



Semnan University



Research Article

## Generating New Melanoma Data Using a Combination of Generative Adversarial Network and Local Binary Pattern

Vida Esmaili <sup>a</sup>, Mahmood Mohassel Feghhi <sup>a,\*</sup>

<sup>a</sup> Faculty of Electrical and Computer Engineering, University of Tabriz, Tabriz, Iran

### PAPER INFO

#### Paper history:

Received: 2023-08-20

Revised: 2024-04-13

Accepted: 2024-07-14

#### Keywords:

Local binary pattern;  
Generating new data;  
Skin cancer;  
Generative adversarial network;  
Melanoma.

### ABSTRACT

The available melanoma skin cancer dermoscopy databases have low and unbalanced images with non-uniform illumination that make melanoma detection methods challenging. To address these problems, in this paper, we propose a new method to generate new data including melanoma. In fact, our new proposed method combines generative adversarial network and local binary pattern. On the other hand, first, the images existing in the dataset are fed to the generative adversarial network. Then, many new images are generated and finally, the local binary pattern is applied to them. Therefore, the number of the new generated data is large and balanced and the generated data does not have illumination changes. Also, these data show useful and meaningful features that increase the difference between melanoma and nevi. The experiments have shown that the proposed method has a good effect on increasing the accuracy of melanoma diagnosis. According to the results, the proposed method has increased the convolutional neural network's efficiency by 7%.

DOI: <https://doi.org/10.22075/jme.2024.31553.2515>

© 2025 Published by Semnan University Press.

This is an open access article under the CC-BY 4.0 license. (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)


\* Corresponding author.

E-mail address: [mohasselfeghhi@tabrizu.ac.ir](mailto:mohasselfeghhi@tabrizu.ac.ir)

### How to cite this article:

Esmaili, V. and Mohassel Feghhi, M. (2025). Generating new melanoma data using a combination of generative adversarial network and local binary pattern. *Journal of Modeling in Engineering*, 23(80), 147-158. doi: 10.22075/jme.2024.31553.2515

## تولید داده‌های جدید ملانوما با استفاده از ترکیب شبکه متخاصم مولد و الگوی باینری محلی

ویدا اسماعیلی<sup>۱</sup>، محمود محصل فقهی<sup>۱\*</sup> 

اطلاعات مقاله	چکیده
دریافت مقاله: ۱۴۰۲/۰۵/۲۹	پایگاه داده‌های درموسکوپي در دسترس سرطان پوست ملانوما دارای تصاویر کم و نامتوازن با روشنایی غیر یکنواخت هستند که روش‌های شناسایی ملانوما را با چالش مواجه کرده‌اند. برای حل این مشکلات، در این مقاله، ما روش جدیدی را برای تولید داده‌های جدید شامل ملانوما پیشنهاد می‌کنیم. در واقع، روش جدید پیشنهادی ما، شبکه متخاصم مولد را با الگوی باینری محلی ترکیب می‌کند. به عبارت دیگر، ابتدا تصاویر موجود در پایگاه داده برای آموزش وارد شبکه‌ی متخاصم مولد می‌شوند. سپس، تصاویر جدید فراوانی تولید می‌شود و در نهایت، روش الگوی باینری محلی به آن‌ها اعمال می‌شود. بنابراین، تعداد داده‌های جدید تولید شده زیاد و متعادل است و داده‌های تولید شده، تغییرات روشنایی ندارند. همچنین، این داده‌ها ویژگی‌های مفید و معناداری را نشان می‌دهند که تمایز بین ملانوما و خال را بیشتر می‌سازد. آزمایش‌های انجام شده نشان داده است که روش پیشنهاد تأثیر خوبی در افزایش دقت شناسایی ملانوما دارد. طبق نتایج روش پیشنهادی عملکرد شبکه عصبی کانولوشنی را ۷٪ افزایش داده است.
بازنگری مقاله: ۱۴۰۳/۰۱/۲۵	
پذیرش مقاله: ۱۴۰۳/۰۴/۲۴	
<b>واژگان کلیدی:</b> الگوی باینری محلی، تولید داده‌های جدی، سرطان پوست، شبکه متخاصم مولد، ملانوما.	

DOI: <https://doi.org/10.22075/jme.2024.31553.2515>

© 2025 Published by Semnan University Press.

This is an open access article under the CC-BY 4.0 license. (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

## ۱- مقدمه

راز از خال متفاوت می‌سازند [۱۰]. به طوری که، در خال تعداد ملانوسیت‌ها زیاد است. اما در اندازه‌ی طبیعی به صورت گروهی یکجا جمع شده‌اند. در ملانوما، نه تنها تعداد ملانوسیت‌ها زیاده‌تر از معمول است، بلکه اندازه‌ی آن‌ها نیز غیرطبیعی و بزرگتر است.

فراپند تشخیص ملانوما در ابتدا با معاینه چشمی و معیارهای ارزیابی بصری شامل نامنظمی مرزی، عدم تقارن، تنوع رنگ، قطر بزرگتر از ۶ میلی‌متر، داشتن تغییر در اندازه، شکل، رنگ و علائمی مانند خارش، خونریزی یا پوسته پوسته شدن آغاز می‌شود. سپس، ضایعه‌ی مشکوک بیوپسی می‌شود.

انجام بیوپسی زمان‌بر است [۱۱]. از طرفی، بیوپسی غیرضروری هنگام تشخیص اشتباه، ممکن است اضطراب،

ملانوما شایع‌ترین و کشنده‌ترین نوع سرطان پوست است [۱-۳]. اگر این سرطان به موقع و در مراحل اولیه تشخیص داده نشود، احتمال مرگ ۸۶٪ خواهد بود [۴، ۵]. کاهش لایه آزون، قرار گرفتن در معرض اشعه فرابنفش خورشید و تغییرات آب و هوایی احتمال بروز آن را افزایش می‌دهد [۶].

در واقع، ملانوم بدخیم (ملانوما) با جهش ژنی و در نتیجه، رشد غیر طبیعی ملانوسیت‌ها و سرایت ملانین به لایه اپیدرم پوست شکل می‌گیرد [۷-۹]. این سرطان با پیشرفت و نفوذ به سایر ارگان‌های بدن سبب مرگ فرد می‌شود. اگرچه از لحاظ ظاهری بسیار شبیه خال است؛ اما ویژگی‌هایی از قبیل اندازه، توزیع و تعداد ملانوسیت‌ها، آن

\* پست الکترونیک نویسنده مسئول: mohasselfeghi@tabrizu.ac.ir

۱. دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران

استناد به این مقاله:

اسماعیلی، ویدا و محصل فقهی، محمود. (۱۴۰۴). تولید داده‌های جدید ملانوما با استفاده از ترکیب شبکه متخاصم مولد و الگوی باینری محلی. مدل سازی در مهندسی،

۲۳(۸۰)، ۱۴۷-۱۵۸. doi: 10.22075/jme.2024.31553.2515

داده شده‌اند و همچنین، مقیاس‌بندی و چرخش ۰ تا ۱۸۰ به صورت تصادفی بر روی آن‌ها اعمال شده است. در [۳] نیز چرخش داده‌ها از ۹۰- درجه تا ۹۰ درجه به صورت تصادفی انجام شده است.

با این حال، هنوز توازن و متعادل‌سازی تعداد داده‌ها نیاز است. به همین منظور، در این مقاله، روشی برای تولید داده‌های جدیدِ ملانوما ارائه می‌شود تا ضمن افزایش تعداد داده‌ها، مشکل عدم توازن را نیز برطرف نماید. ما از ترکیب شبکه متخاصم مولد و روش الگوی باینری محلی برای این کار استفاده می‌کنیم. از مزایای روش الگوی باینری محلی، مقاوم بودن نسبت به چرخش و تغییرات روشنایی در تصویر است.

در روش پیشنهادی، ابتدا تصاویر درموسکوپیی از پایگاه داده وارد شبکه‌ی متخاصم مولد می‌شوند. سپس، روش الگوی باینری محلی به تصاویر خروجی شبکه اعمال می‌شود. بدین ترتیب، داده‌های جدیدِ ملانوما با استفاده از ترکیب شبکه‌ی متخاصم مولد و الگوی باینری محلی تولید می‌شوند. با توجه به اینکه روش الگوی باینری محلی توصیه‌گر مناسبی برای بافت تصویر است؛ ویژگی‌های ظاهری ملانوما از قبیل نامنظمی مرزی، عدم تقارن و ... نیز در داده‌های جدید تولید شده حفظ می‌شوند. بلوک دیاگرام کلی روش پیشنهادی در شکل (۱) قابل مشاهده است.

نوآوری‌های این مقاله به شرح زیر می‌باشند:

(۱) یک روش جدید با ترکیب روش الگوی باینری محلی و شبکه متخاصم مولد برای تولید داده‌های جدید در مدت زمان کوتاه ارائه شده است. این روش می‌تواند داده‌هایی را تولید کند که نسبت به نویز و تغییرات روشنایی تصویر مقاوم هستند و به خوبی ویژگی‌های مربوط به ملانوما از جمله مرز نامتقارن و نامنظمی مرزی را نشان می‌دهند. همچنین، این روش نیاز به محاسبات کمتری نسبت به سایر مدل‌های شبکه متخاصم مولد دارد.

(۲) داده‌های جدید ملانوما و سایر ضایعه‌های پوستی (مانند: خال) با تعداد زیاد و بصورت متوازن تولید شده است که به عنوان ورودی طبقه‌بندی کننده تغذیه می‌شوند. تعداد داده‌های متوازن در هر دسته از سوگیری شبکه عصبی کانولوشنی جلوگیری خواهد کرد و نتایج قابل اطمینان‌تری را تولید خواهد نمود.

(۳) دقت شناسایی ملانوما با استفاده از روش پیشنهادی نسبت به سایر روش‌های پیشرفته افزایش می‌یابد.

درد، اسکار و هزینه اضافی را به شخص دارای ضایعه تحمیل کند. با توجه به اینکه پزشکان بر اساس تجربه و تفسیر ذهنی، تنها با احتمال ۵۹٪ تا ۷۸٪ می‌توانند فقدان بیماری را صحیح پیش‌بینی کنند؛ روش تصویربرداری غیر تهاجمی گسترش یافته‌اند.

البته هر یک از این روش‌ها نیز دارای محدودیت و معایبی هستند. به عنوان مثال، درموسکوپیی برای برداشت کل ضایعه مناسب نیست. زیرا نمی‌تواند ضخامت برسلو و میزان گسترش را تعیین کند.

تصویربرداری چند طیفی، اطلاعات عمق را در بر ندارد. همچنین، عمق نفوذ میکروسکوپ هم-کانونی یا کانفوکال برای تشخیص ملانومای تهاجمی بسیار محدود است. اگرچه عمق نفوذ سونوگرافی با فرکانس بالا رضایت‌بخش است، اما رزولوشن تصاویر آن پایین می‌باشد.

در توموگرافی فوتوآکوستیک برای تولید امواج فراصوت از نور لیزر استفاده می‌شود و ملانین به عنوان جاذب نور است. با این حال، ملانین در خال نیز وجود دارد و از طرفی ممکن است در آملانوتیک (ملانومای فاقد رنگدانه) وجود نداشته باشد.

توموگرافی انسجام نوری با عمق نفوذ متوسط (حدود ۲ میلی‌متر)، رزولوشن بالا (کمتر از ۱۰ میکرون) و قابلیت تصویربرداری حجمی، تصاویر تار و دارای نویز را تولید می‌کند [۱۲]. کنتراست در این تصاویر توسط ویژگی‌های پراکندگی ذاتی بافت ایجاد می‌شود.

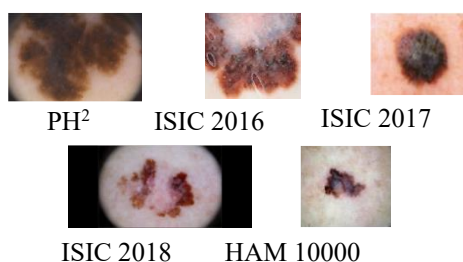
تا جایی که ما اطلاع داریم در حال حاضر فقط پایگاه داده‌های شامل تصاویر درموسکوپیی در دسترس استفاده عموم قرار دارند که تعداد تصاویر (داده) در آن‌ها کم و نامتعادل است. این مشکل سبب شده است تا تحقیقاتی که با هوش مصنوعی و روش‌های یادگیری عمیق به شناسایی ملانوما پرداخته‌اند با چالش روبرو شوند. علاوه بر این، اگرچه تصاویر درموسکوپیی رزولوشن و وضوح بالایی دارند، اما دارای کنتراست ضعیف و روشنایی غیر یکنواخت هستند [۱۳]. همچنین، تمایز کم بین ضایعه‌های پوستی دسته‌های مختلف (ملانوما و غیر ملانوما) و وجود تنوع زیاد در یک دسته در این تصاویر، فرایند تشخیص ملانوما را با مشکل مواجه کرده است [۱۴].

برخی مطالعات از روش‌هایی مانند چرخش و مقیاس‌بندی برای افزایش داده‌های درموسکوپیی استفاده کرده‌اند [۱۵]. به عنوان مثال، در [۲] تصاویر با بزرگنمایی ۰/۱ تغییر اندازه

داده برای داده آزمایشی است. ۱۱۱۳ تصویر آن در فرمت JPG ملانوما است.

پایگاه داده HAM 10000 [۲۰] مشتمل بر ۱۰۰۰۰ تصویر آموزشی برای تشخیص ضایعه‌های پوستی رنگدانه‌دار است که از این تعداد، ۱۱۱۳ داده ملانوما است. تمام تصاویر در فرمت JPEG با رزولوشن ۶۰۰ x ۸۰۰ هستند. این تصاویر از افراد مختلف جمع آوری شده و با روش‌های مختلف ذخیره شده‌اند. بیش از نیمی از ضایعه‌ها توسط هیستوپاتولوژی تایید شده‌اند، بقیه موارد توسط متخصصین پوست تایید و برچسب‌گذاری شده‌اند.

نمونه‌ای از تصاویر پایگاه داده‌های مذکور در شکل (۲) آورده شده است. همچنین، جدول ۱ تعداد تصاویر در دو دسته‌ی خال و ملانوما را برای این مجموعه داده‌ها خلاصه می‌کند. همانطور که مشاهده می‌شود تعداد تصاویر دسته‌ها بسیار نامتوازن است.



شکل ۲- نمونه‌ای از تصاویر ملانوما در پایگاه داده‌های مختلف در دسترس عموم

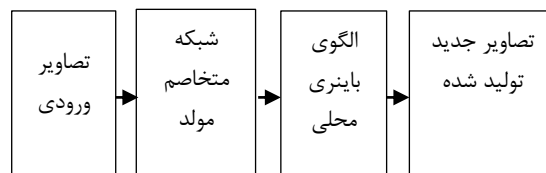
جدول ۱- تعداد تصاویر در دو دسته‌ی خال و ملانوما در پایگاه داده‌های مورد بحث

نام پایگاه داده	تعداد تصاویر خال	تعداد تصاویر ملانوما
PH <sup>2</sup>	۸۰	۴۰
ISIC 2016	۷۲۶	۱۷۳
ISIC 2017	۱۳۷۲	۳۷۴
ISIC 2018	۶۷۰۵	۱۱۱۳
HAM 10000	۶۷۰۵	۱۱۱۳

### ۳- روش پیشنهادی برای تولید داده‌های جدید ملانوما

در این بخش، ما برای حل مشکل عدم توازن و تعداد کم داده‌ها روش جدیدی را پیشنهاد می‌کنیم. این روش، شبکه

سایر بخش‌های مقاله بدین شرح است: در بخش دوم، کارهای مرتبط بیان خواهند شد. در بخش سوم، به ارائه روش پیشنهادی برای تولید داده‌های جدید ملانوما پرداخته می‌شود. بخش چهارم، آزمایش‌ها و نتایج به دست آمده و بخش پنجم، نتیجه‌گیری خواهد بود.



شکل ۱- بلوک دیگرام روش پیشنهادی برای تولید داده‌های جدید ملانوما

### ۲- پایگاه داده‌های درموسکویی در دسترس

مشکل عدم تعادل در پایگاه داده‌های در دسترس عموم درموسکویی باعث می‌شود که روش‌های طبقه‌بندی از جمله شبکه‌های عصبی کانولوشنی نسبت به کلاس‌های با تعداد نمونه‌ی زیاد در مقایسه با کلاس‌هایی که تعداد داده‌ی کمتری دارند، سوگیری پیدا کند و نتیجه‌ی درست و دقیق حاصل نشود.

یکی از پرکاربردترین مجموعه داده‌ها PH<sup>2</sup> نام دارد [۱۶] که توسط درماتولوژی به دست آمده است. تصاویر آن شامل ۴۰ ملانوما، ۸۰ خال غیرطبیعی و ۸۰ خال طبیعی است. رزولوشن تصاویر ۵۶۰ در ۷۶۸ پیکسل می‌باشد و تصاویر RGB هشت بیتی هستند.

پایگاه داده ISIC 2016 [۱۷] دارای ۱۷۳ تصویر درموسکویی ملانوما و ۹۰۰ تصویر از سایر ضایعه‌های پوستی در فرمت JPEG است. رزولوشن تصاویر بین ۵۷۶ x ۷۶۸ و ۲۸۴۸ x ۴۲۸۸ است. بنابراین، در برخی موارد ممکن است عملیات تغییر اندازه مورد نیاز باشد.

پایگاه داده ISIC 2017 [۱۸] شامل تعداد کل ۲۷۵۰ تصویر از ضایعه پوستی است که ۳۷۴ داده مربوط به ملانوما با رزولوشن بین ۵۴۰ x ۷۲۲ و ۴۴۹۹ x ۶۷۴۸ پیکسل می‌باشد. تصاویر بصورت دستی توسط یک متخصص پوست برچسب‌گذاری شده‌اند که آن‌ها را به دو دسته‌ی خوش‌خیم و بدخیم تقسیم کرده است. قابل ذکر است که تعداد قابل توجهی از تصاویر حاوی مصنوعات مختلف مانند مو و ... هستند.

پایگاه داده ISIC 2018 [۱۹] حاوی ۲۵۹۴ داده و ۱۲۹۷۰ ماسک برچسب‌دار به عنوان داده آموزشی و ۱۰۰۰

$$\min_G \max_D V(G, D) = \mathbb{E}_x \log(D(x)) + \mathbb{E}_z \log(1 - D(G(z))) \quad (1)$$

که در آن  $\min \max$ ، به معنای حداقل کردن بیشینه امتیاز حریف است.  $x$ ، داده‌ی ورودی و  $z$ ، بردار نویز می‌باشد.  $G$  و  $D$  به ترتیب نشان‌دهنده‌ی مولد و تمایزگر هستند.  $V(\cdot)$  تابع هزینه است.

برای پیاده‌سازی شبکه متخاصم مولد جهت تولید تصاویر جدید ملانوما، ابتدا داده‌های ملانوما را از پایگاه داده درموسکوپي بارگذاری و نرمال می‌کنیم. ما فقط از مجموعه داده آموزشی استفاده می‌کنیم. لیبیل (برچسب) ۰ برای جعلی و ۱ برای واقعی است. این تصاویر، تصاویر واقعی هستند، بنابراین به همه آن‌ها یک برچسب ۱ در تمایزگر اختصاص داده می‌شود.

سپس، باید یک مولد و تمایزگر بسازیم. هدف مولد دریافت یک ورودی نویزدار و تولید تصویری مشابه مجموعه داده آموزشی است. ورودی به لایه‌ی کانولوشنی معکوس بعدی (Transposed Conv. 256) با فعال‌ساز ReLU وارد می‌شود. به دنبال آن، یک لایه‌ی کانولوشنی معکوس دیگر (Transposed Conv. 128) با فعال‌ساز ReLU اضافه می‌شود. لایه‌ی سوم، 64 Transposed Conv. با فعال‌ساز ReLU است. در نهایت، لایه کانولوشنی معکوس خروجی با فعال‌ساز tanh اضافه می‌گردد.

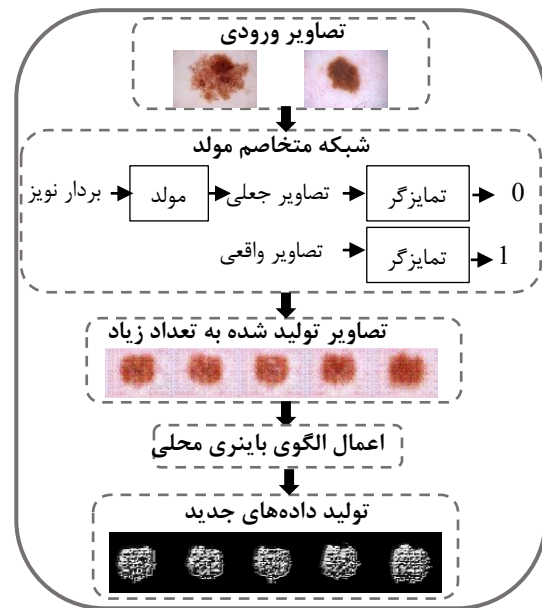
تمایزگر تصاویر را از مجموعه آموزشی یا تصاویر تولید شده توسط مولد می‌گیرد. خروجی آن، یک بیت است که ۰ نشان‌دهنده‌ی تصویر جعلی است (تولید شده توسط مولد) و ۱ نشان می‌دهد که تصویر از مجموعه داده آموزشی است. سپس، مولد و تمایزگر را با هم ترکیب می‌کنیم تا یک شبکه متخاصم مولد تشکیل دهیم.

در واقع، ابتدا تمایزگر را جداگانه آموزش می‌دهیم. سپس، وزن‌های تمایزگر را ثابت می‌کنیم و شبکه متخاصم مولد ترکیبی را آموزش می‌دهیم. این منجر به آموزش مولد می‌شود.

برای هر دوره ابتدا نمونه‌ای از نویز تصادفی می‌گیریم، آن را به مولد می‌دهیم و مولد یک تصویر جعلی تولید می‌کند. ما تصاویر جعلی تولید شده و تصاویر آموزشی واقعی را در یک دسته با برچسب‌های خاص خود ترکیب می‌کنیم و از آن‌ها برای آموزش تمایزگر استفاده می‌کنیم.

حالا در یک حلقه، مولد را آموزش می‌دهیم. ما می‌خواهیم

متخاصم مولد را با الگوی باینری محلی ترکیب می‌کند. شرح کلی روش به تفصیل در ادامه آمده است. نمای کلی روش پیشنهادی در شکل (۳) نشان داده شده است.



شکل ۳- نمای کلی روش پیشنهادی برای تولید داده‌های جدید ملانوما

### ۳-۱- شبکه‌ی متخاصم مولد

شبکه متخاصم مولد نوعی شبکه یادگیری عمیق است که می‌تواند داده‌هایی با ویژگی‌های مشابه داده‌های واقعی ورودی تولید کند. این شبکه از دو مدل تشکیل شده است که با هم آموزش می‌بینند: یکی مولد که با توجه به بردار مقادیر تصادفی (ورودی‌های پنهان) به‌عنوان ورودی، داده‌هایی با ساختار مشابه داده‌های آموزشی (داده‌های جعلی) تولید می‌کند. دیگری، تمایزگر که با توجه به دسته‌هایی از داده‌ها که شامل مشاهدات از داده‌های آموزشی و داده‌های تولید شده از مولد هستند؛ تلاش می‌کند مشاهدات را به "واقعی" یا "تولید شده" طبقه‌بندی کند. به عبارت دیگر، تمایزگر وظیفه‌ی تشخیص نمونه‌های جعلی از داده‌های واقعی را بر عهده دارد. مولد و تمایزگر در رقابتی پویا، تلاش در فریب یکدیگر دارند که به اصطلاح به آن تخاصم گفته می‌شود. به بیان دیگر، هدف مولد تولید داده‌هایی است که تمایزگر آن‌ها را به‌عنوان "واقعی" طبقه‌بندی کند. از طرفی، تمایزگر در تلاش است که داده‌های جعلی تولید شده توسط مولد را بتواند به‌خوبی تشخیص دهد.

بصورت ریاضی می‌توان آن را چنین بیان کرد [۲۱]:

$$T \approx t(grc)t(gr0 - grc, gr1 - grc, \dots, (grPoi - 1) - grc) \quad (5)$$

با اعمال کوانتیزاسیون برداری خواهیم داشت [۲۲]:

$$t(sign(gr0 - grc), sign(gr1 - grc), \dots, sign((grPoi - 1) - grc));$$

$$sign(a) = \begin{cases} 1, & a \geq 0 \\ 0, & a < 0 \end{cases} \quad (6)$$

سپس، عملگر الگوی باینری محلی بصورت زیر تعریف می‌شود [۲۳]:

$$LBP_{Poi,Radi}(x, y) = \sum_{n=0}^{Poi-1} sign(grn - grc)2^n \quad (7)$$

#### ۴- آزمایش‌ها و نتایج

تمام آزمایش‌ها بر روی کامپیوتر شخصی با هشت گیگابایت حافظه و CPU ۳/۵ گیگاهرتز انجام شده‌اند. روش پیشنهادی با استفاده از نرم افزار MATLAB 2020 بر روی تصاویر اعمال شده است.

ابتدا تصاویر ملانوما از پایگاه داده‌های PH<sup>2</sup>, ISIC 2016, ISIC 2017, ISIC 2018, HAM 10000 و دریافت و نرمال‌سازی می‌شوند و وارد شبکه‌ی متخاصم مولد می‌گردند.

شبکه مولد شامل سه لایه‌ی کانولوشنی معکوس با فعال‌ساز ReLU و یک لایه کانولوشنی معکوس با فعال‌ساز tanh است. در واقع، لایه‌ی کانولوشنی معکوس برای بازسازی و تولید تصویر می‌باشد.

شبکه‌ی تمایزگر دارای چهار لایه‌ی کانولوشنی (به ترتیب Conv. 64, Conv. 128, Conv. 256, Conv. 512) با فعال‌ساز Leaky ReLU و به دنبال آن‌ها، یک لایه کانولوشنی با فعال‌ساز Sigmoid است. قابل ذکر است که اندازه‌ی فیلترها ۵ در ۵ و گام ۲ می‌باشد.

پارامترهای آموزش شبکه در جدول ۲ آورده شده‌اند. اندازه دسته و نرخ یادگیری اولیه با توجه به انجام آزمایش‌های متعدد و حصول نتیجه‌ی مطلوب انتخاب شده‌اند.

نمونه‌ای از تصاویر جدید ملانوما که خروجی شبکه‌ی متخاصم مولد است؛ در شکل (۴) نشان داده شده است.

شکل (۵)، نمونه‌ی دیگری از تصاویر جدید تولید شده را در دوره‌های مختلف نشان می‌دهد.

تصاویر تولید شده توسط مولد، توسط تمایزگر، واقعی تشخیص داده شوند، بنابراین، از یک بردار تصادفی (نویز) به عنوان ورودی به مولد استفاده می‌کنیم. یک تصویر جعلی تولید می‌شود و سپس، شبکه طوری آموزش داده می‌شود که تمایزگر تصویر را واقعی درک کند.

در مرحله بعد، ما زیان را برای هر دوره ذخیره می‌کنیم. پس از هر ۱۰۰ دوره، تصاویر تولید می‌شوند. در نهایت، تصاویر جدیدی از ملانوما که تولید شده است را ذخیره می‌کنیم.

#### ۳-۲- روش الگوی باینری محلی

در این مرحله، تصاویر جدید تولید شده در مرحله‌ی قبل (زیر بخش ۳-۱) را توسط الگوی باینری محلی که نسبت به چرخش تصویر و تغییرات غیر یکنواخت روشنایی غیر حساس است، کدگذاری می‌کنیم. این کار با مقایسه‌ی هر پیکسل با پیکسل‌های اطرافش انجام می‌شود. هرگاه پیکسل همسایه، شدت روشنایی بیشتری نسبت به پیکسل مورد نظر داشته باشد؛ کد ۱ و در غیر این حالت، کد ۰ قرار داده می‌شود. صفر و یک‌ها کنار هم تشکیل رمز را می‌دهند.

در واقع، عملگر الگوی باینری محلی برای هر پیکسل تصویر، بسته به مقدار همسایگی آن، مقدار جدیدی از ۰ تا ۲۵۵ را مشخص می‌کند. فرض کنید تصویر  $I(x, y)$  و  $grc$  نشان دهنده سطح خاکستری یک پیکسل دلخواه  $(x, y)$  باشد. اگر مقدار خاکستری پیکسل همسایه محلی را نشان دهد که  $Poi$  تعداد پیکسل‌های اطراف نقطه  $(x, y)$  با شعاع  $Radi$  است. آنگاه داریم:

$$grn = I(x_n, y_n); n = 0, \dots, Poi - 1$$

$$x_n = x + Radi \cos\left(\frac{2\pi n}{Poi}\right)$$

$$y_n = y - Radi \sin\left(\frac{2\pi n}{Poi}\right) \quad (2)$$

با فرض اینکه بافت محلی تصویر، با توزیع  $t(\cdot)$  مقادیر خاکستری  $Poi + 1$  ( $Poi > 0$ ) مشخص شود؛ داریم:

$$T = t(grc, gr0, gr1, \dots, grPoi - 1) \quad (3)$$

بدون از دست دادن اطلاعات، مقدار پیکسل مرکزی را می‌توان از مقادیر پیکسل همسایگی محلی کم کرد و معادله را بصورت زیر نوشت:

$$T = t(grc, gr0 - grc, gr1 - grc, \dots, (grPoi - 1) - grc) \quad (4)$$

و با فرض مستقل بودن پیکسل مرکزی داریم:

شکل (۸)، تعداد داده‌ها را در پایگاه داده‌های مختلف [۲۰-۱۶] و پژوهش حاضر مقایسه می‌کند. همانطور که مشاهده می‌شود، ما توانستیم با استفاده از روش پیشنهادی ترکیب شبکه متخاصم مولد و الگوی باینری محلی، داده‌های جدید را به تعداد زیاد تولید کنیم. علاوه بر این، روش پیشنهادی بر روی تصاویر مربوط به سایر ضایعه‌های پوستی از جمله خال نیز اعمال شد تا تعداد تصاویر ملانوما و سایر ضایعه‌های پوستی (خال) متوازن گردد.

داده‌های جدید تولید شده می‌توانند مستقیماً به‌عنوان ورودی طبقه‌بندی کننده‌های مختلف مورد استفاده قرار گیرد. زیرا آن‌ها ویژگی‌های معناداری را برای تشخیص ملانوما در بر دارند. چند نمونه‌ی دیگر از داده‌های جدید تولید شده با روش پیشنهادی در شکل (۹) قابل مشاهده است.

برای ارزیابی روش پیشنهادی، مدل ResNet 50 از پیش آموزش دیده را برای طبقه‌بندی ضایعه‌های پوستی (خال و ملانوما) آموزش دادیم. این مدل، معماری نسبتاً پیچیده‌ای دارد؛ ولی ویژگی‌ها را در مدت زمان کمتری یاد می‌گیرد. دقت به دست آمده در جدول ۳ گزارش شده است. طبق نتایج مشخص شد که روش پیشنهادی عملکرد مدل را ۷٪ افزایش داده است. این افزایش دقت، بیانگر آن است که روش پیشنهادی علاوه بر داده افزایی، ویژگی‌های مفیدی را در اختیار شبکه‌ی عصبی کانولوشنی برای طبقه‌بندی ضایعه‌ی پوستی قرار داده است.

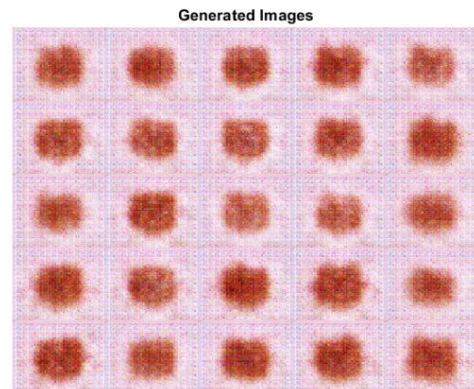
در انتها، برای مقایسه روش پیشنهادی با سایر روش‌های ارائه شده در مقالات دیگر از معیارهای ارزیابی (امتیاز F1، حساسیت و صحت) استفاده می‌کنیم (برای مطالعه بیشتر به [۲۴] مراجعه شود).

جدول ۳- دقت شناسایی ملانوما با استفاده از مجموعه تصاویر دریافتی از پایگاه داده‌های PH<sup>2</sup>, ISIC 2016, ISIC 2017, ISIC 2018 و HAM 10000

دقت	
۹۱٪	بدون داده افزایی
۹۳٪	داده افزایی فقط با شبکه متخاصم مولد
۹۸٪	داده افزایی با روش پیشنهادی

جدول ۲- پارامترهای آموزش شبکه

تعداد دوره	اندازه دسته	نرخ یادگیری اولیه	بهینه‌ساز
۵۰۰	۱۲۸	۰/۰۰۰۲	Adam



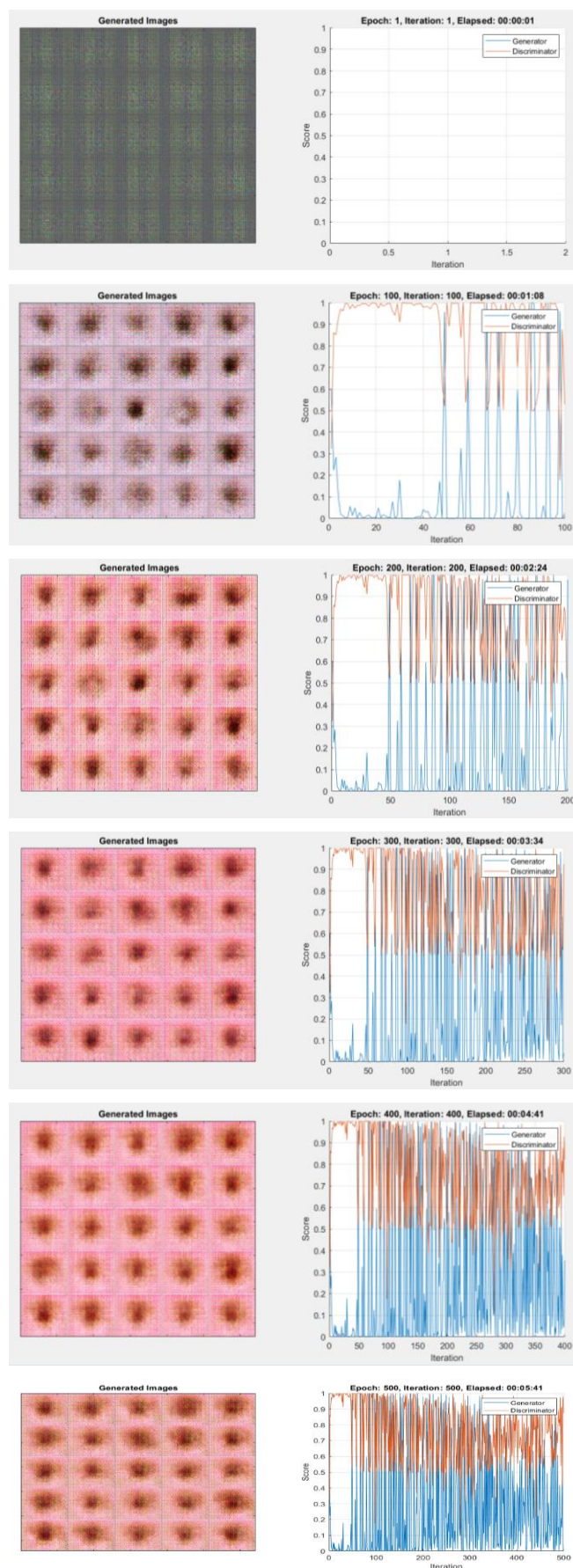
شکل ۴- تصاویر جدید تولید شده ملانوما

در مرحله‌ی بعد، روش الگوی باینری محلی بر روی تصاویر تولید شده در خروجی شبکه‌ی متخاصم مولد اعمال می‌شود.

متغیرهای *Poi* و *Radi* تأثیر بسزایی در عملکرد مطلوب روش دارند. طبق آزمایش‌های انجام شده، انتخاب مقادیر ۸ و ۱ به ترتیب برای *Poi* و *Radi* بهترین نتیجه را حاصل می‌کند.

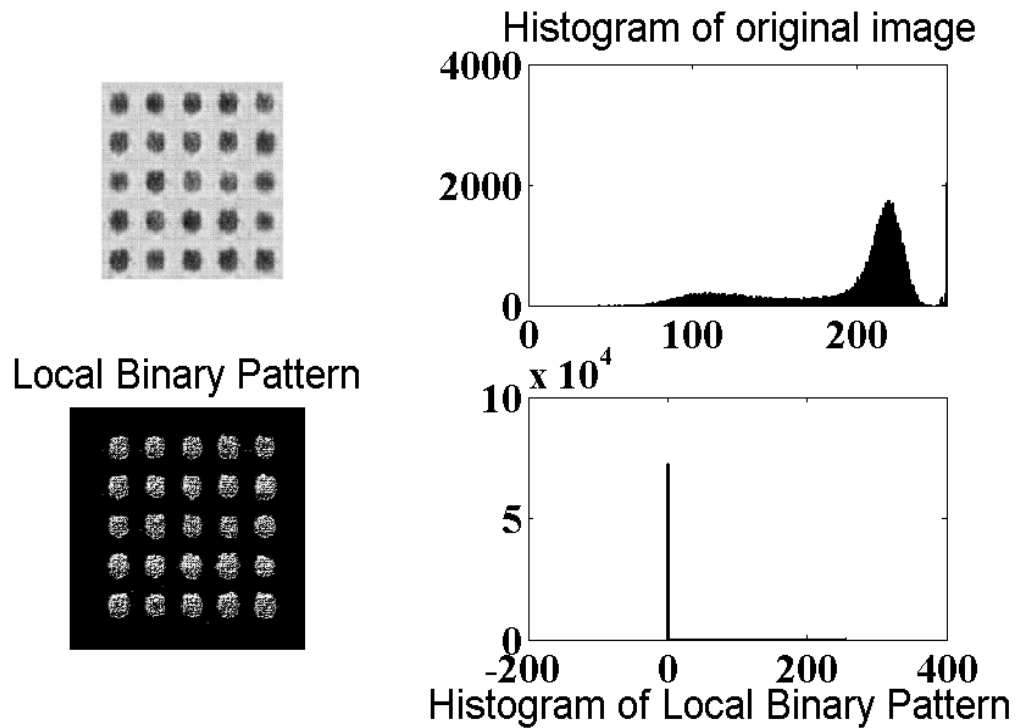
نمونه‌ای از داده‌های به‌دست آمده پس از اعمال روش الگوی باینری محلی در شکل (۶) به تصویر کشیده شده است. در حقیقت، با استفاده از این روش، مشکلات تغییرات روشنایی و چرخش تصویر که در حین تصویربرداری ممکن است ایجاد شوند و نتیجه‌ی عملکرد را تحت تأثیر قرار دهند؛ وجود نخواهند داشت.

همچنین، یکی از محدودیت‌های بالقوه استفاده از شبکه متخاصم مولد، عدم توانایی آن در تولید تصاویر با کیفیت بالا است. برای حل این مشکل، اعمال الگوی باینری محلی بر روی تصاویر تولید شده از شبکه‌ی متخاصم مولد در این پژوهش پیشنهاد شده است. این کار سبب شده است تا داده‌های با وضوح بالا به دست آید که وضوح آن‌ها مشابه داده‌های به دست آمده از اعمال مستقیم الگوی باینری محلی بر روی تصاویر ملانوما (شکل ۷) می‌باشد.



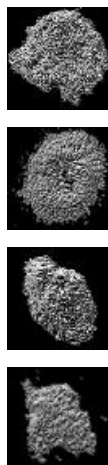
شکل ۵- تصاویر جدید تولید شده در دوره‌های ۱، ۱۰۰، ۲۰۰، ۳۰۰، ۴۰۰، و ۵۰۰



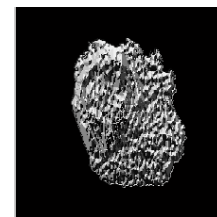


شکل ۶- داده‌های جدید تولید شده ملانوما

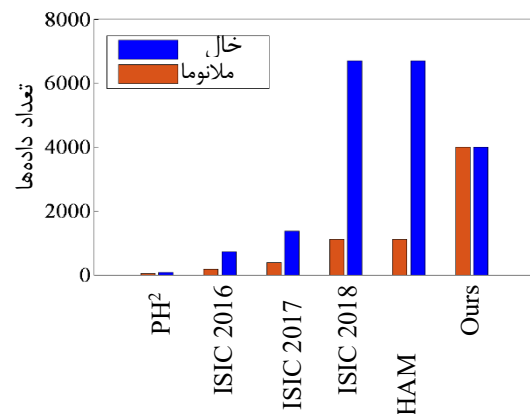
۲۷۰ درجه برای طبقه‌بندی ملانوما را نشان می‌دهد. همچنین در این جدول، نتایج طبقه‌بندی داده‌های جدید تولید شده از همان پایگاه داده با داده‌افزایی با استفاده از روش پیشنهادی (ترکیب شبکه متخاصم مولد و الگوی باینری محلی) توسط شبکه ResNet 50 از پیش آموزش دیده قابل مشاهده است. بهبود نتایج معیارهای مختلف ارزیابی در این جدول به وضوح مشهود است.



شکل ۹- چند نمونه از داده‌های مربوط به ملانوما تولید شده با روش پیشنهادی



شکل ۷- الگوی باینری محلی اعمال شده بر روی تصویر ملانوما.



شکل ۸- مقایسه تعداد داده‌ها در هر دسته در پایگاه داده‌های مختلف و روش پیشنهادی

جدول ۴ نتایج به دست آمده از شبکه ResNet 50 از پیش آموزش دیده پس از داده‌افزایی با استفاده از چرخش تصاویر پایگاه داده‌ی ISIC 2017 در چهار جهت ۰، ۹۰، ۱۸۰ و

جدول ۶- مقایسه روش پیشنهادی با سایر روش‌های مبتنی بر شبکه‌های متخاصم مولد بر روی پایگاه داده HAM 10000 برای شناسایی ملانوما

صحت (%)	روش		مرجع
	طبقه‌بندی	داده افزایی	
۷۱	ResNet 50	StyleGAN2	[۲۵]
۷۶	ResNet 50	STGAN	[۲۵]
۹۸	ResNet 50	ترکیب شبکه متخاصم مولد و الگوی باینری محلی	روش پیشنهادی

### ۵- نتیجه‌گیری

تشخیص ملانوما به‌عنوان کشنده‌ترین سرطان پوست در مراحل اولیه، بسیار دشوار و در عین حال حائز اهمیت است. به همین دلیل، استفاده از روش‌های هوش مصنوعی برای تشخیص سریع و حصول دقت بالا و بدون خطاهای انسانی در دهه‌های اخیر توصیه شده است. با این حال، این روش‌ها با توجه به تعداد داده کم و نامتعادل در دسترس عموم با محدودیت‌هایی مواجه هستند. پایگاه داده‌های درموسکوپی مربوط به ملانوما علاوه بر مشکلات ذکر شده، دارای کنتراست ضعیف و روشنایی غیر یکنواخت هستند و تمایز بین دسته‌ها در تصاویر آن‌ها بسیار چالش برانگیز است. به عنوان مثال، تفاوت بین برخی تصاویر مربوط به خال با تصاویر مربوط به ملانوما بسیار اندک است. بنابراین، در پژوهش حاضر، روش جدیدی برای تولید داده‌های جدید ضایعه‌های پوستی از جمله ملانوما ارائه شد. این روش، شبکه متخاصم مولد را با الگوی باینری محلی ترکیب می‌کند. بدین ترتیب، علاوه بر داده افزایی و متعادل ساختن تعداد داده‌ها در دسته‌های مختلف، مشکل روشنایی غیر یکنواخت در تصاویر را ندارد. همچنین، روش الگوی باینری محلی به‌عنوان توصیفگر مناسب بافت، ویژگی‌های مفید و معنادار را استخراج کرده و در اختیار سیستم طبقه‌بندی کننده قرار می‌دهد. قابل ذکر است که داده‌های جدید تولید شده با استفاده از روش پیشنهادی در مقیاس خاکستری هستند و نمی‌توانند به‌عنوان ورودی روش‌هایی که از کانال‌های رنگی استفاده می‌کنند، بکار روند. در آینده، روش پیشنهادی می‌تواند به عنوان ورودی روش‌های طبقه بندی کننده پیچیده‌تر مورد استفاده قرار گیرد.

جدول ۴- طبقه‌بندی داده‌های شامل ملانوما با استفاده از پایگاه داده ISIC 2017 توسط ResNet 50 از پیش آموزش دیده و ارزیابی توسط معیارهای حساسیت و صحت

صحت (%)	حساسیت (%)	روش
۹۴/۸	۹۴/۷	داده‌افزایی با چرخش تصاویر [۱]
۹۸/۳	۹۷/۴	داده‌افزایی با روش پیشنهادی

در جدول ۵ نیز نتایج شناسایی ملانوما با اعمال روش پیشنهادی و روش‌های ارائه شده در سایر مقالات بر روی پایگاه داده‌های مختلف با طبقه‌بندی کننده‌ی ResNet 50 از پیش آموزش دیده آورده شده است. علت افزایش دقت کلی روش (امتیاز F1) و کارایی بهتر شبکه‌ی ResNet 50 از پیش آموزش دیده در کار ما برای طبقه‌بندی ملانوما می‌تواند عدم وجود تغییرات روشنایی در داده‌های جدید تولید شده و ایجاد تمایز بیشتر بین تصاویر ملانوما و غیر ملانوما با اعمال روش الگوی باینری محلی باشد.

علاوه بر این، جدول ۶ روش پیشنهادی را با روش ارائه شده در مقاله اخیر [۲۵] که در آن از دیگر انواع شبکه‌های متخاصم مولد (StyleGAN2 و STGAN) استفاده شده است، مقایسه می‌کند. طبق این جدول، اگرچه در این پژوهش از شبکه متخاصم مولد سنتی استفاده شده است، اما ترکیب آن با روش الگوی باینری محلی نتایج امیدوار کننده‌ای را تولید کرده است. همچنین، روش پیشنهادی به زمان پردازش کمتری نسبت به سایر مدل‌های شبکه متخاصم مولد نیاز دارد.

جدول ۵- مقایسه روش پیشنهادی با سایر مقالات از نظر معیار F1 برای شناسایی ملانوما با استفاده از پایگاه داده‌های مختلف

مرجع	پایگاه داده	F1 (%)
[۲۶]	PH <sup>2</sup>	۸۰
[۲۷]	PH <sup>2</sup>	۸۷/۵
روش پیشنهادی	PH <sup>2</sup>	۹۷/۴
[۱]	ISIC 2017	۹۳/۶
روش پیشنهادی	ISIC 2017	۹۷/۸
[۳]	ISIC 2018	۴۷/۷
[۲۸]	ISIC 2018	۶۱
روش پیشنهادی	ISIC 2018	۹۵/۹
[۲]	HAM 10000	۴۵
[۱]	HAM 10000	۹۳/۹
روش پیشنهادی	HAM 10000	۹۷/۳

**تعارض منافع**

نویسندگان اعلام می‌کنند که در مورد انتشار این مقاله تعارض منافع وجود ندارد.

**تأییدیه اخلاقی**

نویسندگان متعهد می‌شوند که مطالب این مقاله را در هیچ مجله دیگری به چاپ نرسانده‌اند.

**مشارکت‌های نویسندگان**

**ویدا اسماعیلی:** مفهوم‌سازی، روش‌شناسی، نرم افزار، تحقیق، تحلیل و بررسی، نگارش-پیش‌نویس اصلی، منابع.

**مراجع**

- [1] W. Salma, and A.S. Eltrass. "Automated deep learning approach for classification of malignant melanoma and benign skin lesions." *Multimedia Tools and Applications* 81, no. 22 (2022): 32643-32660.
- [2] G. Alwakid, W. Gouda, M. Humayun, and N. Us Sama. "Melanoma detection using deep learning-based classifications." In *Healthcare*, vol. 10, no. 12, p. 2481. MDPI, 2022.
- [3] A. Budhiman, S. Suyanto, and A. Arifianto. "Melanoma cancer classification using resnet with data augmentation." *2019 International Seminar on Research of Information Technology and Intelligent Systems (ISRITI)*, pp. 17-20. IEEE, 2019.
- [4] M.A. Kassem, K.M. Hosny, R. Damaševičius, and M. Meselhy Eltoukhy. "Machine learning and deep learning methods for skin lesion classification and diagnosis: a systematic review." *Diagnostics* 11, no. 8 (2021): 1390.
- [5] A. Esteva, B. Kuprel, R.A. Novoa, J. Ko, S.M. Swetter, H.M. Blau, and S. Thrun. "Dermatologist-level classification of skin cancer with deep neural networks." *Nature* 542, no. 7639 (2017): 115-118.
- [6] S. Kundu, A. Panja, and S. Karforma. "Detection of Melanoma Skin Cancer Using Hybrid Machine Learning Techniques." *Science and Culture* 89, (2023): 70-76.
- [7] S. Fooladi, H. Farsi, and S. Mohamadzadeh. "Detection and classification of skin cancer using deep learning." *J Birjand Univ Med Sci* 26, no. 1 (2019): 44-53.
- [8] J.N. Nwafor, B.E. Torere, E. Agu, L. Kadiku, T. Ogunyemi, P.A. Akinsanya, O.O. Araromi, D.E. Akahara, and O.E. Okobi. "The Role of Biomarkers in the Diagnosis and Prognosis of Different Stages of Melanoma." *Cureus* 15, no. 5 (2023).
- [9] H. Mhaske, M. Patil, J. Thote, A. Shendage, and R. Tallapalli. "A review on melanoma cancer detection using artificial intelligence." *International Journal for Research in Applied Science and Engineering Technology* 11, no. 2 (2023).
- [10] Z. Turani, E. Fatemizadeh, T. Blumetti, S. Daveluy, A. Flavia Moraes, W. Chen, D. Mehregan, P.E. Andersen, and M. Nasiriavanaki. "Optical radiomic signatures derived from optical coherence tomography images improve identification of melanoma." *Cancer Research* 79, no. 8 (2019): 2021-2030.
- [11] A.L. Kotian, K.J. Madhura, and P.T. Rahul. "Machine Learning-Based Melanoma Skin Cancer Detection." *International Journal of Engineering Management and Humanities* 4, no. 3 (2023): 72-76.
- [12] I. Obuchowska, and J. Konopińska. "Importance of optical coherence tomography and optical coherence tomography angiography in the imaging and differentiation of choroidal melanoma: a review." *Cancers* 14, no. 14 (2022): 3354.
- [13] D. Jeba Derwin, O. Jeba Singh, B. Priestly Shan, K. Uma Maheswari, and D. Lavanya. "An efficient multi-level pre-processing algorithm for the enhancement of dermoscopy images in Melanoma detection." *Medical & Biological Engineering & Computing* 61, no. 11 (2023): 2921-2938.
- [14] S. Kumar, G. Jaiswal, and K. Sinha. Skin Cancer Lesion Detection Using Improved CNN Techniques. *Handbook of Research on Technological Advances of Library and Information Science in Industry 5.0*. IGI Global. pp. 355-377. 2023.

- [15] R. Kaur, H. GholamHosseini, R. Sinha, and M. Lindén. "Melanoma classification using a novel deep convolutional neural network with dermoscopic images." *Sensors* 22, no. 3 (2022): 1134.
- [16] T. Mendonça, P.M. Ferreira, J.S. Marques, A.R. Marcal, and J. Rozeira. "PH 2-A dermoscopic image database for research and benchmarking." In 2013 35th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC), pp. 5437-5440. IEEE, 2013.
- [17] D. Gutman, N.C. Codella, E. Celebi, B. Helba, M. Marchetti, N. Mishra, and A. Halpern. "Skin lesion analysis toward melanoma detection: A challenge at the international symposium on biomedical imaging (ISBI) 2016, hosted by the international skin imaging collaboration (ISIC)." arXiv preprint arXiv:1605.01397 (2016).
- [18] N.C. Codella, D. Gutman, M. Emre Celebi, B. Helba, M.A. Marchetti, S.W. Dusza, A. Kalloo et al. "Skin lesion analysis toward melanoma detection: A challenge at the 2017 international symposium on biomedical imaging (isbi), hosted by the international skin imaging collaboration (isic)." In 2018 IEEE 15th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI 2018), pp. 168-172. IEEE, 2018.
- [19] NCF. Codella et al. "ISIC 2018: Skin Lesion Analysis towards Melanoma Detection." Available online: <https://challenge2018.isic-archive.com/> (accessed on 9 May 2021).
- [20] P. Tschandl, C. Rosendahl, and H. Kittler. "The HAM10000 dataset, a large collection of multi-source dermatoscopic images of common pigmented skin lesions." *Scientific Data* 5, no. 1 (2018): 1-9.
- [21] I. Goodfellow, J. Pouget-Abadie, M. Mirza, B. Xu, D. Warde-Farley, S. Ozair, A. Courville, and Y. Bengio. "Generative adversarial nets." *Advances in Neural Information Processing Systems* 27 (2014).
- [22] T. Ojala, K. Valkealahti, E. Oja, and M. Pietikäinen. "Texture discrimination with multidimensional distributions of signed gray-level differences." *Pattern Recognition* 34, no. 3 (2001): 727-739.
- [23] M. Pietikäinen, A. Hadid, G. Zhao, and T. Ahonen. Computer vision using local binary patterns. Vol. 40. Springer Science & Business Media, 2011.
- [24] C. Nicholson. "Evaluation metrics for machine learning—accuracy, precision, recall, and F1 defined", ed: Pathmind. <http://pathmind.com/wiki/accuracyprecision-recall-f1>, 2019.
- [25] Q. Su, H. Nuzly Abdull Hamed, M. Adham Isa, X. Hao, and X. Dai. "A GAN-based data augmentation method for imbalanced multi-class skin lesion classification." *IEEE Access* (2024).
- [26] M.A. Rasel, U.H. Obaidellah, and S. Abdul Kareem. "convolutional neural network-based skin lesion classification with Variable Nonlinear Activation Functions." *IEEE Access* 10, (2022): 83398-83414.
- [27] F.W. Alsaade, T.H.H. Aldhyani, and M.H. Al-Adhaileh. "Developing a recognition system for diagnosing melanoma skin lesions using artificial intelligence algorithms." *Computational and Mathematical Methods in Medicine* 2021, no. 1 (2021): 1-20.
- [28] X. Li, J. Wu, E.Z. Chen, and H. Jiang. "From deep learning towards finding skin lesion biomarkers." In 2019 41st Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC), pp. 2797-2800. IEEE, 2019.