




Mikroskopik Kan Hücre Görüntülerinin Güncel Derin Öğrenme Mimarileri ile Bölütlemesi

Segmentation of Microscopic Blood Cell Images with Current Deep Learning Architectures

¹Murat TOPTAŞ , ²Davut HANBAY 

¹Bandırma Onyediy Eylül Üniversitesi, Mühendislik ve Doğa Bilimleri Fakültesi, Bandırma/Balıkesir, Türkiye

²İnönü Üniversitesi, Mühendislik Fakültesi, Battalgazi/Malatya, Türkiye

¹mtoptas@bandirma.edu.tr, ²davut.hanbay@inonu.edu.tr

Araştırma Makalesi/Research Article

ARTICLE INFO

Article history

Received : 7 March 2023

Accepted : 10 April 2023

Keywords:

Cell, Segmentation, U-Net, DeepLabv3+, FCN

ABSTRACT

Blood cells are the basic components of blood, and they play an important role in the healthy functioning of the human body. The shape, number, size, and other characteristics of blood cells are dependent on various factors, and changes in these properties can be associated with many diseases. Therefore, the detection, classification, and segmentation of blood cells have become a very important issue in the field of health. With the high-performance effect of deep learning architectures on medical images, the number of automatic diagnosis systems on these blood cells has increased. In this article, cell segmentation was performed on microscopic blood cell images using DeepLabv3+, U-Net, and FCN architectures. The best accuracy result was the accuracy with a score of 0.9575 in the DeepLabv3+ architecture. The experimental results support the robustness of the proposed method.

© 2023 Bandırma Onyediy Eylül University, Faculty of Engineering and Natural Science. Published by Dergi Park. All rights reserved.

MAKALE BİLGİSİ

Makale Tarihleri

Gönderim : 7 Mart 2023

Kabul : 10 Nisan 2023

Anahtar Kelimeler:

Hücre, Bölütleme, U-Net, DeepLabv3+, FCN

ÖZET

Kan hücreleri, kanın temel bileşenleridir. Bu bileşenler insan vücudunun sağlıklı bir şekilde çalışmasında önemli rol oynarlar. Kan hücrelerinin şekli, sayısı, boyutu ve diğer özellikleri çeşitli faktörlere bağlıdır. Bu özelliklerin değişimleri birçok hastalıkla ilişkilendirilebilmektedir. Bu nedenle, kan hücrelerinin tespit edilmesi, sınıflandırılması ve bölütlenmesi sağlık alanında çok önemli bir konu haline gelmiştir. Derin öğrenme mimarilerinin medikal görüntüler üzerinde göstermiş olduğu yüksek performans etkisiyle bu kan hücreleri üzerinde otomatik tanı sistemlerinin sayısı artmıştır. Bu makalede, DeepLabv3+, U-Net ve FCN mimarileri ile mikroskopik kan hücresi görüntüleri üzerinde hücre bölütlemesi yapılmıştır. En iyi doğruluk sonucuna 0.9575 ile DeepLabv3+ mimarisinde ulaşılmıştır. Deneysel sonuçlar, önerilen yöntemin sağlamlığını destekler niteliktedir.

© 2023 Bandırma Onyediy Eylül Üniversitesi, Mühendislik ve Doğa Bilimleri Fakültesi. Dergi Park tarafından yayınlanmaktadır. Tüm Hakları Saklıdır.

1. GİRİŞ

Kan, yaşam işlevlerini yerine getiren önemli bir sıvıdır. Bu sıvının içerisinde üç bileşen vardır. Bu bileşenler beyaz kan hücreleri (WBCs), kırmızı kan hücreleri (RBCs) ve trombositlerdir. Kan içerisinde bulunan bu bileşenler, insan yaşamını ve sağlığını olumlu ya da olumsuz yönde etkileyebilir. Bu nedenle, bu bileşenlerin şekli, sayısı ve türü araştırmacılar tarafından her zaman popüler bir konu olmuştur. Özellikle tıp alanında anemi gibi tedavi edilmesi kolay hastalıklar ve lösemi gibi tedavisi kolay olmayan hastalıklar üzerinde kan bileşenlerinin etkisi çok büyüktür. Bu bileşenlerin anatomik ve morfolojik yapılarını incelemek için mikroskop kullanılmaktadır. Mikroskop kullanılarak alınan bu görüntüler üzerinde insan tecrübesine dayalı yapılan manuel işlemler can sıkıcı ve zaman alıcıdır. İnsan kaynaklı hataları en aza indirmek, zaman kazanmak ve daha fazla örnekle karşılaşmak için bu alanda bilgisayar destekli sistemlerin kullanımı yaygınlaşmıştır. Bu sistemler, görüntü bölütleme yöntemleri ve görüntü sınıflandırma yöntemleri kullanarak mikroskobik kan görüntülerinden anlamlı bilgiler elde edebilmektedir. Görüntü bölütleme, bir görüntüyü birden çok nesneye ayırma işlemidir. Bölütleme işlemi, birçok tıbbi uygulama alanında görülmektedir [1,2]. Hücre bölütleme ise bir görüntüdeki her bir hücrenin bölütlenmesini gerçekleştirerek tümörlerin veya diğer patolojilerin belirlenmesini sağlamaktadır. Kan hücreleri, pek çok belirsizlik içerir. Kan hücre görüntülerinin arka planı ile nesnelerin arasındaki kontrast bu belirsizliğe sebep olmaktadır. Aslında, kan hücre görüntülerinin gri seviye dağılımları değişkendir ve bu durum görüntülerin bulanık görülmesine sebep olmaktadır. Bu nedenle, bu bulanık görüntülerin bölütlenmesi kolay değildir [3]. Diğer bir zorluk ise, hücrelerin karmaşık oluşumu ve üst üste binmesidir [4]. Depto ve arkadaşları [5] bilgisayar destekli yapılan hücre segmentasyonu yöntemlerini iki başlık altında incelemiştir. Bunların ilki, öğrenmeye dayalı olmayan yöntemlerdir [6-8]. Diğer başlık ise, öğrenmeye dayalı yöntemlerdir [9-11]. Huang ve arkadaşları [12], karma evrişim bloklarında dayalı bir U-Net mimarisi geliştirmişlerdir. Bu mimari, hücre görüntülerini bölütlemek için önerilmiştir. Orijinal U-Net mimarisi, paralel olarak istiflenmiş farklı boyutlardaki bir evrişim bloğu ile değiştirilmiştir. Raza ve arkadaşları [13], floresan mikroskopi ve histoloji görüntülerinde çekirdekleri, bezleri ve hücreleri segmentlere ayırmak için bir evrişimli sinir ağı (CNN) önermişlerdir. Önerilen CNN mimarisi alt örnekleme yolunda ek katmanlara sahiptir. Böylelikle, bağlamsal bilgilerin korunması amaçlanmıştır. Önerilen ağ mimarisi, çıktıyı çoklu çözünürlüklerde yorumlayan bir model olarak tasarlanmıştır. Bu mimaride, model parametrelerini öğrenmek için, alt örnekleme yolundaki model çoklu giriş görüntü çözünürlüklerinde eğitilmiştir. Sadanandan ve arkadaşları [14], floresan boyama yöntemi ile boyanmış hücrelerin bölütlenmesini yapan bir yöntem geliştirmişlerdir. Bu yöntem, derin evrişimsel sinir ağlarına dayanır. İlk önce, hücrelerin parlak alan görüntüleri yakalanır. Ardından çekirdekler, sitoplazmik bölgeler ve hücreler floresan işaretçiler ile boyanır. Floresan kanallardan gelen bilgilere göre hücreler segmentlere ayrılır. Jiang ve arkadaşları [15], CNN tabanlı iki aşamalı bir bölütleme yöntemi önermişlerdir. Bu yöntem ile bitki hücrelerinin bölütlenmesi sağlanmıştır. İlk aşamada, havza algoritması kullanılmıştır. Böylelikle, bir ön bölütleme işlemi gerçekleştirilmiştir. İkinci aşamada, parçalanmış hücre adayları evrişimsel sinir ağları kullanılarak orijinal görüntü üzerinde net sınırların belirlenmesini sağlamıştır. Zhang ve arkadaşları [16], mikro-akışkan çiplerde hücreleri bölümlere ayırmak için U-Net++ tabanlı bir derin sinir ağı geliştirmişlerdir. Önerilen yöntem dört aşamadan oluşur. İlk aşamada, hücre görüntüleri bir ön işlemden geçirilmiştir. İkinci aşamada, derin sinir ağı ile, yüksek kaliteli hücre duvarları belirlenmiştir. Üçüncü aşamada, bu hücre duvarları kullanılarak iç büyük nokta tespiti sağlanmıştır. Bu aşamada amaç, temas hücrelerini bölümlere ayırmaktır. Son aşamada ise tespit edilen iç büyük noktaların belirli bir kurala göre çiftler oluşturmak üzere eşleştirilmesidir. Nishimura ve arkadaşları [17], zayıf denetimli bir hücre örneği segmentasyonu yöntemi önermişlerdir. Önerilen yöntem iki aşamadan oluşur. İlk aşama, hücre algılama aşamasıdır. Bu aşamada, CNN mimarisini kullanarak hücre görüntüsünün algılanması sağlanmıştır. Ardından, algılanan hücre merkezlerinin kaba merkez konumu tahmin edilmiştir. İkinci aşama, geriye yayılım aşamasıdır. Bu aşamada, algılama ağından kaba hücre şekilleri tespit edilmiştir. Zhao ve arkadaşları [18], U şeklinde bir yapıya sahip bir derin öğrenme mimarisi önermişlerdir. Önerilen mimari, hafif özellikli dikkat ağıdır (LFANet). Bu mimaride, servikal hücre görüntüleri bir ön işlemden geçirilmiştir. Ön işlenmiş görüntüler, üzerinden veri çoğaltma işlemi yapılmış ve görüntüler artırılmıştır. Bu görüntüler, önerilen LFANet mimarisine verilmiştir. Sonuç olarak, bölütlenmiş hücre görüntüleri elde edilir. Bölütlenmiş hücre görüntülerinin performans değerlendirmesi için bir son işlem yapılır ve görüntüler görselleştirilir.

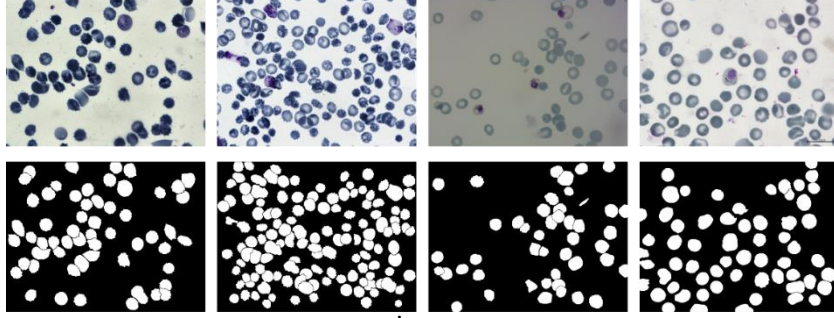
Mikroskobik hücre görüntülerinin incelenmesi üzerine yukarıda birçok uygulamadan bahsedilmiştir. Bu uygulamalar başarılı sonuçlar üretse de bu alanda yapılan çalışmalar sürekli artmaktadır. Çünkü sürekli yeni hücre görüntüleri yayınlanmakta ve teknolojik ilerlemeler devam etmektedir. Bu durum sağlam, güvenilir ve hızlı uygulama geliştirme ihtiyacını ortaya çıkarmıştır. Bu makalede, yeni yayınlanmış ve halka açık olarak sunulmuş mikroskobik hücre görüntülerinden oluşan bir veri seti kullanılarak hücre bölütlemesi işlemi gerçekleştirilmiştir. Bölütleme işlemi için güncel bir derin öğrenme mimarisi olan DeepLabv3+ mimarisi kullanılmıştır. Bu mimari nesne sınırlarını kodlayıcı ve kod çözücü yapısından dolayı net bir şekilde ortaya çıkarmaktadır. Bu nedenle hücre sınırlarını daha net belirleyebilmek için bu makalede kullanılmıştır. Bu mimariden alınan sonuçlara göre ortalama doğruluk oranı 0.9575 olarak hesaplanmıştır.

Makalenin geri kalanı şu şekilde organize edilmiştir: Bölüm 2’de, önerilen yöntemin arka planında kullanılan materyallerden ve yöntemlerden bahsedilmiştir. Bölüm 3’de, önerilen yöntemin deneysel çalışmaları ve sonuçları sunulmuştur. Bölüm 4’de, önerilen yöntemin çıkarımı yapılmıştır.

2. MATERYAL VE YÖNTEM

2.1. Veri Seti

Depo ve arkadaşları [5] tarafından 2021 yılında mikroskobik kan hücrelerinden oluşan bir veri seti halka açık olarak sunulmuştur. Bu veri seti BBBC041Seg olarak adlandırılmaktadır. Toplamda 1328 adet görüntü bulunmaktadır. Bu veri setinde 1328 adet orijinal kan hücre görüntüsü ve 1328 adet gerçek zemin görüntüsü vardır. Bu görüntülerin bir kısmı 1600x1200x3 piksel boyutunda olup bir kısmı ise 1944x1383x3 piksel boyutundadır. Veri seti görüntülerin hepsi RGB renk uzayındadır. Veri setine ait bazı görüntüler Şekil 1’de verilmiştir.



Şekil 1. Veri setindeki bazı görüntüler. İlk satır orijinal veri seti görüntülerini, ikinci satır bu görüntülerin gerçek zemin görüntülerini temsil etmektedir.

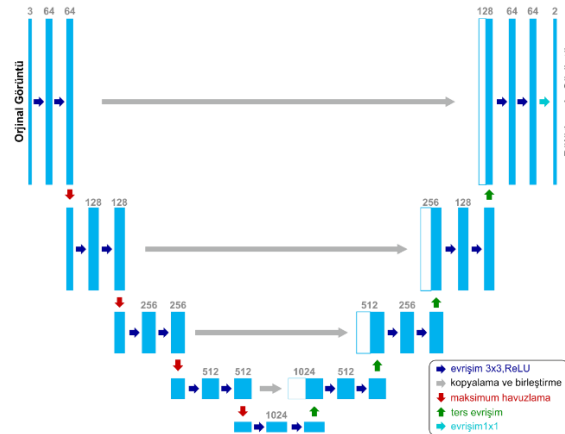
Veri seti her eğitimde rastgele olarak eğitim ve test verilerine bölünmüştür. Her eğitim verisi daha sonra kendi içinde eğitim ve doğrulama olarak tekrar bölünmüştür. Tablo 1, veri seti görüntülerinin eğitim, test ve doğrulama için kullanılma oranlarını ve sayılarını içermektedir.

Tablo 1. Veri setinde bulunan görüntü sayıları.

	Eğitim (Doğrulama)	Test	Toplam
Görüntü Sayısı	1063 (106)	265	1328
Oran	%80	%20	%100

2.2. U-Net Mimarisi

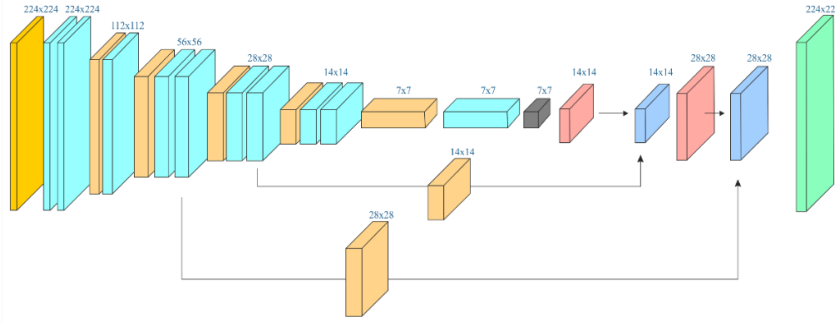
U-Net 2015 yılında bölütleme için önerilmiş bir derin öğrenme mimarisidir [19]. Bu mimarinin ağ yapısında, kodlayıcı ve kod çözücü yapılar bulunmakta ve şekilsel olarak U harfini anımsatmaktadır. U-Net mimarisinin görsel hali Şekil 2’de sunulmuştur. Şekil 2 incelendiğinde, mimarinin sol tarafı kodlayıcı kısmını, sağ tarafı ise kod çözücü kısmını temsil etmektedir. Mimarinin kodlayıcı kısımda 3x3 piksel boyutunda evrişim katmanı bulunmaktadır. Her evrişim katmanını doğrultulmuş doğrusal birim (ReLU) aktivasyon fonksiyonu takip etmektedir. Ayrıca, her iki evrişim katmanından sonra 2x2 piksel boyutunda maksimum havuzlama katmanı bulunmaktadır. Kod çözücü tarafta ise öncelikle havuzlama katmanında bulunan azaltma işleminin tersi uygulanır. Bu işlem ters evrişim (up-convolution) olarak isimlendirilmektedir. Her bir ters evrişim katmanından sonra 3x3 piksel boyutunda evrişim işlemi hemen ardından da ReLU aktivasyon fonksiyonu gelmektedir. Son katmanda ise 1x1 piksel boyutunda evrişim katmanı uygulanmıştır. U-Net mimarisinde tüm özellik haritalarını kodlayıcıdan kod çözücüye aktarır ve kod çözücünden gelen ilgili özellik haritasıyla birleştirir. Bu durum U-Net mimarisini daha büyük bir mimari yapar ve daha fazla bellek ihtiyacını ortaya çıkarır. Bellek ihtiyacı fazla olmasına rağmen diğer mimarilere göre daha yüksek sonuçlar verdiği için avantajlı bir mimaridir.



Şekil 2. U-Net mimarisinin yapısı.

2.3. Tamamen Bağlı Ağlar

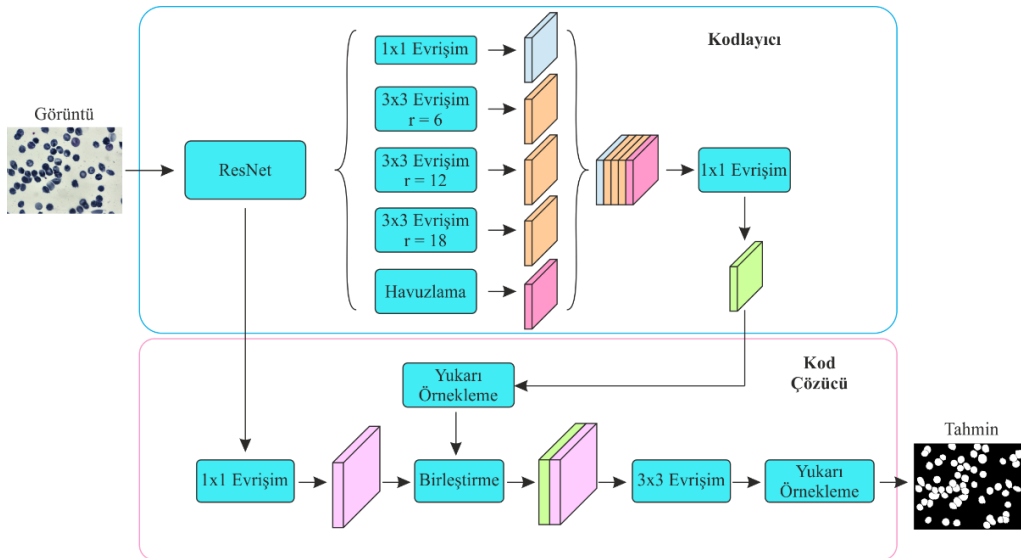
Tamamen Bağlı Ağlar (FCN), 2015 yılında [20] semantik segmentasyon için önerilmiş bir derin ağ mimarisidir. Bir görüntü CNN mimarisine girdi olarak verildikten sonra belli katmanlardan geçirilerek tam bağlı katmana iletilmektedir. Bu süreçte, girdi görüntüsü uzamsal bilgi kaybına uğramaktadır. Bu yaşanan bilgi kaybı, yöntemlerin başarısı üzerinde olumsuz etkiler oluşturduğu için FCN mimarileri önerilmiştir. FCN mimarisi, bölütlemeden görevli pikselden piksele evrişimli bir ağıdır. Alt örnekleme ve yukarı örnekleme olmak üzere iki temel bileşenden oluşur. Alt örnekleme bileşeni, evrişim katmanı ve havuzlama katmanını içerir. Yukarı örnekleme bileşeni ise, ters evrişim katmanlarını içerir. Alt örnekleme ile küçülen özellik haritalarının boyutu, yukarı örnekleme ile yükseltilir. Böylece, girdi ve çıktı görüntülerinin de boyutları eşitlenmiş olur. Şekil 3’de FCN mimarisini gösteren bir örnek verilmiştir.



Şekil 3. Görüntü bölütleme için bir FCN çerçevesi.

2.4. DeepLabv3+

DeepLab serisi, semantik bölütleme işlemleri için ortaya çıkarılmıştır. İlk çıkan seri DeepLabv1 [21] modelidir. Bu model, VGG16 ağına dayanarak tasarlanmıştır ve koşullu rastgele alan (conditional random field-CRF) kullanmıştır. Ancak, çok ölçekli segmentasyonu nesnelere için işlem yeteneği zayıf kalmıştır. Bunun üzerine DeepLabv2 [22] modeli ortaya çıkmıştır. Bu modelde, ResNet-101 mimarisi ile Atrous Mekansal Piramit Havuzu (Atrous Spatial Pyramid Pooling - ASPP) birlikte kullanılmıştır. ASPP mimarisi, bilgi kaybını önlemek için kullanılmıştır. Daha sonra, ASPP’yi geliştirerek DeepLabv3 [23] modeli çıkarılmıştır. Bu model, ağı derinleştirmek için delik evrişimi kullanmış ve CRF yöntemini kaldırmıştır. DeepLabv3+ [24] serisi ise, kullanılan ResNet-101 mimarisinin yerine Xception mimarisini kullanmıştır. DeepLabv3+, nesne sınırlarını net bir şekilde elde etmek için bir kodlayıcı ve kod çözücüdür. Kodlayıcı kısmında, derin ayırma evrişimi ve ASPP katmanları bulunur. Böylece, özellik kaybını azaltılır ve daha yüksek seviyeli anlamsal bilgiler yakalanmış olur. Kod çözücü kısmında ise kodlayıcı kısmında çıkarılan özellik haritası üzerinde, düşük seviyeli özellikler birleştirilir ve yukarı örnekleme gerçekleştirilir. Ardından alt örnekleme sırasında kaybolan uzamsal bilgiler tekrar kurtarılır. DeepLabv3+ mimarisini anlatan bir görsel Şekil 4’de verilmiştir.



Şekil 4. DeepLabv3+ mimarisi.

3. DENEYSEL ÇALIŞMALAR VE SONUÇLAR

3.1. Çalışma Ortamı

Önerilen yöntem, Windows 10 işletim sistemi üzerinde, 32 GB RAM kullanılarak, AMD Ryzen3 3100 işlemci, NVIDIA GeForce RTX 2080 Ti ekran kartı ile Matlab yazılımı kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

3.2. Performans Değerlendirme

Kan hücrelerinin bölütleme yöntem başarısını test etmek için performans ölçütlerine ihtiyaç duyulmuştur. Performans ölçütleri, önerilen yöntemle diğer son teknolojik yöntemlerin başarı oranını karşılaştırmak için kullanılan metriklerdir. Bu metriklerin bilinmesi için dört temel parametrenin bilinmesi gerekir. Bu parametreler, doğru pozitif (TP), doğru negatif (TN), yanlış pozitif (FP) ve yanlış negatif (FN)'dir. Bu parametreler, kullanılarak hesaplanan performans ölçütleri Tablo 2'de sunulmuştur.

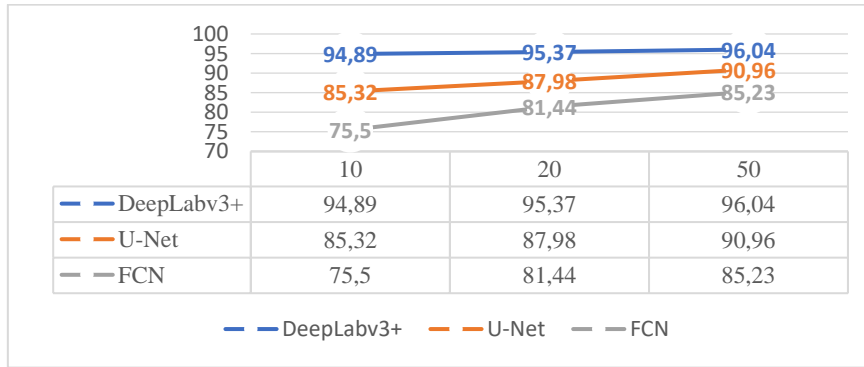
Tablo 2. Performans metrikleri.

Metrik	Eşitlik
Ortalama Doğruluk	$Acc = \frac{TP + TN}{(TP + TN + FP + FN)}$
Jaccard	$J(A, B) = \frac{TP}{TP + FP + FN}$
DICE	$D(A, B) = \frac{2 * TP}{2TP + FP + FN}$

3.3. Deneysel Çalışma

Önerilen yöntemde, 2021 yılında halka açık olarak sunulan mikroskobik kan hücre görüntülerinden oluşan BBBC041Seg isimli veri seti kullanılmıştır. Bu veri seti üzerinde üç farklı derin öğrenme mimarisini kullanarak hücre bölütlemesi gerçekleştirilmiştir. Hücre bölütlemesinin öncesinde ve sonrasında herhangi bir ek işlem yapılmamıştır. BBBC041Seg veri seti görüntüleri U-Net, FCN ve DepLabv3+ mimarileri kullanılarak bölütleme işlemi gerçekleştirilmiştir. Kullanılan mimarilerin öğrenme oranı iki farklı şekilde denetlenmiştir. İlk olarak, öğrenme oranı 0,001'den başlatılmış ve her 10 epokta 0,1 ile çarpılarak azaltılmıştır. İkinci olarak, sabit öğrenme oranı da 0,001 olarak kabul edilmiş ve deneysel çalışmalar yapılmıştır. Momentum hiper-parametresi 0,9 olarak belirlenmiş ve görüntüler 32'lik gruplara ayrılarak her epokta karıştırılmıştır.

Mikroskobik kan hücrelerini bölütlemek için kullanılan derin ağ mimarileri 10, 20 ve 50 epokta çalıştırılmıştır. Her mimarinin sabit öğrenme oranı ile aldığı Dice benzerlik ölçütünün sonucu Şekil 5'de görsel olarak sunulmuştur. Bu görsele göre, en iyi sonuç 50 epokta DepLabv3+ mimarisi ile elde edilmiştir.



Şekil 5. Epok değerleri için elde edilen Dice benzerlik indeks sonucu.

Ayrıca öğrenme oranının etkisini görmek için 0,001 ile başlatılan öğrenme oranı her 10 epokta 0,1 ile çarpılarak üç derin ağ mimarisinin veri seti üzerindeki bölütleme etkisi incelenmiştir. Yapılan çalışmalarda sabit öğrenme oranının daha iyi sonuçlar verdiği gözlemlenmiştir. Bu deneye maksimum 50 epok için test edilmiş ve elde edilen sayısal veriler Tablo 3'de sunulmuştur.

Tablo 3. Sabit ve değişken öğrenme oranının sonuçlar üzerinde etkisi.

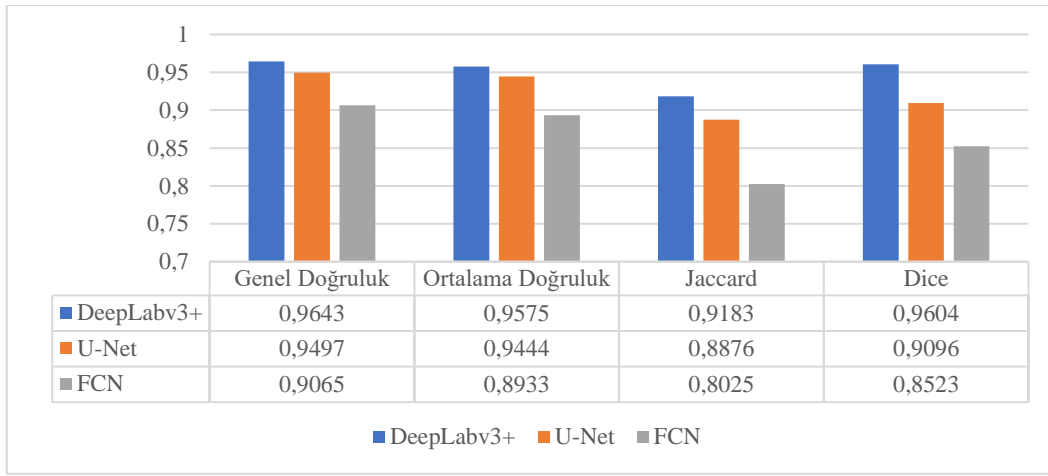
Model	Öğrenme Oranı	Genel Doğruluk	Ortalama Doğruluk	Jaccard	Dice
DeepLabv3+	Değişken	0.9531	0.9428	0.8957	0.9429
	Sabit	0.9643	0.9575	0.9183	0.9604
U-Net	Değişken	0.9233	0.9105	0.8334	0.8736
	Sabit	0.9497	0.9444	0.8876	0.9096
FCN	Değişken	0.8965	0.8723	0.7893	0.8245
	Sabit	0.9065	0.8933	0.8025	0.8523

Sabit öğrenme oranı ile test edilen DeepLabv3+, U-Net ve FCN mimarilerin üç epokta geçirdiği süreler Tablo 4’de sunulmuştur. Buradaki verilere göre en yavaş çalışan mimari her zaman FCN mimarisi olurken en hızlı çalışan mimari ise DeepLabv3+ mimarisi olmuştur.

Tablo 4. Farklı epok değerlerde eğitim süresi.

Model	Süre (sn.)		
	10 epok	20 epok	50 epok
DeepLabv3+	350	695	1661
U-Net	475	1101	2749
FCN	1410	2673	6948

Literatürde bu veri seti üzerinde işlem yapan tek çalışma veri setini sunan makaleye aittir [5]. Bu makalede, yazarlar en iyi sonucu TernausNet mimarisinde almıştır. Bu mimaride Jaccard indeksi 87.65 ve Dice benzerlik indeksi 93.38’dir. Bu makale de veri setinin test edildiği derin öğrenme mimarilerine ait deneysel sonuçlar Şekil 6’da sunulmaktadır. Şekil 6 incelendiğinde en iyi başarıyı gösteren derin öğrenme mimarisinin DeepLabv3+ olduğu gözükmemektedir. Bu mimari diğer test edilen iki mimariye göre her performans ölçütünde en yüksek başarıyı sergilemiştir. Bu başarı, DeepLabv3+ mimarisinin mikroskobik kan hücresi görüntülerinde kullanılabileceğinin bir kanıtı niteliğindedir.



Şekil 6. Derin ağ mimarilerinin performans sonuçları.

4. ÇIKARIM

Derin ağ mimarilerinin medikal görüntü veri setleri üzerinde çok yüksek bir performansı bulunmaktadır. Bu nedenle bu mimariler, mikroskobik kan hücresi görüntülerinin bölütlenmesinde de kullanılmıştır. Ancak, bu mimarilerin hem hiper parametreleri hem de mimari türleri performans sonucunu doğrudan etkilemektedir. Bu çalışmada, sağlık sektörüne katkı sağlaması amacıyla derin ağ mimarilerinin üç türü ile kan hücresi bölütleme işlemi gerçekleştirilmiştir. Farklı öğrenme oranı ve farklı epok değerleri mimariler üzerindeki etkisi incelenmiştir. DeepLabv3+, U-Net ve FCN mimarileri, bu çalışmada kullanılan mimariler olup halka açık olarak sunulan bir veri seti üzerinde test edilmiştir. Bu veri seti araştırmalarımız doğrultusunda veri setini yayınlayan makale dışında test edilmemiştir. Bu çalışma, yeni bir veri seti olan BBBC041Seg veri seti üzerinde deneyler yaparak veri setinin kıyaslanabilirliğini sağladığı içinde önemlidir. Üç mimari içerisinde 0.9575 doğruluk oranı ile en iyi doğruluk değerine sahip ve 1661 saniye çalışma süresiyle en kısa çalışma süresine sahip mimari DeepLabv3+ mimarisi olmuştur. Gelecekte, mikroskobik kan hücrelerinin türlerine göre (kırmızı kan hücresi, beyaz kan hücresi veya trombosit) sınıflandırılması ve bölütlenmesi hedeflenmektedir.

Yazar Katkıları

Yazarlar makaleye eşit oranda katkı sağlamıştır.

Çıkar Çatışması

Yazarlar arasında çıkar çatışması bulunmamaktadır.

KAYNAKÇA

[1] B. Toptaş and D. Hanbay “Retinal blood vessel segmentation using pixel-based feature vector”,

Biomed Signal Process Control, vol. 70, p. 103053, 2021.

- [2] N. Şahin, N. Alpaslan, and D. Hanbay “Robust optimization of SegNet hyperparameters for skin lesion segmentation”, *Multimed Tools Appl*, vol. 81, no. 25, pp. 36031–36051, 2022.
- [3] D.R. Nayak, N. Padhy, and B.K. Swain “Blood cell image segmentation using modified fuzzy divergence with morphological transforms”, *Mater Today Proc*, vol. 37, pp. 2708–2718, 2021.
- [4] D. Kumar et al. “Automatic Detection of White Blood Cancer From Bone Marrow Microscopic Images Using Convolutional Neural Networks”, *IEEE Access*, vol. 8, pp. 142521–142531, 2020.
- [5] D.S. Depto et al. “Automatic segmentation of blood cells from microscopic slides: A comparative analysis”, *Tissue Cell*, vol. 73, p. 101653, 2021.
- [6] S.S. Savkare, A.S. Narote, and S.P. Narote “Automatic Blood Cell Segmentation Using K-Mean Clustering from Microscopic Thin Blood Images,” in *Proceedings of the Third International Symposium on Computer Vision and the Internet*, pp. 8–11, 2016.
- [7] K. Nawa, E. Suryani, and H. Prasetyo “Dengue Virus Infected Leukocyte Classification on Microscopic Images with Image Histogram Based Support Vector Machine”, in *2019 5th International Conference on Science and Technology (ICST)*, pp. 1–5, 2019.
- [8] S. Mohapatra, D. Patra, and S. Satpathi “Image analysis of blood microscopic images for acute leukemia detection”, in *2010 International Conference on Industrial Electronics, Control and Robotics*, pp. 215–219, 2010
- [9] M.I. Razzak and S. Naz “Microscopic Blood Smear Segmentation and Classification Using Deep Contour Aware CNN and Extreme Machine Learning”, in *2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition Workshops (CVPRW)*, pp. 801–807, 2017
- [10] A. Arbelle and T.R. Raviv “Microscopy Cell Segmentation via Adversarial Neural Networks”, In *2018 IEEE 15th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI 2018)*, 2018.
- [11] Z. Zhou, M.M. Rahman Siddiquee, N. Tajbakhsh, and J. Liang “UNet++: A Nested U-Net Architecture for Medical Image Segmentation”, pp. 3–11, 2018.
- [12] C. Huang, C. Huang, H. Ding, and C. Liu “Segmentation of Cell Images Based on Improved Deep Learning Approach”, *IEEE Access*, vol. 8, pp. 110189–110202, 2020.
- [13] S.E.A. Raza et al. “Micro-Net: A unified model for segmentation of various objects in microscopy images”, *Med Image Anal*, vol. 52, pp. 160–173, 2019.
- [14] S.K. Sadanandan, P. Ranefall, S. le Guyader, and C. Wählby “Automated Training of Deep Convolutional Neural Networks for Cell Segmentation”, *Sci Rep*, vol. 7, no. 1, p. 7860, 2017.
- [15] W. Jiang, L. Wu, S. Liu, and M. Liu “CNN-based two-stage cell segmentation improves plant cell tracking”, *Pattern Recognit Lett*, vol. 128, pp. 311–317, 2019.
- [16] Z. Zhang, Q. Li, W. Song, P. Wei, and J. Guo “A novel concavity based method for automatic segmentation of touching cells in microfluidic chips”, *Expert Syst Appl*, vol. 202, p. 117432, 2022.
- [17] K. Nishimura, C. Wang, K. Watanabe, D. Fei Elmer Ker, and R. Bise “Weakly supervised cell instance segmentation under various conditions”, *Med Image Anal*, vol. 73, Oct. 2021.
- [18] Y. Zhao, C. Fu, S. Xu, L. Cao, and H. feng Ma “LFANet: Lightweight feature attention network for abnormal cell segmentation in cervical cytology images”, *Comput Biol Med*, vol. 145, 2022.
- [19] O. Ronneberger, P. Fischer, and T. Brox “U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation”, May 2015.
- [20] J. Long, E. Shelhamer, and T. Darrell “Fully convolutional networks for semantic segmentation”, in *2015 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, pp. 3431–3440, 2015.
- [21] L.-C. Chen, G. Papandreou, I. Kokkinos, K. Murphy, and A. L. Yuille “Semantic Image Segmentation with Deep Convolutional Nets and Fully Connected CRFs”, 2014.
- [22] L.-C. Chen, G. Papandreou, I. Kokkinos, K. Murphy, and A. L. Yuille “DeepLab: Semantic Image Segmentation with Deep Convolutional Nets, Atrous Convolution, and Fully Connected CRFs”, *IEEE Trans Pattern Anal Mach Intell*, vol. 40, no. 4, pp. 834–848, 2018.
- [23] L.-C. Chen, G. Papandreou, F. Schroff, and H. Adam, “Rethinking Atrous Convolution for Semantic Image Segmentation”, Jun. 2017.
- [24] L.-C. Chen, Y. Zhu, G. Papandreou, F. Schroff, and H. Adam “Encoder-Decoder with Atrous Separable Convolution for Semantic Image Segmentation”, 2018.