شناسایی چندکلاسی سلول‌های ناهمگون خونی برمبنای الگوریتم شورایی و تجمیع توصیف‌گر بافت

امید اسلامی فر[۱]، محمدرضا سلطانی[۲*]،سید محمد جلال رستگار فاطمی[۳]

دانشجوی دکتری گروه مهندسی برق، دانشکدهٔ فنی و مهندسی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد ساوه، ساوه، ایران[۱]

استادیار گروه مهندسی برق، دانشکدهٔ فنی و مهندسی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد خمینی شهر، اصفهان، ایران[۲*]

استادیار گروه مهندسی برق، دانشکدهٔ فنی و مهندسی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد ساوه، ساوه، ایران[۳]

چکیده

درک نحوهٔ عملکرد سلول‌های بیولوژیکی و تمایز سلول‌ها از یکدیگر برای تشخیص بیماری و درمان اهمیت بالایی دارد؛ از نظر پزشکان متخصص در صورت آشکارشدن وجود ناهنجاری در مراحل نخستین شکل‌گیری تغییرات در سلول‌های خونی، امکان درمان زودهنگام و جلوگیری از بروز عوارض آن وجود خواهد داشت. در گام نخست طرح پیشنهادی، ضرایب موجک تصویر به یک شبکهٔ عصبی YOLO داده می‌شود تا مکان برگزیده از تصویر بافت برای بیرون‌آوردن ویژگی انتخاب شود. در ادامه از شبکهٔ عصبی کانولوشنی، روش بهینه‌سازی عقاب طلایی (GEO) و سه دسته‌بند معروف شامل درخت تصمیم (DT)، بیزین ساده (NB) و K نزدیک‌ترین همسایه (KNN) به‌صورت دسته‌بند مشارکتی استفاده می‌شود تا بین سلول‌های خونی مختلف بر اساس مدل‌های آموزش‌دیده تمایز داده شود. نتایج شبیه‌سازی حاکی از آن است که مدل ارائه‌شده با دقت مناسبی به پیش‌بینی نوع سلول خونی بر مبنای آموزش داده‌شده به مدل پرداخته و توانسته است به دقت ۹۵ درصد دست یابد.

واژگان کلیدی: رستهٔ سلول‌های خونی، طبقه‌بندی، شبکهٔ عصبی YOLO، بهینه‌سازی عقاب طلایی.

Identification, detection and classification and of multiclass heterogeneous blood cell series based on the council algorithm and aggregation of tissue descriptors

Omid Eslamifar[1], Mohammadreza soltani[2*], seyed Mohamadjalal Rastegar Fatemi[3]

Ph.D. Candidate Department of Electrical Engineering, saveh Branch, Islamic Azad University, Saveh, Iran[1]

Assistant Professor Department of Electrical Engineering Khomeinishahr Branch, Islamic Azad University, Isfahan , Iran[2*]

Assistant Professor Department of Electrical Engineering, saveh Branch, Islamic Azad University, Saveh, Iran[3]

Abstract

Understanding the structural and morphological characteristics of blood cells plays a crucial role in the early diagnosis and treatment of hematological disorders. Manual inspection of blood smears under a microscope is still the standard approach in many laboratories; however, this process is subjective, time-consuming, and highly dependent on the expertise of the hematologist. To overcome these limitations, the present study introduces an intelligent hybrid framework for multiclass classification of heterogeneous blood cells based on the integration of deep learning and metaheuristic optimization techniques.

In the proposed approach, the wavelet coefficients of microscopic images are first extracted to capture discriminative frequency-domain features. These coefficients are then fed into a YOLO-based convolutional neural network to detect candidate cell regions and identify spatial characteristics. A customized CNN architecture is subsequently employed for hierarchical feature learning, while a Golden Eagle Optimization (GEO) algorithm is utilized to perform feature selection and dimensionality reduction by eliminating redundant and less informative attributes.

* نویسندهٔ عهده‌دار مکاتبات

* Corresponding author

• تاریخ ارسال مقاله: ۱۴۰۲/۵/۲۶ • تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۵/۱۹ • تاریخ انتشار: ۱۴۰۴/۹/۲۸ • نوع مطالعه: پژوهشی

To achieve robust decision-making, three classical classifiers Decision Tree (DT), Naïve Bayes (NB), and K-Nearest Neighbors (KNN) are combined through a weighted voting ensemble strategy. The model was trained and validated on a dataset consisting of microscopic images of five major white blood cell types: lymphocytes, monocytes, eosinophils, basophils, and neutrophils. Quantitative evaluation was performed using precision, recall, F1-score, and accuracy metrics.
Experimental results demonstrate that the proposed CNN GEO ensemble model achieves an overall accuracy of 95.7% and an average F1-score of 94.9%, outperforming comparable state-of-the-art methods such as CNN+SVM, PSO+KNN, and VGG-16 in both accuracy and computational efficiency. The findings highlight the capability of the proposed system to accurately distinguish among multiple blood cell categories, thereby providing a reliable and automated decision-support tool for early hematological diagnosis. Future work will focus on expanding the dataset and integrating domain adaptation mechanisms to further enhance cross-laboratory generalization.

Keywords: blood cell type, classification, YOLO neural network, golden eagle optimization.

۱-مقدمه

حجم خون در انسان حدود ۵/۵ لیتر و حاوی سلول‌ها و مایعی است که منظم در سامانهٔ چرخشی بسته‌ای در جریان است و از طریق انقباضات منظم قلب به جلو رانده می‌شود؛ در مجموع، خون از دو قسمت اصلی تشکیل شده‌است:

- عناصر متشکل یا سلول‌های خونی: شامل آریتروسیت‌ها همان گلبول‌های قرمز، پلاکت‌ها و لکوسیت‌ها یا همان گلبول سفیدند.
- پلاسما: حاوی عناصر سلولی و مایع زرد روشنی به نام سرم است که از مادهٔ انعقادیافته یا همان لخته جدا می‌شود.

سه نوع سلول اصلی ذکرشده (آریتروسیت‌ها، لکوسیت‌ها و پلاکت‌ها) دارای تقسیماتی از انواع دیگر سلول‌ها نیز هستند که در جدول (۱) سلول‌ها و محصولات خونی موجود در بدن جداگانه تشریح شده‌اند[۱و۲].

(جدول- ۱): نوع سلول‌ها، محصولات خونی و عملکرد آن‌ها
(Table-1): Types of cells, blood products and their function

نوع سلول	فراوردهٔ اصلی	عملکردهای پایه
اریتروسیت	هموگلوبین	انتقال اکسیژن و دی‌اکسید کربن
لکوسیت‌ها	لیزوزوم‌های تغییریافته	فاگوسیتوز باکتری‌ها
نوتروفیل‌ها و ائوزینوفیل‌ها	گرانول‌های اختصاصی	دفاع در برابر کرم‌های انگلی، تعدیل فرایندهای التهابی
بازوفیل‌ها	گرانول‌های حاوی هیستامین و هپارین	آزادسازی هیستامین
مونوسیت‌ها	گرانول‌های حاوی آنزیم‌های لیزوزومی	تولید سلول‌های دستگاه فاگوسیت-تک هسته‌ای، هضم تک‌سلولی‌ها، ویروس‌ها و سلول‌های پیر
لنفوسیت B	ایمنوگلوبولین‌ها	تولیدکنندهٔ آنتی‌بادی
لنفوسیت T	تولید موادی که فعالیت دیگر سلول‌ها را کنترل می‌کنند	کشتن سلول‌های آلوده به ویروس
سلول‌های کشنده	حمله به سلول‌های آلوده به ویروس و سلول‌های سرطانی	کشتن برخی سلول‌های توموری و آلوده به ویروس
پلاکت‌ها	فاکتورهای انعقادی خون	انعقاد خون

در دستگاه ایمنی انسان، گلبول‌های سفید خون[1] (WBC) توده‌های استخوانی و لنفاوی را ایجاد می‌کنند. این سلول‌ها از بدن انسان در مقابل چندین عفونت مانند قارچ‌ها و باکتری‌ها دفاع می‌کنند. انواع WBC شامل ائوزینوفیل‌ها، لنفوسیت‌ها، نوتروفیل‌ها و مونوسیت‌ها است که توسط متخصصان به‌صورت دستی تشخیص داده می‌شوند. فرایند تشخیص دستی پیچیده و زمان‌بر است؛ بنابراین، یک سامانهٔ خودکار برای طبقه‌بندی WBC مورد نیاز است[۳]. میکروسکوپ مزیت تجسم مستقیم شی مورد مطالعه را ارائه می‌دهد. مشاهدهٔ اشکال سلولی می‌تواند اطلاعات مهمی مانند وجود یک آسیب‌شناسی را ارائه دهد؛ یک مثال کاربردی در این باره مربوط به هماتولوژی است؛ جایی که بررسی اسمیر[2] (لکه) خون، نخستین اطلاعات را در مورد تشخیص یک بیماری خونی می‌دهد.

در همین زمان، تجزیه‌وتحلیل تصویر به سمت خودکارسازی درحال توسعه است تا نتایج عینی، بازده بالا و نظام‌مند ارائه دهد. تشخیص خودکار تصویر بیشتر و بیشتر به سمت روش‌های پیچیدهٔ مبتنی بر هوش مصنوعی گرایش دارد[۴]. مورفولوژی (شکل‌شناسی) سلولی یک ویژگی است که منعکس‌کنندهٔ چرخهٔ سلولی، وضعیت سوخت‌وساز یا فعالیت سلولی است. تصویربرداری زمینه روشن[3] تحت تأثیر جهت‌گیری سلول‌ها روی اسلاید میکروسکوپ قرار می‌گیرد که یک طرح‌ریزی مشخص را تعیین می‌کند، اما میکروسکوپ کانفوکال سه‌بعدی[4] امکان بررسی کل سطح سلول را بدون ازدست‌دادن اطلاعات فراهم می‌کند.

مسئله از جایی آغاز می‌شود که نوع سلول‌های خونی به سبب مشابهت ظاهری آن‌ها درک شوند و این موضوع ممکن است سبب پیش‌بینی بروز بیماری‌های مختلف شود. به‌طورمعمول این فرایند از طریق مشاهدهٔ سلول‌ها در زیر میکروسکوپ توسط پاتولوژیست یا هماتولوژیست‌های خون و سلول‌های خونی ممکن می‌شود؛ پاتولوژیست زمان زیادی را به تجزیه‌وتحلیل تخصیص می‌دهد و می‌بایست تفاوت‌های اندک میان زیرمجموعه‌های خونی را تشخیص دهد. به‌سبب مشابهت این زیرمجموعه‌ها، گاهی خطای انسانی محتمل است؛ لذا نیازمند تحلیل ماشینی تصاویر میکروسکوپی

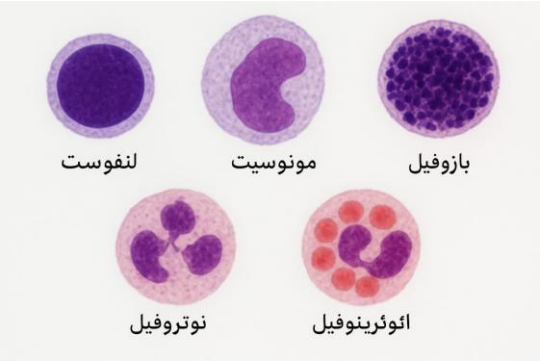
[1] white blood cells

[2] blood smear
[3] brightfield
[4] 3D confocal microscopy

است[۵]. با توجه به کاربرد روش‌های پردازش تصویر و شناسایی الگو در تشخیص به موقع بیماری‌های خونی و تنوع تصاویر تهیه‌شده در آزمایشگاه‌های مختلف از نظر نوفه و شدت روشنایی، استفاده از روش‌هایی که نسبت به این تغییرات مقاوم باشند، روش‌ها را به سمت تمام خودکاربودن و استفادهٔ عملی از آن‌ها پیش می‌برد؛ همچنین سامانه‌های مبتنی بر پردازش تصویر هزینهٔ تشخیص بیماری‌های خونی را کاهش داده و امکان انجام آن را در زمان و مکان بیشتری فراهم کرده و به بالابردن دقت تشخیص کمک می‌کند که ضرورت انجام پژوهش محسوب می‌شود. شکل (۱) نیز تقسیم‌بندی کلی زیرمجموعهٔ سلول‌های خونی را نشان می‌دهد[۶].

(شکل-۱): نمایش پنج نوع کلی از زیرمجموعه‌های خونی در یک تصویر میکروسکوپی

(Figure-1): five general types of blood subsets in a microscopic image



تا به امروز راه‌کارهای کمی از سوی پزشکان متخصص برای تجزیه‌وتحلیل دقیق بیماری‌ها با تکیه‌بر تجزیه‌وتحلیل سلول‌های خونی و با استفاده از روش‌های یادگیری ماشینی ارائه شده‌است که میزان عدم قطعیت در تفسیر آن‌ها بالاست؛ به عبارتی روش‌های پیشنهادشده، راه‌کارهایی با امکان خطای بالا هستند[۷]. می‌توان بر اساس اصول تجزیه‌وتحلیل تصویر میکروسکوپی و حتی نمونه‌برداری به وجود بیماری‌های مختلف ازجمله بیماری‌های خونی پی‌برد، اما این روش‌ها تهاجمی‌اند و در نظر پزشک متخصص هرچند دقیق‌اند، اما ایده‌آل نیستند؛ برای مثال سرطان خون و یا کم‌خونی ازجمله بیماری‌های شایع خونی‌اند، با این تفاوت که نحوهٔ بروز آن‌ها متفاوت است؛ هرچند مکان بروز آن‌ها کمابیش از یک ناحیه شروع می‌شود. بر این اساس ارائهٔ روشی که تشخیص سرطان‌هایی چون سرطان خون را در مراحل اولیهٔ آسان کند، بسیار مفید و ارزنده است. باید توجه داشت که تفسیرهای مختلف پاتولوژیست‌ها یکی از جنبه‌های مجهول و مبهم مسئله است. برخی خصیصه‌های ویژه در این زمینه موردتوجه پزشک است که مهم‌ترین آن‌ها عبارت است از آزمایش‌ها، خواص موجود در تصاویر میکروسکوپی و فاکتورهای متعدد دیگری که پزشک با دیدن و تجزیه‌وتحلیل همهٔ آن‌ها در کنار هم می‌تواند در ارتباط با بروز بیماری اظهارنظر کند. این خصیصه‌ها در تشخیص به پزشک و پاتولوژیست متخصص کمک می‌کنند؛ در چنین شرایطی، ویژگی‌های استخراج‌شده ممکن است قابلیت تعمیم‌پذیری نداشته باشند و عملکرد مدل‌های تشخیصی را تحت تأثیر قرار دهند؛ بنابراین لازم است الگوریتم‌های طراحی‌شده متناسب با جمعیت هدف و شرایط بومی آموزش ببینند تا از بروز خطای تشخیصی جلوگیری شود؛ از آنجا که تفسیر نتایج خونی توسط پاتولوژیست‌ها ممکن است با خطاهای ناخواسته همراه باشد، به‌ویژه در مراحل حساس بیماری، تحلیل دقیق فاکتورهای خونی نقش مهمی در تشخیص صحیح و به‌موقع دارد. بررسی علمی این فاکتورها می‌تواند در شناسایی دقیق بیماری‌های خونی و تدوین راه‌کارهای درمانی مؤثر بسیار مفید واقع شود.

برخی از ضایعات ناشی از عفونت‌های خونی به‌دلیل شباهت ظاهری با سایر ناهنجاری‌ها در ساختار سلولی (هسته و سیتوپلاسم) ممکن است در مراحل اولیه مورد توجه قرار نگیرند؛ این امر موجب می‌شود که بیماران در مراحل پیشرفته‌تر از وجود بیماری آگاه شوند.

استفاده از سامانه‌های هوشمند مبتنی بر هوش مصنوعی می‌تواند دقت تشخیص را افزایش قابل‌توجهی داده و امکان شناسایی زودهنگام بیماری‌های خونی را فراهم آورد.

مراکز بهداشتی و درمانی، ازجمله بیمارستان‌ها، می‌توانند از نتایج عملی این پژوهش بهره‌مند شوند.

یکی از چالش‌های روش‌های پیشین، کمبود شدت نور در تصاویر میکروسکوپی و نبود مرزهای مشخص بین بافت‌های خونی است. تفسیرهای ارائه‌شده توسط پاتولوژیست‌ها و حتی پژوهش‌گران حوزهٔ هوش مصنوعی گاه با یکدیگر متفاوت است که این امر به‌دلیل شباهت زیرساخت‌ها و زیرمجموعه‌های خونی در تصاویر میکروسکوپی است.

برخی از پژوهش‌گران الگوریتم‌هایی پیشنهاد کرده‌اند که تا حدی این مشکلات را کاهش داده‌اند؛ بااین‌حال، طراحی سامانه‌ها یا الگوریتم‌های خودکار باید به‌گونه‌ای باشد که نه‌تنها در مراحل اولیهٔ بروز ناهنجاری‌های خونی تشخیص دقیقی ارائه دهند، بلکه از دقت بالایی نیز برخوردار باشند.

از سال ۲۰۱۲ تاکنون، توجه بیشتری به تشخیص هوشمند فاکتورهای خونی معطوف شده‌است، اما پژوهش‌ها همچنان نیازمند بازبینی و تمرکز بر بهبود نرخ تشخیص صحیح و ارائهٔ راه‌کارهای مؤثرند.

تصاویر دارای پیچیدگی‌های خاص‌اند و یافتن ارتباط صحیح میان ویژگی‌های استخراج‌شده منجر به ایجاد الگویی می‌شود که توصیف‌کنندهٔ بافت تصویر خواهد بود. یافتن این ارتباط نیازمند بررسی و داده‌کاوی است. معنادار ساختن برچسب‌های ایجادشده به‌وسیلهٔ الگوریتم و نیز نظر پاتولوژیست فرایند دشوار و در عین حال طاقت‌فرساست. حجم داده‌های موردبررسی زیاد است و لذا پردازش آن‌ها

نیازمند به کاهش‌دادن حلقه‌های نرم‌افزاری و برنامه‌نویسی کاربردی است. طبقه‌بندی‌کننده‌های[1] مختلف، دارای محدودیت‌های گوناگون‌اند و توسعهٔ یک طبقه‌بندی‌کنندهٔ توانمند، فرایند مشکلی به نظر می‌رسد. یک راه‌کار جهت افزایش کارایی طبقه‌بندی‌کننده‌ها آن است که از روش‌های تلفیق چند طبقه‌بند استفاده شود؛ چنین راه‌کاری، برای کاهش ابهام بسیار ارزشمند است. هرکدام از طبقه‌بندی‌کننده‌ها بدون درنظرگرفتن اینکه ممکن است داده‌های ورودی ناقص یا خراب باشند، تولید خطا می‌کنند. قدر مسلم به‌کارگیری یک سامانهٔ تصمیم‌گیرندهٔ خودکار می‌تواند در کاهش خطاهای احتمالی پاتولوژیست و متخصص مفید باشد؛ تکیه‌بر الگوریتم‌های محاسباتی قدرتمند، زمان و دقت را بهینه خواهد کرد و می‌تواند به‌عنوان همیار به‌حساب آید. حل مسئلهٔ عدم قطعیت در پاسخ‌ها نیازمند به اثبات مدعای صحیح‌بودن خروجی‌هاست. تعداد کلاس‌های مورد بررسی با فزونی‌یافتن از دو کلاس به بالاتر می‌تواند سبب کاهش دقت و به‌تبع مشکلاتی نظیر بیش‌برازش شود. رویکردهای مبتنی بر یادگیری ماشینی می‌توانند به‌طور بالقوه برای چنین وظایفی مورداستفاده قرار گیرند و از رویه‌های دستی که زمان‌بر، ذهنی و مستعد خطای انسانی‌اند اجتناب شود؛ چنین رویکردهایی برای تصویربرداری دو بعدی و سه بعدی برای اهدافی از طبقه‌بندی پیکسل و تشخیص اشیا تا تقسیم‌بندی سلولی خودکار، بازسازی و ردیابی ذرات توسعه یافته‌اند. روش‌های یادگیری عمیق به تازگی در پژوهش‌های متعددی [۱۰و۱۱] مورد استفاده قرارگرفته‌اند.

یادگیری ماشین نقش مهمی در قطعه‌بندی تصویر[2] خون بازی می‌کند و قطعه‌بندی یکی از نخستین گام‌ها در شناسایی سرطان خون در تصاویر لکهٔ خون است. الگوریتم‌های مختلف یادگیری ماشین در بیشتر روش‌های تقسیم‌بندی استفاده شده‌است. هدف از قطعه‌بندی سلولی، شناسایی مرز بین هسته و سیتوپلاسم برای تعیین مشخصات بیشتر است، مانند مشخص‌کردن ویژگی‌های هسته، ویژگی‌های سیتوپلاسم و نسبت هسته به سیتوپلاسمی که برای شناسایی مفید است[۱۲].

هدف اصلی از پژوهش جاری، تشخیص و طبقه‌بندی چندکلاسی رستهٔ سلول‌های ناهمگون خونی بر مبنای الگوریتم شورایی و تجمیع توصیف‌گرهای بافت تصویر میکروسکوپی است؛ به‌عبارت بهتر پژوهش حاضر به‌دنبال خودکارسازی تشخیص است تا بتوان انواع مدل‌های سلول‌های خونی را با دقت بالا از یکدیگر تفکیک کرد. ادامهٔ مقاله به‌صورت زیر سازمان‌دهی شده‌است: در بخش دوم کارهای مرتبط و در بخش سوم طرح پیشنهادی بیان شده‌است. در بخش چهارم تجزیه‌وتحلیل آن ارائه و در بخش پنجم نیز نتیجه‌گیری شده‌است.

[1] Classifiers
[2] image segmentation

۲- پیشینهٔ پژوهش

برای استخراج ویژگی‌های تصویر در فرایند تشخیص، دو روش مبتنی بر تصویر و مبتنی بر مدل را می‌توان استفاده کرد. در روش مبتنی بر تصویر ویژگی‌ها مستقیم با اعمال تبدیل‌های ریاضی مانند تبدیل فوریه[3]، تبدیل موجک[4]، تبدیل کسینوسی گسسته[5]، تجزیه‌وتحلیل مؤلفه‌های خاص[6]، تجزیه‌وتحلیل مجزاساز خطی[7] بر روی تصاویر استخراج می‌شوند. مشکل این روش‌ها، ابعاد بزرگ و تکراری‌بودن داده‌ها و حساس‌بودن به چرخش و جابه‌جایی تصویر است. در روش مبتنی بر مدل، مدلی از تصویر مورد اشاره، ساخته و به‌وسیلهٔ مجموعهٔ کوچکی از پارامترها همچون مدل‌های شکل فعال[8]، مدل‌های مرز فعال[9] و الگوهای انعطاف‌پذیر[10]، توصیف می‌شود که مزیت این روش، بیان ویژگی‌ها در ابعاد کوچک و تأثیرناپذیری مدل از روشنایی تصویر، چرخش، اندازه و جابه‌جایی تصویر است. در ادامه روش‌های موجود برای تشخیص سلول‌های خونی بر اساس مکانیسم اجرا گروه‌بندی می‌شود.

۲-۱-روش‌های تشخیص مبتنی بر یادگیری عمیق

دسته‌بندی سلول‌های خون انسان در تشخیص التهاب، عفونت و اختلالات سلول‌های خونی مانند لوسمی اهمیت دارد. محدودیت در الگوریتم‌های سنتی برای طبقه‌بندی سلول‌های خونی و افزایش قدرت پردازش محاسباتی، امکان استفاده از روش‌های یادگیری ماشینی را برای این کار رایج بالینی فراهم کرده‌است. لانگ و همکارانش[۱۳]، مدل BloodCaps را ارائه کردند که مدلی مبتنی بر پوشش برای طبقه‌بندی دقیق طیف وسیعی از سلول‌های خونی است. پژوهش‌گران در این مقاله، یک مدل مبتنی بر شبکهٔ پوششی را ارائه کرده‌اند که هدف آن طبقه‌بندی تصاویر سلول‌های خونی با اندازهٔ ۱۲۸×۱۲۸ پیکسل است، مدل پیشنهادی BloodCaps، از سه لایه کانولوشن به‌جای یک لایه برای استخراج ویژگی استفاده می‌کند. معماری پیشنهادی با پیاده‌سازی بر روی مجموعه‌داده‌ای در مقیاس بزرگ از هشت دسته از سلول‌های خون محیطی انسان، به دقت کلی ۹۹/۳ درصد و بهتر از شبکه‌های عصبی کانولوشنی مختلف دست یافته‌است؛

[3] Fourier Transform
[4] Wavelet Transform
[5] Discrete Cosine Transform
[6] Principal Component Analysis
[7] Linear Discriminant Analysis
[8] Active Shape Models
[9] Active Contour Models
[10] Deformable Templates

علاوه‌براین، سه مجموعه‌دادهٔ جدید (مجموعه‌دادهٔ با وضوح پایین، مجموعه‌دادهٔ کوچک و مجموعه‌دادهٔ کوچک با وضوح پایین) از مجموعه‌دادهٔ اصلی ایجاد و BloodCaps را در مقایسه با AlexNet، VGG16، ResNet-18 و InceptionV3 آزمایش کردند. برای تأیید بیشتر قابلیت کاربرد مدل پیشنهادی، BloodCaps را روی مجموعه‌داده‌های عمومی اضافی مانند مجموعه‌داده‌های All IDB2، BCCD و Cell Vision نیز آزمایش کردند. در مقایسه با نتایج گزارش‌شده، BloodCaps بهترین عملکرد را در هر سه سناریو نشان می‌دهد. نقطه ضعف این مدل، پیچیدگی محاسباتی روش و نیاز به تنظیم پارامترهای شبکهٔ عصبی کانولوشنی است.

یائو[1] و همکاران [۱۴]، روش شبکه‌های عصبی کانولوشنی دو ماژولی تغییر شکل‌پذیر و بهینه‌سازی‌شده وزنی (TWO-[2] DCNN) را برای طبقه‌بندی گلبول‌های سفید پیشنهاد داده‌اند. الگوریتم پیشنهادی به‌صورت یادگیری انتقالی دو ماژولی و لایه‌های کانولوشن قابل تغییر شکل (DC) برای بهبود استحکام مشخص می‌شود. مجموعه‌دادهٔ استفاده‌شده مشتمل بر ۴۰۵۰۵ تصویر است؛ علاوه‌براین، مجموعه‌داده‌های با وضوح پایین و شامل نوفه از مجموعه‌داده‌های اصلی تولید شدند. در مرحلهٔ قطعه‌بندی، ابتدا ناحیهٔ مورد علاقه (ROI)[3] در تصاویر گلبول سفید برای جلوگیری از اختلال انتخاب می‌شود و سپس از قطعه‌بندی Ostu برای استخراج خطوط گلبول سفید استفاده می‌شود؛ درنهایت، قطعه‌بندی منطقه‌ای درحال رشد برای اصلاح نتایج قطعه‌بندی استفاده می‌شود. در اینجا، ۶۵ نوع ویژگی از گلبول سفید شامل ویژگی‌های هندسی، موجک و بافت محاسبه می‌شود. برای استخراج دقیق ویژگی، سیزده نوع ویژگی از WBC شامل واریانس، IDM، شدت نور، آنتروپی، ASM، هم‌بستگی، آنتروپی تفاوت، واریانس تفاوت، InfoMeas1، InfoMeas2، میانگین مجموع، مجموع آنتروپی، مجموع واریانس در چهار زاویهٔ صفر، ۴۵، ۹۰ و ۱۳۵ درجه استنتاج شد. برای اعتبارسنجی عملکرد، روش پیشنهادی با الگوریتم‌های یادگیری ماشین کلاسیک VGG16، VGG19، Inception-V3، ResNet-50، ماشین بردار پشتیبان (SVM)، پرسپترون چندلایه (MLP) ، درخت تصمیم (DT[4]) و جنگل تصادفی (RF) مقایسه شد. روش TWO-DCNN بر روی سه مجموعه‌دادهٔ استاندارد، بهترین عملکرد را با دقت ۹۵/۷، ۹۴/۵ و ۹۱/۶، شمول ۹۵/۷، ۹۴/۵ و ۹۱/۶، ۹۴/۵ درصد و امتیاز f ۹۵/۷، ۹۴/۵ و ۹۱/۶ به‌دست آورد. با استخراج دقیق ویژگی و وزن‌های شبکهٔ بهینه، TWO-DCNN پیشنهادی بهترین عملکرد را در طبقه‌بندی گلبول‌های سفید برای مجموعه‌های داده با وضوح پایین و نوفه نشان داد که می‌توان از آن به‌عنوان یک روش جایگزین برای کاربردهای بالینی استفاده کرد.

تشخیص بدخیمی‌های خونی مستلزم شناسایی و طبقه‌بندی گلبول‌های سفید خون در اسمیر خون محیطی است. تغییرات دامنهٔ ناشی از روش‌های آزمایشگاهی مختلف، رنگ‌آمیزی، روشنایی و تنظیمات میکروسکوپی، ممکم است قابلیت استفادهٔ مجدد روش‌های یادگیری ماشین توسعه‌یافته بر روی داده‌های جمع‌آوری‌شده از تارنماهای مختلف را مختل کند. صالحی[5] و همکارانش [۱۵]، یک رمزگذار خودکار سازگار با دامنه‌های مختلف[6] را پیشنهاد کرده‌اند تا ویژگی‌ها را به شیوه‌ای بدون نظارت بر روی سه مجموعه‌دادهٔ مختلف از گلبول‌های سفید منفرد اسکن‌شده از اسمیر خون محیطی استخراج کنند. رمزگذار خودکار مبتنی بر معماری R-CNN[7] است که به آن اجازه می‌دهد بر روی گلبول‌های سفید خون مربوطه تمرکز کند و مصنوعات موجود در تصویر را حذف کند. روش پیشنهادی بر اساس ویژگی‌های نمونهٔ استخراج‌شده به‌وسیلهٔ معماری Mask R-CNN است[۱۶] که به‌وسیلهٔ رمزگذار خودکار برای به‌دست‌آوردن ویژگی‌های گلبول‌های سفید منفرد در اسمیر خون دیجیتالی تجزیه‌وتحلیل می‌شود. نرمال‌سازی گروهی (GN)[8] [۱۷]، بعد از هر لایه در بخش رمزگذار به‌عنوان جایگزینی برای نرمال‌سازی دسته‌ای اعمال می‌شود که به اندازهٔ دسته بستگی ندارد. برای ارزیابی کیفیت ویژگی‌های استخراج‌شده، از یک جنگل تصادفی ساده[9] برای طبقه‌بندی سلول‌های منفرد استفاده شده‌است. این پژوهش‌گران نشان داده‌اند که به‌کمک ویژگی‌های غنی استخراج‌شده به‌وسیلهٔ رمزگذار خودکار آموزش‌دیده، تنها بر روی یکی از مجموعه‌های داده، طبقه‌بندی جنگل تصادفی به‌طور رضایت‌بخشی روی مجموعه‌داده‌های دیده‌نشده عمل می‌کند.

در پژوهشی دیگر [۲۴] که در سال ۲۰۱۸ منتشر شده‌است و به‌عنوان پژوهش پایهٔ این پژوهش در نظر گرفته شد به بررسی زیر سلول‌های خونی با استفاده از آموزش عمیق[10] پرداخته‌است. در این پژوهش به این نکته اشاره شد که در بسیاری از زمینه‌های کاربردی از آموزش عمیق استفاده شده‌است که این امر، قدرت این روش را نشان می‌دهد؛ همچنین در پژوهش از شبکهٔ عصبی مصنوعی به‌عنوان طبقه‌بندی خودکار استفاده شده‌است. داده‌های این مقاله نیز متشکل از سیزده هزار تصویر از سلول‌های خونی

[1] Yao
[2] two-module weighted optimized deformable convolutional neural networks
[3] Region of Interest
[4] Decision Tree

[5] Salehi
[6] cross-domain adapted autoencoder
[7] Recurrent CNN
[8] Group normalization
[9] simple random forest
[10] Deep learning

است که نتایج حاصله از این پژوهش ۸۸ درصد مشابهت را نشان می‌دهد. در مجموع در روش‌های پیشین، دید مثبتی نسبت به تفکیک چندکلاسی فاکتورهای خونی نبود و بیشتر پژوهش‌گران تنها به جداسازی و طبقه‌بندی دو کلاسی بسنده کرده‌اند.

۲-۲-روش‌های تشخیص مبتنی بر یادگیری ماشین

در پژوهشی [۱۸]، تصاویر میکروسکوپی به‌دست‌آمده از خون و مغز استخوان، اسمیر بیماران مبتلا به لوسمی حاد لنفوبلاستیک و افراد عادی پس از اعمال شیوه‌هایی نظیر پردازش تصاویر، هستهٔ سلول‌ها توسط الگوریتم K-means تقسیم‌بندی شد. ویژگی‌های آماری و هندسی از هسته و نیز سیتوپلاسم استخراج و درنهایت سلول‌ها به سلول‌های سرطانی و غیر سرطانی تقسیم و طبقه‌بندی شدند. مدل دسته‌بند آن‌ها، ماشین‌های بردار پشتیبان و توصیف‌گرهای بافت و ویژگی‌های هندسی را استخراج کرده بودند. حساسیت، ارزش و دقت طبقه‌بندی برای سلول‌های سرطانی به ترتیب معادل ۹۸ درصد، ۹۵ درصد و درنهایت ۹۷ درصد گزارش شده‌اند. در روش آن‌ها، تکیه‌بر طبقه‌بندی با هدف تنظیم پارامترهای مختلف بود که برای ارزیابی سلول خونی مورد استفاده قرار می‌گرفت.

در پژوهش دیگری [۱۹]، با استفاده از خصوصیت متمایز هسته از دیگر اجزای یک لام خونی، ابتدا آن‌ها را با تکیه‌بر الگوریتمی متناسب بر خوشه‌بندی با نام K-means تشخیص داده و سپس به جداسازی سیتوپلاسم از سایر بخش‌های تصویر کرده بود. مدل جداسازی در پردازش تصویر در کار آن‌ها، بهره‌گیری از آستانه‌گذاری نرم بود که از هیستوگرام سطوح خاکستری تصویر استفاده می‌کرد. الگوریتم موردنظر توانسته بود برای استخراج تنها هسته و سیتوپلاسم بر روی تعداد صد تصویر میکروسکوپی به محک‌هایی چون ویژگی برابر با ۸۲/۵ درصد، حساسیت معادل با ۸۴ درصد و دقت ۹۴/۲ درصد دست یابد. نکتهٔ عجیب آن است که چگونه ویژگی و حساسیت برای تشخیص هسته پایین هستند، اما دقت افزایش زیادی در حیطهٔ توازن حساسیت و ویژگی دارد؛ همچنین آنان موفق به تشخیص سیتوپلاسم با ویژگی برابر با ۷۸/۰۲ درصد، حساسیت معادل ۷۹ درصد و دقت نهایی ۹۲/۳ درصد شده بودند.

در یکی از پژوهش‌ها، مدلی پیشنهادشده بود [۲۰] که از ویژگی‌های تصاویر میکروسکوپی به بررسی تغییراتی همانند بافت، هندسه، رنگ و تجزیه و درنهایت تحلیل آماری از تصاویر پرداخته بودند. این تغییرات به‌صورت یک بردار به مدل طبقه‌بند اعمال شده بود تا تصمیم‌گیری شود که آیا خروجی نمایان‌کنندهٔ یک بیماری خاص دریافت‌شده از تصویر میکروسکوپی است یا خیر. تغییرات به‌عنوان یک ورودی در روش پیشنهادی با استفاده از مدل‌های مختلف پردازش تصویر نظیر روش‌های مورفولوژیکی خودکار و برای تصاویر میکروسکوپی صورت پذیرفته بود؛ در واقع در گام نخست، ارزیابی در مورد شاخصه‌های مورفولوژیکی از سلول‌ها صورت گرفته بود و درنهایت طبقه‌بندی برای تشخیص بیماری خونی رخ داده بود.

در پژوهشی دیگر [۲۱]، نمونه‌هایی از تصاویر میکروسکوپی در آزمایشگاه از پنجاه بیمار گردآوری شده بود که سلول‌های خونی و فاکتورهای مختلف آن را در برمی‌گرفت. از تصاویر مورد نظر به‌عنوان الگوهای لازم جهت آموزش شبکه‌های عصبی استفاده شد؛ درواقع در بخش نرم‌افزاری آن‌ها، سه شبکهٔ عصبی مجزا و دو مدل تشخیص رنگ و اندازه‌گیری مساحت هسته مورد استفاده قرار گرفته بود. هر یک از سه شبکهٔ عصبی به‌طور جداگانه آموزش دیده بودند و نرم‌افزار تنها قادر به تفکیک و شناسایی گلبول‌های قرمز و سفید از یکدیگر شده بودند.

۲-۳-روش‌های تشخیص مبتنی بر بهینه‌سازی

در یکی از پژوهش‌ها [۲۲]، نشان داده شد که اطلاعات استخراج‌شده از داده‌های میکرو آرایه کار بسیار پیچیده‌ای است که ناشی از وجود حجم بسیار بالای ویژگی‌ها در بخش‌های مختلف میکروآرایه است؛ لذا انتخاب ویژگی به‌عنوان یک مدل کارآمد استفاده شده بود که کمک می‌کرد حجم پردازش کم شود و از سویی، فرایند پیش‌بینی و بهبود اطلاعات ارتقا یابد. نویسندگان مقاله، از مقایسهٔ الگوریتم انتخاب ویژگی روبه‌جلو و الگوریتم ژنتیک استفاده کردند و تجزیه‌وتحلیل میکروآرایه را با استفاده از تحلیل داده‌های مشابه و با هدف شناسایی گروهی از ژن‌ها پیاده‌سازی کردند. مدل شناسایی آن‌ها مرکب از روش‌های ترکیبی چون تجزیه‌وتحلیل تفکیک‌کنندهٔ خطی، ماشین‌های بردار پشتیبان و روش بیزین بود؛ همچنین از مدل شبکه‌های عصبی و نزدیک‌ترین همسایگی نیز برای طبقه‌بندی بهره گرفته بودند. عملکرد الگوریتم انتخاب ویژگی ژنتیک در قیاس با مدل‌های دیگر انتخاب ویژگی مناسب‌تر بود.

در پژوهش دیگری که به تازگی توسط کریمی و همکاران [۲۳] پیشنهاد شده، از الگوریتم خوشه‌بندی فازی و نیز از شبکه‌های عصبی مصنوعی در انتخاب ویژگی استفاده شده‌است. الگوریتم ژنتیک را به‌منظور تشخیص‌دهندهٔ نهایی استفاده کرده و نیز تصاویری شامل ۶۸ فرد (۳۸ بیمار و سایرین سالم) بررسی شده‌اند. دقت روش آن‌ها معادل ۹۶/۵۳ درصد است و حساسیت و ویژگی به ترتیب ۸۵/۱۵ درصد و نیز ۹۷/۱۷ درصد برآورد شده‌است؛ به‌عبارت دیگر آن‌ها توانسته‌اند از تصاویر میکروسکوپی افراد سالم بیشتر اطلاعات درستی را استنتاج کنند تا افراد بیمار.

اگرچه مطالعات پیشین مانند Sharma et al. (2023) و Ahmad et al. (2022) مدل‌های کارآمدی ارائه کرده‌اند، اما پژوهش‌های جدیدتر در سال ۲۰۲۵ نیز نشان‌دهندهٔ پیشرفت چشم‌گیری در این حوزه‌اند[۳۳ و ۳۴].

۳- طرح پیشنهادی

سلول خونی شامل پنج نوع لنفوسیت‌ها، مونوسیت‌ها، ائوزینوفیل‌ها، بازوفیل‌ها و نوتروفیل‌ها است. تعداد انواع سلول‌های خونی و تعداد کل آن‌ها اطلاعات مهمی در مورد وضعیت سلامتی فرد ارائه می‌دهد. با توجه به تنوع سلول‌های خونی، تشخیص سلول مسئله‌ای دشوار در پردازش تصویر پزشکی است. در مدل جاری برای تشخیص انواع رسته‌های خونی، از تصاویر میکروسکوپی جمع‌آوری‌شده در آزمایشگاه‌های پاتوبیولوژی استفاده خواهیم کرد. با توجه به محیطی که سلول‌های خونی در آن قرار دارند وجود انسداد و پیش‌زمینه‌های مختلف می‌تواند دقت تشخیص مدل را کاهش دهد. در مدل جاری برای این کار از شبکهٔ عصبی YOLO استفاده شده‌است تا سلول‌های چندگانه را به‌همراه محل آن‌ها در تصویر معین سازد. در این مؤلفه از روش بهینه‌سازی عقاب طلایی (GEO) برای بهینه‌سازی انتخاب ویژگی مدل استفاده می‌شود. به‌طور موازی یک دسته‌بند مشارکتی، در مدل جاری، وظیفه دارد بر اساس ترکیب دسته‌بندهای مختلف مانند KNN، درخت تصمیم، ماشین بردار پشتیبان و بیزین محلی[1] به تصمیم‌گیری در خصوص ماهیت سلول خونی بپردازد؛ درنهایت خروجی این دو مرحله برای تشخیص بیماری وارد یک مؤلفهٔ تصمیم‌گیرندهٔ خودکار شود. این مؤلفه وظیفه دارد تعداد انواع مختلف رسته‌های خونی را تعیین کند و بر اساس آن هشدارهایی را به پزشک پاتولوژیست در خصوص احتمال بیماری ارسال کند. با درنظرگرفتن شاخص‌های دقت و سرعت اجرا، عملکرد مدل پیشنهادی پژوهش حاضر نه‌تنها نسبت به مطالعات سنتی، بلکه نسبت به پژوهش‌های جدید ۲۰۲۵ نیز در سطح رقابتی قرار دارد[۳۳ و ۳۴].

۳-۱-استخراج ویژگی‌های حوزهٔ فرکانس با تبدیل موجک

در طرح پیشنهادی، در گام نخست، برای بهره‌گیری از ویژگی‌های تصویر در حوزهٔ فرکانس، از تبدیل موجک بر روی تصویر استفاده می‌کنیم. هدف از انجام این مرحله استفاده از ویژگی‌های حوزهٔ فرکانس در کنار ویژگی‌های مکانی است. در بینایی رایانه‌ای[2]، نحوهٔ تبدیل یک تصویر به‌گونه‌ای که بتوان خصیصه‌های مهم و مورد نظر آن نظیر مرز پیرامون را استخراج کرد از اهمیت بسزایی برخوردار است. تبدیل گسستهٔ موجک از سه پالایهٔ عمودی، افقی و قطری برای استخراج مؤلفه‌های تصاویر مربوطه استفاده می‌کنند، در پژوهش حاضر برای استخراج ویژگی‌های حوزهٔ فرکانس از تبدیل موجک استفاده می‌شود؛ زیرا این تبدیل، لبه‌های جهت‌دار را به‌خوبی پیدا می‌کند. مجموعهٔ ضرایب تبدیل موجک از تصویر اولیه به‌عنوان ورودی به دسته‌بند مبتنی بر شبکهٔ عصبی داده می‌شود.

۳-۲-شناسایی سلول‌های خونی و موقعیت‌یابی آن‌ها با استفاده از YOLO

در گام دوم، ضرایب موجک تصویر به یک شبکهٔ عصبی YOLO داده می‌شود. YOLO یک سامانهٔ تشخیص اشیا است که ترکیبی از شناسایی اشیا و موقعیت‌یابی آن‌هاست. YOLO مخفف عبارت You Only Look Once، به‌معنای شما فقط یک‌بار به تصویر نگاه می‌کنید است؛ درواقع، این عبارت به همان قابلیت دستگاه بینایی انسان اشاره دارد که با یک نگاه عمل تشخیص اشیا را انجام می‌دهد؛ بنابراین، سامانهٔ تشخیص اشیای YOLO با هدف ارائهٔ روشی مشابه کارکرد دستگاه بینایی انسان طراحی شده‌است. YOLO معماری سامانه‌های تشخیص اشیا را دست‌خوش تغییراتی کرده و به مسئلهٔ تشخیص اشیا به‌صورت یک مسئلهٔ رگرسیون می‌نگرد که مستقیم از پیکسل‌های تصویر به مختصات باکس و احتمال کلاس‌ها می‌رسد و شامل یک شبکهٔ عصبی کانولوشنی[3] با ۲۴ لایهٔ کانولوشنی برای استخراج ویژگی و همچنین دو لایهٔ به طور کامل هم‌بند[4] برای پیش‌بینی احتمال و مختصات اشیا است. معماری شبکهٔ YOLO در شکل (۲) نشان داده شده‌است.

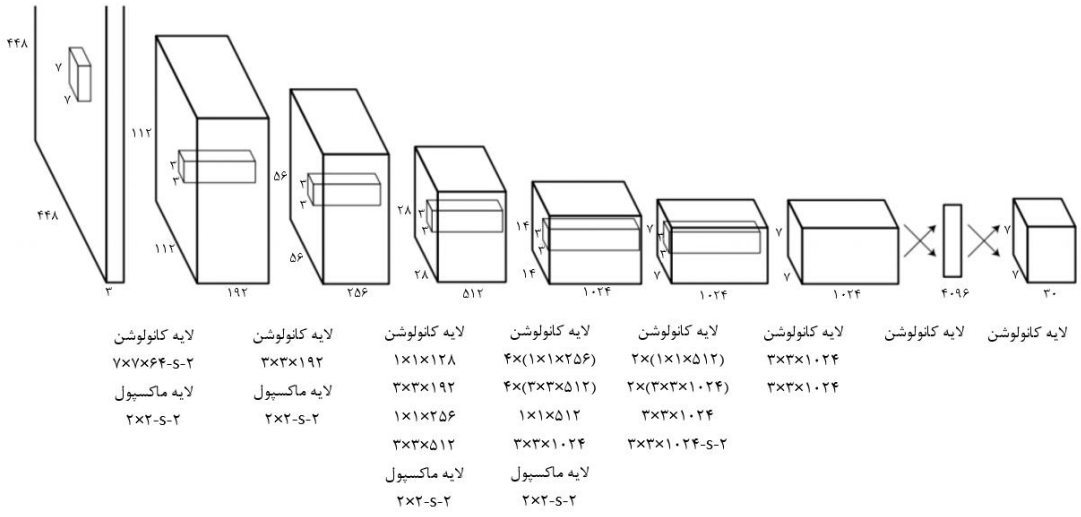
این معماری بر اساس ایده‌ای ساده و درعین‌حال قدرتمند طراحی شده‌است: به‌جای تقسیم تصویر ورودی به پنجره‌های متعدد و اعمال مدل تشخیص بر روی هر بخش به‌صورت جداگانه، کل تصویر به‌عنوان یک ورودی به شبکه داده می‌شود و شبکه تنها در یک مرحله تشخیص و شناسایی اشیا را انجام می‌دهد؛ به همین دلیل است که این شبکه به «یک‌بار نگاه‌کردن» معروف شده‌است. شبکهٔ YOLO تصویر ورودی را به یک گرید (شبکه) تقسیم می‌کند؛ برای مثال S×S سلول. هر سلول وظیفهٔ پیش‌بینی جعبه‌های محدودکننده[5] و احتمالات کلاس را بر عهده دارد. هر جعبهٔ محدودکننده شامل مختصات مرکز، عرض، ارتفاع و نمرهٔ اطمینان است که احتمال وجود یک شی را نشان می‌دهد.

معماری شبکهٔ YOLO شامل مراحل زیر است:

لایه‌های کانولوشنی: این شبکه با استفاده از ۲۴ لایهٔ کانولوشنی ویژگی‌های مختلف تصویر را استخراج می‌کند. لایه‌های کانولوشنی در YOLO نقش اصلی را در کاهش ابعاد فضایی تصویر و استخراج اطلاعات پیچیده از داده‌ها

[1] Local Bayesian
[2] Computer Vision
[3] Convolutional Neural Network
[4] Fully Connected
[5] Bounding Boxes

ایفا می‌کنند. هر لایه شامل پالایه‌هایی است که برای شناسایی ویژگی‌هایی مانند لبه‌ها، گوشه‌ها و بافت‌ها طراحی‌شده‌اند. در لایه‌های اولیه ویژگی‌های ساده‌تر و در لایه‌های عمیق‌تر ویژگی‌های پیچیده‌تر شناسایی می‌شوند.



(شکل- ۲): معماری شبکهٔ یولو همراه با ۲۴ لایه کانولوشنی [۲۵]

(Figure-2): YOLO network architecture with 24 convolutional layers[25]

لایه‌های تمام متصل[1]: پس از عبور تصویر از لایه‌های کانولوشنی، ویژگی‌های استخراج‌شده وارد چندین لایهٔ تمام متصل می‌شوند. این لایه‌ها وظیفهٔ ترکیب اطلاعات و تولید پیش‌بینی‌های نهایی برای مکان و کلاس اشیا را دارند.

پیش‌بینی نهایی: خروجی شبکه به یک تنسور تبدیل می‌شود که شامل اطلاعات مربوط به مختصات جعبه‌های محدودکننده، احتمال‌های اطمینان و برچسب‌های کلاس برای هر سلول شبکه است؛ برای مثال، اگر تصویر به یک گرید هفت*هفت تقسیم شده باشد، هر سلول ممکن است دو جعبهٔ محدودکننده و احتمال‌های مرتبط با تمام کلاس‌ها را پیش‌بینی کند.

هر درایه از ماتریس هفت× هفت خروجی، یک بردار به طول سی دارد؛ شکل (۳). این بردار به طول سی شامل اطلاعات پیش‌بینی احتمال‌ها و مختصات باکس است. هر سلول از این آرایه هفت× هفت دو باکس می‌تواند رسم کند. برای رسم هر باکس به پنج پارامتر (x,y,w,h,confidence) نیاز است. پارامترهای x و y ، مختصات سطر و ستون مبدأ باکس (مرکز باکس) را نشان می‌دهند. مختصات w و h به ترتیب متناظر با پهنا و ارتفاع باکس هستند. پارامتر پنجم confidence است؛ یک پارامتر احتمالاتی با مقدار بین صفر تا یک که می‌گوید این باکس شامل شی یا اینکه پس‌زمینهٔ تصویر است. باکس‌هایی مدنظر است که مقدار confidence بزرگی داشته باشند که نشان می‌دهد این باکس شامل یک شی است. مقدار confidence از طریق رابطهٔ IOU بین باکس پیش‌بینی و باکس واقعی محاسبه می‌شود.

در YOLO از تابع اتلاف MSE استفاده شده‌است؛ زیرا بهینه‌سازی این تابع اتلاف آسان است و با مسئلهٔ رگرسیون که در YOLO مطرح شده سازگار است[۲۵].

۳-۳-ساختار شبکه‌های عصبی مورد استفاده در استخراج ویژگی

در این پژوهش، به‌منظور استخراج ویژگی‌های مؤثر از تصاویر سلول‌های خونی، یک شبکهٔ عصبی کانولوشنی (CNN) با معماری سفارشی طراحی شده‌است؛ این معماری شامل چهار بلوک کانولوشن متوالی است که هر بلوک از لایه‌های زیر تشکیل شده‌است:

- لایهٔ کانولوشن با کرنل سه×سه و stride برابر یک
- لایهٔ نرمال‌سازی دسته‌ای(Batch Normalization)
- تابع فعال‌سازی ReLU
- لایهٔ دراپ‌اوت با نرخ ۰.۵ جهت کاهش بیش‌برازش (overfitting)

پس از هر دو بلوک، یک لایه MaxPooling با کرنل دو×دو برای کاهش ابعاد به‌کار گرفته شده‌است. در انتهای این ساختار، دو لایه Fully Connected به‌همراه یک تابع Softmax برای طبقه‌بندی سلول‌ها تعبیه شده‌است.

برای شناسایی ناحیه و موقعیت سلول‌های خونی، از مدل YOLOv5s استفاده شده‌است که نسخه‌ای سبک و سریع از خانوادهٔ YOLO است. این مدل دارای ۲۷۰ لایه و حدود ۷.۵ میلیون پارامتر است و از ساختار پایهٔ CSPDarknet53 بهره می‌برد. پارامترهای آموزش YOLO به‌صورت زیر تنظیم شده‌اند:

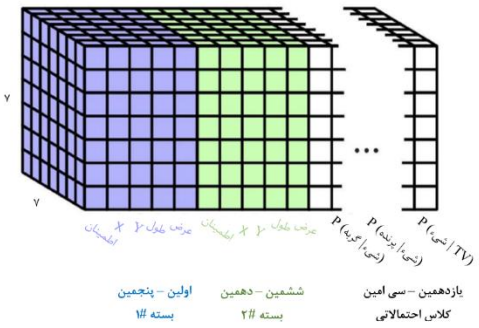
[1] Fully Connected

- نرخ یادگیری: ۰.۰۰۱
- اندازهٔ دسته (Batch Size): 32
- تعداد اپوک: صد
- الگوریتم بهینه‌سازی Adam
- تابع هزینه CIoU Loss
- معیار توقف زودهنگام: (Early Stopping) عدم بهبود دقت در ده اپوک متوالی

آموزش مدل‌ها در محیط Google Colab و با بهره‌گیری از GPU سری Tesla K80 انجام شده‌است.

طرح پیشنهادی، ساختار YOLO از روی تصاویر آموزشی یاد خواهد گرفت که چگونه بین رسته‌های خونی مختلف تمایز قائل شود. اگر مقدار احتمال برای یک باکس از تصویر بر اساس خروجی YOLO بیشتر از مقدار آستانهٔ thr باشد به‌عنوان پیکسل‌های مرتبط با سلول‌های خونی درنظر گرفته می‌شود و در ماتریس برگزیده مقدار یک می‌گیرد. برای تعیین مقدار آستانه از تصاویر آموزشی استفاده می‌شود.

$$O(i,j) = 1 \qquad (۱)$$



(شکل- ۳): تنسور سه‌بعدی خروجی یولو[۲۶]
(Figure-3): 3D tensor of Yolo output[26]

۴-۳-آموزش مدل تشخیص رسته‌های خونی مبتنی بر شبکهٔ عصبی کانولوشنی

در گام سوم از شبکهٔ عصبی کانولوشنی برای لحاظ‌کردن ویژگی مکانی تصویر در تشخیص رسته‌های خونی استفاده می‌شود. ورودی این مرحله تنها باکس‌هایی از تصویر است که در گام دوم به‌وسیلهٔ شبکه عصبی YOLO استخراج شده‌است؛ به‌عبارت دیگر برای کاهش سربار محاسباتی طرح، در این مرحله تنها بخشی از تصویر که مقدار O آن برابر یک است به شبکهٔ عصبی کانولوشن داده می‌شود. علت استفاده از شبکه‌های عصبی کانولوشنی در این گام، تولید ویژگی‌های میانی با استفاده از عمل کانوالو در لایهٔ کانولوشنی این معماری است. شبکهٔ عصبی کانولوشن نوعی از شبکه‌های عصبی است که در آن ارتباط الگویی بین نرون‌های آن با استفاده از سازمان‌دهی بخش پردازشی مغز حیوانات شبیه‌سازی شده‌است؛ درواقع شبکهٔ عصبی کانولوشن، نقطهٔ عطف بین استخراج ویژگی و دسته‌بندی ویژگی‌ها است. با استفاده از شبکهٔ عصبی کانولوشن نیازی به طراحی توصیف‌گر ویژگی‌ها وجود ندارد. شبکهٔ عصبی کانولوشن درنظر گرفته‌شده برای یادگیری ویژگی، شامل دو لایه کانولوشن، دو لایه Pooling و درنهایت یک لایه به‌طور کامل متصل است که لایه‌های کانولوشن و Pooling به‌صورت درهم‌گذاری شده (تکرار دو سطح از ترکیب یک لایه کانولوشن و یک لایه Pooling) استفاده شده‌است؛ شکل (۴). لایه‌های کامل متصل (FC)، لایه‌های طبقه‌بندی نهایی هستند که ویژگی‌های خروجی به‌صورت ضرب بردار ماتریس وزن به‌طور کامل متصل و بردار ورودی ویژگی محاسبه می‌شوند.

آموزش طبقه‌بندها و روش ترکیب نتایج

پس از استخراج ویژگی‌ها و انتخاب آن‌ها با الگوریتم GEO، سه طبقه‌بند شامل K-Nearest Neighbors (KNN)، Decision Tree (DT) و Naive Bayes (NB) به‌طور مستقل و با مجموعه‌دادهٔ آموزش، آموزش داده شدند.

برای ترکیب خروجی این سه مدل، از روش رأی‌گیری وزنی (Weighted Voting) استفاده شد. در این روش، به هر طبقه‌بند وزنی بر اساس دقت آن در داده‌های اعتبارسنجی (validation set) اختصاص یافت؛ سپس، خروجی نهایی کلاس‌بندی بر اساس بیشترین مجموع وزنی آرا از سه مدل تعیین شد.

این روش باعث افزایش دقت و کاهش حساسیت به عملکرد ضعیف یک طبقه‌بند منفرد شده‌است.

۵-۳-انتخاب ویژگی با استفاده از بهینه‌ساز عقاب طلایی

تئوری آشوب[1] یکی از شاخه‌های جذاب و پیچیدهٔ ریاضیات و علوم طبیعی است که به مطالعهٔ رفتار سامانه‌هایی می‌پردازد که به‌نظر می‌رسد بی‌نظم و تصادفی‌اند، اما درواقع دارای ساختار و نظم درونی خاصی هستند. این تئوری به بررسی سامانه‌های دینامیکی غیرخطی می‌پردازد که تغییرات کوچکی در شرایط اولیهٔ آن‌ها می‌تواند به نتایج بسیار متفاوتی منجر شود. این ویژگی به «اثر پروانه‌ای» مشهور است، که بیان می‌کند حتی تغییراتی به کوچکی بال‌زدن یک پروانه در یک نقطه از جهان می‌تواند طوفانی در نقطه‌ای دیگر ایجاد کند.

یک نوآوری دیگر این است که ضمن اعمال تئوری آشوب بر روی پالایه‌های وزنی لایهٔ کانولوشن (برای تولید

[1] Chaos Theory

ویژگی‌های میانی متنوع و متمایز)، ویژگی‌های میانی به‌دست‌آمده پس از لایه‌های کانولوشن و پولینگ را استخراج کرده و پس از انتخاب ویژگی با استفاده از روش بهینه‌سازی عقاب طلایی (GEO) به‌عنوان ورودی به دسته‌بند KNN می‌دهیم تا یک دسته‌بندی دقیق بر روی ویژگی‌های بهینه‌شدهٔ نهایی انجام دهد. برای انتخاب زیرمجموعه بهینه‌ای از ویژگی‌های متمایزکننده سلول‌های خونی، از بین تعداد بالای ویژگی‌های تولیدشده در لایهٔ کانولوشن، با توجه به سربار محاسباتی بالا در تولید راه‌حل‌های مختلف، از روش فرا ابتکاری عقاب طلایی[1] (GEO) استفاده می‌کنیم.

۶-۳-انتخاب الگوریتم GEO برای بهینه‌سازی ویژگی‌ها

در این پژوهش، برای بهینه‌سازی ویژگی‌های استخراج‌شده به‌وسیلهٔ شبکهٔ عصبی، از الگوریتم فراابتکاری GEO Optimizer (GEO) استفاده شده‌است. این الگوریتم با الهام از پویایی جغرافیایی سامانه‌های طبیعی طراحی می‌شود و از سازوکارهای‌های مهاجرت، انطباق و اکتشاف محلی بهره می‌برد.

مزیت کلیدی GEO نسبت به الگوریتم‌هایی چون PSO وGA، توانایی در اجتناب از گیرافتادن در نقاط کمینهٔ محلی و هم‌گرایی سریع‌تر در فضای جست‌وجو است.

در یک مقایسهٔ تجربی داخلی میان این سه الگوریتم (GEO، PSO و GA) بر روی مجموعه‌دادهٔ مورد استفاده، الگوریتم GEO موفق شد با دقت ۹۵٫۷درصد و میانگین زمان اجرای ۱۲.۴ ثانیه عملکرد بهتری نسبت به GA (۹۴٫۱درصد، ۱۵٫۳ ثانیه) و PSO (۹۴٫۸درصد، ۱۴٫۹ ثانیه) نشان دهد؛ بنابراین، الگوریتم GEO با حفظ دقت بالا و کاهش زمان اجرا به‌عنوان بهینه‌ساز اصلی در این مقاله انتخاب شد؛ درواقع هستهٔ اصلی این الگوریتم برگرفته از هوش عقاب‌های طلایی در تنظیم سرعت خود در مراحل مختلف مسیر مارپیچش آن‌ها هنگام شکار است. در مراحل ابتدایی آن‌ها بیشتر تمایل به گشتن و جست‌وجوی طعمه و در مراحل پایانی بیشتر تمایل به حمله دارند؛ درواقع یک عقاب (عقاب) طلایی این دو مؤلفه را طوری تنظیم می‌کند تا بتواند در کمترین زمان ممکن بهترین طعمه را در ناحیهٔ موردنظر به‌دست آورد. این رفتار عقاب طلایی به‌صورت ریاضی مدل‌سازی شده‌است تا بتوان از آن برای اکتشاف (جست‌وجوی طعمه) و بهره‌برداری (استثمار طعمه) برای یک روش بهینه‌سازی سراسری، بهتر استفاده کرد[۲۷].

هر عقاب طلایی شکار خود را با پرواز در ارتفاع زیاد در قلمروی خود و در دایره‌های بزرگ در جست‌وجوی طعمه آغاز می‌کند. هر زمان که طعمه مشاهده شد، شروع به حرکت در محیط یک دایرهٔ فرضی به مرکز طعمه می‌کند. عقاب طلایی مکان طعمه را به خاطر می‌سپارد، اما به چرخیدن به دور آن ادامه می‌دهد. عقاب به‌تدریج ارتفاع خود را کاهش می‌دهد و هم‌زمان با نزدیک‌شدن به طعمه شعاع دایرهٔ فرضی اطراف طعمه را کوچک و کوچک‌تر می‌کند و هم‌زمان نواحی مجاور را نیز برای جایگزین‌های بهتر بررسی می‌کند. گاهی اوقات آن‌ها مکان بهترین طعمه‌هایی را که تاکنون پیداکرده‌اند را با عقاب‌های دیگر نیز به اشتراک می‌گذارند؛ به‌عبارتی اگر عقاب طعمه یا مکان بهتری را پیدا نکند، به دور شکار فعلی بر روی دایره‌هایی که شعاع آن‌ها به‌مرور کوچک و کوچک‌تر می‌شود می‌چرخد و درنهایت به طعمه حمله می‌کنند، اما اگر جایگزین بهتری پیدا کند بر روی یک دایرهٔ جدید در اطراف طعمهٔ جدید پرواز می‌کند و طعمهٔ پیشین را فراموش می‌کند. لازم به‌ذکر است که حملهٔ نهایی در یک خط مستقیم انجام می‌شود.

در شکل (۵) بردارهای cruise و attack در یک فضای دو بعدی نشان داده شده‌است؛ چنانچه مکان جدیدی که به‌وسیلهٔ بردارهای attack و cruise محاسبه شده‌است بهتر از مکان پیشین که در حافظهٔ عقاب بوده‌است باشد حافظهٔ آن به‌روزرسانی می‌شود.

در هر تکرار هر عقاب طلایی i به‌طور تصادفی طعمهٔ یک عقاب طلایی دیگر f را انتخاب می‌کند و به دور بهترین مکانی که عقاب طلایی f تابه‌حال مشاهده کرده‌است می‌چرخد؛ علاوه‌بر این، عقاب طلایی i می‌تواند به دور مکانی که خود به خاطر سپرده‌است نیز بچرخد.

بردار حمله برای عقاب طلایی i به‌صورت رابطهٔ زیر محاسبه می‌شود:

$$\overrightarrow{A_t} = \overrightarrow{X_f} - \overrightarrow{X_t} \qquad (۲)$$

در این فرمول A_i بردار حملهٔ عقاب i، و X_f بهترین مکانی (طعمه) که تاکنون به‌وسیلهٔ عقاب f مشاهده شده‌است و X_i موقعیت فعلی عقاب i است. بردار اکتشاف بر اساس بردار حمله محاسبه می‌شود؛ درواقع بردار اکتشاف یک بردار مماس بر دایره و عمود بر بردار حمله است. Cruise را می‌توان به‌عنوان سرعت خطی عقاب طلایی نسبت به طعمه نیز در نظر گرفت. بردار cruise در ابعاد n بعدی، در داخل ابر صفحه مماس بر دایره قرار دارد.

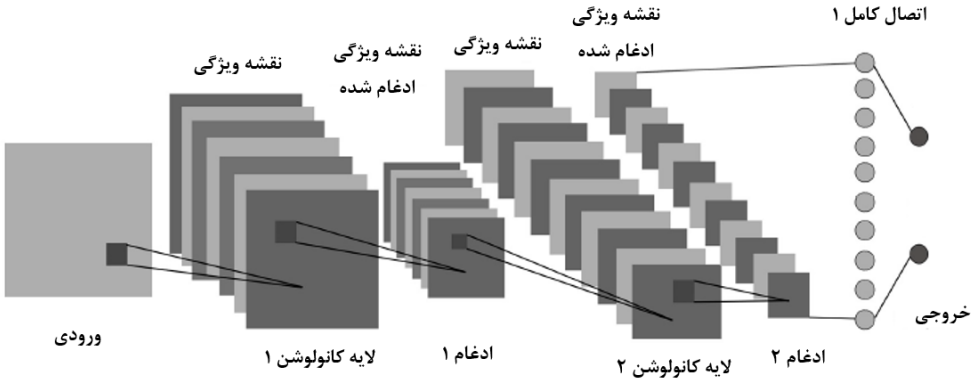
جابه‌جایی عقاب‌های طلایی شامل حمله و اکتشاف برای عقاب طلایی i در تکرار tام به‌صورت رابطهٔ زیر نشان داده می‌شود :

$$\Delta x_i = r_1 p_a \frac{\overrightarrow{A_t}}{\|\overrightarrow{A_t}\|} + r_2 p_c \frac{\overrightarrow{C_t}}{\|\overrightarrow{C_t}\|} \qquad (۳)$$

که در این معادله p_a ضریب حمله و p_c ضریب cruise در هر تکرار t است و تنظیم می‌کند که عقاب‌های طلایی چگونه تحت تأثیر حمله و cruise قرار می‌گیرند. بردارهای

[1] Golden Eagle Optimization

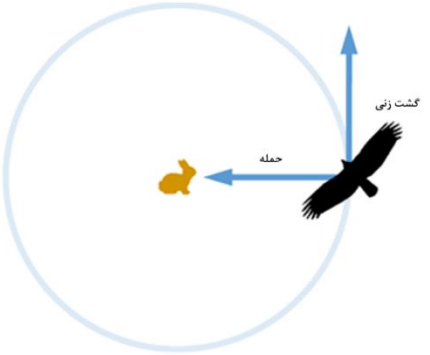
r1 و r2 بردارهای تصادفی هستند که عناصر آن‌ها در بازه صفر و یک قرار دارند. $\|\overrightarrow{A_i}\|$ و $\|\overrightarrow{C_i}\|$ نُرم اقلیدسی بردارهای attack و cruise هستند که با استفاده از معادلات زیر محاسبه می‌شوند.



(شکل- ۴): ساختار شبکهٔ عصبی کانولوشنی در طرح پیشنهادی
(Figure -4): Convolutional neural network structure in the proposed scheme

$$\|\overrightarrow{A_i}\| = \sqrt{\sum_{j=1}^{n} a_j^2} \quad (۴)$$

$$\|\overrightarrow{C_i}\| = \sqrt{\sum_{j=1}^{n} c_j^2} \quad (۵)$$



(شکل- ۵): حرکات مارپیچی عقاب طلایی [۲۷]
(Figure -5): Spiral movements of the golden eagle [27]

موقعیت عقاب‌های طلایی در تکرار $t+1$ به‌راحتی با افزودن بردار جابه‌جایی به موقعیت فعلی در تکرار t محاسبه می‌شود:

$$x^{t+1} = x^t + \Delta x_i^t \quad (۶)$$

اگر تناسب (fitness) موقعیت جدید عقاب طلایی i بهتر از موقعیتی باشد که در حافظهٔ آن قرار دارد، حافظهٔ این عقاب طلایی با موقعیت جدید تغییر می‌کند؛ در غیر این صورت حافظه به‌صورت دست‌نخورده باقی می‌ماند، اما عقاب در موقعیت جدید ساکن می‌شود. در تکرار جدید هر عقاب طلایی به‌صورت تصادفی یک عقاب طلایی را از بین جمعیت عقاب‌ها انتخاب می‌کند تا در اطراف بهترین مکانی که بازدید کرده‌است بچرخد و حلقه بزند.

مسئلهٔ موجود این است که ابعاد راه‌حل‌ها در یک روش فرا ابتکاری بر حسب معمول، ثابت بوده و مقادیر به‌وسیلهٔ عمل‌گرهای موجود در آن تغییر می‌کند تا به مرور راه‌حل بهینهٔ مسئله بر اساس یک تابع برازش تعیین شود. برای اینکه با متغیربودن اندازهٔ مجموعه ویژگی انتخابی مشکلی نداشته باشیم، برداری برابر با بیشینهٔ اندازهٔ مجموعه ویژگی تولیدشده در نظر گرفته می‌شود که ویژگی مدنظر برای انتخاب، مقدار یک می‌گیرند و سایر ویژگی‌ها مقدار صفر دارند؛ یعنی در مجموعه جواب نهایی جایی ندارند؛ به‌عبارت دیگر مقادیر برخی از خانه‌ها برابر صفر در نظر گرفته می‌شود. نمونه‌ای از این ماتریس به‌عنوان یک‌راه‌حل مسئله به‌عنوان شمای کلی یک راه‌حل در روش عقاب طلایی به‌صورت شکل (۶) است. در این تصویر می‌بینیم که امکان ایجاد ترکیب‌های مختلفی از مجموعه ویژگی تصویر وجود دارد.

ویژگی	۰	۰	۱	۱	۰	۱	۱	۰	۱	۱	۰
ارزش	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱۱

(شکل- ۶): ساختار یک نمونه راه‌حل در طرح پیشنهادی
(Figure - 6): The structure of a sample solution in the proposed scheme

برای ارزیابی هر راه‌حل، یک تابع برازندگی (هدف)، در طول بهینه‌سازی به‌کار رفته‌است. سعی پژوهش‌گران در طرح جاری بر این است که مجموعه ویژگی به‌دست‌آمده، دقت بالایی در تشخیص سلول‌های خونی داشته باشد؛ بنابراین تابع برازش هر راه‌حل بر اساس دقت تشخیص مدل است:

$$fitness(sol_i) = Accuracy(sol_i) \quad (۷)$$

۳-۷-استفاده از دسته‌بندهای مرسوم برای تشخیص سلول‌های خونی

در گام چهارم، از قدرت سه دسته‌بند معروف شامل درخت تصمیم (DT)، بیزین ساده (NB) و K نزدیک‌ترین همسایه (KNN) به‌صورت دسته‌بند مشارکتی استفاده می‌شود تا یک دسته‌بند ترکیبی مبتنی بر رأی‌گیری به‌دست آید؛ برای این کار مجموعه ویژگی به‌دست‌آمده و مقادیر آن در مجموعه‌دادهٔ آموزشی به این سه روش دسته‌بندی نظارت‌شده داده می‌شود؛ بر اساس خروجی به‌دست‌آمده، تعیین می‌شود که برچسب نهایی خروجی این مرحله چه خواهد بود. یکی از محبوب‌ترین و درعین‌حال ساده‌ترین الگوریتم‌های درخت‌های تصمیم، درخت تصمیمِ CART است[۲۸] که کاربردهای زیادی در طبقه‌بندی و رگرسیون دارد و بر اساس درخت‌های دودویی (باینری) بنا نهاده شده‌است. الگوریتم دسته‌بندی K-نزدیک‌ترین همسایه[1] یک الگوریتم دسته‌بندی مبتنی بر نمونه[2]، با ناظر و از دسته الگوریتم‌های تنبل[3] است. اساس کار این الگوریتم مقایسهٔ میزان شباهت نمونهٔ جدید با نمونه‌های موجود در مجموعه‌دادهٔ اولیه (آموزشی) است؛ بنابراین جهت به‌دست‌آوردن میزان شباهت دو نمونه، از معیار فاصلهٔ دو نمونه استفاده می‌شود که روش‌های متفاوتی برای به‌دست‌آوردن فاصلهٔ بین دو نمونه در فضای جست‌وجوی مسئله وجود دارد که ازجملهٔ آن‌ها می‌توان به فاصلهٔ اقلیدسی، فاصلهٔ مینکوفسکی و فاصلهٔ منهتن اشاره کرد.

۳-۸-تشخیص نهایی رسته‌های خونی با استفاده از مدل ترکیبی

در گام پنجم، با استفاده از شبکهٔ عصبی کانولوشن و ارائهٔ تصویر و معادل تبدیل موجک آن به‌عنوان ورودی شبکهٔ آموزش‌دیده و به‌طور هم‌زمان استفاده از دسته‌بند ترکیبی به تشخیص سلول‌های خونی پرداخته می‌شود؛ درنهایت، تعداد انواع سلول‌های خونی به‌عنوان ورودی به سامانهٔ تصمیم‌گیرنده داده می‌شود. این مؤلفه، وظیفه دارد اثر داده‌های خطادار را که به‌صورت یک مقدار نامناسب در بین مقادیر سری زمانی ظاهر می‌شود، حذف و درنهایت بر اساس نتیجهٔ پالایش‌شده، هشدارهایی به پزشک در خصوص احتمال بروز بیماری صادر کند.

در شکل (۷) فلوچارت مراحل اجرای طرح پیشنهادی در گام آموزش و گام آزمون نشان داده‌شده‌است.

۴- ارزیابی عملکرد[4]

در ادامه روش پیشنهادی برای تشخیص پنج نوع سلول خونی شامل لنفوسیت‌ها، مونوسیت‌ها، ائوزینوفیل‌ها، بازوفیل‌ها و نوتروفیل‌ها با استفاده از تصاویر میکروسکوپی خون تحلیل می‌شود. برای ارزیابی عملکرد طرح پیشنهادی، خروجی طرح با روش کوتلو[5] و همکاران [۲۹] مقایسه خواهد شد. آن‌ها یک سامانهٔ خودکار مبتنی بر معماری R-CNN را ارائه داده‌اند که می‌تواند به‌راحتی انواع گلبول‌های سفید را در تصاویر خون شناسایی و مکان‌یابی کند. در این مدل از شبکه‌های عصبی کانولوشنی منطقه‌ای[6] (R- CNN) استفاده شده‌است. برای ارزیابی عملکرد روش در تشخیص سلول‌های مختلف خونی از شاخص‌های صحت[7]، دقت[8]، شمول و F-Measure استفاده می‌شود. تشخیص یک روش که تنها دارای دو کلاس است با یکی از موارد مثبت درست (TP)، منفی نادرست (FN)، منفی درست (TN) و مثبت نادرست (FP) بیان می‌شود؛ بر این اساس می‌توان پارامترهای چهارگانهٔ طرح شامل صحت، دقت، Recall و F-Measure را تعریف کرد. برای محاسبهٔ دقت دسته‌بندی در داده‌های چند کلاسی (مانند رسته‌های خونی مختلف) ابتدا باید ماتریس درهم‌ریختگی[9] محاسبه شود. دقت طرح در تشخیص نمونه‌های با برچسب X به‌صورت نسبت تشخیص‌های درست با برچسب X به کل تعداد پیش‌بینی‌های با برچسب X است.

$$Precision(label\ X) = \frac{TP(x)}{Total_Predicted(x)} \quad (۸)$$

Recall یا شمول، نسبت تشخیص‌های درست با برچسب X به‌کل نمونه‌های با برچسب X است.

$$Recall(label\ X) = \frac{TP(x)}{Total_Label(x)} \quad (۹)$$

$\mathrm{F-Measure}$ دو معیار Recall و $Precision$ را در یک مقدار به‌صورت میانگین هندسی زیر ترکیب می‌کند.

$$\mathrm{F-Measure} = 2.\frac{Precision.Recall}{Precision + Recall} \quad (۱۰)$$

درنهایت برای مقایسهٔ عملکرد طرح با سایر روش‌ها در دسته‌بندی نمونه‌های جدید به طور معمول از میانگین‌گیری شاخص‌ها در کلاس‌های موجود استفاده می‌شود. بانک اطلاعاتی استفاده‌شده مربوط به یک مطالعهٔ موردی بر روی افراد سالم و دارای بیماری‌های خونی است که در یک آزمایشگاه بالینی از افراد داوطلب دریافت شده‌است. این آزمایش روی تعداد صد نفر از افراد با جنسیت‌های مختلف انجام شده‌است. این مجموعه‌داده در دو بخش مجزا (مناسب برای فرایند آموزش و آزمون) متشکل از تصاویر گلبول‌های سفید (WBC) است که برای «تقسیم‌بندی سریع و دقیق تصاویر سلول‌های سفید خون با یادگیری خود

[1] K – Nearest Neighbor (KNN)
[2] Instance Based
[3] Lazy
[4] PERFORMANCE EVALUATION
[5] KUTLU
[6] Regional Convolutional Neural Networks
[7] Accuracy
[8] Precision
[9] Confusion matrix

نظارتی» استفاده می‌شود، که می‌تواند برای ارزیابی روش‌های تقسیم‌بندی تصویر سلولی استفاده شود. مجموعه‌دادهٔ یک از شرکت علمی Jiangxi Tecom، چین به‌دست آمد. شامل سیصد تصویر ۱۲۰×۱۲۰ WBC و عمق رنگ آن‌ها ۲۴ بیت است. این تصاویر توسط یک دوربین میکروسکوپ نوری Motic Moticam Pro 252A با میکروسکوپ فوکوس خودکار موتوری N800-D گرفته شد و اسمیر خون با یک معرف هماتولوژی تازه ساخته‌شده برای رنگ‌آمیزی سریع WBC پردازش شد. پس‌زمینهٔ کلی بیشتر تصاویر مجموعه‌دادهٔ نخست زرد به‌نظر می‌رسد. پارامترهای استفاده‌شده در پیاده‌سازی در جدول (۲) نشان داده‌شده‌است.

(جدول- ۲): پارامترهای شبیه‌سازی
(Table - 2): Simulation parameters

پارامتر شبیه‌سازی	مقدار
اندازهٔ جمعیت اولیه در روش GEO	۵۰
تعداد دفعات تکرار در روش GEO	۱۰
اندازه مجموعه‌دادهٔ آزمون	۱۰،۱۵،۲۰،۲۵،۳۰
تعداد پالایه‌های وزنی در لایهٔ کانولوشن	۱۰
اندازهٔ پالایه‌های وزنی در لایهٔ کانولوشن	۵*۱
استخراج ویژگی‌های حوزهٔ فرکانس	تبدیل موجک

برای تحلیل آماری تعداد نمونه‌های هر نوع سلول خونی، فراوانی هر زیر دسته بر روی نمودار در دو مجموعه‌دادهٔ آموزشی و آزمون در شکل (۸) و(۹) نشان داده‌ایم. همان‌گونه که در این تصاویر می‌بینیم، بیشترین فراوانی مربوط به نوتروفیل‌ها و لنفوسیت‌ها و کمترین فراوانی مربوط به بازوفیل‌ها است.

حال، با استفاده از نمونه‌های آزمون به تشخیص پنج نوع سلول خونی شامل لنفوسیت‌ها، مونوسیت‌ها، ائوزینوفیل‌ها، بازوفیل‌ها و نوتروفیل‌ها پرداخته می‌شود؛ همان‌گونه که در شکل (۱۰) مشاهده می‌شود، دقت تشخیص سلول‌های خونی در تمام کلاس‌ها برابر و یا بیشتر از طرح پایه است و مدل ارائه‌شده با دقت مناسبی به تشخیص سلول‌های خونی بر مبنای آموزش داده‌شده به مدل با استفاده از ترکیب تبدیل موجک، شبکهٔ YOLO، شبکهٔ عصبی کانولوشن و دسته‌بندهای ترکیبی بپردازد.

شمول، نسبت تشخیص‌های درست با برچسب X به کل نمونه‌های با برچسب X است. در شکل (۱۱) می‌بینیم که در تمام کلاس‌ها، طرح پیشنهادی بهبود مناسبی داشته است و با بهره‌گیری از قدرت روش‌های نظارت‌شده و فاقد نظارت در یک چهارچوب، به افزایش دقت تشخیص نوع سلول‌های خونی پرداخته‌است.

در گام آخر معیار F-measure که میانگین هندسی دو معیار شمول و دقت است، مورد ارزیابی قرار می‌گیرد. بنا بر نتایج به‌دست‌آمده در شکل (۱۲)، مقدار این شاخص همواره در طرح پیشنهادی مطلوب‌تر از طرح پایه است.

جدول یا ماتریس درهم‌ریختگی، نتایج حاصل از طبقه‌بندی را بر اساس اطلاعات واقعی موجود، نمایش می‌دهد. در ادامه در جداول شمارهٔ (۳ و ۴) ماتریس درهم‌ریختگی (اغتشاشات) هر روش تشخیص نشان داده شده‌است.

همان‌گونه که پیش‌تر بیان شد، برای انتخاب ویژگی از بین انبوهی از ویژگی‌های تولیدشده در لایهٔ کانولوشن معماری CNN از روش بهینه‌سازی عقاب طلایی استفاده شد. نمودار هم‌گرایی در شکل (۱۳) نشان‌دهندهٔ عملکرد روش بهینه‌سازی در کمینه‌کردن هزینهٔ راه‌حل پیشنهادی برای انتخاب ویژگی است.

۴-۱-ارزیابی عملکرد طبقه‌بندها بر اساس شاخص‌های دقیق

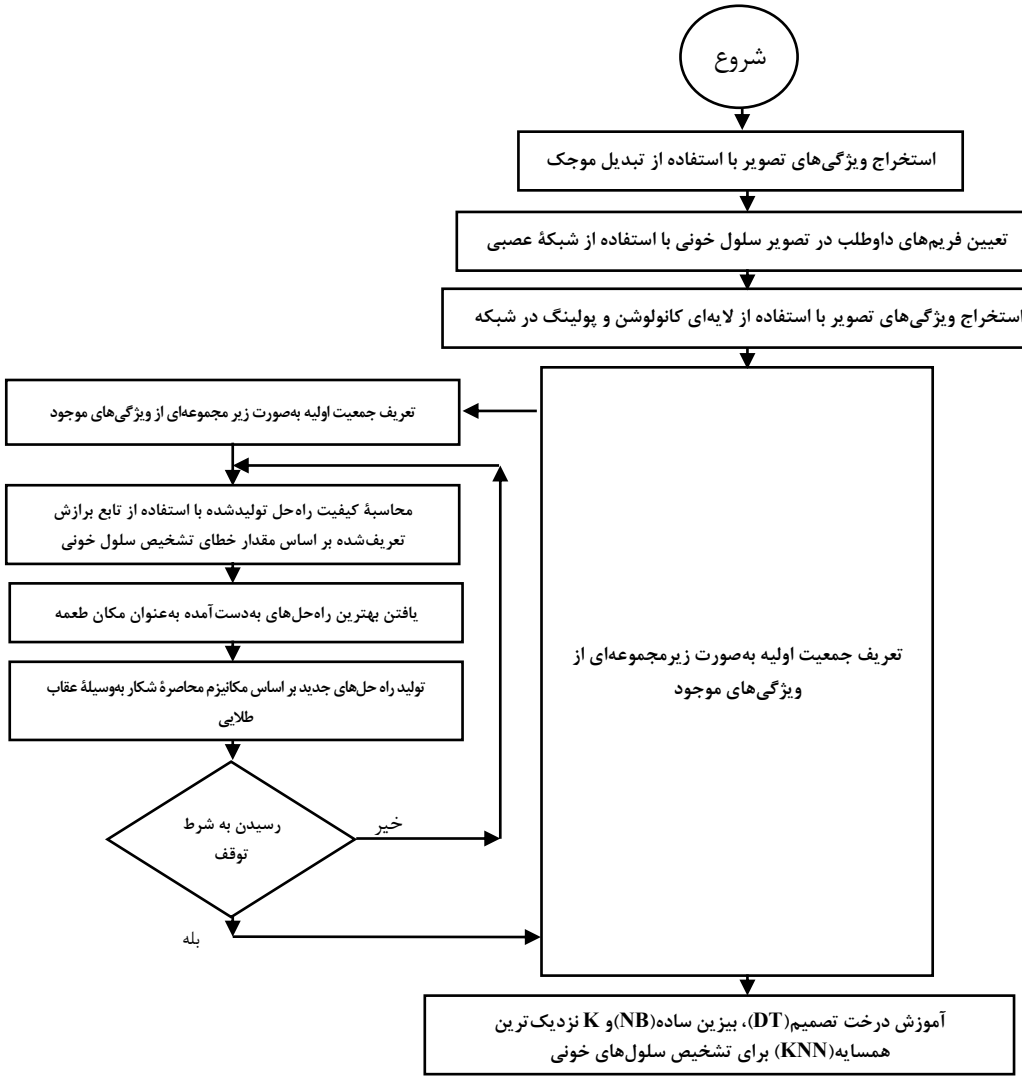
برای بررسی دقیق عملکرد مدل پیشنهادی در شناسایی انواع سلول‌های خونی، از شاخص‌های ارزیابی متداول شامل Precision، Recall و F1-score به‌صورت کلاس به کلاس استفاده شد. این شاخص‌ها برای پنج کلاس نوتروفیل، لنفوسیت، مونوسیت، ائوزینوفیل و بازوفیل محاسبه شدند. در جدول (۳)، مقادیر عددی این شاخص‌ها به‌همراه دقت کلی مدل برای هر کلاس گزارش شده‌است. این نتایج نشان می‌دهند که مدل ترکیبی پیشنهادی عملکرد پایداری در تفکیک کلاس‌های مختلف داشته و بیشترین دقت مربوط به سلول‌های نوتروفیل و کمترین دقت مربوط به بازوفیل بوده‌است.

در ادامه برای اطمینان از صحت عملکرد روش پیشنهادی، از سه روش دسته‌بندی سلول‌های خونی جدید تحت عنوان مدل یادگیری عمیق برای طبقه‌بندی خودکار گلبول‌های سفید خون [۳۰]، روش کارآمد مبتنی بر شبکهٔ عصبی کانولوشنی چندلایه [۳۱] و طبقه‌بندی گلبول‌های سفید خون با استفاده از بهینه‌سازی ویژگی‌های عمیق کنترل‌شده به‌وسیلهٔ آنتروپی [۳۲] استفاده شد که جمع‌بندی نتایج آن در جدول (۵) بیان شده‌است. بر اساس نتایج به‌دست‌آمده در شاخص دقت، کمینهٔ یک درصد بهبود، در شاخص شمول، دست‌کم هفت درصد و در شاخص اندازهٔ F دست‌کم به میزان چهار درصد نسبت به سه روش دیگر بهبود داشته‌ایم.

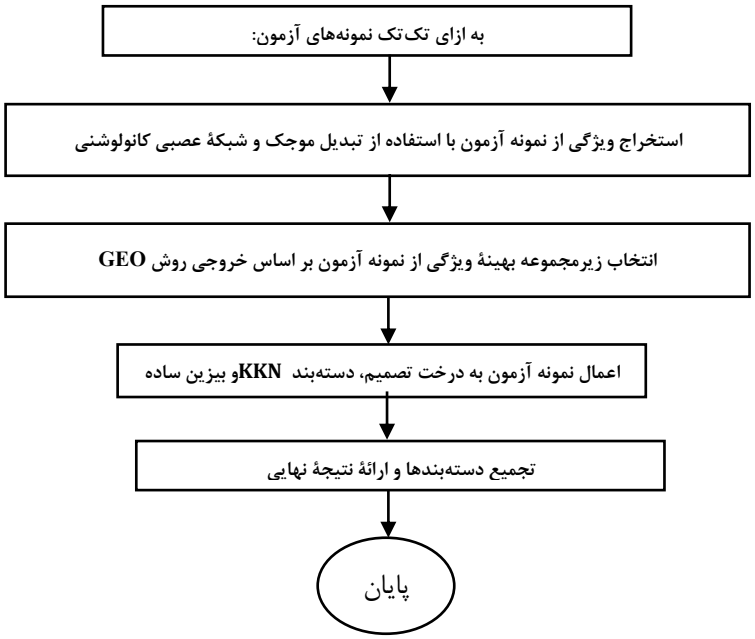
۴-۲-مقایسه با مطالعات پیشین

در راستای اعتبارسنجی عملکرد مدل پیشنهادی، نتایج این پژوهش با سه مقالهٔ منتخب شامل Sharma et al. (2023) ، Ahmad et al. (2022) و Cheuque et al. (2024) مقایسه شده‌اند. این سه مطالعه به‌دلیل استفاده از الگوریتم‌های هوشمند و تمرکز بر تحلیل سلول‌های خونی انتخاب شدند. مقالهٔ Sharma از CNN با SVM استفاده کرده‌است، مقالهٔ Ahmad از الگوریتم PSOبه‌همراه KNN، و مقالهٔ Cheuque از شبکهٔ عمیق VGG-16 بهره برده‌است. نتایج مدل پیشنهادی این پژوهش، از نظر دقت کلی (Accuracy)، میانگین F1-score و زمان اجرا، در مقایسه با این مقالات عملکرد بهتری ارائه کرده‌است.

گام آموزش



گام آزمون



(شکل – ۷): روندنمای طرح پیشنهادی

(Figure - 7): The Flowchart of proposed scheme

(جدول ۳): ماتریس درهم‌ریختگی در تشخیص سلول‌های خونی (روش پایه)

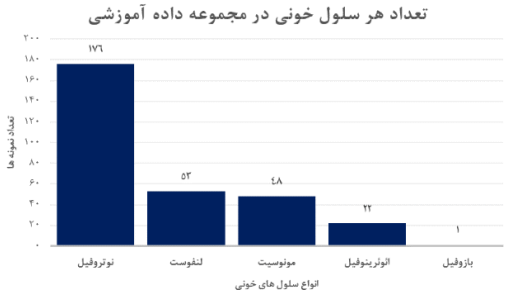
(Table 3): Clutter matrix in blood cell detection (base method)

صحت (%)		C1 (%)	C2 (%)	C3 (%)	C4 (%)	C5 (%)	تعداد نمونهٔ واقعی هر کلاس
۹۳.۶ ۶.۱	C1(%)	۳۱.۰	۲.۰	۰.۰	۰.۰	۰.۰	۴۰
۱۰۰ ۰.۰	C2(%)	۰.۰	۳۷.۰	۰.۰	۰.۰	۰.۰	۴۰
۱۰۰ ۰.۰	C3(%)	۰.۰	۰.۰	۱۵.۰	۰.۰	۰.۰	۴۰
۴۱.۷ ۵۸.۳	C4(%)	۰.۰	۳.۰	۰.۰	۵.۰	۰.۰	۴۰
۱۰۰ ۰.۰	C5(%)	۰.۰	۳.۰	۰.۰	۰.۰	۰.۰	۴۰
۵.۰	اعتبار	۹۶.۳ ۳.۱	۷۷.۱ ۲۲.۹	۱۰۰ ۰.۰	۱۰۰ ۰.۰	NaN NaN	

(جدول- ۴): ماتریس درهم‌ریختگی در تشخیص سلول‌های خونی (روش پیشنهادی)

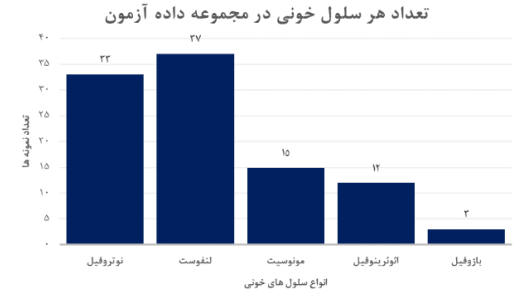
(Table -4): Clutter matrix in blood cell detection (proposed method)

صحت (%)		C1 (%)	C2 (%)	C3 (%)	C4 (%)	C5 (%)	تعداد نمونهٔ واقعی هر کلاس
۹۳.۹ ۶.۱	C1(%)	۳۱.۰	۲.۰	۰.۰	۰.۰	۰.۰	۴۰
۱۰۰ ۰.۰	C2(%)	۰.۰	۳۷.۰	۰.۰	۰.۰	۰.۰	۴۰
۱۰۰ ۰.۰	C3(%)	۰.۰	۰.۰	۱۵.۰	۰.۰	۰.۰	۴۰
۷۵.۰ ۲۵.۰	C4(%)	۰.۰	۰.۰	۰.۰	۹.۰	۰.۰	۴۰
۰.۰	۰.۰	۰.۰	۳.۰	۰.۰	۰.۰	۳۰	۴۰
	اعتبار	۱۰۰ ۰.۰	۸۸.۱ ۱۱.۹	۱۰۰ ۰.۰	۱۰۰ ۰.۰	۱۰۰ ۰.۰	



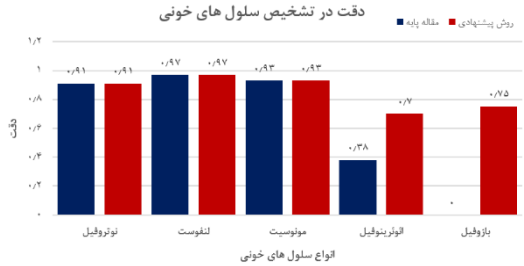
(شکل –۸): تعداد نمونه‌های سلول‌های خونی در مجموعه‌دادهٔ آموزشی

(Figure- 8): Number of blood cell samples in the training dataset



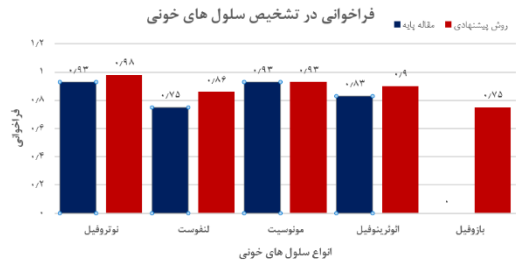
(شکل – ۹): تعداد نمونه‌های سلول‌های خونی در مجموعه‌دادهٔ آزمون

(Figure- 9):Number of blood cell samples in the test dataset



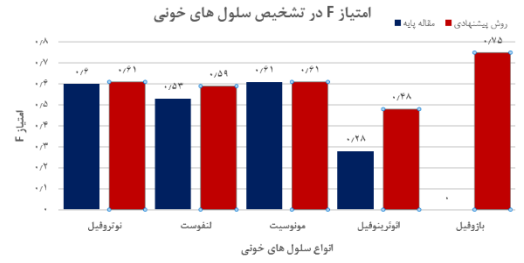
(شکل– ۱۰): دقت طرح پیشنهادی در تشخیص سلول‌های خونی

(Figure- 10): Precision of the proposed scheme in detecting blood cells



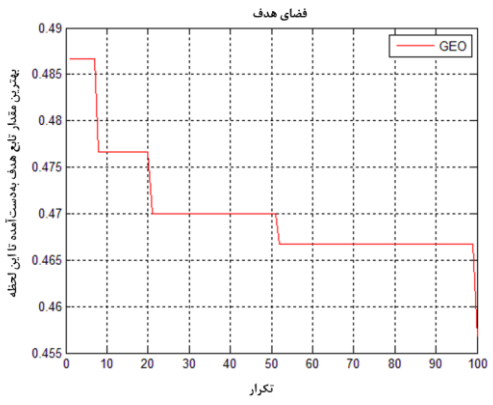
(شکل– ۱۱): شاخص شمول طرح پیشنهادی در تشخیص سلول‌های خونی

(Figure- 11): inclusion index of the proposed scheme in blood cell detection



(شکل– ۱۲): بررسی شاخص F-Measure طرح پیشنهادی در تشخیص سلول‌های خونی

(Figure -12): Checking the F-Measure index of the proposed scheme in blood cell detection



(شکل– ۱۳): نمودار هم‌گرایی روش بهینه‌سازی عقاب طلایی

(Figure- 13): Convergence diagram of Golden Eagle optimization method (GEO)

(جدول-۵): شاخص‌های ارزیابی عملکرد طبقه‌بند برای هر کلاس سلولی

(Table -5): Performance Evaluation Metrics per Blood Cell Class

کلاس	صحت (%)	فراخوانی (%)	Fامتیاز (%)	دقت (%)
نوتروفیل	۹۶.۲	۹۴.۸	۹۵.۵	۹۵.۴
لنفوسیت	۹۳.۴	۹۲.۱	۹۲.۷	۹۲.۶
مونوسیت	۹۰.۱	۸۸.۹	۸۹.۵	۸۹.۳
ائوزینوفیل	۹۲.۸	۹۱.۰	۹۱.۹	۹۱.۸
بازوفیل	۸۹.۶	۸۸.۲	۸۸.۹	۸۹.۱
میانگین	۹۲.۴	۹۱.۰	۹۱.۷	۹۱.۶

(جدول -۶): مقایسهٔ عملکرد مدل پیشنهادی با مطالعات منتخب

(Table- 6): Comparison of the Proposed Model's Performance with Selected Previous Studies

مطالعه	نوع مدل	دقت	میانگین F1-score	زمان اجرا (ثانیه)
Sharma et al.	CNN + SVM	٪۹۲.۳	٪۹۱.۲	۱۸.۷
Ahmad et al.	PSO + KNN	٪۹۰.۵	٪۸۹.۶	۲۰.۴
Cheuque et al.	VGG-16	٪۹۳.۱	٪۹۱.۸	۲۲.۱
مدل پیشنهادی	CNN + GEO + Weighted Voting	٪۹۵.۷	٪۹۴.۹	۱۵.۲

جدول (۶) نشان‌دهندهٔ مقایسهٔ عملکرد مدل پیشنهادی این پژوهش با سه مطالعهٔ منتخب پیشین است.

همان‌گونه که مشاهده می‌شود، مدل پیشنهادی (ترکیب CNN، الگوریتم GEO برای بهینه‌سازی ویژگی‌ها و رأی‌گیری وزنی در طبقه‌بندی) موفق شده‌است دقت کلی ۹۵/۷ درصد و میانگین F1-score معادل ۹۴/۹ درصد را به‌دست آورد که نسبت به سایر مطالعات دارای بهبود قابل‌توجهی است؛ همچنین، زمان اجرای مدل پیشنهادی برابر با ۱۵/۲ ثانیه بوده که نسبت به سایر روش‌ها سریع‌تر است.

در مقایسه، مقالهٔ Sharma با وجود بهره‌گیری از ترکیب CNN و SVM، عملکردی پایین‌تر (دقت ۹۲/۳ درصد) داشته‌است.

مقالهٔ Ahmad که از بهینه‌سازی PSO و KNN استفاده کرده نیز دقت کمتری (۹۰/۵ درصد) و زمان اجرای بیشتری داشته‌است.

مقالهٔ Cheuque با استفاده از VGG-16 توانسته به دقت ۹۳/۱درصد برسد، اما همچنان نسبت به مدل حاضر ضعیف‌تر عمل کرده‌است.

این نتایج نشان می‌دهند که استفادهٔ هم‌زمان از استخراج ویژگی دقیق با CNN، بهینه‌سازی هوشمند با GEO و ترکیب طبقه‌بندها با رأی‌گیری وزنی می‌تواند به بهبود قابل توجه عملکرد سامانه در تحلیل سلول‌های خونی منجر شود.

۳-۴ محاسبهٔ درصد بهبود عملکرد

به‌منظور سنجش بهبود عملکرد مدل پیشنهادی نسبت به روش‌های پیشین، درصد بهبود برای شاخص‌های دقت کلی (Accuracy) و امتیاز F1 به‌صورت زیر محاسبه شد:

$$\text{درصد بهبود عملکرد} = \frac{\text{مقدار شاخص در مدل پیشنهادی} - \text{مقدار مرجع}}{\text{مقدار شاخص}} \times 100 \quad (۱۱)$$

نتایج این محاسبات در جدول (۴) ارائه شده‌است.

۵- نتیجه‌گیری

در مدل جاری برای تشخیص انواع رسته‌های خونی، از تصاویر میکروسکوپی جمع‌آوری‌شده در آزمایشگاه‌های پاتوبیولوژی استفاده شد. در طرح پیشنهادی، در گام نخست، برای بهره‌گیری از ویژگی‌های تصویر در حوزهٔ فرکانس، از تبدیل موجک بر روی تصویر استفاده شد. در گام دوم، ضرایب موجک تصویر به یک شبکهٔ عصبی YOLO داده می‌شود. در طرح پیشنهادی، ساختار YOLO از روی تصاویر آموزشی یاد خواهد گرفت که چگونه بین رسته‌های خونی مختلف تمایز قائل شود. اگر مقدار احتمال برای یک باکس از تصویر بر اساس خروجی YOLO بیشتر از مقدار آستانهٔ thr باشد به‌عنوان پیکسل‌های مرتبط با سلول‌های خونی درنظر گرفته می‌شود. در گام سوم از شبکهٔ عصبی کانولوشنی برای لحاظ‌کردن ویژگی مکانی تصویر در تشخیص رسته‌های خونی استفاده شد. ورودی این مرحله تنها باکس‌هایی از تصویر است که در گام دوم به‌وسیلهٔ شبکهٔ عصبی YOLO استخراج شده بود. یک نوآوری دیگر این است که ضمن اعمال تئوری آشوب بر روی پالایه‌های وزنی لایهٔ کانولوشن (برای تولید ویژگی‌های میانی متنوع و متمایز)، ویژگی‌های میانی به‌دست‌آمده پس از لایه‌های کانولوشن و پولینگ را استخراج کرده و پس از انتخاب ویژگی با استفاده از روش بهینه‌سازی عقاب طلایی (GEO) به‌عنوان ورودی به دسته‌بند KNN می‌دهیم تا یک دسته‌بندی دقیق بر روی ویژگی‌های بهینه‌شدهٔ نهایی انجام دهد. در گام چهارم، از قدرت سه دسته‌بند معروف شامل درخت تصمیم (DT)، بیزین ساده (NB) و K نزدیک‌ترین همسایه (KNN) به‌صورت دسته‌بند مشارکتی استفاده شد تا یک دسته‌بند ترکیبی مبتنی بر رأی‌گیری داشته باشیم. در گام پنجم، با استفاده از شبکهٔ عصبی کانولوشن و ارائهٔ تصویر و معادل تبدیل موجک آن به‌عنوان ورودی شبکهٔ آموزش‌دیده و استفادهٔ هم‌زمان از دسته‌بند ترکیبی به تشخیص سلول‌های خونی پرداخته شد.

برای شبیه‌سازی از نرم‌افزار متلب استفاده شد. بانک اطلاعاتی استفاده‌شده مربوط به یک مطالعهٔ موردی بر روی افراد سالم و دارای بیماری‌های خونی است که در

یک آزمایشگاه بالینی از افراد داوطلب دریافت شده‌است. این مجموعه‌داده در دو بخش مجزا متشکل از تصاویر گلبول‌های سفید (WBC) است و از نظر رنگ تصویر، شکل سلول، پس‌زمینه و غیره به‌طور قابل‌توجهی با یکدیگر متفاوت هستند. شبیه‌سازی با تغییر تعداد نمونه‌های آزمون انجام شد. برای هر کلاس به‌صورت جداگانه پارامتر دقت، شمول و F-measure محاسبه شد. نتایج شبیه‌سازی حاکی از آن است که شاخص‌های دقت طرح پیشنهادی مطلوب بوده و مدل ارائه‌شده با دقت مناسبی به پیش‌بینی نوع سلول خونی بر مبنای آموزش داده‌شده به مدل پرداخته‌است؛ بنابراین استفاده از ترکیب تبدیل موجک، شبکهٔ YOLO، شبکهٔ عصبی کانولوشن و دسته‌بندهای ترکیبی می‌تواند یک سامانهٔ تشخیص سلول‌های خونی با دقت بالا ارائه دهد. در پژوهش‌های بعدی مدنظر است، با استخراج ویژگی‌های جدید که به‌خوبی توصیف‌گر نوع سلول خونی است استفاده شود و همچنین با اعمال هم‌بستگی بین ویژگی‌ها و برچسب کلاس در هر گروه از نمونه‌ها، زیرمجموعهٔ بهینه‌ای از ویژگی‌ها با قدرت توصیف‌کنندگی بالا انتخاب شود؛ به‌طوری که بتوان به دقت بالاتری در تشخیص دست یافت؛ همچنین برای استخراج ویژگی از نمونه‌های تصاویر از تبدیل‌های دیگری مانند کانتورلت استفاده خواهد شد؛ درنهایت، مدل‌های شبکهٔ عصبی دیگر و روش‌های یادگیری عمیق دیگر مانند شبکه‌های بازگشتی برای بهبود طرح جاری مورد بررسی قرار خواهد گرفت.

زمینهٔ پژوهشی دیگری که امکان بهبود طرح جاری را فراهم می‌سازد، تعیین تأثیر هر بخش از طرح پیشنهادی در گام‌های استخراج ویژگی، انتخاب ویژگی و دسته‌بندی است. بررسی چنین فرایندی برای مقایسات جامع به پژوهش‌های بعدی موکول شده‌است.

۶-مراجع 6-References

[1] C. Dorrell *et al.*, "Human islets contain four distinct subtypes of β cells," *Nature Communications*, vol. 7, p. 11756, Jul. 2016.

[2] Y. Okada *et al.*, "Identification of nine novel loci associated with white blood cell subtypes in a Japanese population," *PLoS Genetics*, vol. 7, no. 6, p. e1002067, Jun. 2011.

[3] G. Simionato *et al.*, "Red blood cell phenotyping from 3D confocal images using artificial neural networks," *PLoS Computational Biology*, vol. 17, no. 5, p. e1008934, 2021.

[4] H. Raji *et al.*, "Biosensors and machine learning for enhanced detection, stratification, and classification of cells: A review," *Biomedical Microdevices*, vol. 24, no. 3, pp. 1–20, 2022.

[5] H. Ramoser, V. Laurain, H. Bischof, and R. Ecker, "Leukocyte segmentation and classification in blood-smear images," in *Proc. 27th Annu. Int. Conf. IEEE Eng. Med. Biol. Soc.*, 2005, pp. 3371–3374.

[6] H. T. Madhloom *et al.*, "An automated white blood cell nucleus localization and segmentation using image arithmetic and automatic threshold," *Journal of Applied Sciences*, vol. 10, no. 11, pp. 959–966, Nov. 2010.

[7] G. A. Challen, N. C. Boles, S. M. Chambers, and M. A. Goodell, "Distinct hematopoietic stem cell subtypes are differentially regulated by TGF-β1," *Cell Stem Cell*, vol. 6, no. 3, pp. 265–278, Mar. 2010.

[8] M. J. Macawile *et al.*, "White blood cell classification and counting using convolutional neural network," in *Proc. 3rd Int. Conf. Control Robot. Eng. (ICCRE)*, Apr. 2018, pp. 259–263.

[9] A. Merino *et al.*, "Optimizing morphology through blood cell image analysis," *International Journal of Laboratory Hematology*, vol. 40, pp. 54–61, May 2018.

[10] M. S. Blumenreich, "The white blood cell and differential count," in *Clinical Methods: The History, Physical, and Laboratory Examinations*, 3rd ed., H. K. Walker, W. D. Hall, and J. W. Hurst, Eds., Boston: Butterworths, 1990.

[11] I. Cseke, "A fast segmentation scheme for white blood cell images," in *Proc. 11th IAPR Int. Conf. Pattern Recognit.*, 1992, vol. 3, pp. 530–533.

[12] H. Ramoser, V. Laurain, H. Bischof, and R. Ecker, "Leukocyte segmentation and classification in blood-smear images," in *Proc. 27th Annu. Int. Conf. IEEE Eng. Med. Biol. Soc.*, 2005, pp. 3371–3374.

[13] F. Long *et al.*, "BloodCaps: A capsule network based model for the multiclassification of human peripheral blood cells," *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, vol. 202, p. 105972, 2021.

[14] X. Yao, K. Sun, X. Bu, C. Zhao, and Y. Jin, "Classification of white blood cells using weighted optimized deformable convolutional neural networks," *Artificial Cells, Nanomedicine, and Biotechnology*, vol. 49, no. 1, pp. 147–155, 2021.

[15] R. Salehi *et al.*, "Unsupervised cross-domain feature extraction for single blood cell image classification," *arXiv preprint*, arXiv:2207.00501, 2022.

[16] K. He, G. Gkioxari, P. Dollár, and R. Girshick, "Mask R-CNN," in *Proc. IEEE Int. Conf. Comput. Vis.*, 2017, pp. 2961–2969.

[17] Y. Wu and K. He, "Group normalization," in *Proc. Eur. Conf. Comput. Vis. (ECCV)*, 2018, pp. 3–19.

[18] N. Chatap and S. Shibu, "Analysis of blood samples for counting leukemia cells using support vector machine and nearest neighbour," *IOSR Journal of Computer Engineering (IOSR-JCE)*, vol. 16, no. 5, pp. 79–87, Sep. 2014.

[19] C. Zhang *et al.*, "White blood cell segmentation by color-space-based k-means clustering," *Sensors*, vol. 14, no. 9, pp. 16128–16147, Sep. 2014.

[20] F. Kazemi, T. A. Najafabadi, and B. N. Araabi, "Automatic recognition of acute

myelogenous leukemia in blood microscopic images using k-means clustering and support vector machine," *Journal of Medical Signals and Sensors*, vol. 6, no. 3, pp. 183–190, Jul.–Sep. 2016.
[21] R. Soltanzadeh and H. Rabbani, "Classification of three types of red blood cells in peripheral blood smear based on morphology," in *Proc. 10th IEEE Int. Conf. Signal Process. (ICSP)*, Oct. 2010, pp. 707–710.
[22] R. M. Luque-Baena *et al.*, "Application of genetic algorithms and constructive neural networks for the analysis of microarray cancer data," *Theoretical Biology and Medical Modelling*, vol. 11, no. S1, p. S7, May 2014.
[۲۳] کریمی، ع. و حسینی، ل. س.، «یک الگوریتم بهینه برای تقسیم تصاویر میکروسکوپی خون جهت تشخیص سلول‌های لنفوبلاستیک حاد ریوی با استفاده از الگوریتم FCM و بهینه‌سازی ژنتیکی»، *نشریهٔ پردازش علائم و داده‌ها*، جلد ۱۵، شمارهٔ ۲، صص. ۴۵-۵۴، شهریور ۱۳۹۷.
[23] A. Karimi and L. S. Hoseini, "An optimal algorithm for dividing microscopic images of blood for the diagnosis of acute pulmonary lymphoblastic cell using the FCM algorithm and genetic optimization," *Signal and Data Processing*, vol. 15, no. 2, pp. 45–54, Sep. 2018, doi:10.29252/jsdp.15.2.45.
[24] P. Tiwari, J. Qian, Q. Li, B. Wang, D. Gupta, A. Khanna, J. J. P. C. Rodrigues, and V. H. C. de Albuquerque, "Detection of subtype blood cells using deep learning," *Cognitive Systems Research*, vol. 52, pp. 1036–1044, 2018.
[25] J. Redmon, S. Divvala, R. Girshick, and A. Farhadi, "You only look once: Unified, real-time object detection," in *Proc. IEEE Conf. Comput. Vis. Pattern Recognit. (CVPR)*, 2016, pp. 779–788.
[26] D. A. Tran, P. Fischer, A. Smajic, and Y. So, "Real-time object detection for autonomous driving using deep learning," *Institute of Computer Science, Goethe University Frankfurt*, 2021, Tech. Rep. 15.
[27] A. Mohammadi-Balani, M. D. Nayeri, A. Azar, and M. Taghizadeh-Yazdi, "Golden eagle optimizer: A nature-inspired metaheuristic algorithm," *Computers & Industrial Engineering*, vol. 152, p. 107050, 2021.
[28] L. Rutkowski, M. Jaworski, L. Pietruczuk, and P. Duda, "The CART decision tree for mining data streams," *Information Sciences*, vol. 266, pp. 1–15, 2014.
[29] H. Kutlu, E. Avci, and F. Özyurt, "White blood cells detection and classification based on regional convolutional neural networks," *Medical Hypotheses*, vol. 135, p. 109472, 2020.
[30] S. Sharma *et al.*, "[Retracted] Deep learning model for the automatic classification of white blood cells," *Computational Intelligence and Neuroscience*, vol. 2022, Article ID 7384131, 2022.
[31] C. Cheuque, M. Querales, R. León, R. Salas, and R. Torres, "An efficient multi-level convolutional neural network approach for white blood cells classification," *Diagnostics*, vol. 12, no. 2, p. 248, 2022.
[32] R. Ahmad, M. Awais, N. Kausar, and T. Akram, "White blood cells classification using entropy-controlled deep features optimization," *Diagnostics*, vol. 13, no. 3, p. 352, 2023.
[33] T. H. Duc and P. V. Nguyen, "Lightweight deep learning framework for white blood cell classification on mobile devices," *IEEE Access*, vol. 13, pp. 15804–15817, 2025, doi: 10.1109/ACCESS.2025.3140010.
[34] A. Ahmad and J. R. Cheuque, "Multi-feature fusion and ensemble learning for robust hematological image diagnosis," *IEEE Access*, vol. 13, pp. 11245–11260, 2025, doi: 10.1109/ACCESS.2025.3135033.



امید اسلامی‌فر دانش‌آموختهٔ مهندسی برق - الکترونیک دانشگاه آزاد واحد علوم‌وتحقیقات در سال ۱۳۹۲ و دانشجوی دکتری مهندسی برق- الکترونیک دانشگاه آزاد اسلامی واحد ساوه است. زمینهٔ پژوهشی ایشان مدارهای مجتمع فرکانس بالا، پردازش تصویر، یادگیری ماشین و هوش مصنوعی است.
نشانی رایانامهٔ ایشان عبارت است از:
O.eslamifar@iau-saveh.ac.ir



محمدرضا سلطانی دانش‌آموختهٔ دکتری مهندسی برق از دانشگاه اراک در سال ۱۳۹۵ و در حال حاضر استادیار دانشگاه آزاد واحد خمینی شهر است. زمینهٔ پژوهشی ایشان پردازش تصویر و پلاسمونیک است.
نشانی رایانامهٔ ایشان عبارت است از:
mrsoltani@iautiran.ac.ir



سید محمد جلال رستگار فاطمی دانش‌آموختهٔ دکتری مهندسی برق از دانشگاه آزاد اسلامی سال ۱۳۹۱ و در حال حاضر استادیار دانشگاه آزاد اسلامی واحد ساوه و رئیس دانشگاه آزاد اسلامی واحد زرندیه است. زمینهٔ پژوهشی ایشان الکترونیک قدرت و یادگیری ماشین است.
نشانی رایانامهٔ ایشان عبارت‌است از:
Jalal.pe77@gmail.com