

A METHOD TO IMPROVE THE ACCURACY OF DEEP LEARNING MODELS FOR BRAIN TUMOR DETECTION ON MRI IMAGES

Dinh Cong Tung*, Mai Duc Vinh, Le Dang Son

University of Transport and Communications

ARTICLE INFO		ABSTRACT
Received:	03/3/2025	This paper proposes a preprocessing method to enhance the accuracy of deep learning models in detecting and classifying brain tumors on magnetic resonance imaging scans. First, the input images are processed using a Gabor filter to highlight essential features, including edges, textures, and directional structures of the brain, thereby improving the ability to recognize the morphological characteristics of tumors. Next, since magnetic resonance images are often affected by noise during acquisition, the denoising autoencoder technique is applied to remove noise and enhance image quality. Finally, the deep learning model VGG16 is employed to classify four common types of brain tumors: no tumor, glioma, meningioma, and pituitary tumor. Experiments conducted on a large dataset with thousands of magnetic resonance images demonstrate that the proposed method improves model accuracy to 96.68%, outperforming traditional approaches. These results confirm the potential of deep learning in the early diagnosis and classification of brain diseases, contributing to advancements in modern medical support systems.
Revised:	05/6/2025	
Published:	05/6/2025	

KEYWORDS

MRI
Brain tumor
Gabor
DAE
VGG16

MỘT PHƯƠNG PHÁP CẢI THIỆN ĐỘ CHÍNH XÁC CỦA MÔ HÌNH HỌC SÂU PHÁT HIỆN BỆNH U NÃO TRÊN ẢNH CỘNG HƯỞNG TỪ

Dinh Công Tùng* Mai Đức Vinh, Lê Đăng Sơn

Trường Đại học Giao thông vận tải

THÔNG TIN BÀI BÁO		TÓM TẮT
Ngày nhận bài:	03/3/2025	Bài báo này đề xuất một phương pháp tiền xử lý nhằm nâng cao độ chính xác của mô hình học sâu trong phát hiện và phân loại khối u não trên ảnh cộng hưởng từ. Trước hết, ảnh đầu vào được xử lý bằng bộ lọc Gabor để làm nổi bật các đặc trưng quan trọng gồm cạnh, kết cấu và hướng của cấu trúc não, giúp tăng khả năng nhận diện đặc điểm hình thái của khối u. Tiếp theo, do ảnh cộng hưởng từ bị ảnh hưởng bởi các nhiễu trong quá trình thu thập, kỹ thuật Denoising Autoencoder được áp dụng để loại bỏ nhiễu và cải thiện chất lượng hình ảnh. Cuối cùng, mô hình học sâu VGG16 thực hiện phân loại bốn loại u não phổ biến gồm không có u não, u thần kinh đệm (glioma), u màng não (meningioma), và u tuyến yên (pituitary tumor). Thực nghiệm được tiến hành trên tập dữ liệu lớn với hàng nghìn ảnh cộng hưởng từ, cho thấy phương pháp đề xuất giúp mô hình đạt độ chính xác 96,68%, cao hơn các phương pháp truyền thống. Những kết quả trên khẳng định tiềm năng của học sâu trong chẩn đoán và phân loại sớm các bệnh lý não bộ, góp phần hỗ trợ y học hiện đại.
Ngày hoàn thiện:	05/6/2025	
Ngày đăng:	05/6/2025	

TỪ KHÓA

Ảnh cộng hưởng từ
U não
Bộ lọc Gabor
Mô hình DAE
Mô hình VGG16

DOI: <https://doi.org/10.34238/tnu-jst.12185>

* Corresponding author. Email: tungdc@utc.edu.vn

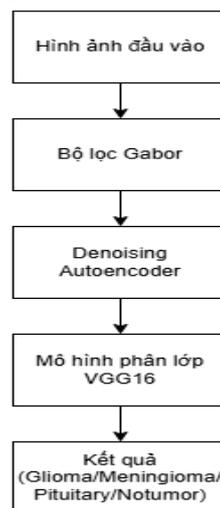
1. Giới thiệu

U não là bệnh lý nguy hiểm, có thể đe dọa tính mạng nếu không được phát hiện và điều trị kịp thời. Chẩn đoán sớm và phân loại chính xác khối u đóng vai trò quan trọng trong việc xác định phương pháp điều trị phù hợp cho bệnh nhân. Hình ảnh cộng hưởng từ (MRI) hiện là công cụ chính trong chẩn đoán u não nhờ khả năng cung cấp hình ảnh chi tiết về cấu trúc não và đặc điểm khối u. Tuy nhiên, việc phân tích hình ảnh MRI phụ thuộc nhiều vào kinh nghiệm của bác sĩ chuyên khoa, có thể bị ảnh hưởng bởi yếu tố chủ quan, dẫn đến sai sót trong chẩn đoán. Ngoài ra, sự tương đồng về hình thái giữa các loại khối u khác nhau khiến việc phân loại trở nên khó khăn. Do đó, phát triển các hệ thống hỗ trợ chẩn đoán tự động có độ chính xác cao là cần thiết trong y học hiện đại.

Những năm gần đây, học sâu được sử dụng nhiều trong lĩnh vực phân tích hình ảnh y tế nói chung, và ảnh MRI nói riêng. Bài báo [1] trình bày một hệ thống tự động để phân biệt giữa hình ảnh MRI bình thường và bất thường và để phân loại khối u thành u màng não, u thần kinh đệm hoặc u tuyến yên, sử dụng các kỹ thuật tiền xử lý, tối ưu hóa, đạt độ chính xác 91,3%. Bài báo [2] đề xuất một phương pháp xử lý dữ liệu tiên tiến để cải thiện khả năng phân loại ảnh MRI liên quan đến hội chứng tự kỷ. Bộ dữ liệu ABIDE với 1831 ảnh MRI trải qua ba giai đoạn tiền xử lý: loại bỏ ảnh kém chất lượng, phát hiện biên Canny (CED – Canny Edge Detection) và làm giàu dữ liệu. Mô hình được xây dựng là mạng nơ-ron sâu kết hợp thuật toán tối ưu tìm kiếm lưới (GSO) với ba phiên bản. Trong đó, mô hình huấn luyện phân loại theo tuổi đạt độ chính xác cao nhất với 85,42%, còn mô hình phân loại 8 lớp theo tuổi và giới tính đạt 67,94%. Bài báo [3] giới thiệu BTSCNet – một mô hình phân đoạn và phân loại u não trong ảnh MRI tăng cường tương phản theo trọng số T1 (CE-MRI). Mô hình thực hiện bốn bước chính gồm phân đoạn khối u bằng BTSNet, lựa chọn vùng quan tâm bằng phép toán hình thái, trích xuất đặc trưng với ma trận đồng xuất mức xám đa vùng (MR-GLCM), và phân loại bằng cửa sổ trượt Euclidean. Kết quả thử nghiệm cho thấy độ chính xác trung bình của ba nhãn (u màng não, u tuyến yên và u thần kinh đệm) đạt 96,67%. Bài báo [4] đề xuất một mô hình học sâu mô-đun, tận dụng ưu điểm của DenseNet, VGG-16 và các cấu trúc mạng nơ-ron tích chập (CNN) cơ bản. Bằng cách phân tích đặc tính lớp của các mô hình này, mô hình đề xuất được xây dựng dựa trên sự kết hợp của các khối đặc trưng nổi bật. Huấn luyện trên bộ dữ liệu MRI công khai từ Kaggle với kỹ thuật xác thực chéo K-fold, mô hình đạt độ chính xác 96%, cao hơn so với các mô hình phổ biến khác. E. Avsar và K. Salcin [5] đã sử dụng mô hình R-CNN để phát hiện và định vị khối u trong hình ảnh não MRI. Bài báo [6] xây dựng hai mô hình song song gồm 2D-CNN và mạng nơ-ron tích chập tự mã hoá (convolutional auto-encoder). Cả hai đều phân loại ảnh MRI thành bốn nhóm: bình thường, u màng não, u tuyến yên và u thần kinh đệm. Mô hình 2D-CNN sử dụng lớp tích chập xen kẽ với batch-normalization, max-pooling và dropout, kỹ thuật auto-encoder để trực tiếp xử lý ảnh đầu vào. Độ chính xác kiểm thử của hai mô hình lần lượt đạt 96,48% và 93,45%. Nhóm tác giả trong bài báo [7] phát triển một mô hình CNN để phân loại khối u não MRI trong hình ảnh đã được tiền xử lý với phương pháp tăng cường độ tương phản T1, đạt được độ chính xác 94,39%. Nhằm hỗ trợ bác sĩ trong chẩn đoán hình ảnh, bài báo [8] đề xuất mô hình GANomaly, có khả năng học đặc trưng não bộ và phát hiện bất thường trên ảnh MRI. Phương pháp này giúp khoanh vùng các khu vực nghi vấn, giúp bác sĩ nhanh chóng xác định bất thường và lên phương án điều trị. Kết quả thử nghiệm cho thấy mô hình có khả năng phát hiện 97,5% diện tích vùng bất thường, nhưng vẫn còn hạn chế với các tổn thương nhỏ hơn 1 mm. Bài báo [9] nghiên cứu và đánh giá năm mô hình học sâu phổ biến gồm VGG16, ResNet50, DenseNet121, InceptionResNetV2 và InceptionV3 để phân loại u não dựa trên 7023 hình ảnh MRI được chia thành bốn loại: u thần kinh đệm, u màng não, u tuyến yên và không có khối u. Kết quả thực nghiệm cho thấy, mô hình DenseNet121 đạt độ chính xác cao nhất. Bài báo [10] đề xuất một hệ thống phân đoạn và phân loại dựa trên mô hình tự động và có thể đào tạo được cho các khối u não MRI sử dụng mạng nơ-ron nhân tạo (ANN). Phương pháp này bao gồm ba bước chính: tăng

cường ảnh, phân đoạn ảnh và lọc các vùng không quan tâm dựa trên kết cấu và đặc trưng biểu đồ hướng độ dốc (HOG). Mô hình đạt độ chính xác 92,14%.

Các nghiên cứu gần đây đã đề xuất nhiều phương pháp sử dụng mạng CNN để tự động phát hiện và phân loại u não với độ chính xác cao. Tuy nhiên, các mô hình hiện tại vẫn tồn tại một số khó khăn, bao gồm nhạy với nhiễu và sự đa dạng trong cấu trúc ảnh MRI giữa các bộ dữ liệu. Hơn nữa, việc trực tiếp đưa ảnh MRI vào mô hình phân loại có thể chưa tận dụng triệt để thông tin về kết cấu và đặc trưng hình thái học của khối u, dẫn đến hiệu suất không ổn định khi áp dụng trên dữ liệu thực tế. Nhằm giải quyết hạn chế này, chúng tôi đề xuất mô hình kết hợp các kỹ thuật xử lý ảnh với mạng CNN để tối ưu hóa quá trình nhận diện u não trên ảnh MRI. Cụ thể, phương pháp đề xuất sử dụng bộ lọc Gabor để trích xuất các đặc trưng kết cấu hình thái quan trọng, giúp làm nổi bật cấu trúc của mô não và cải thiện khả năng phân biệt giữa các loại u khác nhau. Tiếp theo, một mạng nơ-ron Denoising Autoencoder được áp dụng nhằm loại bỏ nhiễu và cải thiện chất lượng ảnh đầu vào, đảm bảo thông tin truyền vào mô hình phân loại là tối ưu nhất. Cuối cùng, hình ảnh được làm giàu bằng các thuật toán xoay, lật, phóng to,... rồi đưa vào mô hình VGG16 để thực hiện phân loại ảnh MRI thành bốn nhóm gồm không có u não, u thần kinh đệm, u màng não, u tuyến yên. Việc kết hợp các phương pháp này giúp tăng cường khả năng trích xuất đặc trưng và cải thiện độ chính xác của mô hình, đồng thời duy trì tính ổn định và khả năng tổng quát hóa cao, với độ chính xác đạt 96,68%. Hình 1 mô tả quy trình xử lý tổng quan của nghiên cứu.



Hình 1. Quy trình đề xuất của mô hình trong bài báo

2. Phương pháp nghiên cứu

2.1. Tiền xử lý dữ liệu

2.1.1. Bộ lọc Gabor

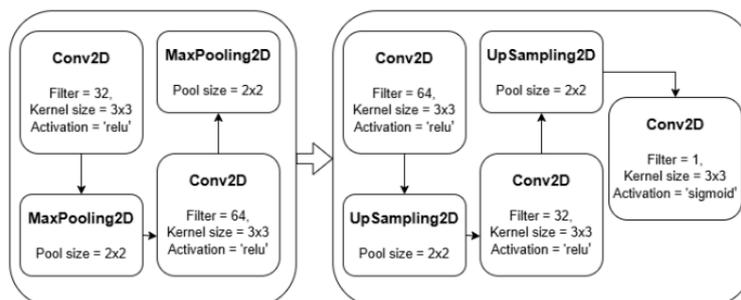
Bước đầu tiên trong quá trình tiền xử lý ảnh MRI trong bài báo là áp dụng bộ lọc Gabor, một bộ lọc tuyến tính, hiệu quả trong việc trích xuất đặc trưng cạnh và họa tiết của hình ảnh [11]. Bộ lọc Gabor giúp xác định sự tồn tại của các thành phần tần số không gian theo những hướng cụ thể trong một vùng ảnh nhất định, từ đó làm nổi bật các đặc điểm quan trọng cho quá trình phân loại. Đặc biệt, bộ lọc Gabor được cho là mô phỏng cách hệ thống thị giác con người, nhờ đó mang lại hiệu quả cao trong việc nhận diện các cấu trúc có ý nghĩa. Trong bài báo này, bộ lọc Gabor hai chiều được áp dụng theo công thức (1):

$$G(x, y; \lambda, \theta, \psi, \sigma, \gamma) = \exp\left(-\frac{x'^2 + \gamma^2 y'^2}{2\sigma^2}\right) \cos\left(2\pi \frac{x'}{\lambda} + \psi\right) \quad (1)$$

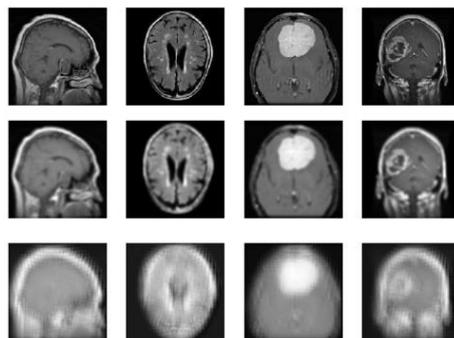
Theo đó, $x' = x\cos\theta + y\sin\theta$ (tọa độ quay theo góc θ), $y' = -x\sin\theta + y\cos\theta$, λ là bước sóng của sóng hàm *cosine*, θ xác định góc quay của bộ lọc, ψ là độ lệch pha, σ biểu diễn độ lệch chuẩn của Gaussian, γ là tỉ lệ khía cạnh, kiểm soát độ co giãn theo trục y . Chúng tôi sử dụng bộ lọc Gabor với bốn góc quay từ 0 đến π với bước nhảy là $\frac{\pi}{4}$, kích thước kernel được thiết lập là 5x5, độ lệch chuẩn Gaussian là 4.0, bước sóng 10.0, tỉ lệ khía cạnh 0.5, độ lệch pha 0 và kiểu dữ liệu float32. Các thông số này được lựa chọn nhằm tối ưu khả năng trích xuất đặc trưng biên và họa tiết từ ảnh MRI, hỗ trợ quá trình phân loại khối u hiệu quả hơn.

2.1.2. Denoising Autoencoder

Sau khi dữ liệu được tiền xử lý bằng bộ lọc Gabor nhằm trích xuất cạnh, kết cấu và hướng của cấu trúc não, bước tiếp theo là khử nhiễu bằng Denoising AutoEncoder (DAE). Đây là một phiên bản cải tiến của AutoEncoder, được thiết kế để tái tạo dữ liệu từ một đầu vào có nhiễu, thay vì chỉ học cách sao chép lại dữ liệu như AutoEncoder thông thường [12]. Mô hình DAE trong nghiên cứu này được triển khai dưới dạng mạng CNN, bao gồm hai thành phần chính: bộ mã hóa (Encoder) và bộ giải mã (Decoder). Chi tiết được mô tả trong Hình 2. Bộ mã hóa được xây dựng với hai lớp Conv2D kết hợp MaxPooling2D, có nhiệm vụ trích xuất đặc trưng và ánh xạ dữ liệu vào một không gian ẩn có số chiều thấp hơn nhằm giảm chiều dữ liệu và loại bỏ nhiễu. Bộ giải mã bao gồm hai lớp Conv2D kết hợp UpSampling2D, trong đó lớp Conv2D cuối cùng sử dụng hàm kích hoạt sigmoid để khôi phục dữ liệu từ không gian ẩn, tái tạo hình ảnh không nhiễu. Quá trình này giúp cải thiện chất lượng dữ liệu đầu vào, tạo điều kiện thuận lợi cho giai đoạn phân loại trong các bước tiếp theo. Hình 3 mô tả một số hình ảnh sau khi tiền xử lý, trong đó, hàng 1 là ảnh gốc, hàng 2 là ảnh sau khi xử lý bằng bộ lọc Gabor, hàng 3 là hình ảnh sau khi xử lý bằng thuật toán DAE.



Hình 2. Cấu trúc mô hình Denoising AutoEncoder trong bài báo



Hình 3. Một số dữ liệu sau khi tiền xử lý

2.1.3. Mô hình VGG-16

Sau quá trình tiền xử lý, hình ảnh đầu vào được khử nhiễu, cải thiện chất lượng và làm nổi bật các đặc trưng quan trọng. Tuy nhiên, ở giai đoạn này, mô hình vẫn chưa thể xác định các loại u

não. Do đó, chúng tôi sử dụng mạng CNN để thực hiện nhiệm vụ phân loại. Trong bài báo này, mô hình VGG-16 được áp dụng do những cải tiến đáng kể về kiến trúc, bao gồm 13 lớp tích chập hai chiều (Conv2D) kết hợp với các lớp MaxPooling, giúp tối ưu hóa hiệu suất trích chọn đặc trưng so với các mô hình CNN truyền thống. Một trong những ưu điểm quan trọng của VGG-16 là sử dụng các bộ lọc kích thước nhỏ 3×3 , giúp giảm số lượng tham số trong mô hình mà vẫn đảm bảo khả năng học hiệu quả [13]. Trong bài báo này, chúng tôi điều chỉnh VGG-16 để phù hợp với dữ liệu hình ảnh MRI não, bắt đầu bằng việc áp dụng các lớp tích chập sau giai đoạn tiền xử lý. Cụ thể, kiến trúc mô hình gồm các lớp CONV đặt sau hình ảnh đầu vào với các thông số như sau: Convolutional layer với kích thước 3×3 , padding = 1, stride = 1, max pooling với kích thước 2×2 . Tại lớp đầu vào, chúng tôi sử dụng 3 bộ lọc (filter), mỗi bộ lọc có kích thước 3×3 . Lớp CONV thứ hai có 64 bộ lọc (filter), mỗi bộ lọc có kích thước 3×3 và đầu vào là CONV trước đó. Các lớp tiếp theo được xây dựng theo cách tương tự nhằm tăng cường khả năng học đặc trưng của mô hình. Sau khi trải qua toàn bộ các tầng của VGG-16, mô hình thu được cho phép phân loại chính xác các loại u não phổ biến, bao gồm u thần kinh đệm, u màng não, u tuyến yên và trường hợp không có khối u.

3. Kết quả thực nghiệm

3.1. Dữ liệu trong bài báo

Trong bài báo này, chúng tôi sử dụng bộ dữ liệu hình ảnh cộng hưởng từ của Masoud Nickparvar [14], được chụp theo mặt cắt ngang. Bộ dữ liệu ban đầu bao gồm 7022 hình ảnh, tuy nhiên, do có sự trùng lặp giữa một số ảnh, chúng tôi đã áp dụng thuật toán băm MD5 để loại bỏ các ảnh trùng nhau nhằm đảm bảo tính chính xác và tính toàn vẹn của tập dữ liệu. Quá trình này giúp giảm thiểu dư thừa trong tập dữ liệu, tối ưu hóa hiệu suất xử lý và tăng độ tin cậy của mô hình trong giai đoạn huấn luyện và kiểm thử. Sau khi loại bỏ các hình ảnh trùng lặp, tập dữ liệu còn lại gồm 6.726 hình ảnh, được phân thành bốn nhóm không có u não, u thần kinh đệm (glioma), u màng não (meningioma), và u tuyến yên (pituitary tumor). Hình ảnh được tiền xử lý, và chia tập dữ liệu thành hai phần huấn luyện và kiểm thử theo tỷ lệ 80:20. Chi tiết phân bố dữ liệu được trình bày trong Bảng 1.

Bảng 1. Phân bố dữ liệu trong bài báo

Dữ liệu	Không u	U thần kinh đệm	U màng não	U tuyến yên	Tổng
Huấn luyện	1422	1321	1333	1445	5521
Kiểm thử	309	299	302	295	1205
Tổng	1731	1620	1635	1740	6726

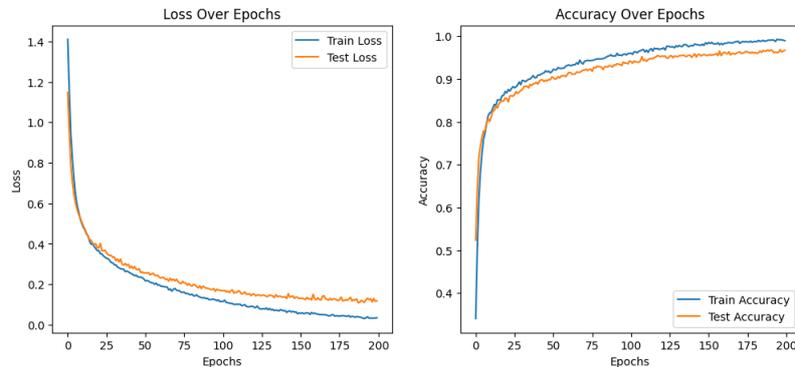
3.2. Kết quả thực nghiệm

Phương pháp của chúng tôi được thực hiện và huấn luyện trên máy có cấu hình CPU 11th Gen Intel(R) Core(TM) i5-11335G7 @ 2.40GHz, Ram 16Gb, Windows 11 Home Single, Card Intel Iris Xe Graphics. Sau khi tiến hành thử nghiệm với các bộ tham số khác nhau, chúng tôi đã tối ưu và lựa chọn thông số huấn luyện phù hợp nhất như sau: learning rate = $1e-4$, batch size = 64, epochs = 200.

Hình 4 minh họa sự thay đổi độ chính xác của mô hình đề xuất khi kiểm thử trong 200 epochs. Các đường cong cho thấy sự tiến triển của hiệu suất mô hình qua từng epoch, giúp đánh giá khả năng học của phương pháp. Trong những epochs đầu tiên (khoảng 0-50), hàm loss giảm mạnh trên cả tập huấn luyện và tập kiểm tra, độ chính xác tăng nhanh, cho thấy mô hình học được các đặc trưng quan trọng của dữ liệu. Sau giai đoạn ban đầu, tốc độ giảm của hàm loss chậm lại và bắt đầu tiến tới hội tụ.

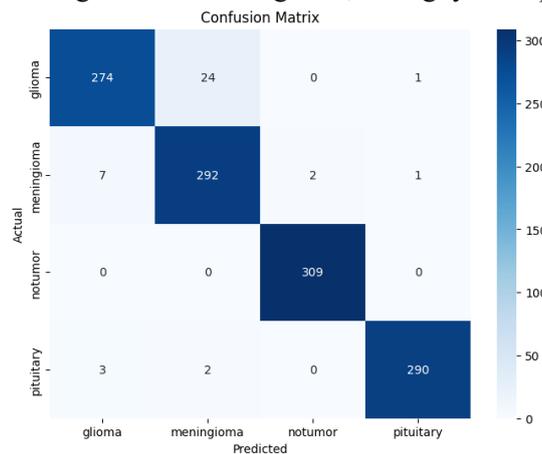
Để hiển thị trực quan hơn về độ chính xác của các trường hợp dự đoán với bộ dữ liệu kiểm thử (Test) trong mô hình đề xuất, chúng tôi sử dụng ma trận Confusion tại Hình 5. Ma trận Confusion là công cụ quan trọng trong đánh giá hiệu suất mô hình phân loại, giúp phân tích các

chỉ số accuracy, recall, và precision. Việc chọn các khối con trong ma trận có kích thước bằng nhau đảm bảo tính công bằng và dễ so sánh giữa các loại lỗi.



Hình 4. Quá trình huấn luyện của mô hình đề xuất

Ma trận có kích thước 4x4 với bốn nhãn lần lượt là u thần kinh đệm (glioma), u màng não (meningioma), bình thường (notumor) và u tuyến yên (pituitary), trục hoành là giá trị dự đoán, trục tung là giá trị thực tế. Theo đó, mô hình có độ chính xác cao với số lượng dự đoán đúng chiếm phần lớn trong từng lớp. Lớp notumor có độ chính xác tuyệt đối, không bị nhầm lẫn với bất kỳ lớp nào khác. Nhầm lẫn xảy ra chủ yếu giữa glioma và meningioma, lớp pituitary có một số ít trường hợp bị nhầm thành glioma và meningioma, nhưng tỷ lệ thấp.



Hình 5. Ma trận Confusion của mô hình đề xuất

Nhằm mục đích làm rõ hơn hiệu quả của phương pháp đề xuất, chúng tôi thực hiện thống kê và so sánh bốn giá trị khi huấn luyện các mô hình bao gồm Precision, Recall, F1-Score, và Accuracy. Trong đó, Accuracy là tỉ lệ giữa tổng số ảnh được dán nhãn đúng trên tổng số ảnh trong bộ dữ liệu kiểm thử. Precision là tỉ lệ giữa số ảnh được dán nhãn đúng trong một lớp trên tổng số những ảnh được dán nhãn vào lớp đó. Giá trị Recall là tỉ lệ giữa số ảnh được dán nhãn đúng trong một lớp trên tổng số ảnh của lớp đó. Đại lượng F1-score là trung bình điều hòa được xác định dựa trên hai độ đo precision và recall [15], [16]. Kết quả so sánh trung bình các giá trị của bốn lớp được thể hiện trong Bảng 2.

Bảng 2. Độ chính xác của mô hình đề xuất

Lớp	Precision (%)	Recall (%)	F1-Score (%)	Accuracy (%)
U thần kinh đệm	96,48	91,64	94	96,68
U màng não	91,82	96,69	94,19	
U tuyến yên	99,32	98,31	98,81	
Không có u não	99,36	100	99,68	

Ngoài ra, để đánh giá hiệu quả của phương pháp đề xuất, chúng tôi so sánh độ chính xác của mô hình với các phương pháp phân loại u não khác, bao gồm các mạng học sâu như DenseNet121, InceptionNet, ResNet50, VGG-16 [10], CNN [1], [7], R-CNN [5] và ANN [11]. Kết quả so sánh được trình bày trong Bảng 3, cho thấy tất cả các mô hình trên đều có độ chính xác dự đoán thấp hơn so với mô hình của chúng tôi. Những kết quả này đều được công bố tại các tài liệu trích dẫn, được thử nghiệm cùng bộ dữ liệu của Masoud Nickparvar [14] đã nêu trong bài báo.

Bảng 3. So sánh kết quả với một số bài báo khác

Bài báo	Phương pháp	Độ chính xác
[9]	DenseNet121	94%
[9]	InceptionNet	91%
[9]	VGG16	88%
[1]	CNN	91,3%
[5]	R-CNN	91,66%
[10]	ANN	92,14%
[7]	CNN	94,39%
Mô hình đề xuất	CNN	96,68%

4. Kết luận

Phân loại sớm các bệnh lý về u não là cần thiết. Bài báo này đã đề xuất một phương pháp tiên xử lý thích hợp, để cải thiện độ chính xác của mô hình học sâu trong phân loại bốn bệnh lý u não phổ biến gồm không có u não, u thần kinh đệm (glioma), u màng não (meningioma), và u tuyến yên (pituitary tumor). Bằng cách sử dụng thuật toán Gabor và DAE, phương pháp này giúp tăng cường các đặc trưng hình thái của não, đồng thời giảm nhiễu, cải thiện chất lượng ảnh đầu vào. Kết quả thực nghiệm cho thấy mô hình đề xuất đạt độ chính xác 96,68%, cao hơn so với các mô hình học sâu truyền thống và một số phương pháp học sâu khác. Trong tương lai, chúng tôi sẽ tiếp tục cải tiến và tối ưu hóa mô hình nhằm nâng cao độ chính xác, hướng tới việc khoanh vùng và đưa ra hình dạng, kích thước khối u, hỗ trợ hiệu quả hơn cho quá trình chẩn đoán và điều trị trong y học.

TÀI LIỆU THAM KHẢO/ REFERENCES

- [1] S. Sarkar, A. Kumar, S. Chakraborty, S. Aich, J. S. Sim, and H. C. Kim, "A CNN-based approach for the detection of brain tumor using MRI scans," *Test Eng. Manag.*, vol. 83, pp. 16580–16586, Bhubaneswar, India, May 2020.
- [2] H. S. Nogay and H. Adeli, "Multiple classification of brain MRI autism spectrum disorder by age and gender using deep learning," *J. Med. Syst.*, vol. 48, no. 15, 2024, doi: 10.1007/s10916-023-02032-0.
- [3] J. Chaki and M. Woźniak, "A deep learning-based four-fold approach to classify brain MRI: BTSCNet," *Biomed. Signal Process. Control*, vol. 85, 2023, doi: 10.1016/j.bspc.2023.104902.
- [4] O. Özkaraça, O. İ. Bağrıaçık, H. Gürüler, F. Khan, J. Hussain, J. Khan, and U. Laila, "Multiple brain tumor classification with dense CNN architecture using brain MRI images," *Life*, vol. 13, no. 2, 2023, doi: 10.3390/life13020349.
- [5] E. Avsar and K. Salcin, "Detection and classification of brain tumors from MRI images using Faster R-CNN," *Tehnicky Glasnik*, vol. 13, no. 4, pp. 337–342, Dec. 2019.
- [6] S. Saeedi, S. Rezayi, H. Keshavarz, and S. R. N. Kalhori, "MRI-based brain tumor detection using convolutional deep learning methods and chosen machine learning techniques," *BMC Med. Inform. Decis. Mak.*, vol. 23, no. 16, 2023, doi: 10.1186/s12911-023-02114-6.
- [7] S. Das, O. F. M. R. R. Aranya, and N. N. Labiba, "Brain tumor classification using convolutional neural network," in *Proc. 1st Int. Conf. Adv. Sci. Eng. Robot. Technol. (ICASERT)*, Dhaka, Bangladesh, May 2019, pp.1-5.
- [8] K. M. V. Hespén, J. J. M. Zwanenburg, J. W. Dankbaar, *et al.*, "An anomaly detection approach to identify chronic brain infarcts on MRI," *Sci. Rep.*, vol. 11, no. 7714, 2021, doi: 10.1038/s41598-021-87013-4.
- [9] H. M. Rai, K. Chatterjee, and S. Dashkevich, "Automatic and accurate abnormality detection from brain MR images using a novel hybrid UnetResNext-50 deep CNN model," *Biomed. Signal Process.*

-
- Control*, vol. 66, 2021, Art. no. 102477.
- [10] N. Arunkumar, M. A. Mohammed, S. A. Mostafa, D. A. Ibrahim, J. J. P. C. Rodrigues, and V. H. C. Albuquerque, "Fully automatic model-based segmentation and classification approach for MRI brain tumor using artificial neural networks," *Concurr. Comput. Pract. Exp.*, vol. 32, no. 1, Jan. 2020, Art. no. e4962.
- [11] R. Mehrotra, K. R. Namuduri, *et al.*, "Gabor filter-based edge detection," *Pattern Recognit.*, vol. 25, pp. 1479–1494, 1992.
- [12] P. Vincent, H. Larochelle, Y. Bengio, and P. A. Manzagol, "Extracting and composing robust features with denoising autoencoders," in *Proc. 25th Int. Conf. Mach. Learn.*, 2008, pp. 307–314, doi: 10.1145/1390156.1390294.
- [13] J. G. Daugman *et al.*, "Uncertainty relation for resolution in space, spatial frequency, and orientation optimized by two-dimensional visual cortical filters," *J. Opt. Soc. Am.*, vol. 2, no. 7, pp. 1160–1169, 1985.
- [14] M. Nickparvar, "Brain Tumor MRI Dataset," Kaggle, 2021. [Online]. Available: <https://www.kaggle.com/dsv/2645886>. [Accessed October 23, 2024].
- [15] C. W. Cleverdon, "Factors Determining the Performance of Indexing Systems," Aslib Cranfield Research Project, 1966.
- [16] C. J. V. Rijsbergen, *Information Retrieval*, 2nd ed. Butterworth-Heinemann, 1979.