



Modifiye Edilmiş Inception Modülü Kullanılarak İnsan Periferik Kan Hücrelerinin Çoklu Sınıflandırılması

Multiple Classification of Human Peripheral Blood Cells Using Modified Inception Module

¹Hüseyin FIRAT 

¹Dicle Üniversitesi, Mühendislik Fakültesi, Diyarbakır, Türkiye

huseyin.firat@dicle.edu.tr

Araştırma Makalesi/Research Article

ARTICLE INFO

Article history

Received : 25 May 2023

Accepted : 13 July 2023

Keywords:

Peripheral Blood Cell, Classification, Inception Module, Depthwise Separable Convolution

ABSTRACT

Classification of peripheral blood cells plays an important role in the diagnosis of many blood diseases such as anemia, leukemia etc. Therefore, correct blood cell classification is clinically very significant in diagnosing the disease. In recent years, deep learning, especially Convolutional neural networks, has been used frequently in the medical field thanks to its strong self-learning capabilities. In this study, a new hybrid method consisting of depthwise separable convolution and Inception module has been developed, which reduces the computational cost and the number of parameters for blood cell classification. This method provides an advantage over standard convolutional neural networks by reducing the number of parameters and computational cost and increasing the classification accuracy. As a result of experimental studies conducted on an 8-class blood cell dataset to test the performance of the developed method, 98.89% accuracy, 98.88% precision, 98.85% recall, 98.86% F1-score were obtained. It is seen that our method is effective when compared with the studies in the literature.

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

MAKALE BİLGİSİ

Makale Tarihleri

Gönderim : 25 Mayıs 2023

Kabul : 13 Temmuz 2023

Anahtar Kelimeler:

Periferik Kan Hücresi, Sınıflandırma, Inception modülü, Derinlemesine Ayrılabilir Evrişim

ÖZET

Periferik kan hücrelerinin sınıflandırılması anemi ve lösemi gibi birçok kan hastalığının teşhisinde önemli rol oynamaktadır. Bu nedenle, doğru kan hücresi sınıflandırması hastalığın teşhisinde klinik olarak oldukça önemlidir. Son yıllarda, derin öğrenme, özellikle Evrişimsel sinir ağları, güçlü kendi kendine öğrenme yetenekleri sayesinde tıp alanında sıklıkla kullanılmaktadır. Bu çalışmada, kan hücre sınıflandırması için hesaplama maliyetini ve parametre sayısını azaltan derinlemesine ayrılabilir evrişim ile Inception modülünden oluşan yeni bir hibrit yöntem geliştirilmiştir. Bu yöntem, parametre sayısını ve hesaplama maliyetini azaltıp sınıflandırma doğruluğunu artırmasıyla, standart evrişimsel sinir ağlarına göre bir avantaj sağlamaktadır. Geliştirilen yöntemin performansını test etmek için 8 sınıflı bir kan hücresi veri seti üzerinde yapılan deneysel çalışmalar sonucunda %98.89 doğruluk, %98.88 kesinlik, %98.85 duyarlılık, %98.86 F1-skoru elde edilmiştir. Literatürdeki çalışmalar ile karşılaştırıldığında yöntemimizin etkili olduğu görülmektedir.

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

1. GİRİŞ

Sağlıklı bir insanın damarlarında dolaşan kan, vücut ağırlığının yaklaşık %7'si kadardır. Sahip olduğumuz yaklaşık 5 litre kanın yapısı mikroskop altında incelendiğinde plazma adı verilen sıvılardan ve çeşitli kan hücrelerinden oluştuğu görülmektedir [1]. Bu kan hücrelerinin birincil bileşenleri, kırmızı kan hücreleri (eritrositler-alyuvarlar), beyaz kan hücreleri (lökositler-akyuvarlar) ve trombositlerden (kan pulcukları) oluşmaktadır [2]. Damar yaralanması sırasında metabolik süreçlerin, savunma mekanizmalarının ve duyarlı etmenlerin sürdürülmesinde temel bileşenler olarak işlev gören bu üç hücre kategorisi, kan dokusunun %45'ini, geri kalan %55'i ise plazmayı oluşturmaktadır [3]. Kanda bulunan her hücre türü, insanın yaşamsal fonksiyonlarının sürdürülmesinde bir role sahiptir. Örneğin, alyuvarlar oksijen taşınmasından sorumludur ve lökositler insan bağışıklık sisteminin önemli bir parçasıdır. Alyuvarlarda ve trombositlerde görülen şekil ve form birliğinin aksine, lökositler hücre tipinde çeşitlidir ve hücre formunda farklıdır, bu da onları tıbbi görüntü analizi ve sınıflandırmasında ilgi odağı haline getirmiştir. Lökositler vücudun savunma sisteminde çok önemli bir role sahiptir. Öncelikle insan vücudunu yabancı bakterilerden, virüslerden, parazitlerden ve diğer mikroorganizmalardan korumaktan sorumludurlar [4]. Lökositler morfolojik yapılarına göre granülositler, lenfositler ve monositler olarak sınıflandırılmaktadır. Granülositler, nötrofilleri, bazofilleri ve eozinofilleri içerir ve sitoplazmik granüllerin ve loblu polimorf çekirdeklerin varlığı ile karakterize edilmektedirler [5]. Buna karşılık, lenfositler ve monositlerin tümü yuvarlak bir mono çekirdeğe ve renksiz bir sitoplazmaya sahiptir. Lökositlerin özelliklerinde gözlenen sayı, oran, şekil gibi bazı değişkenlikler, bazı hastalıkların habercisi olabileceği gibi (örneğin lösemi, anemi, sıtma), hücre alt tiplerinde görülen anormallikler de bazı hastalıkların (örneğin nötrofil) belirtisi olabilmektedir. Bu açıdan lökositlerin alt tiplerinin doğru bir şekilde tanımlanması ve incelemesi klinik olarak oldukça önemlidir. Lökosit tanımlama, sınıflandırma ve kantitatif analiz süreci hem manuel hem de otomatik olarak gerçekleştirilebilmektedir. Lökosit sınıflandırmasının manuel süreci oldukça zaman alıcıdır ve hematoloğun deneyimine bağlıdır. Daha sıklıkla, Lökosit sınıflandırmasını gerçekleştirmek için klinik olarak otomatik bir lökosit analiz cihazı kullanılmaktadır [6][7]. Bu ticari analizörler, sınıflandırma için segmentasyon ve örüntü tanıma algoritmalarını kullanarak hızlı ve düşük maliyetli analizler gerçekleştirebilmektedir. Ancak hem morfolojik korelasyonların saptanması hem de güvenilirlik açısından manuel sınıflandırmaya göre daha düşük bulunmuştur [8].

Otomatikleştirilmiş lökosit sınıflandırma algoritmaları, uzun zamandır bir araştırma alanı olmuştur [9][10][11]. Bu doğrultuda, bilgisayarla görme tekniklerinden yararlanan lökositlerin analizi için otomatik ama daha hızlı yaklaşımlar geliştirilmiştir. Makine öğrenimi ve bilgisayar görüşündeki son gelişmeler göz önüne alındığında, lökosit sınıflandırması ve segmentasyonu için destek vektör makinesi (DVM) [12] ve Naive Bayesian [13] gibi daha geleneksel makine öğrenimi modellerinden daha gelişmiş derin öğrenme yöntemlerine kadar çeşitli yaklaşımlar önerilmiştir. Geleneksel makine öğrenmesi tekniklerinde, sınıflandırmanın doğruluğunu elde etmeye katkıda bulunan belirli morfolojik lökosit özellikleri dikkate alınmıştır. Girdi görüntülerinden geometrik, dokusal, istatistiksel, dalgacık vb. özellikleri çıkarılmış ve sınıflandırma için rastgele orman [9], destek vektör makinesi (DVM) [12] ve naive bayesian [13] gibi sınıflandırıcılara verilmeden önce özellik seçimi ve sıralamaya tabi tutulmuştur. Evrişimli sinir ağlarını içeren derin öğrenme yöntemleri son yıllarda sıklıkla lökosit sınıflandırmasında kullanılmaktadır. Son araştırmalar, evrişimsel sinir ağlarının kullanımının, geleneksel makine öğrenimi yöntemlerinde manuel özellik çıkarımından kaçınarak özellikleri otomatik olarak çıkararak sınıflandırmanın doğruluk oranını artırdığını göstermiştir [14][15][16]. Güçlü kendi kendine öğrenme yetenekleri sayesinde evrişimsel sinir ağları, görüntülerde daha güçlü semantik bilgilerle daha derin özellikler çıkarabilmektedir. Bu nedenle son yıllarda geleneksel sınıflandırıcılardan farklı olarak lökosit sınıflandırılması için evrişimsel sinir ağı tabanlı çalışmalar yapılmaya başlanmıştır.

Tıbbi görüntülerin analizinde oldukça başarılı sonuçlar veren lökositlerin derin öğrenme, özellikle evrişimsel sinir ağları tabanlı yöntemler ile tanınması ve sınıflandırılması konusunda da literatürdeki çalışmalardan bazıları şu şekildedir. Liang vd. [5] LSTM ve Xception yöntemlerinin özelliklerini birleştirerek lökosit sınıflandırılması için yeni bir yöntem geliştirdi. Önerdikleri hibrit yöntem ile dört sınıf (nötrofil, monosit, lenfosit ve eozinofil)'tan oluşan ve 12444 lökosit görüntüsü içeren bir seti üzerinde gerçekleştirilen deneysel çalışmalar sonucunda genel doğruluğun %90.79 olduğu görülmektedir. Toğaçar vd. [17] lökosit sınıflandırması için evrişimsel sinir ağı ve özellik seçimi yöntemlerinin yeni bir kombinasyonunu önerdi. Bu yöntemde özellik çıkarıcı olarak ResNet50, GoogLeNet, AlexNet yöntemleri kullanılmaktadır. Bu yöntemlerle çıkarılan öznelikler birleştirilerek Ridge öznelik seçimi ve Maksimal Bilgi Katsayısı kullanılarak en belirleyici öznelikler seçilmektedir. Son olarak, bir sınıflandırıcı olarak Kuadratik diskriminant analizi kullanılmıştır. Önerilen yöntemin sınıflandırma doğruluğunu analiz etmek için toplam 12435 lökosit görüntüsü kullanılmıştır. Bu veri setinde, nötrofil, monosit, lenfosit ve eozinofil olmak üzere dört tip lökosit sınıflandırılmıştır. Önerilen yöntem ile %97.95 genel doğruluk elde edilmiştir. Uçar [18], lökosit sınıflandırması için ShuffleNet mimarisini önerdi. Bu yöntem ile 8 sınıflı (nötrofiller, eozinofiller, bazofiller, lenfositler, monositler, olgunlaşmamış granülositler, eritroblastlar, trombositler) ve toplam 17092 görüntü içeren veri seti üzerinde yapılan deneysel çalışmalar sonucunda %97.94 sınıflandırma doğruluğu elde edilmiştir. Sharma vd. [19] lökosit sınıflandırması için hızlı bir geleneksel evrişimsel sinir ağı yöntemi sunmuştur. Bu yöntem 3 evrişim ve 3 tam bağlantılı katmandan oluşmaktadır. Ancak, her evrişim katmanı ReLU, maksimum havuzlama ve bırakma katmanlarını içermektedir. 4 sınıflı Blood Cell Count and Detection veri seti üzerinde yapılan deneysel çalışmaların sonuçları incelendiğinde %84.64 sınıflandırma doğruluğu elde edildiği görülmektedir. Baby vd. [20] lökosit sınıflandırması için DVM ve önceden eğitilmiş derin öğrenme mimarilerinin

bir kombinasyonundan oluşan hibrit bir yöntem önerdi. Özellik çıkarıcı olarak Xception, InceptionV3, MobileNetV2, DenseNet121 ve ResNet50 kullandılar. Ayrıca, en seçici özellikleri seçmek için bir ara adım olarak ekstra ağaç sınıflandırıcısını kullandılar. Son olarak, sınıflandırma için çok sınıflı DVM kullandılar. Bu hibrit yöntemin performans analizi için, 4 sınıf içeren 431 lökosit görüntüsünden oluşan bir veri seti üzerinde deneysel çalışmalar yaptılar. Yapılan deneysel çalışmalara göre elde edilen sınıflandırma doğruluk sonuçları şu şekildedir: ResNet50+DVM (%90.76), DenseNet121+DVM (%72.3), MobileNetV2+DVM (%87.69), InceptionV3+DVM (%76.92) ve Xception +DVM (%70.26). Bani-Hani vd. [21] dört tip (monositler, lenfositler, nötrofiller ve eozinofiller) lökosit görüntüsünün sınıflandırılması için yeni bir evrişimsel sinir ağı yöntemi önerdi. Ayrıca, evrişimsel sinir ağı yönteminde kullanılan hiperparametrelerin optimizasyonu için genetik algoritmayı kullandılar. Blood Cell Count and Detection (BCCD) veri seti üzerinde yapılan uygulamalar incelendiğinde genel olarak %91.01 doğruluk elde edildiği görülmüştür. Mohamed vd. [22] lökosit sınıflandırması için sınıflandırıcı olarak lojistik regresyon ve özellik çıkarıcı olarak MobileNet-224'ten oluşan hibrit bir yöntem önerdi. BCCD üzerinde yapılan deneylere göre %97.03 sınıflandırma doğruluğu elde etmişlerdir. Patil vd. [23] LSTM ve evrişimsel sinir ağını birleştirerek lökosit sınıflandırması için kanonik korelasyon analizine dayalı bir derin öğrenme yöntemi geliştirdi. Kanonik korelasyon analizi, girdi görüntüsünden çeşitli örtüşen özellikleri çıkarır, böylece diğer benzer derin öğrenme yöntemlerine kıyasla doğruluğunu artırır. BCCD veri seti üzerindeki uygulamalara göre elde edilen sınıflandırma doğruluğu %95.89'dur. Cheuque vd. [24] dört lökosit tipini (eozinofiller ve nötrofiller (polimorfonükleer), monositler ve lenfositler (mononükleer)) etkili bir şekilde sınıflandıran iki fazlı hibrit çok düzeyli bir yapı oluşturmuştur. Öncelikle, mononükleer hücrelerden polimorfonükleer hücrelerin tahsisi ile birlikte, lökositlerin ilgi bölgesinin tanınması için bir Faster R-Evrişimsel sinir ağı uygulanmaktadır. Tahsis işleminden sonra, bir sonraki aşamada alt sınıfları tanımlamak için MobileNet ile iki paralel evrişimsel sinir ağı kullanılır. Monte Carlo çapraz doğrulama kullanılarak elde edilen sonuçlar, önerilen yöntemin %98.4'lük bir doğruluğa sahip olduğunu göstermektedir. Banik vd. [25] lökosit sınıflandırması için yeni bir Evrişimsel sinir ağı modeli önermiştir. Bu model, 5 evrişimli, 3 maksimum havuzlama ve bir tam bağlantılı katmandan oluşmaktadır. Bu modelde, 2 evrişimli katmanın özellik haritaları, tam bağlantı katmanına girdi vermek için maksimum havuzlama kullanılarak birleştirilmektedir. Modelin sınıflandırma performansını test etmek için, 4 lökosit sınıfını içeren BCCD veri seti üzerinde deneyler yapılmıştır. Deneysel çalışmalar sonucunda %90.79 sınıflandırma sonucu bulunmuştur. Literatür taramasından sonra, lökosit tiplerinin sınıflandırma problemi için hala iyi sınıflandırma sonuçları verecek Evrişimsel sinir ağı tabanlı yöntemlerin geliştirilebileceği sonucuna varılmıştır. Bu gerçek, bizi daha iyi sınıflandırma doğruluğu elde edebilecek yeni yöntemler geliştirmeye motive etmektedir.

Bu çalışma, insan periferik kan hücrelerinin sınıflandırılması için daha az parametreye sahip hibrit bir derin öğrenme mimarisi önermektedir. Bu hibrit mimari, Inception modülü ile derinlemesine ayrılabilir evrişimin birleşiminden oluşan modifiye edilmiş Inception modülleri içermektedir. Inception modülünün kullanımı ile farklı ölçeklerde çoklu paralel evrişimler gerçekleştirilerek evrişimsel sinir ağlarının etkinliğinin ve sınıflandırma performansının iyileştirilmesi amaçlanmaktadır. Inception modülü ayrıca, daha büyük filtreler uygulamadan önce giriş tensöründeki kanal sayısını azaltmak için kullanılan 1x1 evrişimli bir katman içerir. Bu, sınıflandırma doğruluğunu korurken ağırlık maliyetini azaltmaya yardımcı olur. Aynı zamanda bellekten verimli bir şekilde tasarımı sağlanabilir. Derinlemesine ayrılabilir evrişimin kullanımı ile parametre sayısını azaltmak ve sınıflandırma doğruluğunu arttırmak amaçlanmaktadır. Önerilen yöntem, parametre sayısını ve hesaplama karmaşıklığını azaltarak standart evrişimsel sinir ağlarına göre bir avantaj sağlamaktadır. Önerilen yöntem, Acevedo vd. [26] tarafından sağlanan halka açık bir veri seti kullanılarak eğitilmiştir. Bu veri seti, 8 periferik kan hücresi sınıfı (nötrofiller, eozinofiller, bazofiller, lenfositler, monositler, olgunlaşmamış granülositler, eritroblastlar, trombositler) içermekte ve 17.092 görüntüden oluşmaktadır. Bu çalışmanın başlıca katkıları şu şekilde özetlenebilir:

1. Inception modülünün farklı ölçeklerde çoklu paralel yapısı ile derinlemesine ayrılabilir evrişimlerin parametre sayısını azaltma avantajı birleştirilerek hibrit bir yaklaşım sunulmaktadır.
2. Önerilen yöntem, standart evrişimsel sinir ağlarına kıyasla daha az parametreye sahip ve hesaplama maliyeti daha azdır.
3. Önerilen yöntemin sınıflandırma performans sonuçları, önerilen yöntemin daha az parametre kullanımı ile literatürdeki aynı veri setini kullanan çalışmalardan daha iyi sınıflandırma doğruluğuna sahip olduğunu göstermektedir.
4. Önerilen yöntemin sınıflandırma performansının analizi için 8 sınıf içeren bir periferik kan hücresi veri seti üzerinde yapılan deneysel çalışmalar sonucunda %98.89 genel doğruluk, %98.88 kesinlik, %98.85 duyarlılık ve %98.86 F1-skor değeri elde etmiştir. Bu sonuçlar literatürdeki çalışmalar ile karşılaştırıldığında, önerilen yöntemin başarılı olduğu görülmektedir. Parametre sayısını önemli ölçüde azaltan önerilen yöntem klinik çalışmalarda uygulanabilmektedir.

Çalışmanın geri kalanı şu şekilde düzenlenmiştir: Önerilen yöntemin teorik arka planını oluşturan derinlemesine ayrılabilir evrişim ve Inception modülü Bölüm 2'de açıklanmıştır. Ayrıca önerilen yöntemde yer alan ve derinlemesine ayrılabilir evrişim ile Inception modülünün birleşiminden oluşan modifiye edilmiş Inception modülü, önerilen yöntem ve üzerinde çalışılan veri seti de Bölüm 2'de yer almaktadır. Bölüm 3'te kullanılan veri setleri ile ilgili deneysel çalışmalar ve bu deneysel çalışmaların sonuçları tartışılmaktadır. Bu makalenin genel bir değerlendirmesi Bölüm 4'te yer almaktadır.

2. MATERYAL VE METOT

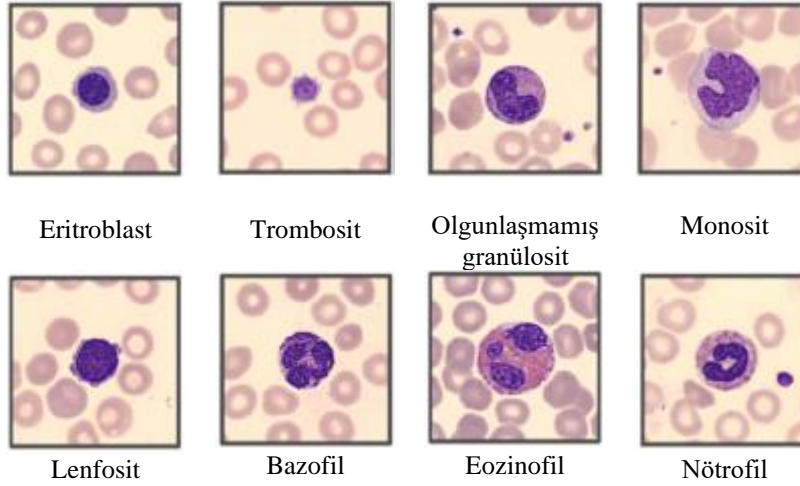
Bu bölümde, öncelikle Bölüm 2.1’de deneysel çalışmalarda kullanılan veri seti ile ilgili detaylı bilgi verilmiştir. Ardından önerilen yöntemin teorik arka planını oluşturan Inception modülü Bölüm 2.2’de, derinlemesine ayrılabilir evrişim Bölüm 2.3’te ve modifiye edilmiş Inception modülü Bölüm 2.4’te açıklanmıştır. Son olarak Bölüm 2.5’te önerilen yöntem ele alınmıştır.

2.1. Veri Seti

Bu çalışmada kullanılan veri setinde yer alan insan periferik kan hücresi görüntü örnekleri, Barcelona Hastane Kliniği’nden Acevedo vd. [26] tarafından sağlanan halka açık bir veri setinden alınmıştır. Bu veri seti, enfeksiyonu, onkolojik hastalığı veya farmakolojik tedavisi olmayan sağlıklı bireylerin kanlarından elde edilen insan normal kan hücrelerinin toplam 17.092 görüntüsünü içermektedir. Spesifik olarak, bu periferik kan hücreleri 8 alt türe ayrılmaktadır. Bunlar, nötrofiller, eozinofiller, bazofiller, lenfositler, monositler, olgunlaşmamış granülositler (promiyelositler, miyelositler ve metamiyelositler), eritroblastlar, trombositler veya kan pulcuklarıdır. Veri setinde yer alan kan hücresi görüntüleri, hastanedeki klinik uzman patoloğlar tarafından etiketlenmiş, 360 x 363 piksel boyutunda, jpg formatında ve RGB renk uzayındadır. Veri setinde yer alan 8 farklı kan hücre türü ile ilgili istatistiksel bilgiler Tablo 1’de verilmiştir. Veri setinden 8 farklı kan hücresi türünün temsili görüntüleri de Şekil 1’de gösterilmektedir.

Tablo 1. Veri setindeki periferik kan hücrelerinin türleri ve sayıları.

Periferik kan hücre türü	Görüntü sayısı	%
Nötrofiller (N)	3329	19.48
Eozinofiller (EO)	3117	18.24
Bazofiller (B)	1218	7.13
Lenfositler (L)	1214	7.10
Monositler (M)	1420	8.31
Olgunlaşmamış Granülositler (Metamiyelositler, Miyelositler Ve Promiyelositler) (OG)	2895	16.94
Eritroblastlar (ER)	1551	9.07
Trombositler (T)	2348	13.74
Toplam görüntü sayısı	17.092	100

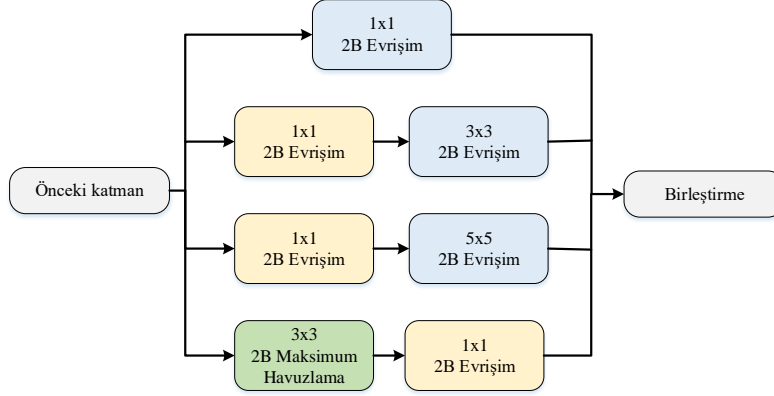


Şekil 1. Veri setindeki 8 kan hücresi türü ile ilgili görüntü örnekleri.

2.2. Inception Modülü

Inception modülü, Evrişimsel sinir ağlarında (ESA) sınıflandırma ve nesne tanımda kullanılmaktadır. 2014 yılında ImageNet Büyük Ölçekli Görsel Tanıma Yarışmasını kazanan GoogleNet mimarisinde tanıtıldı [27]. Bu modül, paralel olarak farklı boyutlarda (1x1, 3x3 ve 5x5) filtreler kullanarak birden çok ölçek ve çözünürlükteki görüntülerden özellikleri verimli bir şekilde çıkarmak için tasarlanmıştır. Inception modülü, 1x1 evrişim katmanları kullanarak boyut azaltma yoluyla daha derin ağ yapılarına ve daha verimli hesaplamalara izin vermek için ESA’larda kullanılmaktadır. Inception modülünde 1x1, 3x3, 5x5 çekirdek boyutunda 2 boyutlu evrişim ve 3x3 maksimum havuzlama işlemleri aynı girdi verileri kullanılarak paralel olarak gerçekleştirilmekte ve çıktıları birleştirilmektedir. 1x1 evrişim katmanları kullanılarak ağdaki giriş verilerinin boyutları küçültülmekte ve aynı zamanda ağın daha fazla öğrenmesini sağlamaktadır. 3x3 ve 5x5 evrişim katmanları ile ağ farklı ölçeklerde özellikleri öğrenmektedir. 3x3 maksimum havuzlama katmanı kullanılarak görüntünün genişliği ve yüksekliği azaltılmaktadır. Ancak, aynı anda farklı özelliklerin çıkarılmasına izin vermektedir. Bu nedenle, giriş verilerinden

daha fazla özellik çıkarmak için maksimum havuzlama kullanılmaktadır. ESA'da kullanılan evrişim ve maksimum havuzlama işlemleri aynı seviyede çalışacak şekilde yapılandırıldığından bu modül kullanımı ile ağ giderek genişlemektedir. Aynı zamanda, farklı çekirdek boyutlarına sahip evrişim katmanlarının paralel olarak kullanılması, görüntülerin birden çok ölçekte daha iyi işlenmesini sağlamaktadır. Inception modülü, derin ağlar oluşturmak için birlikte istiflenebilmekte ve çeşitli görüntü tanıma görevlerinde son teknoloji performans elde edebilmektedir [28]. Inception modülünün yapısı Şekil 2'de verilmiştir.



Şekil 2. Inception modül yapısı.

2.3. Derinlemesine Ayrılabilir Evrişim

Derinlemesine ayrılabilir evrişim, Xception [29] ve MobileNet [30] mimarileri tarafından kullanılmıştır. Xception ve MobileNet'in performans avantajından esinlenen bu çalışma, derinlemesine ayrılabilir evrişim kullanan bir yöntem önermektedir. Derinlemesine ayrılabilir evrişim süreci Şekil 3'te gösterildiği gibi iki aşamada gerçekleşir: noktasal evrişim (1x1 evrişim olarak da bilinir) ve derinlemesine evrişim. Bu aşamalardan ilki olan derinlemesine evrişim, giriş görüntüsünün her kanalında ayrı bir evrişim işlemi gerçekleştirir. Evrişim işlemi, tüm boyutlardaki uzamsal özellikleri çıkarmak için kullanılır. Noktasal evrişim, çıktı özellik haritasındaki 1x1 standart evrişim işlemidir. Bu evrişim işleminde, derinlemesine evrişimin çıkışında 1x1 filtre kullanılarak elde edilen özellik haritası kanallar boyunca birleştirilir. Standart evrişim işleminde, giriş görüntülerine tek adımlı evrişim işlemi uygulanmaktadır (Şekil 3(a)). Standart evrişimin aksine, derinlemesine ayrılabilir evrişim kullanımı evrişim işlemi iki ayrı aşamada gerçekleştirerek eğitilebilir parametre sayısını azaltmaktadır (Şekil 3(b)). Bu aynı zamanda aşırı öğrenme problemini önleyebilmektedir. Ayrıca daha az hesaplama nedeniyle işlem maliyetlerini düşürmektedir. Şekil 3(a)'da gösterildiği gibi $W \times H \times M$ boyutunda bir girdi görüntüsü olsun. Burada W giriş görüntüsünün genişliği, H yüksekliği ve M kanal sayısıdır. Benzer şekilde, $C \times C \times M$ evrişim çekirdek boyutunda R adet filtre olsun. Standart bir evrişim işlemi uygulandığında, çıktı özellik haritası boyutu $W \times H \times R$ olacaktır. Standart evrişim işleminin işlem maliyeti Denklem (1)'deki gibidir.

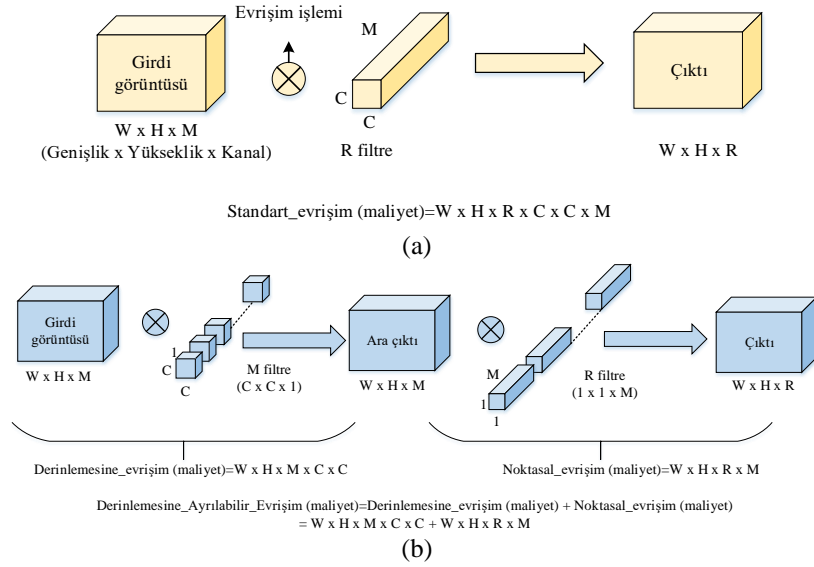
$$\text{Standart_convolution (cost)} = W \times H \times R \times C \times C \times M \quad (1)$$

Şekil 3(b)'de gösterildiği gibi, derinlemesine ayrılabilir evrişim 2 evrişim işlemine bölünmüştür. İlk olarak, derinlemesine evrişim işleminde, tüm M kanalları için standart evrişim işleminin aksine, evrişim her seferinde bir kanala uygulanmaktadır. Burada, evrişim çekirdek boyutu $C \times C \times 1$ olan M filtreleri gereklidir. Ortaya çıkan ara çıktının boyutu $W \times H \times M$ olacaktır. Derinlemesine evrişim işlemi için işlem maliyeti Denklem (2)'deki gibi hesaplanmaktadır. Noktasal evrişimde elde edilen ara çıktıya 1x1 evrişim işlemi uygulanmaktadır. Bu işlemin çekirdek boyutu $1 \times 1 \times M$ olacaktır. R adet filtrenin kullanıldığını varsayarsak, çıktı boyutu $W \times H \times R$ olacaktır. Noktasal evrişim işlemi sonucunda elde edilen maliyet Denklem (3)'teki gibidir. Derinlemesine ayrılabilir evrişimin işlem maliyeti, derinlemesine evrişim ve noktasal evrişim işlemleri sonucunda elde edilen maliyetin toplamıdır. Standart evrişim işlemi sonucunda elde edilen işlem maliyetinin derinlemesine ayrılabilir evrişim ile karşılaştırılması için gerekli hesaplama Denklem (4)'teki gibidir. Denklem (4) göz önüne alındığında, derinlemesine ayrılabilir evrişimin standart evrişime göre eğitilebilir parametre sayısını ve hesaplama maliyetini azalttığı görülmektedir. Bu, yöntemin hesaplama maliyetini ve eğitim süresini azaltırken hesaplama gücünü arttırmaktadır [31][32].

$$\text{Derinlemesine_evrişim (maliyet)} = W \times H \times M \times C \times C \quad (2)$$

$$\text{Noktasal_evrişim (maliyet)} = W \times H \times R \times M \quad (3)$$

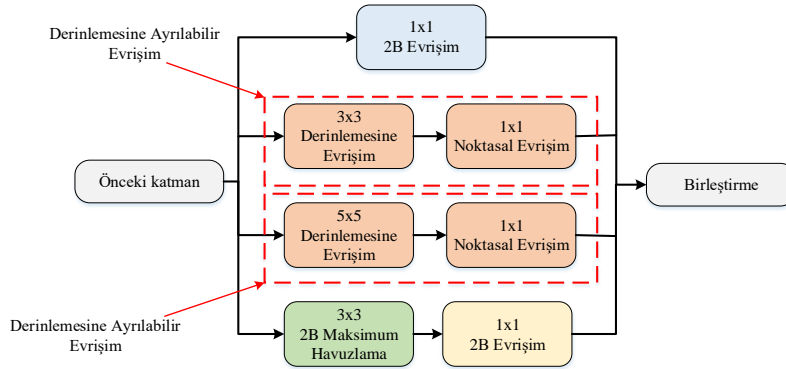
$$\frac{\text{Derinlemesine_Ayrılabilir_Evrişim}}{\text{Standart_Evrişim}} = \frac{W \times H \times M \times C \times C + W \times H \times R \times M}{W \times H \times R \times C \times C \times M} = \frac{1}{R} + \frac{1}{C^2} \quad (4)$$



Şekil 3. (a) Standart evrişim ve (b) Derinlemesine ayrılabilir evrişim.

2.4. Modifiye Edilmiş Inception Modülü

Inception modülünde, evrişim ve maksimum havuzlama işlemleri paralel olarak gerçekleştirilip daha zengin özellik çıkarılması amaçlanmaktadır. Derinlemesine ayrılabilir evrişim, standart evrişimi derinlemesine ve noktasal evrişim olarak iki ayrı yapı olarak ele almaktadır. Derinlemesine evrişim, giriş görüntüsünün her kanalı için bağımsız evrişim gerçekleştirirken, noktasal evrişim derinlemesine evrişimden elde edilen çıktıyı birleştirmek için kullanılmaktadır. Derinlemesine ayrılabilir evrişim, standart evrişimi iki ayrı evrişim halinde ele alarak hesaplama maliyetini ve parametre sayısını azaltmaktadır. Inception modülü ile derinlemesine ayrılabilir evrişimler birleştirilerek başarı oranı yüksek, parametre sayısı daha az olan bir modül tasarlanmıştır. Bu modül Modifiye edilmiş Inception modülü olarak adlandırılmaktadır. Modifiye edilmiş Inception modülü Şekil 4'te gösterilmektedir. Bu modülde, standart Inception modülündeki sıralı 1x1-3x3 evrişim katmanları, 3x3 derinlemesine ve 1x1 noktasal evrişim ile 1x1-5x5 evrişim, 5x5 derinlemesine ve 1x1 noktasal evrişim katmanları ile değiştirilmiştir [33]. Standart Inception modülü ve modifiye edilmiş Inception modülünün parametre sayıları sırasıyla Tablo 2 ve 3'te verilmiştir. Standart Inception modülü ile elde edilen toplam parametre sayısı 140416 iken, modifiye edilmiş Inception modülü ile elde edilen toplam parametre sayısı 1132'dir. Bu değişiklik ile hesaplama için kullanılan parametre sayısı yaklaşık 124 kat azaltılarak son derece başarılı sonuçlar alınmıştır.



Şekil 4. Modifiye edilmiş Inception modülü.

Tablo 2. Inception modülünün parametre sayısı.

Katman	Girdi(Input)	Çekirdek boyutu/Filtre	Parametre sayısı
Girdi_görüntüsü	128x128x3	-	-
Evrişim 1	Girdi_görüntüsü	1x1/64	256
Evrişim 2	Girdi_görüntüsü	1x1/64	256
Evrişim 3	Evrişim 2	3x3/64	36928
Evrişim 4	Girdi_görüntüsü	1x1/64	256
Evrişim 5	Evrişim 4	5x5/64	102464
Maksimum havuzlama	Girdi_görüntüsü	3x3/64	0
Evrişim 6	Maksimum havuzlama	1x1/64	256
Toplam parametre sayısı			140416

Tablo 3. Modifiye edilmiş Inception modülünün parametre sayısı.

Katman	Girdi(Input)	Çekirdek boyutu/Filtre	Parametre sayısı
Girdi_görüntüsü	128x128x3	-	-
Evrişim 1	Girdi_görüntüsü	1x1/64	256
Derinlemesine evrişim 1	Girdi_görüntüsü	3x3/64	30
Noktasal evrişim 1	Derinlemesine evrişim 1	1x1/64	256
Derinlemesine evrişim 2	Girdi_görüntüsü	5x5/64	78
Noktasal evrişim 2	Derinlemesine evrişim 2	1x1/64	256
Maksimum havuzlama	Girdi_görüntüsü	3x3/64	0
Evrişim 6	Maksimum havuzlama	1x1/64	256
Toplam parametre sayısı			1132

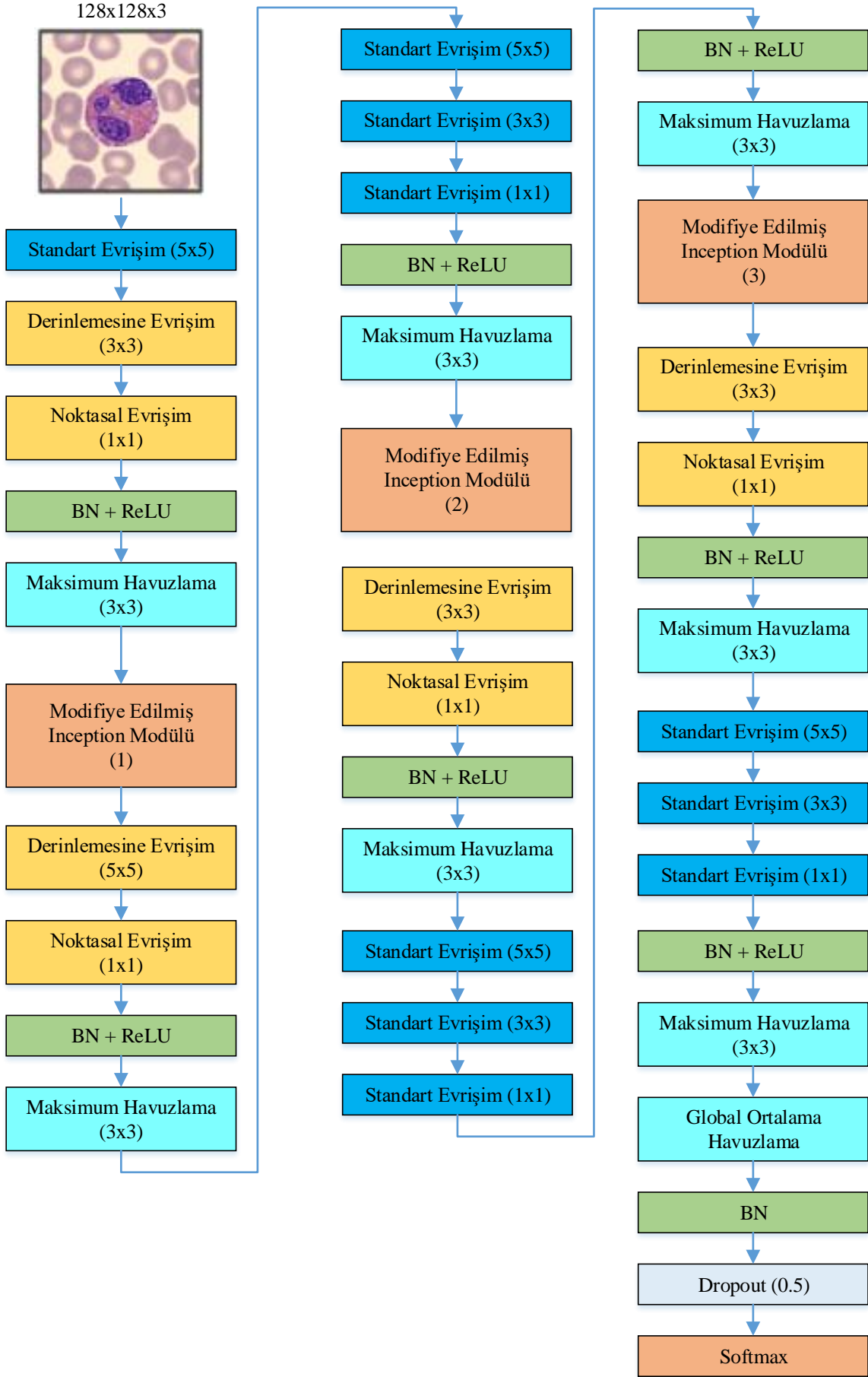
2.5. Önerilen Yöntem

Önerilen yöntemin mimarisi Şekil 5'te gösterilmektedir. Önerilen yöntem periferik kan hücre görüntülerine uygulanmadan önce, veri setindeki görüntüler 128x128x3 piksel olarak yeniden boyutlandırılmıştır. Girdi görüntüsüne öncelikle 5x5 çekirdek boyutuna ve 32 filtreye sahip standart evrişim işlemi uygulanmaktadır. Ardından 3x3 çekirdek boyutuna sahip derinlemesine evrişim ve 1x1 noktasal evrişim işlemi gerçekleştirilmektedir. Elde edilen özellik haritasına sırasıyla eğitim sürecini kolaylaştırmak ve hızlandırmak için toplu normalleştirme (Batch normalization-BN) ve 3x3 çekirdek boyutuna sahip maksimum havuzlama işlemi uygulanmaktadır. Bu işlemlerin ardından elde edilen özellik haritası derinlemesine ayrılabilir evrişim katmanlarından oluşan modifiye edilmiş Inception modülüne girdi olarak verilmektedir. Önerilen yöntem kapsamında modifiye edilmiş Inception modülü 3 defa uygulanmaktadır. Birinci modifiye edilmiş Inception modülünün çıktısına 5x5 çekirdek boyutuna sahip derinlemesine evrişim ve 1x1 noktasal evrişim uygulanmaktadır. Ardından sırasıyla, BN ve 3x3 çekirdek boyutuna sahip maksimum havuzlama uygulanmıştır. Bu işlemin ardından ard arda 3 standart evrişim işlemi gerçekleştirilmektedir. Bu evrişim işlemlerinin çekirdek boyutu ve filtre sayıları sırasıyla şu şekildedir: 5x5 çekirdek boyutu ve 64 filtre, 3x3 çekirdek boyutu ve 64 filtre, 1x1 çekirdek boyutu ve 64 filtre. Bu evrişim işlemlerinin çıktısına BN ve 3x3 maksimum havuzlama uygulanarak elde edilen özellik haritası girdi olarak ikinci modifiye edilmiş Inception modülüne verilmektedir. Bu modülden sonra, 3x3 çekirdek boyutuna sahip derinlemesine evrişim, 1x1 noktasal evrişim, BN, 3x3 maksimum havuzlama uygulanmaktadır. Daha sonra ard arda 5x5 çekirdek boyutu ve 64 filtre, 3x3 çekirdek boyutu ve 64 filtre, 1x1 çekirdek boyutu ve 64 filtreden oluşan standart evrişim ile BN ve 3x3 çekirdek boyutuna sahip maksimum havuzlama işlemleri gerçekleştirilmektedir. Bu işlemlerin sonucunda elde edilen özellik haritası son modifiye edilmiş Inception modülünün girişine verilmektedir. Bu modülün çıktısına uygulanan işlemler sırasıyla şu şekildedir: 3x3 derinlemesine evrişim, 1x1 noktasal evrişim, BN, 3x3 maksimum havuzlama, 5x5, 3x3, 1x1 ve 128 filtreye sahip standart evrişim, BN ve 3x3 maksimum havuzlama. Ayrıca, ReLU aktivasyon fonksiyonu tüm evrişim katmanlarına uygulanmıştır. Tüm bu işlemlerden sonra elde edilen özellik haritasına global ortalama havuzlama katmanları uygulanmaktadır. Standart evrişimsel sinir ağlarında tam bağlantılı katmanları değiştirmek için tasarlanmış bir havuzlama işlemidir. Global ortalama havuzlama ile son katmandaki sınıflandırma görevinin karşılık gelen her sınıfı için bir özellik haritası oluşturulmaktadır. Özellik haritalarının üstüne tam bağlantılı katmanları eklemek yerine, her bir özellik haritasının ortalaması alınmakta ve elde edilen vektör doğrudan softmax katmanına aktarılmaktadır. Ayrıca önerilen yöntemde global ortalama havuzlama kullanmanın avantajı, global ortalama havuzlamada optimize edilecek bir parametre olmaması ve dolayısıyla bu katmanda aşırı öğrenmenin önlenmesidir. Global ortalama havuzlamanın çıktısı, özellikleri sınıflandırmak ve periferik kan hücresi görüntülerini tahmin etmek için bir softmax fonksiyonuna verilmektedir. Bununla birlikte, softmax'tan önce, eğitim sürecini kolaylaştırmak ve hızlandırmak için Toplu normalleştirme (BN) uygulanmaktadır. Ardından, aşırı öğrenmeyi önlemek için ağda 0.5'lik bir bırakma (dropout) katmanı uygulanmaktadır. Son olarak, Softmax her sınıfa olasılık değerleri atamaktadır. Bu olasılık değerlerinin toplamı bire eşittir. Önerilen yöntem ile ilgili detaylı bilgi Tablo 4'te yer almaktadır. Ayrıca önerilen yöntemde kullanılan modifiye edilmiş Inception modülü ile standart Inception modülünün kullanıldığı durumlarda elde edilen parametre sayıları da Tablo 4'te verilmiştir. Önerilen yöntem ile elde edilen toplam parametre sayısı 993.512'dir. Önerilen yöntemde kullanılan modifiye edilmiş Inception modülü yerine standart Inception modülünün kullanıldığı durumda elde edilen toplam parametre sayısı 2.214.344'dür. Önerilen yöntemde kullanılan modifiye edilmiş Inception modülü sayesinde parametre sayısında yaklaşık %45 azalma sağlanmıştır.

3. DENEYSEL ÇALIŞMALAR VE SONUÇLARI

3.1. Çalışma Ortamı ve Hiperparametre Ayarları

Kaggle ortamındaki Keras ve TensorFlow kitaplığını kullanarak modeli eğitmek için belirli bir hiperparametre seti kullanılmaktadır. Periferik kan hücresi veri seti için deneysel çalışmalar, kaggle ortamında bir donanım hızlandırıcı olan TPU VM v3-8 ile gerçekleştirilmiştir. Genel olarak, Keras-TensorFlow ve Kaggle ortamı ile birlikte hiperparametreler, optimize ediciler ve geri aramaların kullanılması, önerilen yöntem mimarimizle son teknoloji sonuçlar elde etmemizi sağlayacağı umulmaktadır.



Şekil 5. Önerilen yöntem.

Tablo 4. Standart Inception ve Modifiye edilmiş Inception modüllerinin parametre sayıları.

Modifiye Edilmiş Inception modülü			Standart Inception Modülü		
Katman	Çıktı	Parametre sayısı	Katman	Çıktı	Parametre sayısı
Girdi görüntüsü	128x128x3	0	Girdi görüntüsü	128x128x3	0
Evrişim	128x128x32	2432	Evrişim (5x5)	128x128x32	2432
Derinlemesine Evrişim	128x128x32	320	Evrişim (3x3)	128x128x32	9248
Noktasal Evrişim	128x128x32	1056	Evrişim (1x1)	128x128x32	1056
BN	128x128x32	128	BN	128x128x32	128
Maksimum Havuzlama	128x128x32	0	Maksimum Havuzlama	128x128x32	0
Modifiye edilmiş Inception modülü1	128x128x256	9600	Standart Inception modülü1	128x128x256	147840
Derinlemesine Evrişim	128x128x256	6656	Evrişim (5x5)	128x128x64	409664
Noktasal Evrişim	128x128x64	16448	Evrişim (1x1)	128x128x64	4160
BN	128x128x64	256	BN	128x128x64	256
Maksimum Havuzlama	128x128x64	0	Maksimum Havuzlama	128x128x64	0
Evrişim	128x128x64	102464	Evrişim (5x5)	128x128x64	102464
Evrişim	126x126x64	36928	Evrişim (3x3)	126x126x64	36928
Evrişim	126x126x64	4160	Evrişim (1x1)	126x126x64	4160
BN	126x126x64	256	BN	126x126x64	256
Maksimum Havuzlama	126x126x64	0	Maksimum Havuzlama	126x126x64	0
Modifiye edilmiş Inception modülü2	126x126x256	18944	Standart Inception modülü2	126x126x256	156032
Derinlemesine Evrişim	126x126x256	2560	Evrişim (3x3)	126x126x64	147520
Noktasal Evrişim	126x126x64	16448	Evrişim (1x1)	126x126x64	4160
BN	126x126x64	256	BN	126x126x64	256
Maksimum Havuzlama	126x126x64	0	Maksimum Havuzlama	126x126x64	0
Evrişim	126x126x64	102464	Evrişim (5x5)	126x126x64	102464
Evrişim	126x126x64	36928	Evrişim (3x3)	126x126x64	36928
Evrişim	126x126x64	4160	Evrişim (1x1)	126x126x64	4160
BN	126x126x64	256	BN	126x126x64	256
Maksimum Havuzlama	126x126x64	0	Maksimum Havuzlama	126x126x64	0
Modifiye edilmiş Inception modülü3	126x126x256	18944	Standart Inception modülü3	126x126x256	156032
Derinlemesine Evrişim	126x126x256	2560	Evrişim (3x3)	126x126x128	295040
Noktasal Evrişim	126x126x128	32896	Evrişim (1x1)	126x126x128	16512
BN	126x126x128	512	BN	126x126x128	512
Maksimum Havuzlama	126x126x128	0	Maksimum Havuzlama	126x126x128	0
Evrişim	126x126x128	409728	Evrişim (5x5)	126x126x128	409728
Evrişim	126x126x128	147584	Evrişim (3x3)	126x126x128	147584
Evrişim	126x126x128	16512	Evrişim (1x1)	126x126x128	16512
BN	126x126x128	512	BN	126x126x128	512
Maksimum Havuzlama	126x126x128	0	Maksimum Havuzlama	126x126x128	0
Global Ortalama Havuzlama	128	0	Global Ortalama Havuzlama	128	0
BN	128	512	BN	128	512
Dropout	128	0	Dropout	128	0
Output	8	1032	Output	8	1032
Toplam parametre sayısı		993.512			2.214.344

Kullanılan hiperparametreler arasında batch size, görüntü boyutu, eğitim-test-doğrulama ayrımı, epoch sayısı yer almaktadır. Önerilen yöntemi eğitmek için batch size değeri olarak 128, 128x128'lik bir görüntü boyutu ve %80-%10-%10'luk bir eğitim-test-doğrulama ayrımı kullanılmaktadır. Ek olarak, modeli 100 epoch için eğitilmektedir. Kayıp fonksiyonunu en aza indirmek ve modeli optimize etmek için Adam optimizer kullanılmaktadır. Hiperparametrelere ek olarak, eğitim sürecini optimize etmek için iki özel geri arama (callbacks) kullanılmaktadır. İlk geri arama, doğrulama kaybı iyileşmeyi durdurduğunda öğrenme oranını azaltmak için kullanılan ReduceLRonPlateau geri aramasıdır. Bu, eğitim sürecini stabilize etmeye ve aşırı öğrenmeden kaçınmaya yardımcı olur. Bu geri aramada, öğrenme oranının (min_learning_rate) alt sınırı olarak 0.000001 alınır. Ayrıca öğrenme oranını azaltacak faktör değeri de 0.3'tür. İkinci geri arama, eğitim sırasında belirli aralıklarla model ağırlıklarını kaydetmek için kullanılan ModelCheckpoint geri aramasıdır. Bu, doğrulama doğruluğuna dayalı olarak en iyi modeli kaydetmemize ve ileride kullanmak üzere yüklememize olanak tanımaktadır.

3.2. Performans Ölçütleri

Önerilen yöntemin verimliliği, kesinlik (precision), F1-puanı (F1-score), duyarlılık (recall) ve sınıflandırma doğruluğu (accuracy) gibi performans ölçütleri kullanılarak belirlenmektedir. Performans ölçütleri, bir modelin tahminlerinin etkinliğinin niceliksel ve nesnel bir ölçüsünü sağlamaktadır. Ayrıca sınıflandırma performansını

değerlendirmek için gereklidir. Bu ölçütler, her birinin kendine özgü güçlü yanları ve sınırlamaları olan, modelin performansı hakkında farklı bakış açıları sağlamaktadır. Bu ölçütlerin detaylı açıklaması şu şekildedir. Temel bir performans değerlendirme ölçütü olan doğruluk, yöntem tarafından üretilen doğru tahminlerin yüzdesini ölçer. Bu ölçüt, doğru tahmin sayısının yapılan toplam tahmin sayısına bölünmesiyle hesaplanmaktadır. Doğruluk değerinin hesaplanması Denklem (5)'teki gibidir. Önerilen yöntemle yapılan tüm pozitif tahminlerdeki gerçek pozitiflerin oranını ölçen bir ölçüm olan kesinlik, gerçek pozitif sayısının, gerçek pozitif ve yanlış pozitiflerin toplamına bölünmesiyle hesaplanmaktadır. Kesinlik değerinin hesaplanması Denklem (6)'daki gibidir. Veri setindeki tüm gerçek pozitif örnekler arasında gerçek pozitif oranını ölçen bir metrik olan duyarlılık, gerçek pozitif sayısının gerçek pozitif ve yanlış negatiflerin toplamına bölünmesiyle hesaplanmaktadır. Duyarlılık değeri Denklem (7)'deki gibi formülize edilmektedir. Duyarlılık ve kesinliğin harmonik ortalaması olan F1 puanı, özellikle sınıfların dengesiz olduğu durumlarda kesinlik ve duyarlılığı dengelemek için vazgeçilmez bir ölçüttür. Hem kesinliği hem de duyarlılığı yakalayan tek bir puan sağlayarak, onu genel model performans değerlendirmesi için güçlü bir ölçü haline getirir [34][35][36]. F1 puanı Denklem (8)'deki gibi hesaplanmaktadır.

$$\text{Doğruluk (Accuracy)} = \frac{TP+TN}{TP+FP+TN+FN} \quad (5)$$

$$\text{Kesinlik (Precision)} = \frac{TP}{TP+FP} \quad (6)$$

$$\text{Duyarlılık (Recall)} = \frac{TP}{TP+FN} \quad (7)$$

$$\text{F1-puanı (F1-score)} = 2 * \frac{\text{Kesinlik} \times \text{Duyarlılık}}{\text{Kesinlik} + \text{Duyarlılık}} \quad (8)$$

Denklem (5), (6), (7) ve (8)'deki gerçek negatifler (TN), yanlış negatifler (FN), yanlış pozitifler (FP) ve gerçek pozitifler (TP) değerleri karışıklık matrisinden elde edilmektedir. Bu değerler şu şekildedir: Doğru tanımlanmış kan hücresi türlerinin sayısı: TP, hedef kan hücresi türleri olarak doğru şekilde ayırt edilmeyen kan hücresi sayısı: TN, yanlış tanımlanmış kan hücresi türlerinin sayısı: FN ve hedef kan hücresi türleri olarak yanlış ayırt edilemeyen kan hücresi sayısı: FP'dir.

3.3. Deneysel Sonuçlar

Deneysel çalışmalar kapsamında kullanılan veri seti 8 kan hücre tipi içermektedir. Bunlar şu şekildedir: Nötrofiller (N), Eozinofiller (EO), Bazofiller (B), Lenfositler (L), Monositler (M), olgunlaşmamış granülositler (OG), Eritroblastlar (ER) ve Trombositler (T)'dir. Önerilen yöntem ile gerçekleştirilen deneysel çalışmalar sonucunda 8 sınıflı veri seti için karışıklık matrisi Tablo 5'te verilmiştir. Tablo 5 incelendiğinde, 124 B görüntüsünden 122'sinin, 348 EO görüntüsünün tamamının, 135 ER görüntüsünden 132'sinin, 301 OG görüntüsünün 296'sının, 126 L görüntüsünün tamamının, 143 M görüntüsünden 141'inin, 307 N görüntüsünden 301'inin ve son olarak 225 T görüntüsünden 224'ünün başarılı bir şekilde tahmin edildiği görülmektedir.

Önerilen yöntemin sınıf bazlı performans ölçütleri (doğruluk, kesinlik, duyarlılık ve F1-score) Tablo 6'da yer almaktadır. Tablo 6'daki doğruluk değerleri incelendiğinde, B görüntülerinin %99.82 doğru sınıflandırıldığı görülmektedir. Benzer şekilde EO görüntülerinin %100, ER görüntülerinin %99.82, OG görüntülerinin %99.3, L görüntülerinin %99.77, M görüntülerinin %99.82, N görüntülerinin %99.36 ve T görüntülerinin %99.88 doğru sınıflandırıldığı görülmektedir. Tüm sınıfların makro ortalama doğruluk değerlerine bakıldığında %99.72 elde edilmektedir. Tüm sınıfların genel doğruluk değerleri ise Tablo 7'de gösterildiği gibi %98.89 olarak elde edilmiştir. En düşük doğruluk değeri %99.3 ile OG sınıfında elde edilmiştir. En iyi doğruluk değeri ise %100 ile EO sınıfında elde edilmiştir. Tablo 6'daki kesinlik, duyarlılık ve F1-skor değerleri incelendiğinde, B sınıfında sırasıyla %99.19, %98.39, %98.79 değerleri elde edilmiştir. Benzer şekilde diğer sınıflar için sonuçlar şu şekildedir. EO sınıfında tüm performans ölçütlerinde %100, ER sınıfında %100 kesinlik, %97.78 duyarlılık, %98.88 F1-skor, OG sınıfında %97.69 kesinlik, %98.38 duyarlılık, %98.03 F1-skor, L sınıfında %96.92 kesinlik, %100 duyarlılık, %98.44 F1-skor, M sınıfında %99.30 kesinlik, %98.60 duyarlılık, %98.95 F1-skor, N sınıfında %98.37 kesinlik, %98.05 duyarlılık, %98.21 F1-skor ve son olarak T sınıfında her üç performans ölçütünde %99.56 değeri bulunmuştur. Kesinlik, duyarlılık ve F1-skor değeri göz önüne alındığında en düşük kesinlik değeri %96.92 ile L sınıfında, en düşük duyarlılık değeri %97.78 ile ER sınıfında ve en düşük F1-skor değeri %98.03 ile OG sınıfında bulunduğu görülmektedir.

Önerilen yöntemin literatürden aynı veri setini kullanan farklı çalışmalar ile karşılaştırılması Tablo 7'de gösterilmektedir. Tablo 7'ye göre önerilen yöntem %98.89 genel doğruluk, %98.88 kesinlik, %98.85 duyarlılık ve %98.86 F1-skor elde ettiği görülmektedir. Önerilen yöntem dışındaki diğer yöntemlerin elde ettiği değerler ise şu şekildedir. Uçar vd. [18], tüm performans ölçütlerinde %97.94 değerini elde etmişlerdir. Banik vd. [25], %95.19 genel doğruluk, %92.32 kesinlik, %90.39 duyarlılık, %91.34 F1-skoru, Acevedo vd. [37], %96.20 genel doğruluk, %97 kesinlik, %96 duyarlılık, %96.50 F1-skoru, Ruberto vd. [38], %95.60 genel doğruluk, %98.40 kesinlik, %95 duyarlılık, %96.67 F1-skoru, Atıcı vd. [39], %99.31 genel doğruluk, %97.25 kesinlik, %97.37 duyarlılık, %97.31 F1-skoru elde etmişlerdir. En iyi genel doğruluk sonucu %99.31 ile Atıcı vd. [39] tarafından bulunmuştur. Önerilen yöntem ise %98.89 genel doğruluk sonucu elde etmiştir. Önerilen yöntem %0.42 oranında daha az genel doğruluk

değerinde sahiptir. Ancak kesinlik, duyarlılık ve F1-skor değerlerine bakıldığında, önerilen yöntemin diğer tüm yöntemlerden daha iyi sonuç ürettiği görülmektedir. Önerilen yönteme en yakın kesinlik değeri %98.40 ile Ruberto vd. [38], en yakın duyarlılık değeri %97.94 ile Uçar vd. [18] ve son olarak en yakın F1-skor değeri %97.94 ile Uçar vd. [18] tarafından elde edildiği görülmektedir.

Son olarak, önerilen yöntemde kullanılan modifiye edilmiş Inception modülü ile standart Inception modülünün karşılaştırılması Tablo 8’de verilmiştir. Tablo 8 incelendiğinde önerilen yöntemin daha az parametre sayısı ile daha iyi sınıflandırma sonucu elde ettiği görülmektedir.

Tablo 5. Karışıklık matrisi.

Gerçek	Çoklu sınıflandırma için test veri seti							
	Tahmin							
	B	EO	ER	OG	L	M	N	T
B	122	0	0	2	0	0	0	0
EO	0	348	0	0	0	0	0	0
ER	0	0	132	0	3	0	0	0
OG	1	0	0	296	0	0	4	0
L	0	0	0	0	126	0	0	0
M	0	0	0	1	0	141	0	1
N	0	0	0	4	1	1	301	0
T	0	0	0	0	0	0	1	224

Tablo 6. Önerilen yöntemin performans ölçütlerine göre sınıf bazlı sınıflandırma sonuçları (%).

Performans ölçütü	B	EO	ER	OG	L	M	N	T
Doğruluk	99.82	100	99.82	99.3	99.77	99.82	99.36	99.88
Kesinlik	99.19	100	100	97.69	96.92	99.30	98.37	99.56
Duyarlılık	98.39	100	97.78	98.38	100	98.60	98.05	99.56
F1-skor	98.79	100	98.88	98.03	98.44	98.95	98.21	99.56

Tablo 7. Literatürde aynı veri setini kullanan çalışmaların karşılaştırılması.

Literatürdeki Çalışma	Genel Doğruluk (%)	Kesinlik (%)	Duyarlılık (%)	F1-skor (%)
Uçar vd. [18]	97.94	97.94	97.94	97.94
Banik vd. [25]	95.19	92.32	90.39	91.34
Acevedo vd. [37]	96.20	97.00	96.00	96.50
Ruberto vd. [38]	95.60	98.40	95.00	96.67
Atıcı vd. [39]	99.31	97.25	97.37	97.31
Önerilen Yöntem	98.89	98.88	98.85	98.86

Tablo 8. Standart Inception modülü ile modifiye edilmiş Inception modülünün karşılaştırılması.

Yöntem	Parametre sayısı	Genel Doğruluk (%)
Standart Inception Modülü	2.214.344	98.36
Önerilen yöntem (Modifiye edilmiş Inception Modülü)	993.512	98.89

4. SONUÇ

Bu çalışmada, insan periferik kan hücrelerinin çoklu sınıflandırılması için modifiye edilmiş Inception modüllerinden oluşan yeni bir evrimsel sinir ağı tabanlı yöntem önerilmiştir. Önerilen yöntemde 3 tane modifiye edilmiş Inception modülü, standart evrişim, maksimum havuzlama, BN, ReLU, dropout, global ortalama havuzlama ve softmax katmanları yer almaktadır. Önerilen yöntemin içerisinde bulunan modifiye edilmiş Inception modülleri ise, Inception modülü ve derinlemesine ayrılabilir evrişim’in birleşiminden oluşan hibrit bir modüldür. Böyle bir hibrit modül tasarlanmasındaki amaç, Inception modülünün farklı ölçeklerde çoklu paralel yapısı ile derinlemesine ayrılabilir evrişimlerin parametre sayısını azaltma avantajını birleştirip sınıflandırma doğruluğu arttırmaktır. Inception modülünün kullanımı ile farklı ölçeklerde çoklu paralel evrişimler gerçekleştirilerek evrimsel sinir ağlarının etkinliğinin ve sınıflandırma performansının iyileştirilmesi amaçlanmaktadır. Derinlemesine ayrılabilir evrişimin kullanımı ile parametre sayısını azaltmak ve sınıflandırma doğruluğunu arttırmak amaçlanmaktadır. Önerilen yöntemde kullanılan modifiye edilmiş Inception modülleri sayesinde parametre sayısında yaklaşık %45 oranında azalma sağlanmıştır. Bu nedenle, standart Inception modüllerine göre daha hızlıdır. Aynı zamanda, önerilen yöntemde kullanılan modifiye edilmiş Inception modülleri sayesinde parametre sayısının azalması ile standart evrimsel sinir ağlarına göre hesaplama maliyetinin azaldığı açıkça görülmektedir. Önerilen yöntemin performansını test etmek için 8 sınıf içeren periferik kan hücresi veri seti üzerinde deneysel çalışmalar yapılmıştır. Deneysel çalışmalar sonucunda %98.89 doğruluk, %98.88 kesinlik, %98.85 duyarlılık ve %98.86 F1-skor değeri elde edilmiştir. Literatürde son yıllarda yapılan çalışmalar ile kıyaslandığında önerilen yöntem ile daha başarılı sonuçların elde edildiği görülmektedir. Ayrıca önerilen

yöntemdeki modifiye edilmiş Inception modülleri, standart Inception modülleri ile karşılaştırılmıştır. Önerilen yöntem ile 993.512 parametre ile %98.89 genel doğruluk sonucu elde edilirken, Standart Inception modüllerinin kullanılmasıyla 2.214.344 parametre ve %98.36 genel doğruluk sonucu elde edilmiştir. Bu durumdan yola çıkarak, önerilen yöntemin daha az parametre ile daha iyi sınıflandırma doğruluğu elde ettiği sonucu çıkarılmaktadır. Gelecekteki çalışmalarda, kodlayıcı-kod çözücü tabanlı derin öğrenme yöntemleri ile segmentasyon çalışmalarının yapılması planlanmaktadır.

Yazar Katkıları

Hüseyin Fırat: Makalede çalışılan konunun belirlenmesi, literatür çalışması, derin öğrenme mimarisinin geliştirilmesi, makalenin yazılması, deneysel çalışmaların yapılması ve sonuçların değerlendirilmesi süreçlerinin tamamını gerçekleştirmiştir.

Çıkar Çatışması

Makale yazarları aralarında herhangi bir çıkar çatışması olmadığını beyan ederler

KAYNAKÇA

- [1] Y.Y. Baydilli and Ü. Atilla "Classification of white blood cells using capsule networks," *Comput. Med. Imaging Graph.*, vol. 80, 2020.
- [2] R.B. Hegde, K. Prasad, H. Hebbar, and B.M.K. Singh "Comparison of traditional image processing and deep learning approaches for classification of white blood cells in peripheral blood smear images," *Biocybern. Biomed. Eng.*, vol. 39, no. 2, pp. 382–392, 2019.
- [3] F. Long, J.J. Peng, W. Song, X. Xia, and J. Sang "BloodCaps: A capsule network based model for the multiclassification of human peripheral blood cells," *Comput. Methods Programs Biomed.*, vol. 202, no. 105972, 2021.
- [4] A. Khan, A. Eker, A. Chefranov, and H. Demirel "White blood cell type identification using multi-layer convolutional features with an extreme-learning machine," *Biomed. Signal Process. Control*, vol. 69, no. November 2020, p. 102932, 2021.
- [5] G. Liang, H. Hong, W. Xie, and L. Zheng "Combining Convolutional Neural Network With Recursive Neural Network for Blood Cell Image Classification," *IEEE Access*, vol. 6, pp. 36188–36197, 2018.
- [6] N. Bayat, D.D. Davey, M. Coathup, and J.-H. Park "White Blood Cell Classification Using Multi-Attention Data Augmentation and Regularization," *Big Data Cogn. Comput.*, vol. 6, no. 4, p. 122, 2022.
- [7] N. Dong, M. die Zhai, J. fang Chang, and C. ho Wu "A self-adaptive approach for white blood cell classification towards point-of-care testing," *Appl. Soft Comput.*, vol. 111, p. 107709, 2021.
- [8] N. Ramesh, B. Dangott, M.E. Salama, and T. Tasdizen "Isolation and two-step classification of normal white blood cells in peripheral blood smears," *J. Pathol. Inform.*, vol. 3, no. 1, p. 13, 2012.
- [9] X. Yao, K. Sun, X. Bu, C. Zhao, and Y. Jin "Classification of white blood cells using weighted optimized deformable convolutional neural networks," *Artif. Cells, Nanomedicine Biotechnol.*, vol. 49, no. 1, pp. 147–155, 2021.
- [10] A. Girdhar, H. Kapur, and V. Kumar "Classification of White blood cell using Convolution Neural Network," *Biomed. Signal Process. Control*, vol. 71, no. PA, p. 103156, 2022.
- [11] A. Çınar and S.A. Tuncer "Classification of lymphocytes, monocytes, eosinophils, and neutrophils on white blood cells using hybrid Alexnet-GoogleNet-SVM," *SN Appl. Sci.*, vol. 3, no. 4, pp. 1–11, 2021.
- [12] R.B. Hegde, K. Prasad, H. Hebbar, B.M.K. Singh, and I. Sandhya "Automated Decision Support System for Detection of Leukemia from Peripheral Blood Smear Images," *J. Digit. Imaging*, vol. 33, no. 2, pp. 361–374, 2020.
- [13] J. Prinyakupt and C. Pluempitiwiriwajew "Segmentation of white blood cells and comparison of cell morphology by linear and naïve Bayes classifiers," *Biomed. Eng. Online*, vol. 14, no. 1, pp. 1–19, 2015.
- [14] J. Zhao, M. Zhang, Z. Zhou, J. Chu, and F. Cao "Automatic detection and classification of leukocytes using convolutional neural networks," *Med. Biol. Eng. Comput.*, vol. 55, no. 8, pp. 1287–1301, 2017.
- [15] B. Dayı, H. Üzen, İ.B. Çiçek, and Ş.B. Duman "A Novel Deep Learning-Based Approach for Segmentation of Different Type Caries Lesions on Panoramic Radiographs," *Diagnostics*, vol. 13, no. 2, p. 202, 2023.
- [16] E. Bütün, M. Uçan, and M. Kaya "Automatic detection of cancer metastasis in lymph node using deep learning," *Biomed. Signal Process. Control*, vol. 82, no. August 2022, p. 104564, 2023.
- [17] M. Toğaçar, B. Ergen, and Z. Cömert "Classification of white blood cells using deep features obtained from Convolutional Neural Network models based on the combination of feature selection methods," *Appl. Soft Comput. J.*, vol. 97, p. 106810, 2020.
- [18] F. Uçar "Deep Learning Approach to Cell Classification in Human Peripheral Blood," in *2020 5th International Conference on Computer Science and Engineering (UBMK)*, 2020, pp. 383–387.
- [19] A. Sharma, S. C. Thomas, A. Sah, V. V. Abhyankar, V. K. Singh, and S. Prakash "White Blood Cells Subtypes Classification Using Fast Traditional Convolutional Neural Network," *Proc. 2021 Int.*

- Conf. Emerg. Tech. Comput. Intell. ICETCI 2021, pp. 113–117, 2021.
- [20] D. Baby, S.J. Devaraj, J. Hemanth, and M.M. Anishin Raj “Leukocyte classification based on feature selection using extra trees classifier: A transfer learning approach,” *Turkish J. Electr. Eng. Comput. Sci.*, vol. 29, no. 8, pp. 2742–2757, 2021.
- [21] D. Bani-Hani, N. Khan, F. Alsultan, S. Karanjkar, and N. Nagarur “Classification of Leucocytes Using Convolutional Neural Network Optimized Through Genetic Algorithm,” *Proc. 7th Annu. World Conf. Soc. Ind. Syst. Eng. Binghamton, NY, USA*, vol. 10, no. November, pp. 1–7, 2018.
- [22] E.H. Mohamed, W.H. El-Behaidy, G. Khoriba, and J. Li “Improved white blood cells classification based on pre-trained deep learning models,” *J. Commun. Softw. Syst.*, vol. 16, no. 1, pp. 37–45, 2020.
- [23] A.M. Patil, M.D. Patil, and G.K. Birajdar “White Blood Cells Image Classification Using Deep Learning with Canonical Correlation Analysis,” *Irbm*, vol. 42, no. 5, pp. 378–389, 2021.
- [24] C. Cheuque, M. Querales, R. León, R. Salas, and R. Torres “An Efficient Multi-Level Convolutional Neural Network Approach for White Blood Cells Classification,” *Diagnostics*, vol. 12, no. 2, 2022.
- [25] P.P. Banik, R. Saha, and K.D. Kim “Fused Convolutional Neural Network for White Blood Cell Image Classification,” *2019 Int. Conf. Artif. Intell. Inf. Commun.*, pp. 22–24, 2019.
- [26] A. Acevedo, A. Merino, S. Alférez, Á. Molina, L. Boldú, and J. Rodellar, “A dataset of microscopic peripheral blood cell images for development of automatic recognition systems,” *Data Br.*, vol. 30, p. 105474, 2020.
- [27] C. Szegedy et al. “Going deeper with convolutions,” in *Proceedings of the IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pp. 1–9, 2015.
- [28] H. Firat, M. Emin, A. Mehmet, I. Bayındır, and D. Hanbay “Hybrid 3D / 2D Complete Inception Module and Convolutional Neural Network for Hyperspectral Remote Sensing Image Classification,” *Neural Process. Lett.*, pp. 1–44, 2022.
- [29] F. Chollet “Xception: Deep learning with depthwise separable convolutions,” *Proc. - 30th IEEE Conf. Comput. Vis. Pattern Recognition, CVPR 2017*, vol. 2017-Janua, pp. 1800–1807, 2017.
- [30] A.G. Howard et al. “MobileNets: Efficient Convolutional Neural Networks for Mobile Vision Applications,” 2017.
- [31] H. Üzen, M. Turkoglu, M. Aslan, and D. Hanbay “Depth-wise Squeeze and Excitation Block-based Efficient-Unet model for surface defect detection,” *Vis. Comput.*, 2022.
- [32] H. Firat, M. E. Asker, and D. Hanbay “Hybrid 3D Convolution and 2D Depthwise Separable Convolution Neural Network for Hyperspectral Image Classification,” *Balk. J. Electr. Comput. Eng.*, vol. 10, no. 1, pp. 35–46, 2022.
- [33] A. Tuncer “Cost-optimized hybrid convolutional neural networks for detection of plant leaf diseases,” *J. Ambient Intell. Humaniz. Comput.*, vol. 12, no. 8, pp. 8625–8636, 2021.
- [34] Y. Ha, Z. Du, and J. Tian “Fine-grained interactive attention learning for semi-supervised white blood cell classification,” *Biomed. Signal Process. Control*, vol. 75, no. September 2021, p. 103611, 2022.
- [35] A.I. Shahin, Y. Guo, K.M. Amin, and A.A. Sharawi “White blood cells identification system based on convolutional deep neural learning networks,” *Comput. Methods Programs Biomed.*, vol. 168, pp. 69–80, 2019.
- [36] A. Naseri and A. Rezaei Nasab “Automatic identification of minerals in thin sections using image processing,” *J. Ambient Intell. Humaniz. Comput.*, no. 0123456789, 2021.
- [37] A. Acevedo, S. Alférez, A. Merino, L. Puigví, and J. Rodellar “Recognition of peripheral blood cell images using convolutional neural networks,” *Comput. Methods Programs Biomed.*, vol. 180, p. 105020, 2019.
- [38] C. Di Ruberto, A. Loddo, and L. Putzu “Detection of red and white blood cells from microscopic blood images using a region proposal approach,” *Comput. Biol. Med.*, vol. 116, no. August 2019, p. 103530, 2020.
- [39] H. Atıcı and H.E. Koçer “Mask R-CNN Based Segmentation and Classification of Blood Smear Images,” *Gazi J. Eng. Sci.*, vol. 9, no. 1, pp. 128–143, 2023.