



کاربرد شبکه‌های عصبی کانولوشنی در قطعه‌بندی تومورهای مغزی در تصاویر MRI

عاطفه عابدی^۱، عرفان قدرتی^۲، هاجر دانش^{۱*}، فرهاد خسروی^۱

^۱ گروه برق و مهندسی پزشکی، دانشکده فنی و مهندسی، دانشگاه شهید اشرفی اصفهانی، اصفهان، ایران
^۲ انجمن علمی دانشجویی، گروه برق و مهندسی پزشکی، دانشکده فنی و مهندسی، دانشگاه شهید اشرفی اصفهانی، اصفهان، ایران
*نویسنده مسئول: هاجر دانش

چکیده

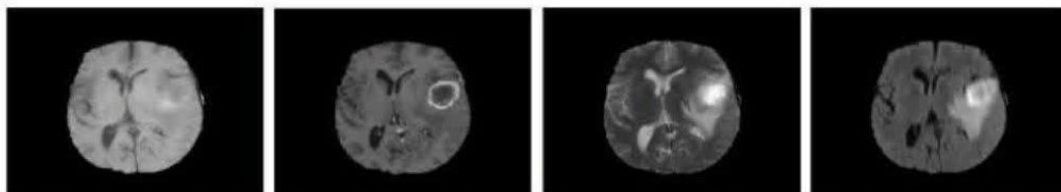
قطعه‌بندی تومورهای مغزی در تصاویر MRI به دلیل تنوع شکل، اندازه و موقعیت تومور، همواره با دشواری‌هایی همراه بوده است و از آنجا که قطعه‌بندی دستی نه تنها زمان‌بر است بلکه به مهارت رادیولوژیست وابسته بوده و احتمال خطای انسانی در آن وجود دارد، با ظهور شبکه‌های عصبی کانولوشنی (CNN) رویکردهای جدیدی برای قطعه‌بندی خودکار توسعه یافته‌اند که قادرند ویژگی‌های پیچیده تصویر را بدون نیاز به استخراج دستی یاد بگیرند؛ این مقاله مروری با بررسی سه دسته از معماری‌های CNN شامل شبکه‌های دوبعدی، سه‌بعدی و آبشاری در قطعه‌بندی تومور مغزی و مقایسه نتایج این روش‌ها بر روی مجموعه داده BRATS نشان می‌دهد که معماری‌های عمیق با فیلترهای 3×3 بالاترین دقت را با ضریب دایس ۸۸٪ برای تومور کامل، ۸۳٪ برای هسته تومور و ۷۷٪ برای ناحیه فعال به دست می‌آورند که با دقت ارزیاب انسانی قابل مقایسه است و نشان‌دهنده پتانسیل بالای این روش‌ها برای کاربرد بالینی می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: قطعه بندی تومور مغزی، یادگیری عمیق، شبکه‌های عصبی کانولوشنی، MRI، BRATS، پردازش تصویر پزشکی

۱. مقدمه

تصاویر MRI به دلیل کنتراست عالی بافت نرم و قابلیت شبیه‌سازی بافت مغزی، به طور گسترده در تشخیص تومورهای مغزی استفاده می‌شوند [۱]. با این حال، قطعه‌بندی تومور مغزی به دلیل تنوع زیاد در شکل، اندازه و مکان تومور همچنان نیاز به زمان و دقت کافی دارد [۲]. تشخیص زودهنگام تومورهای مغزی، به‌ویژه گلیوماها، پیش‌آگهی بیمار و نرخ بقا را به طور چشمگیری افزایش می‌دهد. روش‌های تشخیص مبتنی بر MRI برای شناسایی دقیق تومور ضروری هستند و نیاز به تکنیک‌های خودکار و قابل اعتماد قطعه‌بندی را بیش از پیش برجسته می‌سازند [۳]. روش‌های سنتی قطعه‌بندی مانند آستانه‌گذاری، رشد ناحیه و خوشه‌بندی (مثلاً k-means) اغلب در تعیین دقیق مرز تومور به دلیل پیچیدگی بافت مغز و ناهمگنی تومور ناتوان هستند [۱]. این روش‌ها همچنین به نویز حساس بوده، نیاز به تنظیم دستی پارامتر دارند و برای استفاده بالینی معمول به اندازه کافی مقاوم نیستند [۴].

چهار مدالیته‌ی رایج MRI برای ارزیابی گلیوما عبارتند از T1، T1 با کنتراست گادولینیوم (T1-Gd)، T2 و FLAIR. هر یک از این مدالیته‌ها، جنبه متفاوتی از بافت مغز و ساختار تومور را برای تحلیل دقیق‌تر آشکار می‌سازند [۵]. شکل ۱ نمونه‌هایی از این مدالیته‌ها را نشان می‌دهد.



شکل ۱- نمونه‌ای از چهار مدالیته (T1, T1-Gd, MRI, T2, FLAIR) از مجموعه داده BRATS2013 [۵].

۲. مواد و روش‌ها

به‌منظور انجام یک مرور جامع، جستجو در پایگاه‌های معتبر علمی شامل IEEE Xplore، PubMed و ScienceDirect با کلیدواژه‌های brain tumor segmentation، convolutional neural networks و MRI انجام شد. مقالات بر اساس مؤلفه‌های فنی شامل نوع معماری شبکه (دوبعدی، سه‌بعدی، آبشاری) و روش‌های پیش‌پردازش داده‌های چندمدالیته غربالگری شدند. در نهایت، داده‌های مرتبط استخراج، طبقه‌بندی و مورد بررسی قرار گرفتند.

۳. روش‌های قطعه‌بندی

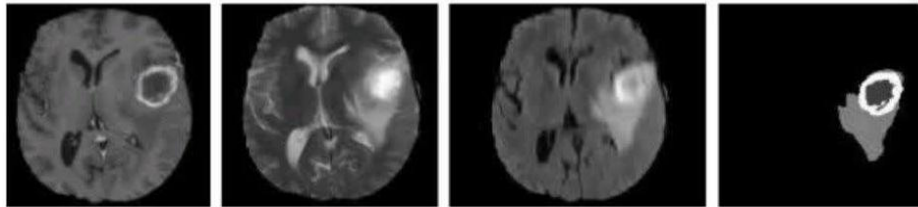
۳.۱. قطعه‌بندی دستی

قطعه‌بندی دستی توسط رادیولوژیست و با استفاده از تصاویر چندمدالیته و دانش آناتومی انجام می‌شود. اگرچه این روش بسیار وقت‌گیر و وابسته به اپراتور است، اما همچنان به عنوان معیار طلایی برای ارزیابی روش‌های خودکار در نظر گرفته می‌شود [۶].

۳.۲. قطعه‌بندی نیمه‌خودکار

قطعه‌بندی نیمه‌خودکار به ورودی اولیه کاربر نیاز دارد (مانند ناحیه مورد نظر، نقاط اولیه یا قطر تومور). به عنوان مثال، حمامچی و همکاران روش برش تومور را معرفی کردند که در آن کاربر قطر تومور را رسم می‌کند و سپس قطعه‌بندی با اتوماتای سلولی انجام می‌شود [۷]. در رویکرد دیگر، زیرمجموعه‌ای از واکسل‌ها توسط کاربر انتخاب شده و یک ماشین بردار پشتیبان (SVM) آموزش داده می‌شود. روش‌های نیمه‌خودکار نسبت به روش‌های دستی سریع‌تر هستند اما همچنان از

تغییرات بین کاربری و درون کاربری رنج می‌برند [۸]. شکل ۲- روند قطعه‌بندی تومور مغزی با نمایش مدالیت‌های ورودی و خروجی نهایی. در این تصویر، نحوه تفکیک نواحی مختلف تومور از بافت سالم مغز توسط الگوریتم‌های خودکار به تصویر کشیده شده است [۵].



شکل ۲- نمونه‌ای از فرآیند قطعه‌بندی تومور مغزی در مدالیت‌های مختلف [۵].

۳.۳ قطعه‌بندی کاملاً خودکار

روش‌های کاملاً خودکار هیچ تعامل کاربری نیاز ندارند و عمدتاً بر هوش مصنوعی و دانش قبلی تکیه می‌کنند. این روش‌ها معمولاً شامل مراحل پیش‌پردازش (حذف نویز، حذف جمجمه، تصحیح بایاس شدت)، استخراج ویژگی (شدت، بافت، گرادیان) و دسته‌بندی (مانند شبکه عصبی، SVM، جنگل تصادفی) هستند [۹، ۱۰]. بائر و همکاران [۹] در مرور جامع خود نشان دادند که روش‌های مبتنی بر مدل‌های احتمالاتی (مانند CRF) در ترکیب با طبقه‌بندهای سنتی، توانایی بهبود مرزهای قطعه‌بندی را دارند، اما این روش‌ها همچنان به استخراج ویژگی دستی وابسته بودند. مجموعه داده BRATS (مانند BRATS2015) شامل ۲۷۴ اسکن MRI چندمدالیت با آنوتاسیون دستی (معیار استاندارد برای ارزیابی است). عملکرد روش‌ها با معیارهایی نظیر امتیاز دایس، حساسیت و ویژگی سنجیده می‌شود [۵].

۴. روش‌های یادگیری عمیق در قطعه‌بندی تومور مغزی

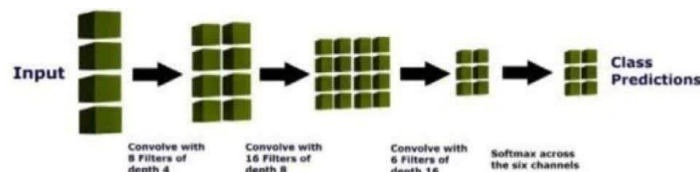
در روش‌های سنتی، انتخاب ویژگی‌ها (مانند بافت، هیستوگرام شدت و گرادیان‌ها) به صورت دستی (Hand-crafted) انجام می‌شد که علاوه بر سوگیری خطای انسانی، پایداری لازم را در مواجهه با ناهمگنی ساختاری تومورها نداشتند. در مقابل، CNNها از طریق عملگرهای کانولوشنال لایه‌ای، قادرند سلسله‌مراتبی از ویژگی‌ها را از سطوح پایین (لبه‌ها و بافت‌های ابتدایی) تا سطوح بالا (مفاهیم معنایی و کانتورهای پیچیده تومور) به صورت همگام با بهینه‌سازی تابع هزینه (End-to-End) فرا بگیرند [11، 12]. سیران و همکاران [۱۱] برای نخستین بار نشان دادند که شبکه‌های عصبی عمیق در قطعه‌بندی تصاویر میکروسکوپی الکترونی از روش‌های سنتی مبتنی بر ویژگی‌های دستی پیشی می‌گیرند و این موفقیت، راه را برای به‌کارگیری CNN در تصاویر پزشکی سه‌بعدی مانند MRI هموار ساخت.

۴.۱ معماری سه‌بعدی CNN

یکی از روش‌های کلیدی توسط Urban و همکاران ارائه شده است که از یک معماری سه‌بعدی CNN برای قطعه‌بندی چندمدالیت گلیوما استفاده می‌کند. در این رویکرد، مکعب‌هایی از واکسل‌های تصاویر MRI وارد شبکه می‌شوند. ورودی شبکه شامل داده‌های چهاربعدی (سه بعد مکانی + یک بعد مدالیت) است. این روش با وجود بهبود درک سه‌بعدی ساختارهای بیولوژیکی، منجر به افزایش بار محاسباتی و نیاز به حافظه بیشتر می‌شود. میانگین نتایج این روش بر روی مجموعه داده BRATS برای تومور کامل ۸۷٪، هسته تومور ۷۷٪ و ناحیه فعال ۷۳٪ گزارش شده است.

گزینش ابعاد ورودی یکی از چالش‌های بنیادین در طراحی شبکه‌های عصبی برای اسکن‌های چندمدالیت MRI است. زیکچ و همکاران [۵] با پیاده‌سازی لایه‌های دوبعدی نشان دادند که می‌توان با تبدیل حجم‌های سه‌بعدی به برش‌های (Slices) مجزای محوری، کروئال یا ساژیتال، بار محاسباتی را بهینه‌سازی کرد. در مقابل، در معماری سه‌بعدی اوربان و همکاران [۴]، فیلترها به صورت همزمان در سه بعد فضایی حرکت می‌کنند و قادرند ساختار هندسی بافت‌های پیچیده و ارتباطات و کسل‌های مجاور را در فضای سه‌بعدی استخراج نمایند.

شکل ۳ نمونه‌ای از معماری سه‌بعدی CNN برای قطعه‌بندی تومور مغزی. ورودی این شبکه شامل مکعب‌هایی (Patches) از داده‌های چندمدالیت است که پس از عبور از لایه‌های کانولوشنی، پیش‌بینی کلاس واکسل‌ها (بافت سالم یا تومور) را ارائه می‌دهد [۴].



شکل ۳- نمونه‌ای از معماری سه‌بعدی CNN برای قطعه‌بندی تومور مغزی [۴].

۴.۲ استفاده از داده‌های دوبعدی در معماری CNN

Zikic و همکاران یک روش ساده‌تر با معماری دوبعدی CNN پیشنهاد دادند که بار پردازشی کمتری دارد. در این روش، داده‌های چهاربعدی به کانال‌های دوبعدی تبدیل شده و به شبکه دوبعدی وارد می‌شوند. استفاده از واحدهای خطی یکسوساز (ReLU) به جای توابع غیرخطی سنتی و حذف مرحله پس‌پردازش، از دیگر ویژگی‌های این روش است. نتایج این رویکرد بر روی مجموعه BRATS برای تومور کامل ۸۳.۷٪ و برای ناحیه فعال ۶۹٪ گزارش شده است [۵]. مزیت اصلی این رویکرد، امکان استفاده از تکنیک‌های افزایش داده (Data Augmentation) مانند چرخش، تغییر مقیاس و انعکاس برش‌های دوبعدی است که به‌طور مؤثر از بیش‌برازش (Overfitting) در مجموعه داده‌های محدود پزشکی جلوگیری می‌کند [۵].

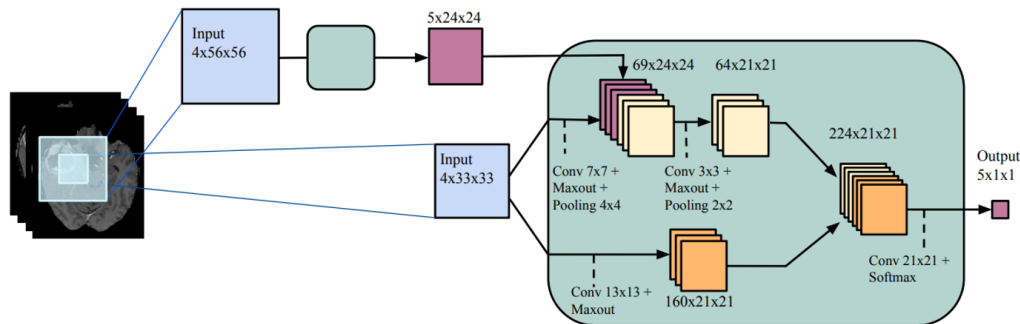
۴.۳ معماری CNN آبشاری (دوگذرگاهی)

بخش‌بندی دقیق تومورهای مغزی نیازمند دیدی همه‌جانبه است؛ چالشی که معماری‌های دوگذرگاهی آبشاری تلاش کرده‌اند با ترکیب دو زاویه دید متفاوت به آن پاسخ دهند. در این ساختار، مدل به صورت هم‌زمان دو مسیر موازی را پیش می‌برد: مسیر محلی (Local) که روی جزئیات ریز بافت تومور زوم می‌کند، و مسیر کلی (Global) که با نگاهی وسیع‌تر، موقعیت عارضه را نسبت به کل آناتومی مغز می‌سنجد. شکل ۴ نمایانگر مدل تکامل‌یافته‌ای از این ایده (ساختار آبشاری محلی) است. در این سازوکار، نقشه‌های ویژگی حاصل از شبکه اول به عنوان یک داده متنی تکمیلی به لایه‌های شبکه دوم تزریق می‌شوند تا مرزهای پیش‌بینی‌شده در گام بعدی بازبینی و اصلاح شوند [۱۳].

اگرچه ایده آموزش دو مرحله‌ای برای حل معضل عدم تعادل کلاس‌ها (غلبه بافت سالم بر تومور) منطقی به نظر می‌رسد، اما نمی‌توان هزینه محاسباتی سنگین و زمان‌بر بودن این فرآیند آبشاری را نادیده گرفت. از طرفی، این تردید وجود دارد که آیا تزریق مداوم ویژگی‌های لایه‌های میانی، مدل را دچار سردرگمی یا یادگیری داده‌های تکراری نمی‌کند. با این حال، ثبت ضریب دایس ۸۸٪ برای تومور کامل، ۷۹٪ برای هسته تومور و ۷۳٪ برای ناحیه فعال روی دادگان BRATS، نشان می‌دهد که این استراتژی چندلایه در تلفیق اطلاعات پیرامونی موفق عمل کرده است [۱۳].

نوآوری اصلی این ساختار در معماری آبشاری نهفته است؛ بدین صورت که خروجی احتمالی (نقشه احتمالات کلاس‌ها) حاصل از لایه‌های مسیر اول، به عنوان یک کانال ورودی کمکی (Context Feature) به مسیر دوم پیوند (Concatenate) داده

می‌شود. این رویکرد به صورت یک رگولاریزاسیون ضمنی عمل کرده و مانع از طبقه‌بندی اشتباه واکسل‌های بافت سالم به عنوان تومور بر اثر ناهنجاری‌های ناشی از یکنواخت نبودن میدان مغناطیسی (Bias Field) می‌گردد [۱۳].



شکل ۴- معماری شبکه عصبی کانولوشنی دوگذرگاهی با اتصال آبشاری محلی (Local Cascade) [۱۳].

۴.۴ شبکه‌های عمیق تر CNN با فیلترهای کوچک

Pereira و همکاران از فیلترهای کوچک (۳×۳) در معماری عمیق با تابع فعال‌ساز Leaky ReLU (LReLU) استفاده کردند. این فیلترها امکان افزایش تعداد لایه‌ها را فراهم کرده و منجر به استخراج ویژگی‌های غیرخطی بیشتری می‌شوند. نتایج این روش برای تومور کامل ۸۸٪، هسته تومور ۸۳٪ و ناحیه فعال ۷۷٪ به دست آمده است. انتخاب فیلترهای ۳×۳ بر اساس این اصل استوار است که با ترکیب چندین لایه متوالی از فیلترهای کوچک، می‌توان میدان دید معادل فیلترهای بزرگتر (مانند ۵×۵ یا ۷×۷) را با تعداد پارامتر کمتر و غیرخطی بودن بیشتر بازسازی کرد؛ رویکردی که بعدها در معماری‌های مشهوری مانند VGG و ResNet نیز به کار گرفته شد [۱۲].

۴.۵ ترکیب CNN با روش‌های خوشه‌بندی

برخی تحقیقات ترکیب CNN با الگوریتم‌های خوشه‌بندی مانند k-means را بررسی کرده‌اند. در یکی از این روش‌ها، CNN به جای برچسب‌گذاری مستقیم واکسل‌ها، تکه‌ها را به خوشه‌های از پیش تعیین شده دسته‌بندی می‌کند [۱۴]. همچنین برخی محققان از ترکیب CNN با دسته‌بند جنگل تصادفی (RF) استفاده کرده‌اند که ویژگی‌های استخراج شده از CNN به RF برای پیش‌بینی نهایی منتقل می‌شود [۱۵، ۱۶].

۵. بحث و مقایسه عملکرد

در مجموع، شبکه‌های عصبی کانولوشنی به دلیل انعطاف‌پذیری و توانایی در یادگیری خودکار ویژگی‌ها، نقش کلیدی در پیشرفت قطعه‌بندی تومور مغزی ایفا می‌کنند به منظور سنجش علمی کارایی معماری‌های عمیق بررسی شده، عملکرد این الگوها بر روی دادگان بین‌المللی ارزیابی تومور مغزی (BRATS) بر اساس شاخص امتیاز دایس (معیار سنجش همپوشانی هندسی بین قطعه‌بندی خودکار و الگوی مرجع دستی رادیولوژیست) مورد واکاوی قرار گرفته است. [۵، ۱۷]. جدول ۱، یک ماتریس مقایسه‌ای ساختاریافته از متدولوژی‌های کلیدی مبتنی بر یادگیری عمیق و رویکردهای ترکیبی را ارائه می‌دهد.

جدول ۱. ماتریس تحلیلی و مقایسه عملکرد معماری‌های مختلف CNN بر روی دادگان BRATS

مرجع و رفرنس	نوع معماری و نوآوری کلیدی	دایس تومور (WT) کامل	دایس هسته تومور (TC)	دایس ناحیه فعال (ET)	مزایای ساختاری متدولوژی	چالش‌ها و محدودیت‌ها
Zikic et al [۵]	D-CNN۲ چندکاناله	٪۸۳.۷	٪۷۲.۱	٪۶۹.۰	بار محاسباتی کم، سرعت بالای استنتاج	عدم درک پیوستگی فضایی بین برش‌ها
Urban et al [۴]	D-CNN۳ مکعبی	٪۸۷.۰	٪۷۷.۰	٪۷۳.۰	استخراج دقیق ویژگی‌های حجمی و هندسی	مصرف مفرط حافظه GPU، ریسک بیش‌برازش
Havaei et al [۱۳]	CNN آبشاری دوگذرگاهی	٪۸۸.۰	٪۷۹.۰	٪۷۳.۰	مدیریت بهینه عدم تعادل کلاس بافت‌ها	ساختار پیچیده و احتمال انتشار خطا
Pereira et al [۱۲]	عمیق با فیلترهای times3\$۳\$ و LReLU	٪۸۸.۰	٪۸۳.۰	٪۷۷.۰	میدان دید موثر بالا، لبه‌یابی دقیق	نیاز به حجم داده بالا جهت جلوگیری از واگرایی
Dvořák et al [۱۴]	ترکیبی CNN و خوشه‌بندی	٪۸۴.۰	٪۷۵.۰	٪۷۱.۰	کاهش جستجوی لایه‌های نهایی	وابستگی شدید به صحت خوشه‌بندی اولیه
Tustison et al [۱۵]	اتصال CNN به Random Forest	٪۸۵.۰	٪۷۶.۰	٪۷۲.۰	پایداری آماری بالا در مواجهه با نویز	قطع ارتباط یادگیری یکپارچه (End-to-End)

مقایسه عملکرد روش‌ها نشان می‌دهد که میان معماری‌های دوبعدی و سه‌بعدی، یک موازنه (Trade-off) میان دقت قطعه‌بندی و بار محاسباتی وجود دارد. در حالی که روش‌های سه‌بعدی مانند Urban et al [۴] درک بهتری از پیوستگی فضایی دارند، روش‌های دوبعدی مانند Zikic et al [۵] به دلیل پیاده‌سازی ساده‌تر و نیاز کمتر به حافظه GPU، در محیط‌های بالینی با محدودیت سخت‌افزاری کاربرد بیشتری پیدا کرده‌اند.

۶. نتیجه‌گیری

قطعه‌بندی خودکار تومورهای مغزی به عنوان یکی از چالش‌های اصلی در پردازش تصاویر پزشکی، با ظهور مجموعه‌های داده شاخصی مانند BRATS، دستخوش تحولی بنیادین شده است. یافته‌های این مرور نشان می‌دهد که شبکه‌های عصبی کانولوشنی به دلیل توانایی در یادگیری خودکار ویژگی‌های پیچیده و عملکردی هم‌تراز با ارزیابان انسانی، بر روش‌های سنتی برتری دارند. به‌طور خاص، معماری‌های عمیق‌تر با فیلترهای کوچک، استانداردهای بالایی را در دقت قطعه‌بندی تومورهای گلیوما تعریف کرده‌اند. با این حال، دستیابی به کاربرد بالینی فراگیر، نیازمند بهبود در استفاده از داده‌های چندمدالیت‌مانند DTI و MRS و بهره‌گیری از مدل‌های نوین مانند ترانسفورمرهاست. علاوه بر این، توسعه مدل‌های قابل تفسیر (Explainable AI) و کاهش نیاز به داده‌های برچسب‌دار از طریق یادگیری نیمه‌نظارتی و یادگیری فدرال (Federated Learning) می‌تواند چالش‌های حریم خصوصی داده‌های بیماران و کمبود داده‌های آنوتیشن‌شده را برطرف سازد. در نهایت، این فناوری نه تنها فرآیند تشخیص را تسریع می‌کند، بلکه با دقت بیشتر در طرح‌ریزی درمان، نقش مهمی در بهبود نتایج درمانی بیماران ایفا خواهد کرد.

منابع

1. Gordillo, N., E. Montseny, and P. Sobrevilla, State of the art survey on MRI brain tumor segmentation. *Magnetic resonance imaging*, 2013. 31(8): p. 1426-1438.
2. Angelini, E.D., et al., Glioma dynamics and computational models: a review of segmentation, registration, and in silico growth algorithms and their clinical applications. *Current Medical Imaging*, 2007. 3(4): p. 262-276.
3. Deimling, A., *Gliomas (Recent results in cancer research; 171)*. 2009: Springer.
4. Urban, G., et al., Multi-modal brain tumor segmentation using deep convolutional neural networks. MICCAI BraTS (brain tumor segmentation) challenge. *Proceedings, winning contribution*, 2014: p. 31-35.
5. Zikic, D., et al., Segmentation of brain tumor tissues with convolutional neural networks. *Proceedings miccai-brats*, 2014. 36(2014): p. 36-39.
6. Foo, J.L., A survey of user interaction and automation in medical image segmentation methods. *Iowa State University Human Computer Interaction Technical Report ISU-HCI-2006-02*, 2006.
7. Hamamci, A., et al., Tumor-cut: segmentation of brain tumors on contrast enhanced MR images for radiosurgery applications. *IEEE transactions on medical imaging*, 2011. 31(3): p. 790-804.
8. Menze, B.H., et al., The multimodal brain tumor image segmentation benchmark (BRATS). *IEEE transactions on medical imaging*, 2014. 34(10): p. 1993-2024.
9. Bauer, S., et al., A survey of MRI-based medical image analysis for brain tumor studies. *Physics in medicine and biology*, 2013. 58(13): p. R97-R129.
10. Bauer, S., L.-P. Nolte, and M. Reyes. Fully automatic segmentation of brain tumor images using support vector machine classification in combination with hierarchical conditional random field regularization. in *International conference on medical image computing and computer-assisted intervention*. 2011. Springer.
11. Ciresan, D., et al., Deep neural networks segment neuronal membranes in electron microscopy images. *Advances in neural information processing systems*, 2012. 25.
12. Pereira, S., et al., Brain tumor segmentation using convolutional neural networks in MRI images. *IEEE transactions on medical imaging*, 2016. 35(5): p. 1240-1251.
13. Havaei, M., et al., Brain tumor segmentation with deep neural networks. *Medical image analysis*, 2017. 35: p. 18-31.
14. Dvořák, P. and B. Menze. Local structure prediction with convolutional neural networks for multimodal brain tumor segmentation. in *International MICCAI workshop on medical computer vision*. 2015. Springer.
15. Tustison, N.J., et al., Optimal symmetric multimodal templates and concatenated random forests for supervised brain tumor segmentation (simplified) with ANTsR. *Neuroinformatics*, 2015. 13(2): p. 209-225.
16. Raisi, A., M. Nasiri, and H. Danesh, Diagnostic Techniques and Artificial Intelligence for Multiple Sclerosis Identification. *Journal of Ilam University of Medical Sciences*, 2025. 33(3): p. 113-148.
17. Danesh, H. and Ghasemi, Z., 2025. A Systematic Review of Convolutional Neural Network for Brain Tumor Segmentation in MRI. *Journal of Ilam University of Medical Sciences*, 33(5), pp.53-80.

The Application of Convolutional Neural Networks in Brain Tumor Segmentation in MRI Images

Atefeh Abedi^{1 2}, Erfan Ghodrati^{1 2}, Hajar Danesh^{1*}, Farhad Khosravi¹

¹Department of Electrical and Biomedical Engineering, Faculty of Engineering and Technology
Shahid Ashrafi Esfahani University, Isfahan, Iran

² Student Scientific Association, Department of Electrical and Biomedical Engineering, Faculty of
Engineering and Technology Shahid Ashrafi Esfahani University, Isfahan, Iran

* Corresponding authors: Hajar Danesh

Abstract

Brain tumor segmentation in MRI images has always been challenging due to variations in tumor shape, size, and location. Since manual segmentation is not only time-consuming but also highly dependent on the radiologist's expertise and prone to human errors, the emergence of Convolutional Neural Networks (CNNs) has led to the development of new approaches for automatic segmentation that can learn complex image features without the need for manual extraction. This review paper examines three categories of CNN architectures, including two-dimensional, three-dimensional, and cascaded networks, for brain tumor segmentation and compares their results on the BRATS dataset. The findings demonstrate that deep architectures with 3×3 filters achieve the highest accuracy with Dice similarity coefficients of 88% for the whole tumor, 83% for the tumor core, and 77% for the active region, which is comparable to the performance of human raters and indicates the high potential of these methods for clinical application.

Keywords: Brain Tumor Segmentation, Deep Learning, Convolutional Neural Networks, MRI, BRATS, Medical Image Processing.