



Neural Architecture Search based on UNet using Genetic Algorithm for Extraction of Breast Cancer in Ultrasound Images (GNAS-UNet)

MansoubReyhaniyan, Shima¹ / Afrasiabi, Mahlagha² / Delshadi, Ali¹ / Abbasi, Samira^{3*}

¹ - M.Sc., Biomedical Engineering Department, Hamedan University of Technology, Hamedan, Iran

² - Assistant Professor, Computer Engineering, Hamedan University of Technology, Hamedan, Iran

³ - Assistant Professor, Biomedical Engineering Department, Hamedan University of Technology, Hamedan, Iran

ARTICLE INFO

DOI: 10.22041/ijbme.2025.2032100.1907

Received: 12 June 2024

Revised: 7/11/2024 – 9/12/2024

Accepted: 19 January 2025

KEYWORDS

Image Segmentation

Neural Architecture

Genetic Algorithm

Ultrasound Images

Breast Tumor

ABSTRACT

Accurate segmentation of breast tissue in ultrasound images is crucial for the early detection and analysis of breast cancer. Traditional approaches to medical image segmentation often rely on manually designed neural network architectures, which can be time-consuming and dependent on expert knowledge. In this study, we propose a novel approach that combines Neural Architecture Search (NAS) with a genetic algorithm to optimize the UNet deep neural network for breast tissue segmentation. This combination leverages the strengths of both NAS and evolutionary algorithms to enhance model performance and enable the automated design of efficient architectures. Experimental results demonstrate that our proposed approach is both effective and efficient in optimizing hyperparameters. The automatically constructed UNet models are competitive with manually designed architectures in terms of segmentation accuracy and computational efficiency. The GNAS-UNet model is utilized on the Breast Ultrasound Image Dataset (BUSI). The experimental findings demonstrate competitive performance, achieving an overall DC of 0.937, Miou of 0.906, demonstrating the competitiveness of automated architectures with manually crafted ones. Furthermore, the genetic algorithm's ability to navigate the search space results in the discovery of suitable network configurations that generalize well to new data. Our results underscore the potential of automated machine learning techniques in advancing the accuracy and efficiency of medical image segmentation tasks. One of the primary objectives of this study is to reduce the design time and provide an efficient approach for building optimal architectures.

***Corresponding Author**

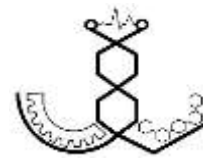
Address: Biomedical Engineering Department, Hamedan University of Technology, Hamedan, Iran

Postal Code: 65155-579

E-Mail: samira.abbasi@hut.ac.ir

Tel: +98-81-38411000





جست‌وجوی معماری شبکه‌های عصبی UNet با استفاده از الگوریتم ژنتیک به منظور استخراج تومور سرطان سینه در تصاویر اولتراسوند (GNAS-UNet)

منصوب‌ریحانیان، شیما^۱ / افراسیابی، مه‌لقا^۲ / دلشادی، علی^۱ / عباسی، سمیرا^{۳*}

^۱ - کارشناسی ارشد، گروه مهندسی پزشکی، دانشگاه صنعتی همدان، همدان، ایران

^۲ - استادیار، گروه کامپیوتر، دانشکده‌ی برق و کامپیوتر، دانشگاه صنعتی همدان، همدان، ایران

^۳ - استادیار، گروه مهندسی پزشکی، دانشگاه صنعتی همدان، همدان، ایران

مشخصات مقاله

شناسه‌ی دیجیتال: 10.22041/ijbme.2025.2032100.1907

پذیرش: ۳۰ دی ۱۴۰۳

بازنگری: ۱۴۰۳/۸/۱۷ - ۱۴۰۳/۹/۱۹

ثبت در سامانه: ۲۳ خرداد ۱۴۰۳

چکیده

تقسیم‌بندی دقیق بافت سینه در تصاویر اولتراسوند برای تشخیص زودهنگام و تحلیل سرطان سینه بسیار حائز اهمیت است. روش‌های سنتی برای تقسیم‌بندی تصاویر پزشکی غالباً به طراحی دستی معماری‌های شبکه‌ی عصبی وابسته هستند، که می‌تواند زمان‌بر و متکی به دانش کارشناسان باشد. در این مطالعه رویکرد جدیدی پیشنهاد شده است که در آن جست‌وجوی معماری شبکه (NAS) با الگوریتم ژنتیک ترکیب شده تا شبکه‌ی عصبی عمیق UNet برای تقسیم‌بندی بافت سینه بهینه‌سازی شود. این ترکیب از مزایای هر دو جست‌وجوی معماری شبکه و الگوریتم‌های تکاملی بهره‌برداری می‌کند، تا عمل‌کرد مدل را بهبود بخشد و امکان طراحی خودکار معماری کارآمد را فراهم سازد. نتایج تجربی نشان می‌دهد که رویکرد پیشنهادی در بهینه‌سازی فرآیندها موثر و کارآمد است. مدل‌های UNet که به صورت خودکار ساخته شده‌اند، از لحاظ دقت تقسیم‌بندی و کارایی محاسباتی با معماری‌های طراحی شده‌ی دستی قابل رقابت هستند. عمل‌کرد روش پیشنهادی (GNAS-UNet) روی مجموعه‌ی داده‌ی BUSI ارزیابی شده است. نمرات DC و Miou به ترتیب برابر با ۰/۹۳۷ و ۰/۹۰۶ به دست آمده که نشان دهنده‌ی رقابت‌پذیری معماری‌های خودکار با معماری‌های دست‌ساز است. علاوه بر این، توانایی الگوریتم ژنتیک در کاوش فضای جست‌وجو به شناسایی پیکربندی‌های شبکه‌ای مناسب که به خوبی به داده‌های جدید تعمیم می‌یابند منجر شده است. نتایج این پژوهش بر پتانسیل تکنیک‌های یادگیری ماشین خودکار در پیش‌برد دقت و کارایی وظایف تقسیم‌بندی تصاویر پزشکی تاکید دارد. یکی از اهداف اصلی این تحقیق کاهش زمان طراحی و ارائه‌ی رویکردی کارآمد برای ساخت معماری‌های بهینه است.

واژه‌های کلیدی

تقسیم‌بندی تصاویر
معماری عصبی
الگوریتم ژنتیک
تصاویر اولتراسوند
تومور سینه

*نویسنده‌ی مسئول

نشانی: گروه مهندسی پزشکی، دانشگاه صنعتی همدان، همدان، ایران

تلفن: ۳۸۴۱۱۰۰۰-۸۱-۹۸+

پست الکترونیک: samira.abbasi@hut.ac.ir

کد پستی: ۶۵۱۵۵-۵۷۹



۱- مقدمه

تقسیم‌بندی تصویر یکی از محبوب‌ترین زمینه‌های تحقیقاتی در بینایی رایانه است و اساس تشخیص الگو و درک تصویر را تشکیل می‌دهد. توسعه‌ی تکنیک‌های تقسیم‌بندی تصویر ارتباط نزدیکی با بسیاری از رشته‌ها و زمینه‌ها دارد. به عنوان مثال می‌توان به وسایل نقلیه‌ی خودران [۱]، فناوری پزشکی هوشمند و تشخیص‌های پزشکی [۲، ۳]، موتورهای جست‌وجوی تصویر [۴]، بازرسی صنعتی و کاربردهایی از این دست اشاره کرد. تقسیم‌بندی تصویر، تصاویر را به مناطقی با ویژگی‌های مختلف تقسیم کرده و مناطق مورد علاقه را استخراج می‌کند. این نواحی بر اساس ادراک بصری انسان دارای معنی و مفهوم هستند. دو مشکل در تقسیم‌بندی تصویر وجود دارد. مشکل اول چگونگی تعریف مناطق معنی‌دار است زیرا عدم قطعیت درک بصری و تنوع درک انسان منجر به فقدان تعریف واضح از اشیا شده و تقسیم‌بندی تصویر را سخت می‌کند. مشکل دوم نحوه‌ی نمایش موثر اشیا در یک تصویر است. تصاویر دیجیتال از پیکسل‌هایی تشکیل شده‌اند که می‌توانند با هم گروه‌بندی شوند تا بر اساس رنگ، بافت و سایر اطلاعات، مجموعه‌های بزرگ‌تری را ایجاد کنند که مجموعه‌ی پیکسل یا سوپربیکسل نامیده می‌شود. این ویژگی‌های سطح پایین، ویژگی‌های محلی تصویر را منعکس می‌کنند، اما به دست آوردن اطلاعات کلی مثل شکل و موقعیت، از طریق این ویژگی‌های محلی دشوار است. روش‌های مورد استفاده برای تقسیم‌بندی تصاویر را می‌توان به دو گروه اصلی تقسیم کرد. گروه اول روش‌های کلاسیک بدون استفاده از یادگیری ماشین بوده که در مورد تصاویر پیچیده ضعف دارند و گروه دوم که مبتنی بر یادگیری ماشین هستند. در این گروه تلاش‌های فراوانی صورت گرفته تا دقت مناسبی به دست آید و مدل‌های زیادی برای آن‌ها طراحی شده اما کار تحقیقاتی مناسبی برای کاوش در این مدل‌ها انجام نشده است. این مدل‌ها از بیش‌برازش شدن، تعداد زیاد پارامتر قابل یادگیری، عدم دانش کافی از رفتار مدل‌ها، زمان‌بر بودن روش سعی و خطا برای رسیدن به فرآیند مناسب و مسائلی از این دست رنج می‌برند [۵].

استخراج دقیق تومورها در تصاویر پزشکی نقش بسیار مهمی در تشخیص و برنامه‌ریزی درمانی برای بسیاری از بیماری‌ها، به ویژه در شناسایی سرطان سینه ایفا می‌کند. از روش‌های تصویربرداری مانند MRI و اولتراسوند برای تشخیص سرطان سینه استفاده می‌شود. تصویربرداری اولتراسوند به دلیل عدم تهاجمی بودن، اقتصادی بودن و قابلیت تصویربرداری در زمان

واقعی برجسته است [۶]. با این حال تقسیم‌بندی دستی تومورها از تصاویر اولتراسوند سینه یک وظیفه‌ی چالش برانگیز و زمان‌بر بوده که اغلب نیازمند دانش تخصصی و تفسیر زمینه‌ای است. در سال‌های اخیر تکنیک‌های یادگیری عمیق موفقیت قابل توجهی در وظایف تحلیل تصاویر پزشکی از جمله تقسیم‌بندی تومور داشته‌اند. شبکه‌های عصبی کانولوشن عمل کرد بالایی در استخراج خودکار ویژگی‌ها از تصاویر پزشکی و تعیین دقیق مرزهای تومور دارند [۷]. با این حال طراحی یک معماری شبکه‌ی عصبی بهینه برای یک وظیفه‌ی خاص تحلیل تصویر پزشکی اغلب نیازمند آزمون و خطا و نیز دانش است.

خودکارسازی ساخت مدل شبکه‌ی عصبی با عمل کرد بی‌نظیر خود، دوره‌ی جدیدی از یادگیری عمیق را به طور جدی آغاز کرده [۸] و به دلیل توانایی در استخراج خودکار بخش‌های مختلف یک مدل معتبر از فضای جست‌وجو، توجه زیادی را از سوی محققان به خود جلب کرده است. انجام این استخراج خودکار یافتن فرآیندهای معماری‌ها را شامل می‌شود. تا کنون تحقیقات گسترده‌ای برای بهبود عمل کرد روی طیف وسیعی از فرآیندها مانند ساختارهای شبکه، مقدار اولیه‌ی وزن، توابع فعال‌سازی، عمل‌گرها و توابع کاهش انجام شده است [۹-۱۱]. در حالت دستی، ساخت و استفاده از شبکه‌ی عصبی نیاز به تخصص و درک فنی محقق دارد که زمان قابل توجهی را شامل می‌شود. پژوهش‌گران در تلاش برای استفاده از امتیازات یادگیری عمیق برای تمام محققان در همه‌ی زمینه‌ها بدون نیاز به دانش تخصصی محقق در مورد یادگیری ماشین، به سراغ یادگیری ماشین خودکار (AutoML) رفته‌اند [۱۲]. در این راستا روش‌های جدیدی به نام جست‌وجوی معماری عصبی توسط محققان این حوزه ارائه شده است. هدف این پژوهش تقسیم‌بندی تصویر پزشکی به صورت خودکار به منظور تشخیص بیماری است.

جست‌وجوی معماری عصبی^۱ (NAS) به عنوان یک رویکرد نوین برای خودکارسازی معماری‌های شبکه‌ی عصبی به منظور کاهش نیاز به مداخله‌ی دستی و بهبود عمل کرد، ظاهر شده است. با کاوش در فضای جست‌وجوی گسترده از معماری‌های عصبی، روش‌های NAS به دنبال کشف معماری‌هایی بوده که برای وظیفه‌ی داده شده مناسب هستند. الگوریتم‌های NAS اولین بار توسط شرکت گوگل در سال ۲۰۱۶ پیشنهاد شده و تا کنون تلاش‌های زیادی در توسعه‌ی الگوریتم‌های جدید NAS انجام شده است [۱۳]. الگوریتم‌های NAS بر اساس بهینه‌ساز آن‌ها به سه دسته‌ی زیر طبقه‌بندی شده‌اند.

^۱ Neural Architecture Search

است اما متأسفانه این روش از نظر محاسباتی گران بوده و تعداد معماری‌های مورد بررسی را محدود می‌کند. بنابراین تحقیقات اخیر بر توسعه‌ی روش‌هایی تمرکز دارند که هزینه‌ی این ارزیابی عمل‌کرد را کاهش دهند.

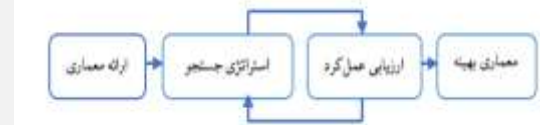
در این مقاله یک چارچوب جدید برای تقسیم‌بندی تومور در تصاویر پزشکی اولتراسوند سینه با یک پارچه‌سازی جست‌وجوی معماری عصبی با الگوریتم ژنتیک (GNAS) پیشنهاد شده است. این رویکرد به دنبال کشف خودکار یک معماری شبکه‌ی عصبی بهینه بوده که به طور خاص برای وظایف تقسیم‌بندی تومور در تصاویر پزشکی اولتراسوند سینه طراحی شده است. با بهره‌گیری از قابلیت جست‌وجوی الگوریتم‌های ژنتیک، هدف بهبود دقت و کارایی استخراج تومور در تصاویر اولتراسوند است. چارچوب پیشنهادی ارائه شده در این مقاله می‌تواند به طور قابل توجهی به پیش‌رفت زمینه‌ی تحلیل تصویر پزشکی کمک کند و به تشخیص و برنامه‌ریزی درمانی دقیق‌تر و کارآمدتر سرطان سینه منجر شود.

۲- روش‌های پیشین

از دهه‌ی ۱۹۷۰ تقسیم‌بندی تصویر مورد توجه مستمر محققان بینایی کامپیوتر قرار گرفته است. روش‌های تقسیم‌بندی کلاسیک عمدتاً بر برجسته کردن و به دست آوردن اطلاعات موجود در یک تصویر واحد تمرکز می‌کنند که اغلب به دانش حرفه‌ای و مداخله‌ی انسانی نیاز دارد. با این حال به دست آوردن اطلاعات معنایی سطح بالا از تصاویر دشوار است [۱۷]. روش‌های تقسیم‌بندی مشترک شامل شناسایی اشیای مشترک از مجموعه‌ای از تصاویر بوده که مستلزم کسب دانش قبلی خاص است. از آن‌جا که حاشیه‌نویسی تصویری در این روش‌ها غیرقابل استفاده است، آن‌ها به عنوان روش‌های نیمه‌نظارت یا با نظارت ضعیف طبقه‌بندی می‌شوند. با غنی‌سازی مجموعه‌ی داده‌های تصویر حاشیه‌نویسی ریز در مقیاس بزرگ، روش‌های تقسیم‌بندی تصویر مبتنی بر شبکه‌های عصبی عمیق به تدریج به یک موضوع خوب تحقیقاتی تبدیل شده‌اند [۱۸].

اگرچه دست‌آوردهای زیادی در تحقیقات تقسیم‌بندی تصویر حاصل شده است، اما هنوز چالش‌های زیادی وجود دارد. به عنوان مثال می‌توان به استخراج و نمایش ویژگی، طراحی مدل شبکه‌ی عصبی و بهینه‌سازی مدل اشاره کرد. به طور خاص، تقسیم‌بندی معنایی به دلیل حاشیه‌نویسی‌های محدود یا پراکنده، عدم تعادل کلاس، تنظیم شدن وزن‌های شبکه به صورت بیش از حد، زمان طولانی آموزش و ناپدید شدن گرادیان

۱- الگوریتم NAS مبتنی بر یادگیری تقویتی^۱ (RL) [۱۴]
 ۲- الگوریتم NAS مبتنی بر تخمین گرادیان [۱۵]
 ۳- الگوریتم NAS مبتنی بر محاسبات تکاملی^۲ (ENAS) [۱۶]
 الگوریتم‌های مبتنی بر RL اغلب به هزاران کارت پردازش گرافیکی برای اجرا نیاز دارند. الگوریتم‌های مبتنی بر گرادیان به ساخت یک ابر شبکه از قبل و تخصص نیاز دارند. الگوریتم‌های ENAS از الگوریتم‌های تکاملی مانند الگوریتم ژنتیک، بهینه‌ساز ازدحام ذرات و غیره برای یافتن معماری شبکه استفاده می‌کنند. الگوریتم‌های ENAS بیش‌تر از دو دسته‌ی دیگر برای جست‌وجوی معماری شبکه‌های عمیق مورد استفاده قرار گرفته است. در مقاله‌ی [۸] از یک الگوریتم ژنتیک برای جست‌وجوی یک شبکه‌ی عصبی کانولوشن استفاده شده که از این مدل نتایج خوبی به دست آمده است. از آن زمان تا کنون تعداد زیادی الگوریتم بر مبنای الگوریتم‌های تکاملی ارائه شده است. در حالت کلی الگوریتم NAS شامل سه مرحله‌ی فضای جست‌وجو، استراتژی الگوریتم جست‌وجو و ارزیابی عمل‌کرد است. در شکل (۱) این مراحل نشان داده شده است.



شکل (۱) - قسمت‌های مختلف جست‌وجوی شبکه‌ی عصبی

فضای جست‌وجو بیان می‌کند کدام معماری برای مساله قابل ارائه است. استفاده از دانش قبلی در مورد ویژگی معماری‌های مناسب، اندازه‌ی فضای جست‌وجو را کاهش می‌دهد. در شبکه‌های عمیق فضای جست‌وجوی شبکه به صورت دستی مشخص شده که اگر بتوان آن را به صورت خودکار طراحی کرد نتایج بهتری برای جست‌وجو به دست خواهد آمد. هر چه فضای جست‌وجو کوچک‌تر باشد الگوریتم جست‌وجو سریع‌تر می‌تواند به نتیجه برسد. بر این اساس در این مطالعه برای کاهش فضای جست‌وجو از معماری ساخته شده استفاده گردیده است.

استراتژی جست‌وجو چگونگی کاوش در فضای جست‌وجو را بیان می‌کند. از طرفی یافتن معماری خوب اهمیت زیادی دارد و از سوی دیگر باید از هم‌گرایی زودهنگام به منطقه‌ای از معماری‌های غیرمطلوب جلوگیری شود. هدف از استراتژی ارزیابی عمل‌کرد، یافتن معماری‌هایی با قابلیت پیش‌بینی بالا روی داده‌های دیده نشده است. ساده‌ترین روش برای این کار انجام یک آموزش استاندارد و اعتبارسنجی معماری روی داده‌ها

^۱ Evolutionary Computation-based NAS

^۲ Reinforcement Learning

معماری شبکه‌ی عصبی وجود دارد. به طور خاص EAs برای پارامترهای مدل یادگیری استفاده شده است [۱۶، ۲۹، ۳۰]. بهینه‌سازی معماری مدل‌های مختلف که به طور گسترده به عنوان جست‌وجوی معماری عصبی NAS شناخته می‌شود به دنبال یافتن مناسب‌ترین معماری است. این مساله‌ی بهینه‌سازی یک فضای جست‌وجوی گسسته‌ی بسیار بزرگ شامل انواع مختلف معماری است. علاوه بر این، عمل کرد یک معماری مدل خاص به پارامترهای مدل مرتبط بستگی دارد. در نتیجه این مساله‌ی بهینه‌سازی دوسطحی است که در آن بهینه‌سازی معماری، وظیفه‌ی سطح بالاتر بوده که معماری را می‌سازد و بهینه‌سازی پارامتر وظیفه‌ی سطح پایین‌تر می‌باشد. در نهایت با انتخاب معماری نهایی وارد مرحله‌ی آموزش برای یافتن وزن‌های معماری می‌شود [۳۱]. در این کار پس از ساخت فضای جست‌وجو اقدام به جست‌وجو در این فضا شده و در مرحله‌ی آخر پس از یافتن بهترین معماری از این فضای جست‌وجو، معماری آموزش داده شده و سپس تست شده و نتایج آن گزارش گردیده است.

۲-۱- تقسیم‌بندی تصاویر پزشکی

تقسیم‌بندی تصاویر پزشکی روشی است که در آن یک ماشین، تصاویر پزشکی را به گونه‌ای تفسیر می‌کند که خطوط یک اندام یا ناحیه‌ی مورد نظر استخراج شود. روش‌های پیشین در دو دسته‌ی روش‌های استخراج تقسیم‌بندی تصاویر سینه و جست‌وجوی معماری عصبی در تصاویر گوناگون پزشکی مورد بررسی قرار گرفته که در ادامه توضیح داده شده است.

۲-۱-۱- تقسیم‌بندی تصاویر سینه

مطالعات قبلی روش‌های مختلفی را برای تقسیم‌بندی تصاویر پزشکی برای تشخیص تومور ارائه کرده‌اند. اولتراسوند سینه، هیستوپاتولوژی و MRI برخی از آزمایش‌های تشخیصی هستند که پزشکان از آن‌ها برای تشخیص سرطان سینه در مراحل ابتدایی استفاده می‌کنند. اولتراسوند سینه بیش‌ترین آزمایش توصیه شده توسط پزشکان برای تشخیص زودرس سرطان سینه است. برخی از مقالات از تکنیک‌های سنتی پردازش تصویر مانند آستانه‌گذاری، تشخیص لبه و الگوریتم‌های مختلف یادگیری ماشین برای یافتن مرزهای تومور استفاده کرده‌اند. اما الگوریتم‌های مبتنی بر یادگیری عمیق به تازگی توسط محققان هوش مصنوعی در تصویربرداری پزشکی به کار گرفته شده‌اند تا بهبودی موثر به دست آورند [۷].

در معماری‌های غیرخطی، هنوز جای کار تحقیقاتی بیش‌تری دارد. محققان در مقالات [۱۹، ۲۰] روش‌های تقسیم‌بندی معنایی و مجموعه‌ی داده‌های رایج مورد استفاده را معرفی نموده و در مقاله‌ی [۲۱] معیارهای ارزیابی و روش‌های تقسیم‌بندی معنایی را تجزیه و تحلیل کرده‌اند. فناوری در زمینه‌ی تقسیم‌بندی تصویر تا به امروز تکامل و توسعه یافته و روش‌های مختلفی در این زمینه به کار رفته است.

عمل کرد معماری‌های شبکه‌ی عصبی برای کارهای مختلف مشخص شده است که می‌توان گفت عمل کرد DNN^۱ به مدل معماری و پارامترهای مدل بستگی دارد. با این حال چالش‌های بزرگی برای پیدا کردن مناسب‌ترین مدل DNN از نظر معماری و پارامترها برای حل این کار وجود دارد زیرا متناظر با یک مساله‌ی بهینه‌سازی مقیاس بزرگ غیرمحدب، مشتق‌ناپذیر و جعبه سیاه می‌باشد. روش دستی برای پرداختن به این مساله فرض می‌کند که معماری مدل با تخصص طراح مشخص شده و پارامترهای مدل مد نظر با استفاده از تخصص با روش سعی و خطا انتخاب و پیکربندی شده است. این امر اغلب به دلیل فقدان دانش کافی متخصص و سخت‌افزار قوی برای انتخاب بهترین گزینه از تعداد زیادی از معماری‌های مدل ممکن و پارامترهای مرتبط با آن‌ها منجر به عمل کرد نامطلوب شده یا اجرای کار برای یافتن پارامترهای مناسب زمان‌بر و حتی ناممکن خواهد بود. در سال‌های اخیر تلاش‌های بسیاری هم در دانشگاه و هم در صنعت در مورد مطالعه‌ی تکنیک‌های خودکارسازی ساخت معماری شبکه‌ی عصبی انجام شده که هدف آن تعیین خودکار بهترین معماری و پارامترهای مدل اجرا برای یک وظیفه‌ی معین است. چنین تکنیک‌هایی معمولاً بهینه‌سازی مبتنی بر جست‌وجو را در مورد معماری، پارامترها و وزن‌های مدل انجام می‌دهند که در آن بهینه‌سازی تمام موارد مدل باید با هم انجام شود. برای انجام این کار می‌توان از روش‌هایی مانند شیب تصادفی SGD و الگوریتم‌های تکاملی (EAs) استفاده کرد [۲۲، ۲۳].

الگوریتم‌های تکاملی [۲۴] خانواده‌ای از تکنیک‌های بهینه‌سازی مبتنی بر جست‌وجو بوده که یک جمعیت از راه حل‌های کاندید را از طریق عمل‌گرهای الهام گرفته از طبیعت برای جست‌وجوی نقطه‌ی بهینه که قابلیت بالایی در مقابله با مشکلات بهینه‌سازی جست‌وجوی معماری عصبی دارد، نشان می‌دهند. با توجه به توانایی EA در کاوش فضای جست‌وجوی پیچیده [۲۵]، انعطاف‌پذیری بالا در یک پارچه‌سازی دانش حل مساله [۲۶] و ماهیت تکاملی [۲۷، ۲۸]، علاقه‌ی زیادی در ساخت تکاملی

^۱ Deep Neural Network

در تقسیم‌بندی تصویر پزشکی پرداخته است. در مقاله‌ی [۲۰] یک چارچوب مبتنی بر NAS برای تقسیم‌بندی تومور مغز در تصاویر MRI ارائه شده که در آن از یک الگوریتم یادگیری تقویتی برای جست‌وجوی معماری‌های شبکه‌ی عصبی بهینه‌ی منطبق بر وظایف تقسیم‌بندی تومور مغز استفاده شده است. این مطالعه نتایج قابل اعتمادی را از نظر دقت تقسیم‌بندی و کارایی محاسباتی نشان داده که نمایان‌گر پتانسیل روش‌های NAS برای تحلیل تصویر پزشکی است. به همین ترتیب در مقاله‌ی [۲۱] یک رویکرد مبتنی بر NAS برای تقسیم‌بندی توده‌های ریه در تصاویر CT ارائه شده که در مقایسه با شبکه‌های طراحی شده به صورت دستی، عمل‌کرد بهتری از نظر دقت تشخیص و هزینه‌ی محاسباتی داشته است. در مقاله‌ی [۲۲] از الگوریتم ژنتیک برای یافتن پیکربندی و فرآیندهای شبکه‌ی ResNet استفاده شده است. هدف این مقاله طبقه‌بندی تصاویر MRI به رده‌های بدخیمی و خوش‌خیمی سرطان سینه است. استفاده از NAS برای مقابله با چالش تشخیص ناهنجاری‌های تصاویر هیستوپاتولوژی مورد توجه قرار گرفته است. در مقاله‌ی [۲۳] یک استراتژی جست‌وجوی مدل CNN بر مبنای الگوریتم جست‌وجوی ابول^۱ ارائه شده است. معماری حاصل در روش ارائه شده، مناسب‌ترین آرایش شبکه را برای استفاده از هیستوپاتولوژی دیجیتال فراهم کرده است.

هر چند نتایج مقالات نشان می‌دهد که تکنیک‌های NAS برای تقسیم‌بندی تومور در انواع مختلف تصاویر پزشکی موثر هستند، تا کنون کارهای اندکی در خصوص جست‌وجوی معماری عصبی برای تقسیم‌بندی تومور انجام شده است. لذا نیاز به تحقیقات بیشتر برای بررسی و توسعه‌ی روش‌های مبتنی بر NAS برای استخراج تومور در انواع مختلف تصاویر پزشکی وجود دارد. در جدول (۱) خلاصه‌ای از کارهای پیشین ذکر شده است.

این مقاله بر بهبود تشخیص سرطان سینه در تصاویر اولتراسوند با کمک بهبود خودکار معماری‌های دست‌ساز برای مدل‌سازی تقسیم‌بندی معنایی تمرکز دارد. یکی از این معماری‌ها UNet است که یک شبکه‌ی معنایی قوی را شامل می‌شود [۳۴]. هدف این پژوهش کاوش در فضای جست‌وجوی معماری‌ها و ساخت خودکار معماری جهت بهبود دقت و کارایی مدل در تشخیص هم‌زمان است. در این کار با روش جست‌وجوی معماری شبکه‌ی عصبی، کاوشی در فضای جست‌وجوی تولید شده با معماری UNet انجام شده است. این روش توانسته است مدلی را با فرآیندهای کشف شده از بین مدل‌های ساخته شده بیابد که نتایج نشان می‌دهد عمل‌کرد بهتری نسبت به سایر مدل‌ها دارد.

در مقاله‌ی [۹] یک روش تشخیص و طبقه‌بندی سرطان سینه در تصاویر اولتراسوند بر پایه‌ی یادگیری عمیق ارائه شده است. با استفاده از شبکه‌های عصبی کانولوشنی عمیق، مدل ارائه شده توانایی تشخیص دقیق و طبقه‌بندی نمونه‌های سالم و ناسالم را بهبود داده است. در مقاله‌ی [۱۱] روش تشخیص و طبقه‌بندی توده‌های سینه در تصاویر اولتراسوند با استفاده از یادگیری عمیق ارائه شده است. با استفاده از شبکه‌های عصبی کانولوشن، مدل ارائه شده دقت و صحت تشخیص را افزایش داده و به پزشکان کمک می‌کند تا توده‌های سینه را تشخیص دهند.

در مقاله‌ی [۱۰] یک مطالعه‌ی مقایسه‌ای برای شناسایی سرطان سینه در تصاویر هیستوپاتولوژی با استفاده از تکنیک‌های یادگیری عمیق و یادگیری ماشین ارائه شده است. در مقاله‌ی [۱۲] از شبکه‌ی عصبی VGG16 برای تشخیص سرطان سینه در تصاویر ماموگرافی استفاده شده است.

یک رویکرد یادگیری عمیق برای تشخیص سرطان سینه در تصاویر MRI با استفاده از شبکه‌های عصبی پیچشی چندسطحی در مقاله‌ی [۱۷] پیشنهاد شده است. در این مدل، از شبکه‌های عصبی کانولوشن چندسطحی برای استخراج ویژگی‌های تصویر و شناسایی سرطان سینه در تصاویر MRI استفاده شده است. برای بهبود دقت و صحت نتایج نیز از یک روش افزایش داده‌ها استفاده شده است. نتایج نشان داده است که رویکرد پیشنهادی این مقاله، دقت و صحت بیشتری در تشخیص سرطان سینه در تصاویر MRI دارد.

در مقاله‌ی [۱۸] یک شبکه‌ی عصبی کانولوشن شامل ۲۴ لایه ارائه شده که نام آن Deep Breast Cancer Net است و دقت خوبی برای تشخیص سرطان سینه در تصاویر اولتراسوند دارد.

۲-۱-۲- جست‌وجوی معماری شبکه

چندین مطالعه روی کاربرد تکنیک‌های جست‌وجوی معماری عصبی برای وظایف تحلیل تصاویر پزشکی از جمله تقسیم‌بندی تومور در تصاویر پزشکی انجام شده است. این روش‌ها دخالت دستی را کاهش داده و در نتیجه عمل‌کرد را بهبود بخشیده‌اند. در مقاله‌ی [۱۹] یک بررسی جامع درباره‌ی یادگیری عمیق در تحلیل تصاویر پزشکی انجام شده است که توجه روزافزون به بهره‌گیری از روش‌های یادگیری عمیق برای وظایف مختلف تصویربرداری پزشکی از جمله تقسیم‌بندی تومور را نشان می‌دهد. در حالی که این بررسی به طور خاص روی تکنیک‌های جست‌وجوی معماری عصبی تمرکز ندارد اما به ارائه‌ی رویکردهای ارزشمندی برای پتانسیل روش‌های یادگیری عمیق

^۱ Ebola optimization search algorithm

جدول (۱) - مقایسه‌ی روش‌های پیشین

کاربرد	مقاله	عملکرد	تصویربرداری	اندام	کاربرد	الگوریتم	روش
هزینه‌ی محاسباتی کم، مناسب تصاویر بدون پیچیدگی و نویز	[۳۵]	Acc 88.8	اولتراسوند	سینه	طبقه‌بندی	PCA-SVM	کلاسیک
	[۳۶]	Acc 82	اولتراسوند	تیروئید	طبقه‌بندی	HOG	
هزینه‌ی محاسباتی بالا، نیاز به دانش حرفه‌ای و مداخله‌ی انسانی، کاهش عمل کرد با افزایش عمق معماری، وابستگی عمل کرد DNN به مدل معماری و پارامترهای مدل	[۳۵]	Acc 92.4	اولتراسوند	سینه	طبقه‌بندی	DPN	یادگیری ماشین
	[۳۶]	Acc 93.1	اولتراسوند	تیروئید	طبقه‌بندی	CNN	شبکه‌های با دست‌ساز
	[۳۷]	Acc 90	اولتراسوند	سینه	طبقه‌بندی	CNN	
	[۳۸]	DICE96 DICE95	CT	کبد طحال	تقسیم‌بندی	UNET++	
نیاز به سخت‌افزار قوی، هزینه‌ی محاسباتی بالا، افزایش دقت در تصاویر پیچیده، توانایی کاوش فضای جست‌وجوی پیچیده، انعطاف‌پذیری بالا در یک پارچه - سازی دانش حل مساله	[۳۹]	Miou99 DSC88	اولتراسوند	عصب	تقسیم‌بندی	Nas-UNet	جستجوی معماری
	[۸]	Acc 96.78	-	CIFAR	طبقه‌بندی	Automatically Designing CNN + Genetic Algorithm	عصبی
	[۲۰]	Acc 90.6	MRI	مغز	طبقه‌بندی	NAS	

آن چه UNet را متمایز می‌کند ساختار رمزگذار-رمزگشا است که در آن ورودی چندین کانولوشن و عملیات ادغام را انجام می‌دهد به طوری که وضوح کاهش یافته و تعداد کانال‌ها افزایش می‌یابد تا یک گلوگاه خاص در آن ایجاد شود. شبکه‌ی عصبی در این فرایند، ویژگی‌های پیچیده‌تر و بیش‌تری را از ورودی یاد می‌گیرد. مطابق شکل (۲) UNet نوعی شبکه‌ی کانولوشن است که از رمزگذار خودکار برای تقسیم‌بندی معنایی استفاده می‌کند. معماری UNet دارای دو بخش اصلی است. نیمه‌ی اول، شبکه‌ی U-شکل یک رمزگذار و نیمه‌ی دوم، یک رمزگشا است. رمزگذار از چند بخش مجزا با لایه‌های کانولوشن و لایه‌های ادغام تشکیل شده است که به طور مکرر دو کانولوشن را انجام داده که هر کدام یک واحد خطی اصلاح شده و یک ادغام حداکثر برای نمونه‌برداری پایین انجام می‌دهند. با عمیق‌تر شدن لایه‌ها، تعداد نقشه‌های ویژگی افزایش می‌یابد به طوری که عمیق‌ترین لایه دارای اصلی‌ترین نقشه‌ی ویژگی است. رمزگشا نیز از چندین بخش مجزا با لایه‌های دکانولوشن و لایه‌های کانولوشن بالا^۱ با نمونه‌برداری و دو کانولوشن تشکیل شده است که هر یک با یک تابع فعال‌سازی دنبال می‌شوند. نقشه‌های ویژگی قسمت رمزگذار در همان عمق با نقشه‌های ویژگی به دست آمده از نمونه‌برداری بالا متصل می‌شوند. لایه‌ی آخر یک کانولوشن ۱×۱ انجام داده و به هر پیکسل یک کلاس اختصاص می‌دهد. این شبکه از اتصالات پرش برای ترکیب نقشه‌های

۳- روش پیشنهادی

در این بخش جزئیات روش پیشنهادی بیان شده که در آن از الگوریتم ژنتیک برای جست‌وجوی پارامترهای معماری شبکه‌ی UNet استفاده شده و هدف یافتن پارامترها برای این مدل شبکه است. پارامترهای این مدل به عنوان ژن‌های الگوریتم‌های ژنتیک در نظر گرفته شده است. به دلیل ترکیب این دو روش، نام مدل GNAS-UNet لحاظ شده است. در ابتدا شبکه‌ی UNet، سپس جست‌وجوی معماری عصبی با الگوریتم ژنتیک و در نهایت ترکیب این دو روش مورد بررسی قرار گرفته است.

۳-۱- شبکه‌ی UNet

شبکه‌ی UNet یکی از معروف‌ترین معماری‌های شبکه‌های عصبی کانولوشن برای کاربردهای پردازش تصویر و تشخیص الگو است. این شبکه برای مسائلی مانند تشخیص تصاویر پزشکی، تشخیص اشیا و غیره به کار می‌رود. نام UNet از ساختار خاص این شبکه الهام گرفته شده است که شباهتی به حرف U دارد. شبکه‌ی UNet در سال ۲۰۱۵ ارائه شده و در اصل برای بررسی تصاویر پزشکی به ویژه تصاویر پرتوگرافی در زمینه‌ی پزشکی هوش مصنوعی استفاده شده است. با استفاده از شبکه‌ی UNet می‌توان تصاویر را به طور دقیق‌تر و با کیفیت بالاتری تحلیل و پردازش کرد و مسائلی مانند تقسیم‌بندی تصاویر پزشکی را بهبود داد.

^۱ UPConvolution

که همان معماری‌های شبکه‌ی جدید است را ایجاد کند. ایده‌ی اصلی این عمل‌گر تقاطع این است که اولاً با به ارث بردن لایه‌های مشترک از رشته‌های کروموزم هر دو والد، بلوک‌های مشترک بین هر دو والد را حفظ کند تا کل ساختار هر معماری خراب نشده و الگوریتم وارد فضای جست‌وجوی تصادفی نشود. این کار باعث می‌شود تا الگوریتم ژنتیک کنترل شده و واگرا نشود. ثانیاً با محدود کردن تعداد لایه‌های قابل تغییر در رشته‌ی کروموزم والدین در هر تکرار، نسبتاً می‌توان از مقدار پیچیدگی وراثت و تغییرات در فرزندان کاست. این کار باعث می‌شود ارتباط بین نسل‌ها حفظ شده و مسیر تکامل به درستی بدون واگرا شدن طی شود. هم‌چنین با کمک موارد بالا تنوع جمعیت حفظ شده و الگوریتم از بهینه‌ی محلی فرار می‌کند. تقاطع پیشنهادی به معماری‌های منتخب والدین اجازه می‌دهد تا به طور موثر فازها یا زیرساخت‌ها را در یک بلوک مبادله کنند.

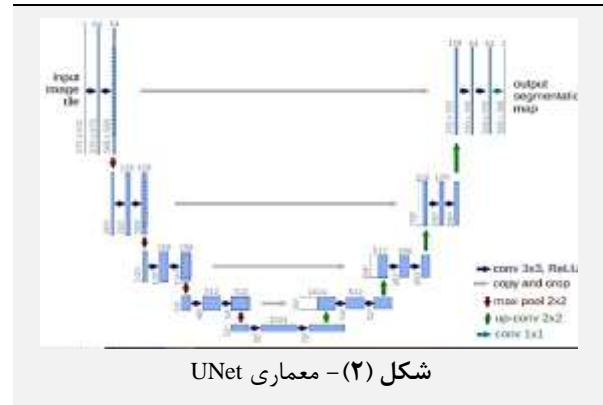
۳-۲-۳- جهش

برای افزایش تنوع جمعیت که عملاً دارای معماری شبکه‌های مختلف است و توانایی فرار از بهینه‌ی محلی، از یک عمل‌گر جهش مبتنی استفاده شده است. با توجه به ماهیت رمزگذاری، یک تغییر کوچک در فضای کروموزم به طور بالقوه می‌تواند یک معماری کاملاً متفاوت در فضای جست‌وجو ایجاد کند. پس از انجام موارد فوق، معماری سنجیده شده تا از ساختن معماری نامعتبر جلوگیری شود. در صورتی که معماری نامعتبر باشد وارد مرحله‌ی ترمیم شده و در صورتی که معماری را نتواند ترمیم کند، معماری حذف شده و مجدد تلاش به ساخت می‌کند. این کارها باعث می‌شود کار بین جست‌وجوی سراسری و جست‌وجوی محلی قرار گیرد و از به دام افتادن در جست‌وجوی تصادفی و بهینه‌ی محلی خلاص شود. موارد گفته شده در الگوریتم (۱) آورده شده است.

الگوریتم (۱) - الگوریتم GNAS

- ۱- جمعیت اولیه را بساز
- ۲- جمعیت را ارزیابی کن
- ۳- عملیات انتخاب و تقاطع را انجام بده
- ۴- عملیات جهش را روی فرزندان اجرا کن
- ۵- عملیات ترمیم را روی فرزندان اجرا کن
- ۶- فرزندان را ارزیابی کن
- ۷- عمل جایگزینی نسل را انجام بده
- ۸- تا پایان میزان تکرار مراحل ۳ تا ۷ را اجرا کن
- ۹- معماری نهایی را انتخاب کن

ویژگی معنایی سطح بالا از رمزگشا و نقشه‌های ویژگی دقیق سطح پایین مربوطه از رمزگذار استفاده می‌کند. با توجه به اتصال پرش و شبکه‌ی نسبتاً کوچکی که در بالا توضیح داده شده، در این کار برای ساخت فضای جست‌وجو از این مدل استفاده شده است. در این مقاله از معماری نشان داده شده در شکل (۲) برای ساخت جمعیت اولیه استفاده شده است.



شکل (۲) - معماری UNet

۳-۲-۲- جست‌وجوی معماری عصبی با الگوریتم ژنتیک

جست‌وجوی معماری عصبی با الگوریتم ژنتیک^۱ (GNAS) یک فرایند تکراری است که در آن راه‌حل‌های اولیه به تدریج به صورت گروهی ساخته شده که جمعیت نام دارد. در هر تکرار، همان تعداد فرزندان (معماری‌های شبکه‌ی جدید) از والدین انتخاب شده از جمعیت تولید می‌شود. هر یک از اعضای جمعیت (شامل هر دو والدین و فرزندان) برای بقا و تولید مثل (والد شدن) در تکرار بعدی رقابت می‌کنند. جمعیت اولیه با دانش قبلی از معماری‌های شبکه‌ی دست‌ساز ایجاد می‌شود. پس از مقداردهی اولیه، جست‌وجوی کلی در دو مرحله‌ی متوالی، یک کاوش و ارزیابی انجام می‌شود.

۳-۲-۱- کاوش

هدف این مرحله کشف راه‌های متنوع اتصال گره‌ها برای تشکیل بلوک و لایه‌ها است. عملیات ژنتیکی تقاطع^۲ و جهش، ابزار موثری برای تحقق این هدف است.

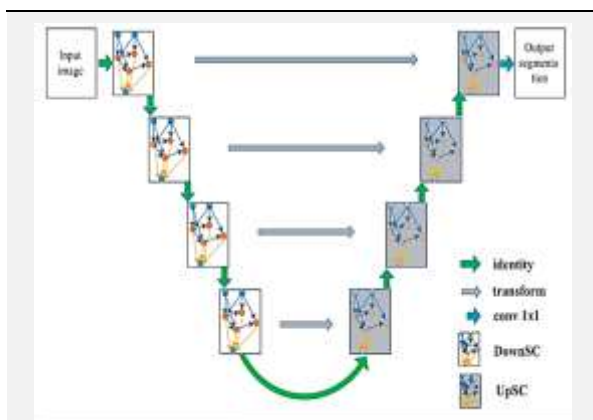
۳-۲-۲- تقاطع

در زمینه‌ی NAS یک بلوک یا زیرساختار یک بلوک که لایه است را می‌توان به عنوان یک بخش قابل تغییر در نظر گرفت. در این‌جا از یک اپراتور تقاطع همگن استفاده شده که دو عضو جمعیت انتخاب شده را به عنوان والدین می‌گیرد تا با به ارث بردن و ترکیب مجدد بلوک‌های ساختمانی از والدین، فرزندان

^۲ Crossover

^۱ Genetic Neural Architecture Search

از روش ژنتیک برای کاوش بهره برده است. همچنین فضای جست‌وجوی کامل‌تری برای تغییر در معماری‌ها در نظر گرفته شده است. در مقاله‌ی [۴۰] نشان داده شده که نرمال‌سازی به کار رفته در کار آن‌ها بهتر از نرمال‌سازی دسته‌ای بوده به خصوص زمانی که اندازه‌ی دسته بسیار کوچک‌تر است. از آن‌جا که اندازه‌ی دسته‌بندی وظیفه‌ی تقسیم‌بندی بسیار کوچک‌تر از طبقه‌بندی تصویر بوده، در روش پیشنهادی از نرمال‌سازی گروهی به جای نرمال‌سازی دسته‌ای استفاده شده است.



شکل (۴) - ساختار NAS-UNet، مستطیل: معماری سلولی (نیاز به جست‌وجو)، فلش سبز: جریان نقشه‌ی ویژگی (تصویر ورودی)، فلش خاکستری: عملیات نمونه‌برداری بالا (جست‌وجو به طور خودکار) [۳۹]

۲-۳-۳- استراتژی رمزگذاری

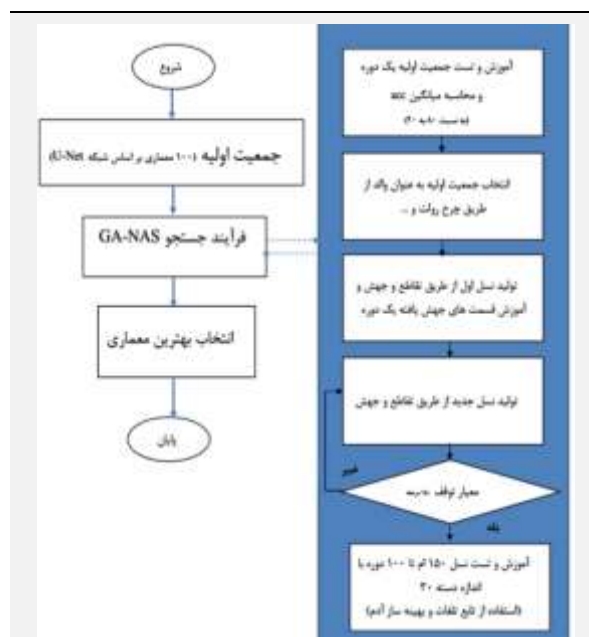
این مدل دارای ۴ سلول کاهش ابعاد (نمونه‌برداری پایین) و ۴ سلول افزایش ابعاد تصویر (نمونه‌برداری بالا) است. در واقع لایه‌های کانولوشن ساختار UNet با این سلول‌ها جایگزین می‌شود. مطابق شکل (۵) در داخل هر کدام از سلول‌ها عملیات نمونه‌برداری بالا (مانند ادغام، کاهش وزن^۴، کاهش عمق کانولوشن، کاهش اتساع کانولوشن^۵ و ..) و عملیات نمونه‌برداری پایین (مانند افزایش وزن، افزایش عمق کانولوشن و ..) وجود دارد. در ادامه نحوه‌ی اتصال بخش‌های مختلف معماری کد شده در فضای جست‌وجو اضافه شده است. هر کروموزم شامل ۹ سلول بوده که مجموعه‌ای از اعداد صحیح است. هر سلول ساختار اتصال نودها و نوع عمل‌گر بین آن‌ها را نشان می‌دهد. برای هر نود یک بردار باینری وجود دارد که اتصال با نودهای بعدی آن را نشان می‌دهد. اگر صفر باشد عمل‌گری بین آن‌ها وجود ندارد و اگر ۱ باشد یک عمل‌گر بین آن‌ها خواهد بود.

^۴ Down Cweight

^۵ Down Dilation Conv

۳-۳- مدل GNAS-UNet

در روش پیشنهادی از الگوریتم ژنتیک برای پیدا کردن بهترین ساختار مدل شبکه‌ی UNet استفاده شده است. در شکل (۳) معماری مدل شامل سه جز اصلی NAS (فضای جست‌وجو که جمعیت اولیه از آن انتخاب می‌شود، استراتژی جست‌وجوی GA-NAS، ارزیابی و انتخاب بهترین معماری) نشان داده شده است. در ادامه بحث کوتاهی از هر مولفه بیان شده است.



شکل (۳) - معماری GNAS-UNet

۳-۳-۱- فضای جست‌وجوی مدل GNAS

برای ساخت فضای جست‌وجو از روش سلولی استفاده شده است. در شکل (۴) ساختار NAS-UNet نشان داده شده است. هدف کدگذاری این ساختار است. در این کار کل معماری اصلی به صورت سلول‌هایی در نظر گرفته شده است تا در ابتدا ساختار داخلی سلول‌ها یافت شود و سپس سلول‌ها به صورت متوالی پشت سر هم قرار بگیرند و ارتباطات بین سلول‌ها در آخر تعیین شود تا معماری نهایی حاصل شود. با این کار یک معماری کد شده و برای ساخت فضای جست‌وجو از تغییر پارامترهای قابل تغییر همین معماری استفاده می‌شود. در این کار به غیر از موارد مختلف کاهش و افزایش ابعاد در روند معماری، برای ساخت فضای جست‌وجوی بهتر و کامل‌تر از ابعاد و عمق مختلف برای لایه‌های دیگر نیز استفاده شده است. در کار NAS-UNet برای کاوش می‌توان از روش DART^۱ استفاده کرد اما این کار

^۱ Differentiable Architecture Search

^۲ DownSC: Down Sample Operation

^۳ UpSC: Up Sample Operation

بین کروموزم دو والد جابه‌جا می‌شود. در فرایند جهش، هر کروموزم می‌تواند جهش کوچکی داشته باشد. در این روش یک ژن از یک کروموزم به صورت تصادفی انتخاب شده و مقدار محتوای آن ژن به صورت تصادفی از بین مقادیر قابل قبول آن انتخاب می‌شود. زمانی که یک معماری جدید از طریق تقاطع یا جهش تولید می‌شود، ممکن است نامعتبر باشد بنابراین باید حذف یا تعمیر شود. در این مقاله از عمل‌گر تعمیر برای اصلاح معماری‌های ایجاد شده‌ی نامعتبر استفاده شده است.

۳-۳-۴- استراتژی ارزیابی

تابع برازش در این مدل میزان دقت مدل شبکه (بر اساس کروموزم) در استخراج توده در تصویر اولتراسوند است.

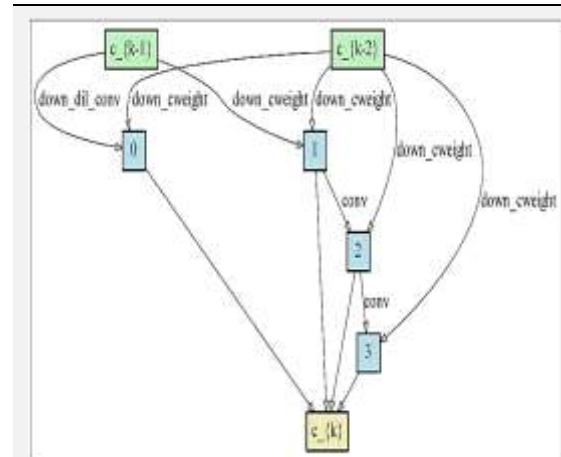
۴- مجموعه‌ی داده

مجموعه‌ی داده‌های تصویر اولتراسوند سینه برای تحقیقات و تشخیص سرطان سینه مهم و پرکاربرد است. مجموعه‌ی داده‌ها حاوی انبوهی از اطلاعات است که می‌تواند برای توسعه و ارزیابی الگوریتم‌های تقسیم‌بندی و تشخیص سرطان سینه استفاده شود. الگوریتم‌های پردازش تصویر اولتراسوند با کمک پایگاه داده‌های BUS^۱ در دهه‌های اخیر پیشنهاد شده اما عمل‌کرد بیش‌تر رویکردها با استفاده از مجموعه‌ی داده‌های خصوصی نسبتاً کوچک با معیارهای کمی متفاوت ارزیابی شده است. معیارهایی برای تقسیم‌بندی تصویر اولتراسوند سینه^۲ وجود دارد که مورد بررسی قرار گرفته است [۴۱]. در این مقاله معیار-ها برای مقایسه‌ی روش‌های موجود به طور عینی و تعیین عمل‌کرد بهترین الگوریتم‌های تقسیم‌بندی و طبقه‌بندی تومور سینه روی مجموعه‌ی داده‌های BUSI شامل تصاویر دوبعدی اولتراسوند سینه بررسی شده است. مجموعه‌ی داده‌های BUSI دارای تصاویر خوش‌خیم، بدخیم و نرمال سینه است.

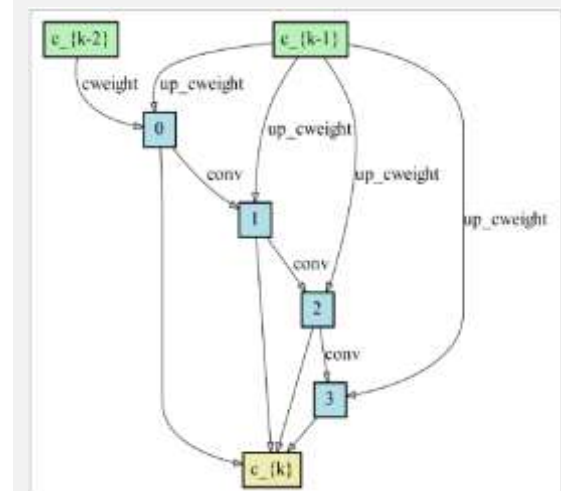
۵- نتایج

داده‌های جمع‌آوری شده شامل ۷۸۰ تصویر سونوگرافی سینه از زنان ۲۵ تا ۷۵ ساله است. این داده‌ها در سال ۲۰۱۸ جمع‌آوری شده است. تصاویر به سه دسته‌ی ۱۳۳ تصویر طبیعی، ۴۸۷ تصویر خوش‌خیم و ۲۱۰ تصویر بدخیم دسته‌بندی شده است. اندازه‌ی تصاویر در این مجموعه ۵۰۰×۵۰۰ پیکسل و هر تصویر دارای یک تصویر بوده که به صورت دستی تقسیم‌بندی شده است. این تصاویر با استفاده از دو دستگاه سونوگرافی LOGIQ E9 و سیستم اولتراسوند

سپس شماره‌ی نوع عمل‌گر که برای لایه‌های کاهش ابعاد (کانولوشن، ادغام میانگین، ادغام ماکسیمم، عمل‌گر بدون تغییر ابعاد و غیره [۳۹]) و برای لایه‌های افزایشی (کانولوشن ۱×۱، کانولوشن عمیق، عمل‌گر بدون تغییر ابعاد و غیره [۳۹]) است. این بردارها در کنار هم یک سلول کروموزم را تشکیل می‌دهند.



الف



ب

شکل (۵) - مثالی از عملیات معماری سلول‌ها با فرض وجود ۵ نود میانی، الف) عملیات معماری سلول‌های کاهش ابعاد، ب) عملیات معماری سلول‌های افزایش ابعاد، نودهای ورودی خروجی لایه‌ی قبل و لایه‌ی قبل‌تر (دو لایه‌ی قبل) هستند [۳۹] (C_{k-1} و C_{k-2})

۳-۳-۳- استراتژی جست‌وجوی مدل NAS

یک استراتژی جست‌وجوی مبتنی بر الگوریتم ژنتیک به طور تکراری از مجموعه‌ای از راه‌حل‌ها با استفاده از عمل‌گر تقاطع و جهش تولید می‌شود. از ترکیب تک‌نقطه‌ای برای تقاطع در این روش استفاده شده است. در این روش یک نقطه روی سلول‌های دو کروموزم والد به صورت تصادفی انتخاب شده که نقطه‌ی تقاطع را نشان می‌دهد. بیت‌های سمت راست آن نقطه

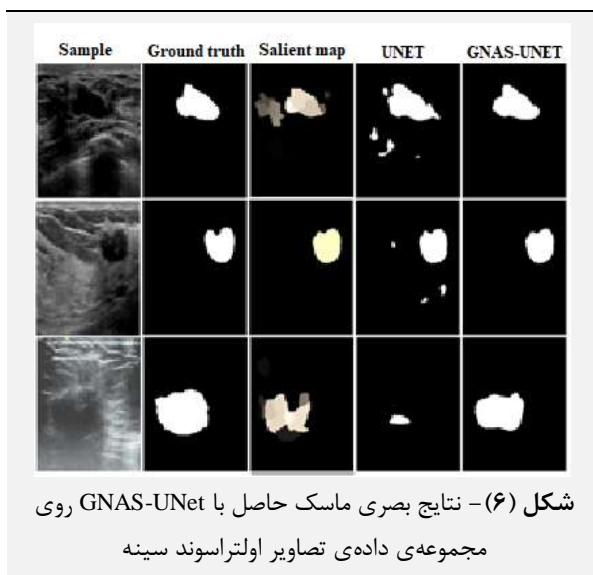
^۱ Breast Ultrasound Image Segmentation

^۲ Breast Ultrasound

جدول (۲) - معیارهای ارزیابی

معادله	پارامتر
$Acc = \frac{TP + TN}{(TP + TN + FP + FN)}$	Accuracy
$Pr = \frac{TP}{(TP + FP)}$	Precision
$R = \frac{TP}{(TP + FN)}$	Recall
$DC = \frac{2TP}{2TP + FP + FN}$	Dice Coefficient
$mIOU = \frac{1}{10} \sum_t IoU_t; t += 0.5 \leq 0.95$ $IOU = \frac{TP}{TP + FP + FN}$	Mean Intersection Over Union
$AHD = \frac{1}{2} \left(\frac{1}{p} \sum_{p \in P} \min_{g \in G} d(p, g) + \frac{1}{g} \sum_{g \in G} \min_{p \in P} d(p, g) \right)$	Average Hausdroff Distance
$MAE = \frac{ p - g }{N}$	Mean Absolute Error

مدل ارائه شده یک ماسک استخراج تومور باینری را برای یک تصویر BUSI تولید می‌کند. نتایج بصری کار با روش‌هایی که کد اجرایی آن موجود بوده در شکل (۶) مورد بررسی قرار گرفته و مشخص شده که مدل پیشنهادی دارای دقت بالاتری در تشخیص بوده و همچنین جداسازی بخش مورد نظر را بهتر، کامل‌تر و با نویز کم‌تر شناسایی کرده است.



مقایسه‌ای از نتایج رقمی به دست آمده با روش‌های مختلف روی دیتاست BUSI در جدول (۳) ارائه شده است. تمام پیاده‌سازی‌های انجام شده در روش‌های مختلف موجود در جدول از مقاله‌ی RCA-IuNet [۴۲] آورده شده است. در این کار فضای جست‌وجویی متناسب با معماری‌ها ساخته شده

Agile LOGIQ E9 در بیمارستان باهیا (قاهره، مصر) تولید شده است. تمام ۷۸۰ تصویر دارای مرجع درستی دستی مربوطه هستند. در این ماسک‌های واقعی تومورها با استفاده از نرم‌افزار MATLAB تولید شده است. مجموعه‌ی داده برای تحقیق در دسترس عموم است. تصاویر تولید شده با رزولوشن ۱۲۸۰×۱۰۲۴ بوده و پروب خطی استفاده شده برای کار با فرکانس ۵-۱ مگاهرتز است. برای ارزیابی عمل‌کرد مدل پیشنهادی، یک آزمایش اعتبارسنجی انجام شده است. در تصاویر اعتبارسنجی، برای پیکسل تومور برچسب صفر و برای پیکسل پس‌زمینه برچسب ۱ اختصاص داده شده است. مجموعه‌ی داده‌ی BUSI استفاده شده در این کار به طور تصادفی به ۸۰٪ مجموعه‌ی آموزشی و ۲۰٪ تست تقسیم شده و در طول آزمایش یکسان نگه داشته شده است.

بهینه‌ساز آدام^۱ برای آموزش شبکه انتخاب شده، نرخ یادگیری اولیه‌ی شبکه برابر با ۰/۰۰۱ بوده و اندازه‌ی دوره و دسته به ترتیب روی ۱۰۰ و ۳۰ تنظیم شده است. در تمام روش‌های انجام شده توسط متخصصان، از دانش محقق و روش‌های سعی و خطا برای ساخت مدل استفاده شده است اما این کار به زمان زیاد و تخصص بالایی نیاز دارد. بنابراین هدف این پژوهش استفاده از روش خودکار جست‌وجوی معماری عصبی است. ساخت مدل، ارتباط‌های اجزای داخلی مدل و مقادیر و ابعاد لایه‌ها به صورت خودکار انجام شده تا خود الگوریتم با کاوش در فضای جست‌وجو مقادیر بهینه‌ی آن‌ها را بیابد.

سخت‌افزار مورد استفاده برای آموزش و تست مدل برای اجرای آزمایش‌ها مجهز به پردازنده‌ی ۷ هسته‌ای، هارد ۱۲۸ گیگابایت، رم ۳۲ گیگابایت و پردازنده‌ی گرافیکی ۱۶ گیگابایت و نرم‌افزار مورد استفاده ژوپیتار با زبان برنامه‌نویسی پایتون است. در برخی از بخش‌ها از پردازش ابری کولب نیز استفاده شده است.

در مرحله‌ی آموزش، فرآیندهایی از جمله دوره‌ها، اندازه‌ی دسته، نرخ یادگیری و تکانه تنظیم شده است. آزمایش‌ها با دقت طراحی شده و با استفاده از اعتبارسنجی متقاطع پنج برابری برای اطمینان از تعمیم و استحکام انجام شده است. در طول مرحله‌ی آزمایش، معیارهای ارزیابی هر مدل در مجموعه‌ی داده‌های اعتبارسنجی ارزیابی شده است. معیارهای ارزیابی استخراج تومور در جدول (۲) نشان داده شده که در آن TP تعداد مثبت واقعی، TN تعداد منفی واقعی، FP تعداد مثبت کاذب، FN تعداد منفی کاذب، p ماسک پیش‌بینی شده، g مرجع درستی، d فاصله‌ی اقلیدسی، N تعداد کل پیکسل‌ها و t آستانه‌ی پیش‌بینی است.

^۱ Adam

بخشد. اگر چه در مورد کم کردن تعداد پارامتر موفق نبوده اما با یافتن فرآیندهای مناسب در مدت زمان مناسب به نتایج بهتری دست یافته است.

در این مقاله یک مدل مبتنی بر ژنتیک با عدم آموزش نقاط تغییر نیافته‌ی قابل اعتماد برای کمک به کاهش هزینه‌ی محاسباتی با حفظ یا حتی افزایش کارایی پیشنهاد شده که منجر به نتیجه‌گیری در مدت زمان ۱۲ روز شده و کار طی ۱۲ روز به اتمام رسیده و نتایج گزارش شده است.

است. سپس توسط الگوریتم ژنتیک در این فضا کار کاوش شروع شده و طبق روندی که قبلاً ذکر شده، برترین معماری پیدا شده است. در نهایت معماری یافته شده وارد مرحله‌ی آموزش کامل شده و پس از تست و ارائه‌ی گزارش، کار تمام شده است. با هر بار تکرار این روش معماری جدیدی یافته خواهد شد. روش به کار رفته برای یافتن بهترین معماری، شبکه را قادر می‌سازد تا به بهترین نتایج استخراج تومور دست یابد. طبق آزمایشات صورت گرفته این کار موفق شده است خروجی نهایی را بهبود

جدول (۳) - نتایج حاصل با GNAS-UNet روی مجموعه‌ی داده‌ی تصاویر اولتراسوند سینه با یادگیری عمیق

MAE	AHD	MIOU	DC	Recall	Precision	Accuracy	Params	مدل
۰/۰۵۲	۵/۹۳۶	۰/۷۷۷	۰/۷۸۹	۰/۷۱۳	۰/۸۸۲	۰/۹۱	M ۲۹/۴	SegNet + vgg16
۰/۰۳۴	۵/۳۰۳	۰/۸۶۱	۰/۸۹	۰/۸۸۱	۰/۸۹۹	۰/۹۲۵	M ۳۶/۵	U-Net + resNet50
۰/۰۲۹	۵/۱۵۶	۰/۸۸۸	۰/۸۵۷	۰/۸۴۷	۰/۸۶۷	۰/۹۲۸	M ۳۷/۷	U-Net+++ + resNet50
۰/۰۲۷	۴/۹۸	۰/۸۹۱	۰/۸۹۳	۰/۸۹۲	۰/۸۹۴	۰/۹۳۹	M ۳۱/۹	Attention U-Net + vgg16
۰/۰۳۱	۵/۴۸۵	۰/۸۲۵	۰/۸۵۴	۰/۸۷۱	۰/۸۳۸	۰/۹۳۹	M ۲۰/۲	Dense U-Net + vgg16
۰/۰۲۴	۵/۳۴۵	۰/۸۵۱	۰/۸۳۶	۰/۸۳۲	۰/۸۴	۰/۹۳۳	M ۲۳/۷	DLA + vgg16
۰/۰۱۹	۴/۷۶	۰/۹۰۴	۰/۹۳۵	۰/۹۲	۰/۹۵	۰/۹۸	M ۲/۸	RCA-IuNet
۰/۰۱۸	۴/۶۶	۰/۹۰۶	۰/۹۳۷	۰/۹۲۷	۰/۹۵۱	۰/۹۸۲	M ۲/۸	GNAS-UNet

بهینه برای مدل شبکه‌ی عصبی کانولوشن استفاده شده است. در بین مدل‌های مختلف معماری از خانواده‌ی UNet برای تقسیم‌بندی تصاویر اولتراسوند به منظور ساخت فضای جست‌وجو برای کاوش معماری جهت استخراج تومور سینه استفاده شده است. در نهایت نتایج نشان داده که استفاده از GA در طراحی خودکار ساختارهای شبکه‌ی عصبی به ویژه برای وظایف تقسیم‌بندی تصاویر پزشکی بسیار موثر است.

الگوریتم ژنتیک با موفقیت یک فضای جست‌وجوی بزرگ از ساختارهای ممکن UNet را بررسی کرده و راه حل‌های دارای عمل کرد برتر را به طور کارآمد تکامل داده است. با بهره‌گیری از اصول تکاملی انتخاب، ترکیب و جهش، GA به طور مرحله به مرحله ساختارهای کاندید را بهبود بخشیده و به سوی تنظیماتی که دقت تقسیم‌بندی را بیشینه و هم‌چنین پیچیدگی محاسباتی را کمینه می‌کند، هم‌گرا می‌شود.

در این مقاله ساختارهای UNet ارتقا یافته با ساختارهای طراحی شده‌ی دستی مقایسه شده و عمل کرد رقابتی با بهبود یافته در انواع مختلفی از معیارهای ارزیابی مشاهده شده است. به طور قابل توجهی ساختارهای تکامل یافته دقت، حساسیت و ویژگی‌های خاصیت را ارتقا داده‌اند که بیانگر موثر بودن آن‌ها در تعیین محدوده‌های سرطان سینه در تصاویر اولتراسوند است. یکی از مزایای اصلی استفاده از GA برای جست‌وجوی ساختار، تعمیم و پایداری مدل‌های حاصل است. با توجه به طبیعت

از آن‌جا که در ابتدای کار با دانش روش‌های قبلی جمعیت اولیه ساخته شده لذا این کار کمک شایانی به مسیر دادن به الگوریتم ژنتیک کرده است. برای این که روند اجرای الگوریتم واگرا نشده و وارد فضای جست‌وجوی تصادفی نشود جمعیت اولیه نزدیک به معماری‌های دست‌ساز در نظر گرفته شده است. در صورتی که این کار انجام نمی‌شد و جمعیت به صورت تصادفی و بدون دانش ساخته می‌شد، الگوریتم احتمالاً در ابتدای کار واگرا می‌شد. در نهایت الگوریتم به جای بهینه‌سازی واقعی، به جواب‌های محلی محدود شده و یا حتی به جواب‌های نامشخص می‌رسید و کل کار خراب می‌شد. هم‌چنین با توجه به ساختار الگوریتم ژنتیک، برخی از ویژگی‌ها می‌تواند به کاهش احتمالی واگرایی کمک کند. در این کار استفاده از مکانیسم‌های ترمیم معماری نامعتبر و روش تنوع‌زا برای حفظ جمعیت متنوع و استفاده از نخبانان به جلوگیری از واگرایی کمک کرده است.

۶- بحث و نتیجه‌گیری

همان‌طور که در بخش‌های مختلف مشخص شد کارهای زیادی در مورد تقسیم‌بندی تصاویر اولتراسوند به منظور استخراج تومور سینه انجام شده است اما این پژوهش دو هدف دارد. اول این که کیفیت خروجی کار بالاتر رود و دوم این که از تجربه‌ی محققان قبلی برای ارتقای کار استفاده شود. برای رسیدن به این اهداف الگوریتم ژنتیک برای جست‌وجوی خودکار ساختار

۷- مراجع

- [1] B. Jin, L. Cruz, and N. Gonçalves, "Deep facial diagnosis: deep transfer learning from face recognition to facial diagnosis," *IEEE Access*, vol. 8, pp. 123649–123661, 2020.
- [2] T. Yao et al., "Compound figure separation of biomedical images with side loss," in *Deep Generative Models, and Data Augmentation, Labelling, and Imperfections: First Workshop, DGM4MICCAI 2021, and First Workshop, DALI 2021, Held in Conjunction with MICCAI 2021, Strasbourg, France, October 1, 2021, Proceedings 1, 2021*, pp. 173–183.
- [3] M. Zhao et al., "VoxelEmbed: 3D instance segmentation and tracking with voxel embedding based deep learning," in *Machine Learning in Medical Imaging: 12th International Workshop, MLMI 2021, Held in Conjunction with MICCAI 2021, Strasbourg, France, September 27, 2021, Proceedings 12, 2021*, pp. 437–446.
- [4] S. Minaee, Y. Boykov, F. Porikli, A. Plaza, N. Kehtarnavaz, and D. Terzopoulos, "Image segmentation using deep learning: A survey," *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, vol. 44, no. 7, pp. 3523–3542, 2021.
- [5] A. Rahman, J. M. J. Valanarasu, I. Hacihaliloglu, and V. M. Patel, "Ambiguous medical image segmentation using diffusion models," in *Proceedings of the IEEE/CVF conference on computer vision and pattern recognition, 2023*, pp. 11536–11546.
- [6] K. Kratkiewicz, A. Pattyn, N. Alijabbari, and M. Mehrmohammadi, "Ultrasound and photoacoustic imaging of breast cancer: clinical systems, challenges, and future outlook," *J. Clin. Med.*, vol. 11, no. 5, p. 1165, 2022.
- [7] S. Suganyadevi, V. Seethalakshmi, and K. Balasamy, "A review on deep learning in medical image analysis," *Int. J. Multimed. Inf. Retr.*, vol. 11, no. 1, pp. 19–38, 2022.
- [8] Y. Sun, B. Xue, M. Zhang, G. G. Yen, and J. Lv, "Automatically designing CNN architectures using the genetic algorithm for image classification," *IEEE Trans. Cybern.*, vol. 50, no. 9, pp. 3840–3854, 2020.
- [9] R. Rajakumari and L. Kalaivani, "Breast Cancer Detection and Classification Using Deep CNN Techniques," *Intell. Autom. Soft Comput.*, vol. 32, no. 2, 2022.
- [10] Yadavendra and S. Chand, "A comparative study of breast cancer tumor classification by classical machine learning methods and deep learning method," *Mach. Vis. Appl.*, vol. 31, no. 6, p. 46, 2020.
- [11] H. Zhang, L. Han, K. Chen, Y. Peng, and J. Lin, "Diagnostic efficiency of the breast ultrasound computer-aided prediction model based on convolutional neural network in breast cancer,"

طراحی معماری از دانش دامنه‌ی خاص، مدل‌های UNet ارتقا یافته عمل‌کرد تقسیم‌بندی پایدار را در شرایط مختلف تصویربرداری اولتراسوند از جمله تغییرات در کیفیت تصویر، وضوح و جمعیت بیمار نشان داده است.

با روش جست‌وجوی معماری عصبی، با جست‌وجو و ارزیابی معماری‌های متعدد، یک معماری بهبود یافته برای تقسیم‌بندی تصویر اولتراسوند سرطان سینه ایجاد شده است که اگر قرار بود این تعداد معماری به صورت دستی طراحی و ارزیابی شود نیازمند تلاش چندین ساله بود. رویکرد پیشنهادی بسیار قابل توسعه و سازگار با دیگر روش‌های تصویربرداری پزشکی و وظایف تقسیم‌بندی است. با استفاده از اصول تکاملی، مدل ارائه شده توسعه‌ی سریع را برای حل مسائل مختلف تجزیه و تحلیل تصاویر پزشکی ارائه می‌دهد. علاوه بر این، طبیعت UNet اجازه‌ی ادغام ساده‌ی لایه‌های اضافی یا اصلاحات معماری را برای استفاده از نیازها یا دانش دامنه‌ی خاص فراهم می‌کند.

علی‌رغم کارایی آن، این مدل چندین محدودیت دارد. هزینه‌ی محاسباتی مرتبط با جست‌وجوی مبتنی بر GA برای جست‌وجوی ساختار یک چالش به ویژه برای مجموعه‌ی داده‌های بزرگ و ساختارهای شبکه‌ی عصبی پیچیده است.

جهت مقابله با چالش‌های الگوریتم ژنتیک می‌توان از روش‌های هوشمندانه با کمک روش‌های ابتکاری و فراابتکاری برای کنترل و تنظیم پارامترهای مربوط به الگوریتم ژنتیک استفاده کرد. هنوز در این موارد در حوزه‌ی کارهای بزرگ مانند جست‌وجوی معماری عصبی کار مهمی صورت نگرفته است. با انجام مطالعات و تحقیقات در این زمینه در آینده می‌توان هزینه‌ی محاسباتی و مشکل واگرایی این الگوریتم را تا حدود زیادی برطرف کرد.

در پژوهش‌های آینده می‌توان به بررسی استراتژی‌های بهینه‌سازی موثرتر یا چارچوب‌های محاسباتی موازی برای کاهش این چالش پرداخت. علاوه بر این، بررسی انتقال قابلیت تکامل یافته‌ها به مجموعه‌های داده‌ی مختلف و تنظیمات بالینی اطلاعات بیش‌تری ارائه داده و قدرت تعمیم و پایداری آن‌ها را افزایش خواهد داد. این مطالعه توانایی جست‌وجوی ساختار مبتنی بر ژنتیک برای بهینه‌سازی مدل‌های UNet به منظور استخراج توده‌ی سرطان سینه از تصاویر اولتراسوند را نشان داده است. با بهره‌گیری از اصول تکاملی، مدل ارائه شده سبب تسریع در طراحی خودکار ساختارهای شبکه‌ی عصبی تخصصی به منظور تحلیل تصاویر پزشکی مختلف شده و این امر منجر به پیشرفت در حوزه‌ی رایانه‌های کمکی^۱ برای تشخیص و برنامه‌ریزی درمان سرطان سینه می‌شود.

^۱ Computer-Aided Design

- detection,” *Adv. Neural Inf. Process. Syst.*, vol. 32, 2019.
- [27] A. Li et al., “A generalized framework for population based training,” in *Proceedings of the 25th ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery & Data Mining*, 2019, pp. 1791–1799.
- [28] S. R. Young, D. C. Rose, T. P. Karnowski, S.-H. Lim, and R. M. Patton, “Optimizing deep learning hyper-parameters through an evolutionary algorithm,” in *Proceedings of the workshop on machine learning in high-performance computing environments*, 2015, pp. 1–5.
- [29] M. U. Nasir, S. Earle, J. Togelius, S. James, and C. Cleghorn, “LLMatic: neural architecture search via large language models and quality diversity optimization,” in *Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference*, 2024, pp. 1110–1118.
- [30] X. Han, Y. Xue, Z. Wang, Y. Zhang, A. Muravev, and M. Gabbouj, “SaDENAS: A self-adaptive differential evolution algorithm for neural architecture search,” *Swarm Evol. Comput.*, vol. 91, p. 101736, 2024.
- [31] W. Shao, “A Survey on Neural Architecture Search Based on Reinforcement Learning,” *arXiv Prepr. arXiv2409.18163*, 2024.
- [32] P. S. Carras, C. Pereira, D. Biswas, C. Lee, S. Partridge, and A. M. Alessio, “Genetic algorithm for machine learning architecture selection for breast MRI classification,” in *Medical Imaging 2020: Computer-Aided Diagnosis*, 2020, vol. 11314, pp. 488–493.
- [33] O. N. Oyelade and A. E. Ezugwu, “A bioinspired neural architecture search based convolutional neural network for breast cancer detection using histopathology images,” *Sci. Rep.*, vol. 11, no. 1, p. 19940, 2021.
- [34] S. Zhang et al., “Fully automatic tumor segmentation of breast ultrasound images with deep learning,” *J. Appl. Clin. Med. Phys.*, vol. 24, Dec. 2022, doi: 10.1002/acm2.13863.
- [35] X. Liu, J. Shi, and Q. Zhang, “Tumor classification by deep polynomial network and multiple kernel learning on small ultrasound image dataset,” *Lect. Notes Comput. Sci. (including Subser. Lect. Notes Artif. Intell. Lect. Notes Bioinformatics)*, vol. 9352, pp. 313–320, 2015, doi: 10.1007/978-3-319-24888-2_38.
- [36] T. Liu, S. Xie, J. Yu, L. Niu, and W. Sun, “Classification of thyroid nodules in ultrasound images using deep model based transfer learning and hybrid features,” in *2017 IEEE international conference on acoustics, speech and signal processing (ICASSP)*, 2017, pp. 919–923.
- [37] S. Han et al., “A deep learning framework for supporting the classification of breast lesions in ultrasound images,” *Phys. Med. Biol.*, vol. 62, no. 19, p. 7714, 2017.
- [38] H. Huang et al., “Unet 3+: A full-scale connected unet for medical image segmentation,” in *ICASSP 2020-2020 IEEE J. Digit. Imaging*, vol. 33, pp. 1218–1223, 2020.
- [12] R. M. de Miranda Almeida, D. Chen, A. L. da Silva Filho, and W. C. Brandao, “Machine Learning Algorithms for Breast Cancer Detection in Mammography Images: A Comparative Study,” in *ICEIS (1)*, 2021, pp. 660–667.
- [13] B. Zoph and Q. V. Le, “Neural architecture search with reinforcement learning,” *arXiv Prepr. arXiv1611.01578*, 2016.
- [14] Y. Jaafra, J. L. Laurent, A. Deruyver, and M. S. Naceur, “Reinforcement learning for neural architecture search: A review,” *Image Vis. Comput.*, vol. 89, pp. 57–66, 2019.
- [15] Z. Cai, L. Chen, S. Zeng, Y. Lai, and H. Liu, “EST-NAS: An evolutionary strategy with gradient descent for neural architecture search,” *Appl. Soft Comput.*, vol. 146, p. 110624, 2023.
- [16] Z. Lv, X. Song, Y. Feng, Y. Ou, Y. Sun, and M. Zhang, “Evolutionary Neural Network Architecture Search,” in *Handbook of Evolutionary Machine Learning*, Springer, 2023, pp. 247–281.
- [17] T. Ren et al., “Convolutional neural network detection of axillary lymph node metastasis using standard clinical breast MRI,” *Clin. Breast Cancer*, vol. 20, no. 3, pp. e301–e308, 2020.
- [18] A. Raza, N. Ullah, J. A. Khan, M. Assam, A. Guzzo, and H. Aljuaid, “DeepBreastCancerNet: A novel deep learning model for breast cancer detection using ultrasound images,” *Appl. Sci.*, vol. 13, no. 4, p. 2082, 2023.
- [19] X. Liu, L. Song, S. Liu, and Y. Zhang, “A review of deep-learning-based medical image segmentation methods,” *Sustainability*, vol. 13, no. 3, p. 1224, 2021.
- [20] S. Chitnis, R. Hosseini, and P. Xie, “Brain tumor classification based on neural architecture search,” *Sci. Rep.*, vol. 12, no. 1, p. 19206, 2022.
- [21] L. Yang et al., “A 3D prediction model for benign or malignant of pulmonary nodules based on neural architecture search,” *Signal, Image Video Process.*, vol. 18, no. 1, pp. 843–852, 2024.
- [22] J.-S. Kang, J. Kang, J.-J. Kim, K.-W. Jeon, H.-J. Chung, and B.-H. Park, “Neural Architecture Search Survey: A Computer Vision Perspective,” *Sensors*, vol. 23, no. 3, 2023. doi: 10.3390/s23031713.
- [23] X. Wang and W. Zhu, “Advances in neural architecture search,” *Natl. Sci. Rev.*, vol. 11, no. 8, p. nwae282, Aug. 2024, doi: 10.1093/nsr/nwae282.
- [24] M. Črepinšek, S. Liu, and M. Mernik, “Exploration and Exploitation in Evolutionary Algorithms: A Survey,” *ACM Comput. Surv.*, vol. 45, p. Article 35, Jun. 2013, doi: 10.1145/2480741.2480752.
- [25] E. Real et al., “Large-scale evolution of image classifiers,” in *International conference on machine learning*, 2017, pp. 2902–2911.
- [26] Y. Chen, T. Yang, X. Zhang, G. Meng, X. Xiao, and J. Sun, “Detnas: Backbone search for object



- computer vision (ECCV), 2018, pp. 3–19.
- [41] B. M. Shareef et al., “A Benchmark for Breast Ultrasound Image Classification,” Available SSRN 4339660, 2023.
- [42] N. S. Punn and S. Agarwal, “RCA-IUnet: a residual cross-spatial attention-guided inception U-Net model for tumor segmentation in breast ultrasound imaging,” *Mach. Vis. Appl.*, vol. 33, no. 2, p. 27, 2022.
- international conference on acoustics, speech and signal processing (ICASSP), 2020, pp. 1055–1059.
- [39] Y. Weng, T. Zhou, Y. Li, and X. Qiu, “Nas-unet: Neural architecture search for medical image segmentation,” *IEEE access*, vol. 7, pp. 44247–44257, 2019.
- [40] Y. Wu and K. He, “Group normalization,” in *Proceedings of the European conference on*