancers among women. Early diagnosis of the disease can save various costs and prevent the patients' frequent visits to medical centers. This research proposed an artificial intelligence method for automatic classification of cervical cells and improving the accuracy of diagnosis.

How to cite this article: Lotfi M, Momenzadeh M. Detection of cervical precancerous cells from Pap smear images using ensemble classification. *Med J Tabriz Uni Med Sciences.* 2022;44(4):281-289. doi: 10.34172/mj.2022.034. Persian.

Extended Abstract

Background

Cervical cancer is one of the main reasons of cancer death among women. It begins in superficial cells and over time can invade deeper tissues and surrounding tissues. The complexity and progression of cervical cancer can be limited if it is diagnosed and treated in early stages. Papanicolaou test or Pap-smear is a microscopic screening technique widely

*Corresponding author; Email: momenzadeh.mr@gmail.com
© 2022 The Authors. This is an Open Access article published by Tabriz University of Medical Sciences under the terms of the Creative Commons Attribution CC BY 4.0 License (http://creativecommons.org/licenses/by/4.0), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

used to prevent cervical cancer by finding cells that have the potential to become cancerous.
In recent years, integration of medical image processing and intelligent systems play an important role in automatic detection and diagnosis of diseases such as cancer. This paper presents a creative idea of using an ensemble classification algorithm that improves the predictive performance of an artificial intelligence system based on cervical cancer screening. Accordingly, this study aimed to classify Pap-smear images by different machine learning methods to achieve high accuracy detection and reduce the diagnostic time.

Methods

This study was performed on 917 Pap-smear images from the Herlev public database. These images in the database are classified into seven classes by seven pathologists and include 242 normal and 675 abnormal samples. In the pre-processing stage, the size of the Pap-smear images was equalized, then feature extraction was done on the samples. The extracted features included geometric and texture-statistical features. Geometric features included distinct geometric characteristics, such as perimeter, area, eccentricity, elongation, roundness, compactness, and morphologic characteristics of different parts of the cells. Texture-statistical features included first-order statistical features such as Gray Level Co-Occurrence Matrix (GLCM) and Local Binary Pattern (LBP). In the feature extraction stage, 20 geometric features and 76 texture features were extracted. In order to diagnose and determine the level of the disease, bagging method of ensemble classification was used to classify the samples based on the extracted features. Bagging, also known as bootstrap aggregating, is the aggregation of multiple classifiers. Each classifier model is trained individually and combined using an averaging process. The primary focus of bagging classifier model is to achieve less variance than any classifier has individually. In fact, each classifier builds their own model on the data and stores this model. For the final classification, a vote is held among these classifications, and the class that gets the most votes is considered as the final class. The bagging technique reduces over-fitting of model and performs well on data with high-dimensional features. After that, using ensemble classification method, the images are classified into two categories (normal and abnormal) and then seven categories (i.e., superficial epithelial, intermediate epithelial, columnar epithelial, mild dysplasia, moderate dysplasia, severe dysplasia and carcinoma) and the performance of the proposed method is evaluated.

Results

To evaluate the performance of the proposed algorithm in the Pap-smear dataset images, accuracy is used to compare and demonstrate the results. Also, to better evaluate the classification results, we used 10-fold cross-validation and repeated the experiment 20 times. We compared our classification results with a range of prevalent classifiers, such as k-nearest neighbors (KNN), support vector machine (SVM), and decision tree (DT). The algorithm in the ensemble classification was able to achieve accuracy of 99.9% with a processing time of 0.028 second in the two-class classification and accuracy of 76.5% with a processing time of 0.033 second in the seven-class classification. Classification results demonstrated that ensemble classification yielded the best performance compared to other classification methods. Also, smaller standard deviations of the ensemble classification demonstrated the robustness and greater stability of ensemble against other classifications. It can be concluded that the ensemble classification method was able to achieve appropriate and significant results and its performance is remarkable compared to the deep learning methods, the results of which have been published in Herlev public database. Therefore, in addition to better performance in classification, the proposed method has less computation cost. Accordingly, the ensemble method is also an efficient method in terms of time, because it is affordable compared to other expensive methods due to the low computational cost and provides acceptable results. Therefore, the proposed method, in addition to increasing the accuracy and

precision of the diagnosis, saves time and reduces the physician's fatigue, and is considered a powerful method for detecting precancerous cells.

Conclusion

Cervical cancer is one of the most common cancers among women. Early diagnosis of the disease can save various costs and prevent the patients' frequent visits to medical centers. This research proposed an artificial intelligence method for automatic cervical cell images classification. Based on the results, the designed algorithm can be used as a computer aided diagnostic tool to increase the accuracy and speed of predicting the risk of cervical cancer. In other words, the proposed method can be used as a second objective opinion for pathologists.

لطفی و همکاران. *مجله پزشکی دانشگاه علوم پزشکی تبریز*. مهر و آبان ۱۴۰۱؛ ۴۴ (۴):۲۸۱-۲۸۹
doi: 10.34172/mj.2022.034
https://mj.tbzmed.ac.ir

مقاله پژوهشی

تشخیص سلول‌های پیش سرطانی دهانه رحم با استفاده از طبقه بندی ترکیبی برروی تصاویر پاپ اسمیر

مرضیه لطفی[۱] ، محمدرضا مومن زاده[۲]

[۱]گروه بیوالکتریک، دانشکده فنی و مهندسی، موسسه آموزش عالی علوم و فناوری سپاهان، اصفهان، ایران
[۲]گروه هوش مصنوعی، دانشگاه علوم پزشکی هوشمند، تهران، ایران

اطلاعات مقاله

سابقه مقاله:
دریافت: ۱۴۰۰/۱۰/۲۶
پذیرش: ۱۴۰۱/۵/۲۲
انتشار برخط: ۱۴۰۱/۷/۱۷

کلیدواژه‌ها:
- سرطان دهانه رحم
- آزمایش پاپ اسمیر
- استخراج ویژگی
- طبقه بندی

چکیده

زمینه. سرطان دهانه رحم در سلول‌های سطحی آغاز شده و به مرور زمان می‌تواند بافت‌های عمیق تر و بافت‌های اطراف را مورد تهاجم قرار بدهد. این مقاله ایده خلاقانه ای را در مورد استفاده از الگوریتم طبقه بندی ترکیبی ارائه می‌دهد که باعث بهبود عملکرد پیش بینی کننده سیستم هوش مصنوعی مبتنی برغربالگری سرطان دهانه رحم می‌شود. هدف از این تحقیق، طبقه‌بندی تصاویر پاپ اسمیر توسط روش‌های مختلف یادگیری ماشین برای دستیابی به میزان تشخیص با دقت بالا است.

روش‌کار. این مطالعه بر روی ۹۱۷ تصویر پاپ اسمیر از پایگاه داده‌ی عمومی Herlev انجام پذیرفت. در مرحله استخراج ویژگی تعداد ۲۰ ویژگی هندسی و ۷۶ ویژگی بافتی استخراج شده است. سپس با استفاده از روش طبقه‌بندی ترکیبی تصاویر به دو دسته (طبیعی و غیر طبیعی) و هفت دسته (سطحی طبیعی، متوسط طبیعی و پارابازال طبیعی و سلول‌های پیش سرطانی خفیف، پیش سرطانی متوسط، پیش سرطانی شدید و سلول‌های سرطانی) تقسیم شده اند و صحت روش پیشنهادی مورد بررسی قرار گرفته شده است.

یافته‌ها. الگوریتم مورد نظر در طبقه‌بندی ترکیبی توانست به صحت ۹۹/۹ درصد با مدت زمان ۰/۰۲۸ ثانیه در طبقه بندی دوکلاسه و صحت ۷۶/۵ درصد با مدت زمان ۰/۰۳۳ ثانیه در طبقه‌بندی هفت کلاسه دست پیدا کند.

نتیجه‌گیری. براساس نتایج، الگوریتم طراحی شده می‌تواند به عنوان یک ابزار کمک تشخیص کامپیوتری به منظور پیش‌آگاهی و افزایش دقت و سرعت پیش بینی خطر بروز سرطان دهانه رحم استفاده گردد.

پیامدهای عملی. سرطان دهانه رحم یکی از شایع ترین سرطان‌ها در بین زنان می‌باشد که تشخیص به موقع بیماری می‌تواند از صرف هزینه‌های مختلف برای بیماران و مراجعات مکرر به مراکز درمانی جلوگیری به عمل آورد. در این مطالعه روش کمک تشخیصی کامپیوتری مناسبی برای تشخیص زود هنگام این بیماری و افزایش دقت در تشخیص ارائه شده است.

مقدمه

بر اساس گزارش جهانی سرطان در سال ۲۰۲۰، سرطان دهانه رحم چهارمین سرطان شایع زنان و چهارمین عامل مرگ بر اثر سرطان در بین زنان در دنیا بوده است.[۱] همچنین در مناطقي از آفریقا، هند، آمریکاي جنوبي و مرکزي، جنوب و جنوب شرق آسیا اولین تا دومین سرطان شایع دستگاه تناسلی زنان می‌باشد. سرطان دهانه رحم در منطقه مدیترانه شرقی ششمین سرطان شایع در بین همه سرطان ها بوده است و در زنان بعد از سرطان پستان و روده در مقام سوم قرار می‌گیرد که طبق تقسیم بندی سازمان بهداشت جهانی، ایران دراین منطقه قرار می‌گیرد.[۲] علت شیوع سرطان دهانه رحم ویروس پاپیلومای انسانی ناشی در نسل جوان است. ازنظر میزان کشندگی این سرطان باید گفت که در ایران نسبت مرگ و میر ۴۲ درصد تخمین زده شده است.[۳] البته میزان کشندگی این سرطان در کشورهای درحال توسعه بسیار بیشتر است به طوریکه تقریباً از هر ۱۰ مرگ ناشی از سرطان دهانه رحم در دنیا، ۹ مرگ یعنی ۸۷ درصد در مناطق کمتر توسعه یافته جهان اتفاق می‌افتد. به عبارتی تقریباً همه مرگ‌ها در کشورهای درحال توسعه اتفاق می‌افتد که این امر نشان از تشخیص دیرهنگام و درمان نامناسب بیماری در کشورهای درحال توسعه

*نویسنده مسؤول؛ ایمیل: momenzadeh.mr@gmail.com

حق تالیف برای مولفان محفوظ است. این مقاله با دسترسی آزاد توسط دانشگاه علوم پزشکی تبریز تحت مجوز کریتیو کامنز CC BY 4.0 (http://creativecommons.org/licenses/by/4.0) منتشر شده که طبق مفاد آن هرگونه استفاده تنها در صورتی مجاز است که به اثر اصلی به نحو مقتضی استناد و ارجاع داده شده باشد.

است. برای تشخیص افراد مبتلا در زودترین زمان ممکن و حتی قبل از ایجاد عوارض، از روش‌های گوناگونی به خصوص تست پاپ اسمیر استفاده می‌شود.[4] یک لام ممکن است شامل صدها یا هزاران سلول باشد و از این تعداد، سلول‌های اندکی سلول‌های غیرطبیعی هستند. همچنین امکان وجود انواع دیگر سلول ها نیز بر روی لام وجود دارد.[5] بنابراین به هنگام مشاهده سلول‌ها توسط پزشک متخصص، امکان عدم رؤیت سلول‌های غیرطبیعی یا به این علت که این سلول ها با وضوح کافی در تصویر دیده نمی‌شوند و یا به دلیل عدم توجه و خستگی پزشک متخصص و اختلاف نظر بین دو پزشک وجود دارد. بنابراین شاید بتوان یک سیستم کامپیوتری کمک تشخیصی(Design Computer aided یا CAD) را در بسیاری از موارد برای بررسی وجود یا عدم وجود ضایعه، در کنار پزشک مربوطه قرار داد. این روش در بسیاری از زمینه‌های پزشکی گسترش یافته و سرطان دهانه رحم نیز از این قاعده مستثنی نیست. در حقیقت، تا کنون تحقیقات بسیاری در این زمینه انجام پذیرفته و این تحقیقات همچنان رو به افزایش است. مزیت بسیار مهمی‌که استفاده از کامپیوتر در زمینه‌های پزشکی و به خصوص در مورد تشخیص سرطان دارد، عدم خستگی آن و ثابت بودن نتایج است. البته باید در نظر داشت که این سیستم ها باید در کنار متخصص قرار گیرند، نه این که جایگزین آن شوند. این احتمال وجود دارد که این سیستم ها به یک ابزار متداول و معمول در آزمایشگاه‌های آسیب شناسی تبدیل گردند، همان گونه که در حال حاضر در بسیاری از کشورهای توسعه یافته جهان این چنین است.[6,7] بر همین اساس ون چن و همکارانش در سال ۲۰۲۰ روشی مبتنی بر بهبود طبقه‌بندی سلول‌های دهانه رحم به کمک رایانه پیشنهاد دادند.[8] مطالعه آن‌ها، یک روش مبتنی بر یادگیری انتقالی به نام TLSE را پیشنهاد می‌کند و روش مورد نظر در یک مجموعه داده پاپ اسمیر به نام مجموعه داده‌ی Herlev ارزیابی شده است. دونگ یائو و همکارانش در سال ۲۰۲۰ سیستمی مبتنی بر تشخیص سلول‌های سرطانی دهانه رحم بر اساس ویژگی‌های قوی شبکه‌های CNN-SVM پیشنهاد دادند.[9] در این تحقیق روشی مبتنی بر شبکه‌های عصبی و ماشین بردار پشتیبان برای طبقه بندی دقیق سلولهای دهانه رحم ارائه شده است. همچنین کی پایر و همکارانش در سال ۲۰۲۰ روشی مبتنی بر غربالگری سرطان دهانه رحم با استفاده از طبقه بندی ترکیبی، روش bagging پیشنهاد دادند که صحت مناسبی در تشخیص دودسته طبیعی و سرطانی نمونه‌های پاپ‌اسمیر داشته است.[10] هدف از این تحقیق طبقه‌بندی تصاویر پاپ اسمیر با روش طبقه بندی ترکیبی در خصوص سلول‌های دهانه رحم به دو دسته (طبیعی و غیر طبیعی) و سپس هفت دسته (سطحی طبیعی، متوسط طبیعی و پارابازال طبیعی و سلول‌های پیش سرطانی خفیف، پیش سرطانی متوسط، پیش سرطانی شدید و سلول‌های سرطانی) است.

روش کار

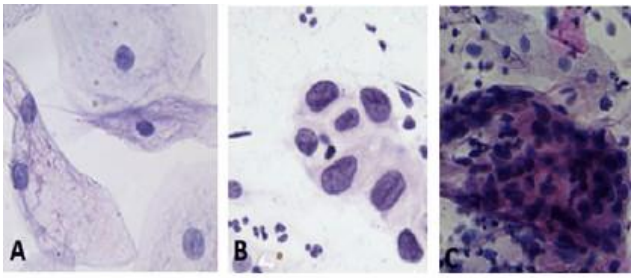
در این مطالعه از پایگاه داده عمومی Herlev جهت ارزیابی روش پیشنهادی و ارزیابی نتایج بر روی الگوریتم ها استفاده شده است. تصاویر پاپ اسمیر در پایگاه داده به روش دستی توسط هفت تکنسین و پزشکان متخصص سیتوگرافی در هفت کلاس طبقه بندی شده اند. که شامل۲۴۲ نمونه طبیعی و ۶۷۵ نمونه غیر طبیعی میباشد.[11] در ابتدا سایز تمامی تصاویر یکسان شده است. سپس روی نمونه‌های موجود استخراج ویژگی صورت گرفته است، هدف از استخراج ویژگی کاهش بعد داده ها با ابعاد بالا است که باعث میشود داده‌هایی که متناسب با حجم زیادشان، اطلاعاتی زیادی ندارند حذف شوند.[7] ویژگی‌های میکروسکوپی سلول هارا میتوان به ویژگی‌های هندسی و ویژگی‌های بافتی- آماری تقسیم کرد. به طور کلی ویژگی‌های هندسی، ویژگی‌های متمایز هندسی مانند: محیط، مساحت، گریز از مرکز، کشیدگی، استحکام و... را از تصاویر استخراج میکنند. در این مطالعه ویژگی‌های هندسی به منظور جداسازی شکل هسته ها و سلول‌های بخش بندی شده استخراج شده است. مورفولوژی سلولی شاخص مهمی در وضعیت سلول، عملکرد، مرحله رشد و سرنوشت در هر دو شرایط طبیعی و پاتولوژیک است. شکل سلول از جمله شاخص‌های کلیدی است که توسط آسیب شناسان برای شناسایی ناهنجاری ها یا بدخیمی‌ها استفاده می‌شود. با پیشرفت سریع در سرعت و میزان به دست آوردن داده‌های بیولوژیکی، از جمله تصاویر و فیلم‌های سلول، شناسایی و تجزیه و تحلیل تصاویر با کمک رایانه ضروری می‌شود. بافت تصویر، دارای تعدادی ادراکات است که نقش مهمی را در توصیف بافت ایفا می‌کند.[12] در پردازش تصویر، بافت را می‌توان تابعی از تغییر مکان شدت روشنایی پیکسل ها تعریف کرد. بعضی از ویژگی‌هایی که در توصیف بافت بسیار مؤثر می‌باشند، عبارتنداز: یکنواختی، تراکم، زبری، سفتی، نظم، خطی بودن، جهت دار بودن، فرکانس و فاز. بنابراین به دلیل ابعاد گسترده مفهوم بافت، تنها یک روش برای ارائه و مشخص کردن بافت کافی نیست. لذا برای طبقه بندی تصاویر پاپ اسمیر از ویژگی‌های آماری مرتبه اول مانند ماتریس‌های هم رخداد(Gray level co-occurrence matrix یا GLCM) و الگوی محلی دودویی (Local binary pattern یا LBP) استفاده کرده ایم. روش ماتریس

هم رخداد بر اساس ماتریس‌هایی کار میکند که در جهت و زوایای مختلف میتوانند ویژگی‌هایی از بافت را نتیجه دهند و در واقع بر اساس احتمال اتصال هر جفت پیکسل در کنار هم عمل میکنند. ویژگی مبتنی بر سطح خاکستری بر اساس تفاوت بین سطح خاکستری در پیکسل مورد نظر و ارزش آماری یک نماینده از محیط اطراف استخراج می‌شود.[۱۳] از ماتریس‌های هم رخداد، ویژگی‌های (مشخصه‌های هارالیک) مختلفی نظیر: انرژی، آنتروپی، کنتراست، همگنی و هبستگی استخراج می‌شود.[۱۴] از زوایای مختلفی مانند: ۰، ۴۵، ۹۰ و ۱۳۵ درجه نیز برای استخراج این ویژگی ها استفاده شده است و ۱۶ ویژگی برای هر تصویر استخراج نموده‌ایم.

الگوی محلی دودویی یکی از روش‌هایی است که در عین سادگی می‌تواند ویژگی‌های مناسبی برای طبقه بندی بافتی با دقت بالا تولید کند[۱۵]. در روش معمول الگوی محلی باینری، از هیستوگرام برای استخراج ویژگی ها استفاده می‌کند. از آنجایی که الگوی دودویی محلی هم از مشخصه‌های آماری و هم ساختاری بافت استفاده می‌کند یک ابزار قدرتمند برای تحلیل بافت میباشد. در اپراتور الگوی دودویی محلی، الگوهای بافت محلی بوسیله مقایسه مقدار پیکسل‌های مجاور با مقدار پیکسل مرکزی استخراج می‌شوند و با کدهای دودویی نشان داده می‌شوند. در روش پیشنهادی ۶۰ ویژگی بافتی از الگوی محلی دودویی استخراج شده است. برای طبقه بندی نمونه‌های استخراج شده در جهت تشخیص و تعیین سطح بیماری در این مطالعه از طبقه بندی ترکیبی و روش بگینگ استفاده شده است. طبقه‌بندهای ترکیبی از ترکیب چندین طبقه‌بند استفاده می‌کنند. در واقع این طبقه‌بندها، هر کدام مدل خود را بر روی داده‌ها ساخته و این مدل را ذخیره می‌کنند. در نهایت برای طبقه بندی نهایی یک رأی‌گیری در بین این طبقه‌بندها انجام می‌شود و آن طبقه‌ای که بیشترین میزان رأی را بیاورد، طبقه‌ی نهایی محسوب می‌شود.[۱۶] هر طبقه‌بند یک مدل را بر روی داده‌های آموزشی می‌سازد تا به وسیله‌ی آن بتواند تفاوت‌ها را در طبقه‌های مختلف درک کند. طبقه بند ترکیبی، اما به جای اینکه خود یک مدل بسازد از مدل‌های ساخته شده توسط بقیه ی طبقه بندها استفاده کرده و با یک رأی گیری، مشخص میکند که کدام طبقه را برای نمونه ی جاری باید برگزینند.[۱۷] در روش بگینگ یک زیر مجموعه از مجموعه داده‌ی اصلی به هر کدام از طبقه‌بندها داده می‌شود. در اصل هر طبقه‌بند یک قسمت از مجموعه‌ی داده را مشاهده کرده و باید مدل خود را بر اساس همان قسمت از داده‌ها که در اختیارش قرار گرفته است، بسازد. به این معنا است که کل دیتاست به هر کدام از طبقه‌بندها داده نمی‌شود. مجموعه داده ی استفاده شده شامل ۹۱۷ نمونه تصویر پاپ اسمیر میباشد. برای هر کدام از طبقه‌بندها، یک زیرمجموعه از داده‌های اصلی انتخاب می‌شود. انتخاب این زیر مجموعه با جایگزینی خواهد بود. یعنی یک نمونه می‌تواند چند بار هم انتخاب شود. طبق روال، هر طبقه‌بند با استفاده از داده‌هایی که در اختیار دارد یک مدل ساخته و سپس یک نمونه که نوع آن معلوم نمیباشد به تمامی‌الگوریتم‌ها داده میشود، سپس الگوریتم ترکیبی نهایی این مدل را بر اساس رأی اکثریت طبقه بندی میکند که از مزایای روش طبقه بندی ترکیبی میتوان به جلوگیری از بیش برازش(overfitting) شدن بیش از حد مدل و مدیریت داده‌های با ابعاد بالا اشاره نمود.[۱۸] ۹۱۷ تصویر با ۹۶ ویژگی برتر توسط طبقه بندی ترکیبی با استفاده از روش بگینگ (Bagging)، الگوریتم k نزدیک ترین همسایگی(KNN)، الگوریتم ماشین‌های بردار پشتیبان(SVM) و درخت تصمیم(DT)، طبقه بندی و مقایسه شدند.

یافته ها

روش معرفی شده برای تشخیص سلول‌های پیش سرطانی دهانه رحم بر روی ۹۱۷ تصویر پاپ اسمیر آزمایش گردید و و برای ارزیابی الگوریتم پیشنهادی از روش اعتبارسنجی متقابل شامل ۱۰ فولد(10 Fold crass validation) استفاده شده است که صحت آن با ۲۰ بار تکرار مورد بررسی قرار گرفت. در شکل ۱ نمونه ای از تصاویر سلول‌های طبیعی، پیش سرطانی و سرطانی نمایش داده شده است.



شکل۱. تصویر (الف) نمونه ای از سلول‌های طبیعی، تصویر (ب) نمونه ای از سلول‌های پیش سرطانی و تصویر (ج) نمونه ای از سلول‌های سرطانی

بر اساس نتایج، طبقه بند ترکیبی بهترین میزان صحت را با مدت زمان ۰/۰۲۸ ثانیه برای طبقه بندی دوتایی و مدت زمان ۰/۰۳۳ ثانیه برای طبقه بندی هفت تایی با استفاده از ۹۶ ویژگی

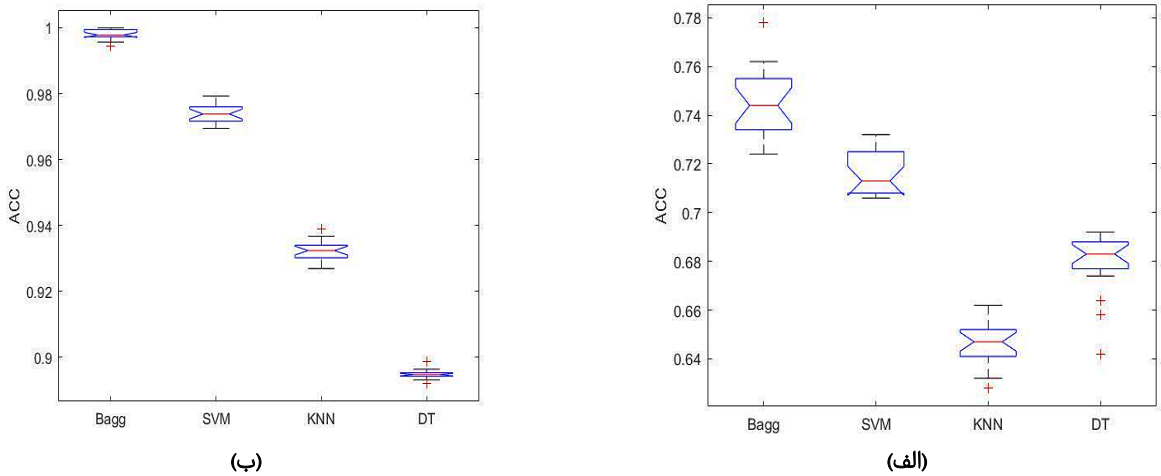
نشان داد. معیار ارزیابی به کار برده شده در این مطالعه صحت میباشد. این پارامتر بر اساس رابطه زیر بدست آمده است:

$$\text{Accuracy} = \frac{Tp+Tn}{Tp+Tn+Fp+Fn}$$

که در آن Tp بیانگر سلول‌هایی هستند که با توجه به نظرپزشک سلول بدخیم شناخته شده اند و توسط الگوریتم هم به درستی به عنوان سلول بدخیم شناخته شده اند. Tn بیانگرسلول‌هایی هستند که با توجه به نظر پزشک سلول بدخیم نمیباشند و توسط الگوریتم به درستی به عنوان سلول بدخیم شناخته نشده اند. Fp بیانگر سلول‌هایی است که با توجه به نظر پزشک سلول بدخیم نمیباشند اما توسط الگوریتم اشتباها به عنوان سلول بدخیم شناخته شده اند و Fn بیانگر سلول‌هایی هستند که با توجه به نظر پزشک سلول بدخیم میباشند ولی توسط الگوریتم اشتباها به عنوان سلول بدخیم شناخته نشده است. جدول۱ بیانگر میزان میانگین صحت روش‌های طبقه بندی مختلف میباشد. براساس نتایج بدست آمده روش طبقه بندی ترکیبی در طبقه بندی ۲ کلاسه و ۷ کلاسه دارای بهترین عملکرد نسبت به روش‌های طبقه بندی دیگر است. شکل ۲ نمایش دهنده ی نمودارهای جعبه ای و مقایسه روش پیشنهادی برای طبقه بندی دوتایی و طبقه بندی هفت تایی سلول‌های دهانه رحم در تصاویر میکروسکوپی بدست آمده از نمونه‌های پاپ اسمیر پایگاه داده Herlve میباشند. در هر دو نمودار مقایسه بین روش طبقه بندی ترکیبی، ماشین بردار پشتیبان، k نزدیک ترین همسایگی و درخت تصمیم انجام پذیرفته و نشان میدهد در روش طبقه بندی ترکیبی بالاترین میزان صحت و کمترین میزان واریانس در طبقه بندی را داشته است، بنابراین روش ارائه شده دارای بهترین عملکرد و بیشترین پایداری (Robustness) در طبقه بندی ۲ کلاسه و ۷ کلاسه می‌باشد. علاوه براین از مقایسه نتایج به دست آمده از روش‌های مختلف با روش پیشنهادی که در جدول۲ مشاهده میشود می‌توان گفت روش طبقه بندی ترکیبی توانسته به نتایج مناسب و قابل توجهی دست پیدا کند و عملکرد آن در مقایسه با روش‌های یادگیری عمیق که نتایج آن منتشر شده است به طور چشمگیری قابل ملاحضه است چرا که علاوه بر عملکرد بهتر در طبقه‌بندی دارای بار محاسباتی و سخت افزاری کمتری است. بنابراین روش طبقه بندی ترکیبی از لحاظ زمانی نیز روشی کارآمد میباشد زیرا با توجه به هزینه محاسباتی پایین نسبت به دیگر روش‌های پرهزینه مقرون به صرفه بوده و نتایج قابل قبولی را ارائه می‌دهد.

جدول۱. میزان صحت طبقه بندهای مختلف برای طبقه بندی دوتایی و هفت‌تایی

روش طبقه‌بندی	صحت دو کلاس	صحت هفت کلاس
ترکیبی	۹۹/۹	۷٦/٥
ماشین بردار پشتیبان	۹۷/٦	۷۲/٤
K نزدیک ترین همسایگی	۹۲/۸	٦٤/۰
درخت تصمیم	۸۹/٥	٦۷/٦



شکل۲. تصویر (الف) نمودار جعبه ای طبقه بندی دوتایی با روش‌های طبقه بندی مختلف، تصویر (ب) نمودار جعبه ای طبقه بندی هفت تایی

جدول۲. مقایسه میزان صحت روش‌های مختلف برای طبقه بندی دو تایی و هفت تایی

مرجع	روش	صحت دو کلاس	صحت هفت کلاس
[۸]	CNN	۹۸/۳	۶۵/۵۶
[۹]	CNN-SVM	۹۹/۳	–
[۱۰]	Bagging	۹۸/۲	–
روش پیشنهادی	Ensemble	۹۹/۹	۷۶/۵

بحث

در روش پیشنهادی در هر نمونه، از ۹۶ ویژگی شاخص شامل ۲۰ ویژگی از نوع هندسی و ۷۶ ویژگی از نوع بافتی که جزو ویژگی‌های ماتریس هم رخداد تصاویر و الگوی محلی دودویی می‌باشند استفاده شده است. علاوه براین برای دسته‌بندی و تفکیک کلاس‌های مختلف از روش طبقه‌بندی بگینگ استفاده شده که باعث افزایش عملکرد الگوریتم در تمایز کلاس‌های مختلف شده است چرا که توانسته است صحت ۹۹/۹ درصد را برای طبقه بندی دوکلاسه و صحت ۷۶/۵ درصد را برای طبقه‌بندی هفت کلاسه کسب کند. همچنین زمان اجرای الگوریتم بسیار پایین و چشمگیر بوده که در مقایسه با روش‌های دیگر خصوصا روش‌های مبتنی بر یادگیری عمیق درخور توجه است.در مجموع روش استفاده شده علاوه بر افزایش دقت و صحت تشخیص باعث صرفه‌جویی در وقت و کاهش خستگی پزشک می‌شود و روشی پرقدرتی برای تشخیص سلول‌های پیش سرطانی به حساب می‌آید.

نتیجه گیری

سرطان دهانه رحم یکی از شایع ترین سرطان‌ها در بین زنان می‌باشد که تشخیص به موقع بیماری می‌تواند از صرف هزینه‌های مختلف برای بیماران و مراجعات مکرر به مراکز درمانی جلوگیری به عمل آورد. در این مطالعه روش کمک تشخیصی کامپیوتری مناسبی برای تشخیص زود هنگام این بیماری و افزایش دقت در تشخیص ارائه شده است. برای تشخیص سریع تر و دقیق تر سرطان دهانه رحم استفاده از تکنیک‌های یادگیری عمیق در مطالعات آینده پیشنهاد می‌گردد.

قدردانی

نویسندگان از بیمارستان Herlev و پایگاه داده عمومی Herlev جهت در اختیار قرار دادن نمونه ها و طبقه‌بندی آن‌ها تشکر و قدردانی میکنند.

ملاحظات اخلاقی

در این مقاله از مجموعه داده پاپ اسمیر Herlev استفاده شده که قبلا توسط محققان در بیمارستان Herlev جمع آوری شده و به صورت رایگان در اختیار عموم محققان برای ارزیابی روش ها و الگوریتم‌های تشخیصی قرار داده شده است و استفاده از مجموعه داده از نظر اخلاقی بلامانع است.

منابع مالی

این مقاله منابع مالی ندارد.

دسترس پذیری داده ها

داده‌های ایجاد شده در مطالعه فعلی در پایگاه http://mde-lab.aegean.gr/index.php/downloads موجود است.

منافع متقابل

مؤلفان اظهار می‌دارند که منافع متقابلی از تألیف و یا انتشار این مقاله ندارند.

مشارکت مؤلفان

مرضیه لطفی اجرا، تحلیل نتایج و تألیف مقاله، محمدرضا مؤمن زاده به عنوان طراح، راهنمای مطالعه و مشاور در طرح نقش داشته و نسخه نهایی مقاله را خوانده و تایید کرده اند.

تعارض منافع

بدینوسیله پدیدآوران اعلام می‌کنند که این اثر حاصل یک پژوهش مستقل بوده و هیچگونه تضاد منافعی با سازمان ها و اشخاص دیگری ندارند.

References

1. Sung H, Ferlay J, Siegel RL, Laversanne M, Soerjomataram I, Jemal A, Bray F. Global cancer statistics 2020: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries. CA: a cancer journal for clinicians. 2021;71(3):209-49. doi: 10.3322/caac.21660

2. Arbyn M, Weiderpass E, Bruni L, de Sanjosé S, Saraiya M, Ferlay J, et al. Estimates of incidence and mortality of cervical cancer in 2018: a worldwide analysis. The Lancet Global Health. 2020 Feb 1;8(2):e191-203. doi: 10.1016/s2214-109x(19)30482-6
3. Ferlay JS, Soerjomataram I, Ervik M, Dikshit R, Eser S, Mathers C, et al. GLOBOCAN 2012 v1. 0. Cancer incidence and mortality worldwide: IARC CancerBase. 2013;11:16-24. doi: 10.1002/ijc.29210
4. Arabaci Z, Ozsoy S. The pap-smear test experience of women in Turkey: a qualitative study. Asian Pacific Journal of Cancer Prevention. 2012;13(11):5687-90. doi: 10.7314/apjcp.2012.13.11.5687
5. Chankong T, Theera-Umpon N, Auephanwiriyakul S. Automatic cervical cell segmentation and classification in Pap smears. Computer methods and programs in biomedicine. 2014;113(2):539-56. doi: 10.1016/j.cmpb. 2013.12.012
6. Momenzadeh M, Sehhati M, Mehri Dehnavi A, Talebi A, Rabbani H. Automatic diagnosis of vulvovaginal candidiasis from Pap smear images. Journal of Microscopy. 2017;267(3):299-308. doi: 10.1111/jmi.12 566
7. Momenzadeh M, Vard A, Talebi A, Mehri Dehnavi A, Rabbani H. Computer-aided diagnosis software for vulvovaginal candidiasis detection from Pap smear images. Microscopy Research and Technique. 2018 Jan;81(1):13-21. doi: 10.1002/jemt.22951
8. Chen W, Li X, Gao L, Shen W. Improving computer-aided cervical cells classification using transfer learning based snapshot ensemble. Applied Sciences. 2020 Oct 19;10(20):7292. doi: 10.3390/app10207292
9. Jia AD, Li BZ, Zhang CC. Detection of cervical cancer cells based on strong feature CNN-SVM network. Neurocomputing. 2020;411:112-27. doi: 10.1016/j. neucom.2020.06.006
10. Win KP, Kitjaidure Y, Hamamoto K, Myo Aung T. Computer-assisted screening for cervical cancer using digital image processing of pap smear images. Applied Sciences. 2020;10(5):1800. doi: 10.3390/app10051800
11. Mousser W, Ouadfel S. Deep feature extraction for pap-smear image classification: A comparative study. InProceedings of the 2019 5th International Conference on Computer and Technology Applications 2019;16;6-10.
12. Sarangi S, Sahidullah M, Saha G. Optimization of data-driven filterbank for automatic speaker verification. Digital Signal Processing. 2020;104:102795. doi: 10.1016/j.dsp.2020.102795
13. Raheja JL, Kumar S, Chaudhary A. Fabric defect detection based on GLCM and Gabor filter: A comparison. Optik. 2013;124(23):6469-74. doi: 10.1016/j.ijleo.2013.05.004
14. Eichkitz CG, Davies J, Amtmann J, Schreilechner MG, de Groot P. Grey level co-occurrence matrix and its application to seismic data. First break. 2015 Mar 1;33(3):15-22. doi: 10.3997/1365-2397.33.3.79517
15. Guo Z, Zhang L, Zhang D. A completed modeling of local binary pattern operator for texture classification. IEEE transactions on image processing. 2010;19(6):1657-63. doi: 10.1109/tip.2010.2044957
16. Bora K, Chowdhury M, Mahanta LB, Kundu MK, Das AK. Automated classification of Pap smear images to detect cervical dysplasia. Computer methods and programs in biomedicine. 2017;138:31-47. doi: 10.1016/j.cmpb.2016.10.001
17. Riana D, Hidayanto AN. Integration of Bagging and greedy forward selection on image pap smear classification using Naïve Bayes. In2017 5th International Conference on Cyber and IT Service Management (CITSM). 2017;8:1-7. doi: 10.1109/citsm. 2017.8089320
18. Feng X, Liang Y, Shi X, Xu D, Wang X, Guan R. Overfitting reduction of text classification based on AdaBELM. Entropy. 2017;19(7):330. doi: 10.3390/e19070330