

NGHIÊN CỨU XÂY DỰNG MÔ HÌNH NHẬN DẠNG BỆNH COVID-19 THÔNG QUA ẢNH CHỤP X-QUANG SỬ DỤNG MẠNG NƠ RON TÍCH CHẬP

Phan Thanh Quyền¹, Nguyễn Đình Công²

TÓM TẮT

Bài báo này tập trung nghiên cứu nhóm bài toán nhận dạng một số bệnh liên quan tới phổi đặc biệt là bệnh Covid-19 thông qua ảnh chụp X-quang dựa vào mạng nơ ron tích chập (CNN). Sau đó, đề xuất kết hợp mô hình giữa mạng cơ sở dùng để trích chọn đặc trưng là EfficientNet và mạng phân loại sử dụng mạng nơ ron nhân tạo. Mô hình sử dụng được kiểm tra trên tập dữ liệu lớn với hơn 30,000 ảnh đạt được chỉ số F1-score là 82,06% cho toàn bộ các nhãn và 86,3% trên lớp nhãn ảnh là bệnh Covid-19.

Từ khoá: *EfficientNet, MLP, Covid-19, X-quang.*

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

1.1. Đặt vấn đề nghiên cứu

Hình ảnh y khoa được hiểu là các hình ảnh được tạo ra từ bên trong cơ thể người nhằm mục đích hỗ trợ cho việc phân tích và can thiệp y tế từ các chuyên gia, bác sĩ trong ngành y. Các hình ảnh này được thu thập từ các thiết bị chuyên dụng như: Máy chụp X-quang, máy chụp cắt lớp vi tính (CT) hay máy cộng hưởng từ (MRI).

X-quang là một loại bức xạ năng lượng cao thông qua máy chụp X-quang để phát ra các chùm tia X có bức xạ cao. Các tia X này đi qua các cấu trúc sinh học của con người thực hiện các cơ chế về phản xạ/hấp thụ sau đó sẽ được ghi lại và tạo ra các hình ảnh trên phim chụp. Ví dụ: các cơ cấu mô thịt sẽ dễ dàng cho tia X đi qua hơn từ đó hiển thị các hình mờ hơn. Trong khi các cơ cấu mô xương sẽ cản trở việc xuyên thấu của tia X, dẫn đến các hình ảnh trên phim sẽ đậm hơn.

Đại dịch Covid-19 vừa qua đã gây ra cho thế giới rất nhiều hậu quả rõ rệt trên nhiều mặt: y tế, giáo dục, kinh tế, vận tải, du lịch và dịch vụ. Tuy nhiên, sự mất mát về con người là sự mất mát to lớn nhất. Covid-19 gây ra những tổn thương nghiêm trọng trên phổi nếu không được điều trị y tế kịp thời sẽ gây ra những hậu quả cực kỳ nghiêm trọng. Trong việc chuẩn đoán các tổn thương ở phổi, ảnh chụp X-quang là cơ sở quan trọng. Các dấu hiệu tổn thương, mức độ lan rộng của tổn thương, trạng thái của tổn thương trên phổi sẽ được ghi nhận trên ảnh chụp X-quang. Việc chuẩn đoán sớm và kịp thời các tổn thương này sẽ là cơ sở cho các chuyên gia y tế đưa ra các phác đồ điều trị thích hợp cho người bệnh, tránh các biến chứng đáng tiếc. Tuy nhiên, một điều không thể phủ nhận rằng, trong đại dịch Covid-

¹ Học viên cao học Lớp K13 ngành Khoa học Máy tính, Trường Đại học Hồng Đức

² Khoa Công nghệ Thông tin và Truyền thông, Trường Đại học Hồng Đức; Email: nguyendinhcong@hdu.edu.vn

19 số lượng các ca mắc là rất nhiều. Các cơ sở y tế đều bị quá tải dẫn tới việc chuẩn đoán của bác sĩ là chưa kịp thời trong khi hàng ngày hàng ngàn ca bệnh được phát hiện. Kéo theo đó là hàng ngàn tấm phim X-quang được chụp và cán bộ ngành y là không đủ để đáp ứng được nhu cầu đọc phim cho từng bệnh nhân.

Cùng với sự phát triển của trí tuệ nhân tạo (AI), là sự phát triển của các mô hình nhận dạng, đặc biệt là mạng nơ ron tích chập (CNN) thì việc áp dụng các mạng này trong y tế là hoàn toàn khả thi. Việc chuẩn đoán hình ảnh tiền sàng lọc các bệnh nhân bị Covid-19 là một giải pháp hiệu quả nhằm giảm tải cho các bác sĩ trong việc phân loại các đối tượng nhiễm bệnh và mức độ nhiễm bệnh. Trong phần tiếp theo sẽ đi tìm hiểu một số cách tiếp cận sử dụng mạng CNN trong việc phát hiện bệnh Covid-19 thông qua ảnh chụp X-quang. Đóng góp của bài báo là:

Nghiên cứu tổng quan các mô hình hiện tại đã được đề xuất nghiên cứu về việc nhận dạng bệnh Covid-19 cũng như các kỹ thuật đã được sử dụng;

Đề xuất hướng tiếp cận mới trong việc nhận dạng bệnh Covid-19 trên ảnh X-quang;
Thảo luận và đánh giá mô hình đề xuất trên tập dữ liệu lớn.

1.2. Các nghiên cứu liên quan

Ngay từ khi đại dịch Covid-19 được phát hiện trên thế giới và những hình ảnh X-quang ghi nhận các tổn thương phổi do dịch bệnh được định nghĩa, các nghiên cứu sử dụng AI để tạo ra nhận dạng các triệu chứng này đã được nghiên cứu và triển khai. Nhằm có một góc nhìn đa chiều về các nghiên cứu hiện tại, chúng tôi sẽ đi tìm hiểu một số nghiên cứu đã được công bố.

Nhóm tác giả trong nghiên cứu [1] sử dụng phương pháp học chuyển giao tri thức. Mô hình sử dụng mạng cơ sở là MobileNet [2]. Để tránh hiện tượng quá khớp với dữ liệu huấn luyện trong khi lại không khớp khi triển khai mô hình (Overfit), tác giả đã đề xuất sử dụng kỹ thuật gộp trung bình toàn cục (Global Average Pooling)³; Batch normalization (Kỹ thuật chuẩn hoá dữ liệu phân bố quanh giá trị 0 (Zero-mean) với độ lệch chuẩn là 1); kỹ thuật Dropout (Kỹ thuật ẩn một phần dữ liệu đầu vào khi huấn luyện để làm giảm tính tuyến tính) trong bài báo tác giả ẩn 50% dữ liệu. Ngoài ra tại lớp kết nối đầy đủ, tác giả sử dụng 2500 nút mạng để làm nhiệm vụ phân loại. Nghiên cứu được kiểm tra trên tập dữ liệu tương đối nhỏ với chỉ 293 hình ảnh phù phổi, 311 hình ảnh tràn dịch phổi, 315 ảnh đại diện cho bệnh tắc nghẽn mãn tính, và 280 hình ảnh cho bệnh xơ phổi. Theo báo cáo, độ chính xác dự đoán đạt tới 99,28%.

Nghiên cứu được thực hiện bởi M Alazab, A Awajan, A Mesleh (2020) cũng sử dụng phương pháp học chuyển giao tri thức (Transfer learning) để xây dựng nên hệ thống với mạng VGG-16 của K.Simonyan, A. Zisserman (2014) là mạng cơ sở sử dụng bộ phân lớp nhị phân để dự đoán ảnh chụp bệnh nhân Covid-19. Bài báo sử dụng kỹ thuật huấn luyện mô hình từ đầu trên bộ dữ liệu tự thiết kế. Bộ dữ liệu chỉ bao gồm 128 ảnh gốc của 28 người khoẻ mạnh và 100 người bị nhiễm Covid-19 trên hình ảnh X-quang. Bằng các kỹ thuật tăng cường ảnh, số lượng ảnh được nâng lên 500 ảnh cho người khoẻ mạnh và 500 ảnh có người bị nhiễm Covid-19.

³ <https://paperswithcode.com/method/global-average-pooling>

Nghiên cứu tiếp theo của S. Prabira Kumar and Santi Kumari Behera (2020) sử dụng mạng cơ sở là mô hình ResNet50 của K.M.He., Zhang X.Y., Ren S.Q (2016). Mô hình được thiết kế gồm 152 lớp tích chập được kết hợp với các khối dư. Kết quả thu được trong mỗi khối dư được kích hoạt thông qua hàm kích hoạt ReLU. Sử dụng kỹ thuật học chuyển giao tri thức (Transfer learning) sử dụng kỹ thuật đóng băng lớp cơ sở và chỉ huấn luyện lớp phân loại. SVM (Support vector machines) trong nghiên cứu của C.Corinna, V.Vapnik (1995) được sử dụng để phân loại trên bộ dữ liệu bao gồm: 381 ảnh chụp X-quang với 127 hình ảnh Covid-19, 127 hình ảnh viêm phổi thường và 127 hình ảnh người khỏe mạnh. Kết quả cho thấy việc kết hợp giữa ResNet50 + SVM đạt độ chính xác là 95.33% trên bộ dữ liệu đề xuất.

Nghiên cứu của W Saad, WA Shalaby, M Shokair (2022) sử dụng phương pháp nổi các đặc trưng. Trong đó tác giả đề xuất mô hình mạng CNN tương đối đơn giản với ba khối tích chập theo sau bởi hàm kích hoạt ReLU. Tiếp theo đó, tác giả sử dụng kết hợp giữa ba bộ trích chọn đặc trưng là mô hình đề xuất + mô hình ResNet [6] + mô hình GoogleNet [8].

Nghiên cứu của Ezzat, D.; Hassanien, A.E. (2020) sử dụng mạng DenseNet21 trong nghiên cứu của G Huang, Z Liu, L Van Der Maaten (2017) kết hợp với phương pháp tìm kiếm hấp dẫn GSA (Gravitational search algorithm) để cấu thành nên mô hình có tên là GSA-DenseNet121-Covid-19. Mô hình kiểm tra trên tập dữ liệu bao gồm 150 ảnh X-quang ngược với 121 ảnh dương tính với Covid-19. Mô hình báo cáo độ chính xác có được là 95%.

Từ những nghiên cứu tổng quan hiện tại cho bài toán nhận dạng bệnh Covid-19 thông qua ảnh chụp X-quang chúng tôi nhận thấy rằng phần lớn các nghiên cứu đều sử dụng theo phương pháp học chuyển giao tri thức (Transfer learning) sử dụng 1 mạng cơ sở là một mô hình đã được huấn luyện (pretrained models) trên tập dữ liệu lớn (ImageNet, COCO) làm bộ trích chọn đặc trưng. Sau đó tinh chỉnh/thay thế phần phân lớp bằng cách sử dụng các mạng nơ ron được cấu hình phù hợp cho đầu ra cần dự đoán. Tuy nhiên các nghiên cứu trên đều được kiểm chứng trên tập dữ liệu tương đối bé, sau đó sử dụng các kỹ thuật tăng cường ảnh dẫn tới độ chính xác trong các nghiên cứu là chưa đủ tổng quát. Điều này có thể xuất phát từ hai lí do chính:

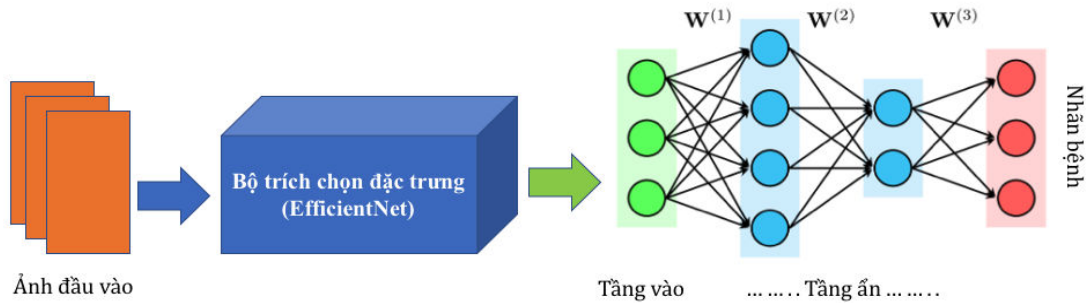
Tại thời điểm công bố các nghiên cứu, đa phần là năm 2020/2021 số lượng dữ liệu chuẩn bị để công bố đang còn hạn chế và việc định nghĩa các tổn thương gây ra trên phổi cần phải được kiểm chứng tin cậy bởi những người có chuyên môn.

Ở một số nước phát triển, việc công bố các hình ảnh cá nhân của người bệnh đang còn nhiều ràng buộc về mặt pháp lý dẫn tới việc những bệnh viện lớn chưa sẵn sàng công bố các hình ảnh chụp X-quang một cách rộng rãi.

Thông thường khi xây dựng các mô hình CNN thường có độ dài xác định. Trong quá trình huấn luyện người thiết kế sẽ chỉnh sửa cấu trúc của mô hình sao cho kết quả đạt được như kì vọng. Tuy nhiên, nhóm nghiên cứu M. Tan and Q. V Le (2019) đưa ra đề xuất xây dựng cơ chế cân bằng cho một mạng CNN để có thể tự điều chỉnh giữa độ sâu, độ rộng và độ phân giải với kỳ vọng mang lại hiệu suất tốt hơn.

Nghiên cứu này vẫn tiếp cận theo hướng sử dụng kỹ thuật Transfer learning sử dụng mạng EfficientNet làm mạng cơ sở và sử dụng mạng nơ ron nhân tạo để phân loại các ảnh X-quang bị nhiễm Covid-19. Phần tiếp theo, chúng tôi giới thiệu các thành phần của mô hình.

2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

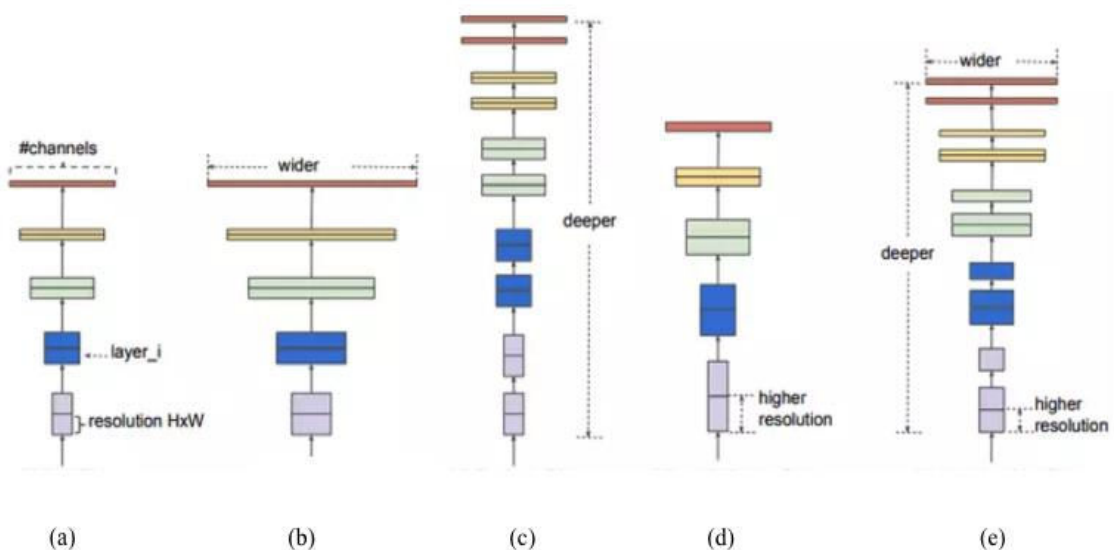


Hình 1. Mô hình đề xuất triển khai

Để thực hiện bài toán chúng tôi đề xuất xây dựng mô hình trong đó sử dụng mô hình EfficientNet làm bộ trích chọn đặc trưng (Feature extractor) của dữ liệu ảnh. Sau khi đã trích chọn đặc trưng của ảnh, chúng tôi đề xuất sử dụng mạng nơ ron đa tầng (MLP - Multilayer perceptron) với mục tiêu phân loại ảnh. Trong các nghiên cứu, MLP thường được sử dụng bởi dễ cấu hình, độ chính xác cao và thời gian đáp ứng nhanh [14]. Mô hình đề xuất triển khai như hình 1.

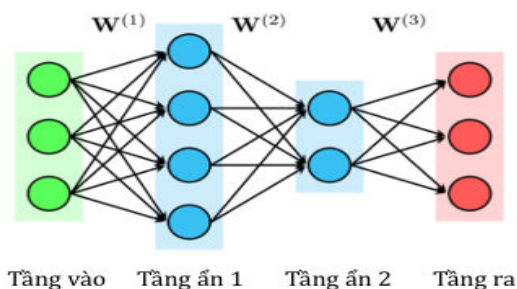
2.1. Mô hình mạng EfficientNet

Một mô hình mạng CNN bất kỳ có ba thông số để đo lường tổng quan là: Độ sâu (Depth) của mạng tương đương với số lớp trong đó; Độ rộng (Width) của mạng là số đo cực đại số kênh trong các lớp tích chập; Độ phân giải (Resolution) là độ phân giải hình ảnh là đầu vào của một mạng CNN. Hình 2 mô tả ý tưởng của mạng; hình 2 (a) biểu diễn một mạng cơ bản; hình 2 (b-d) biểu diễn việc tăng giảm kích thước theo cách truyền thống theo một chiều nào đó. Hình 2 (e) biểu diễn cách tiếp cận của mạng EfficientNet khi kết hợp cả ba thông số đó để điều chỉnh mô hình



Hình 2. Hình minh họa việc thu phóng mô hình [11]

2.2. Mô hình mạng nơ ron đa tầng (MLP)



Hình 3. Hình vẽ mô tả mô hình mạng MLP, trích lược từ [12]

Mạng nơ ron đa tầng tổng quát là sự kết hợp của các nơ ron đơn lại với nhau và được sắp xếp theo cấu trúc dạng tầng, hay còn được biết tới bằng thuật ngữ perceptron đa tầng (MLP - Multilayer perceptron). Cấu trúc phân tầng của mạng nơ ron đa tầng bao gồm 03 tầng là:

Tầng vào: là tầng ngoài cùng phía bên trái của hình 3 thể hiện cho các đầu vào của một mạng nơ ron, chứa véc tơ các biến đầu vào;

Tầng ẩn: là tầng giữa của hình 3 biểu diễn các suy luận/biến đổi của mạng. Các phép biến đổi toán học tuyến tính và phi tuyến được thực hiện tại tầng ẩn.

Tầng ra: là tầng ngoài cùng phía bên phải của hình 3 thể hiện cho đầu ra của mạng.

Số lượng các tầng trong một mạng nơ ron tổng quát được tính bằng số tầng ẩn cộng thêm với 1. Ví dụ như trong hình 3 ta quan sát được có 2 tầng ẩn thì số lượng các tầng của mạng này sẽ là 3. Mỗi khối hình tròn trong mỗi tầng được hiểu là các nút mạng. Tại đó có chứa các biến đổi toán học tuyến tính và phi tuyến.

3. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU VÀ THẢO LUẬN

Như đã trình bày ở phần trên về hướng tiếp cận sử dụng mạng CNN để nhận dạng các ảnh X-quang bị bệnh Covid-19 trong một số nghiên cứu gần đây. Trong phần này, các thực nghiệm sẽ được cài đặt và triển khai để đánh giá độ chính xác của cách tiếp cận đề xuất với bài toán nhận dạng bệnh Covid-19 thông qua ảnh chụp X-quang.

3.1. Mô tả dữ liệu

Qua nghiên cứu tổng quan, chúng tôi nhận thấy rằng, nhiều đề xuất như trình bày ở trên chỉ kiểm chứng trên một số tập dữ liệu nhỏ với nhiều lý do khác nhau về tính phổ biến, tính riêng tư của bệnh nhân, các cơ sở pháp lý đi kèm. Do đó, độ chính xác được báo cáo ở các mô hình là chưa thực sự tổng quát.

Trong bài báo này, bộ dữ liệu lớn hơn được sử dụng. Cụ thể, bộ dữ liệu được thu thập và xử lý bởi Đại học Qatar [15]. Bộ dữ liệu bao gồm 33.920 ảnh chụp X-quang bao gồm:

11.956 hình ảnh X-quang cho Covid-19;

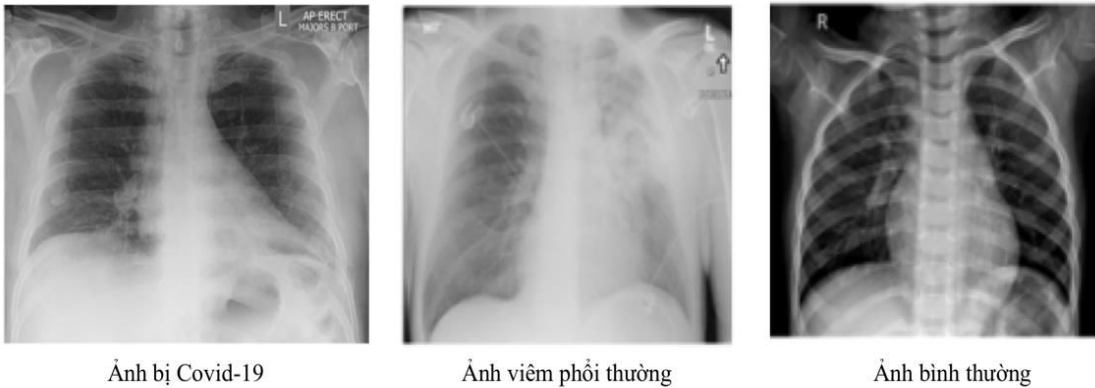
11.263 hình ảnh bị một số bệnh khác không phải Covid-19 bao gồm viêm phổi do vi rút và viêm phổi đông đặc;

10.701 hình ảnh phổi bình thường, khoẻ mạnh.

Nhằm trực quan hoá các dữ liệu được nêu trên, hình 4 đưa ra một số hình ảnh mô tả.

3.2. Mô tả giao thức và thang đo

Như đã trình bày ở trên, chúng tôi đề xuất sử dụng mô hình EfficientNet để làm bộ trích chọn đặc trưng và mạng nơ ron đa tầng làm bộ phân lớp. Để có sự so sánh đa chiều dưới nhiều góc nhìn khác nhau. Chúng tôi sẽ thực hiện việc kiểm chứng trên các phiên bản từ EfficientNetB0 đến EfficientNetB7.



Ảnh bị Covid-19

Ảnh viêm phổi thường

Ảnh bình thường

Hình 4. Mô số hình ảnh chụp X-quang phổi [15]

Do các mô hình của mạng EfficientNet trong thư viện Keras trong nghiên cứu của X. Gironés, C. Julià (2017) đã được huấn luyện trên bộ dữ liệu lớn với ảnh ImageNet⁴ với 1000 lớp đối tượng khác nhau, kết quả được miêu tả trong bài báo của M. Tan and Q. V Le (2019). Do đó, các mô hình đã có mang các đặc trưng về ảnh, nên chúng tôi sử dụng kỹ thuật đóng băng “Freeze” mô hình cơ sở. Nhằm giữ các đặc trưng từ ảnh đã được trích chọn ở mạng cơ sở, và tăng tốc quá trình huấn luyện do bộ dữ liệu là tương đối lớn và nguồn tài nguyên phần cứng sử dụng để huấn luyện là giới hạn.

Để tăng thêm số lượng mẫu đồng thời làm cho kết quả của các mô hình huấn luyện nâng cao tính tổng quát hoá, chúng tôi cũng sử dụng các kỹ thuật tăng cường ảnh (Image augmentation) bằng cách triển khai trong hàm ImageDataGenerator của thư viện Keras [16].

Mạng MLP chúng tôi đề xuất sử dụng cấu trúc chứa 1 tầng ẩn (với 128 nơ ron) với hàm kích hoạt ReLu sử dụng ở tầng ẩn thứ nhất và hàm Softmax được sử dụng ở tầng đầu ra (với 4 nơ ron tương ứng với 4 lớp). Nhằm nâng cao tính tổng quát của mô hình cũng như hạn chế hiện tượng quá khớp dữ liệu (Overfit), chúng tôi sử dụng kỹ thuật Dropout với trọng số 0.5.

Trong thí nghiệm, chúng tôi sử dụng thư viện mã nguồn mở là Keras với ngôn ngữ lập trình Python. Các thí nghiệm được triển khai trên nền tảng Colab Notebook, đây là nền tảng hoàn toàn miễn phí và được cung cấp bởi Google.

Độ đo được sử dụng trong thí nghiệm là sử dụng độ đo độ như sau:

Accuracy (%): cho biết tỉ lệ giữa các dự báo đúng trên tổng số các trường hợp;

⁴ <https://www.image-net.org/>

Precision (%): cho biết tỉ lệ nhân đoán đúng (Positive) trên tổng số các dự đoán;
 Recall (%): cho biết tỉ lệ giữa tổng số dự đoán đúng trên tổng số các nhãn là đúng;
 F1-Score (%): cho biết độ trung bình giữa hai chỉ số Precision (%) và Recall (%).

Ta sử dụng các độ đo này cho việc dự đoán trên tập kiểm tra. Dữ liệu được tải về được chia làm 3 phần theo tỉ lệ 70:20:10 tương ứng cho tập huấn luyện, tập xác thực và tập kiểm tra.

3.3. Đánh giá độ chính xác của mô hình

Để đánh giá độ chính xác của phương pháp đề xuất, chúng tôi sẽ trình bày ở phần này kết quả của 8 mô hình từ EfficientNetB0 tới EfficientNetB7 kết hợp với mạng MLP đề xuất trên tập ảnh kiểm tra. Kết quả được trình bày dưới bảng sau.

Bảng 1. Kết quả thực nghiệm của các mô hình EfficientNetB0 đến EfficientNetB7 và mạng phân lớp trên tập dữ liệu kiểm tra

Mô hình cơ sở	Accuracy (%)	Precision(%)	Recall(%)	F1-score(%)
EfficientNetB0	77.53	80.5	65.75	72.38
EfficientNetB1	78.96	79.25	68.02	73.20
EfficientNetB2	79.32	80.1	68.35	73.76
EfficientNetB3	79.74	81.25	68.7	74.45
EfficientNetB4	80.09	81.75	69.25	74.98
EfficientNetB5	80.66	84.97	70.75	77.21
EfficientNetB6	80.64	86.16	72.54	77.1
EfficientNetB7	85.4	89.74	75.6	82.06

Kết quả bảng 1 cho thấy, mô hình EfficientNetB7 thể hiện hiệu năng tốt nhất trên tập ảnh kiểm tra với hơn 3300 ảnh trên 4 lớp dữ liệu: Ảnh bệnh nhân Covid-19, ảnh viêm phổi đông đặc, ảnh viêm phổi vi rút và ảnh bệnh nhân thông thường với chỉ số Accuracy đạt 85.4% và chỉ số F1-score đạt 82.06%. Trong khi đó EfficientNetB0 đạt hiệu năng kém nhất trên tập dữ liệu kiểm tra.

Cụ thể, trên tập dữ liệu kiểm tra ta có 1200 ảnh bệnh nhân Covid-19 (lớp 0), 420 ảnh viêm phổi đông đặc (lớp 1), 1007 ảnh thông thường khoẻ mạnh (lớp 2) và 707 bệnh nhân viêm phổi (lớp 3). Kết quả phân tích có thể được cụ thể hoá trên Bảng 2 về chỉ số Precision, Recall, F1-score.

Bảng 2. Đánh giá các độ đo trên từng lớp ảnh

Tên mô hình	Precision (%)	Recall (%)	F1-score (%)
Lớp 0	96.5	77.84	86.36
Lớp 1	90.2	65.6	75.95
Lớp 2	81.4	98.2	89.01
Lớp 3	94.5	63.8	76.17

Việc nhận dạng bệnh Covid-19, chỉ số Precision đứng thứ 1 với 96.5%. Trong khi đó F1-score đứng thứ 2. Điều này có thể giải thích thông qua các bệnh lý do Covid-19 gây ra

các tổn thương trên phổi rõ rệt hơn so với các bệnh khác, dẫn tới việc mô hình dễ trích chọn các đặc trưng hơn. Bên cạnh đó, với người khoẻ mạnh, các hình ảnh tổn thương phổi hầu như không có. Dẫn tới việc mô hình hiệu suất phân lớp của mô hình là tốt nhất, thể hiện qua chỉ số F1-score là lớn nhất trong 4 nhóm.

4. KẾT LUẬN

Trong bài báo này, chúng tôi tiếp nối hướng nghiên cứu cho bài toán nhận dạng bệnh nhân bị Covid-19 thông qua ảnh chụp X-quang bằng cách đề xuất ra một sự kết hợp mô hình mới giữa mạng cơ sở sử dụng EfficientNetB7 và mạng MLP để phân loại. Hệ thống đạt độ chính xác Precision đạt gần 90% với chỉ số F1-score đạt 82.6%. Riêng với bệnh Covid-19 hệ thống đạt độ chính xác Precision 96.5% đứng thứ 1 trong 4 nhóm bệnh.

Việc ứng dụng AI trong các bài toán về y tế đang là xu hướng phát triển hiện nay, do đó trong tương lai, nhóm nghiên cứu chúng tôi sẽ tiếp tục cải tiến mô hình, tăng cường độ chính xác nhằm phù hợp hơn để có thể áp dụng tại Việt Nam.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1] ID. Apostolopoulos, SI. Aznaouridis, MA. Tzani (2020), Extracting Possibly Representative COVID-19 Biomarkers from X-ray Images with Deep Learning Approach and Image Data Related to Pulmonary Diseases. *J. Med. Biol. Eng.*, 40, p.462-469.
- [2] AG Howard, M Zhu, B Chen (2017), *MobileNets: Efficient convolutional neural networks for mobile vision applications*, preprint arXiv1704.04861.
- [3] M Alazab, A Awajan, A Mesleh (2020), COVID-19 prediction and detection using deep learning, *J. Computer Information Systems and Industrial Management Applications*, p.168-181.
- [4] K.Simonyan, A. Zisserman (2014), *Very Deep Convolutional Networks for Large-Scale Image Recognition*, ArXiv Prepr, p.1409-1556.
- [5] S. Prabira Kumar, Santi Kumari Behera (2020), *Detection of coronavirus disease (covid-19) based on deep features*, Semantic Scholar.
- [6] K.M.He., Zhang X.Y., Ren S.Q (2016), *Deep Residual Learning for Image Recognition*, CVPR p.770-778.
- [7] W Saad, WA Shalaby, M Shokair (2022), COVID-19 classification using deep feature concatenation technique, *Journal of Ambient Intelligence and Humanized Computing* 13.4.
- [8] C. Szegedy, W. Liu (2014), *Going deeper with convolutions*, CVPR, p.1-9.
- [9] Ezzat, D.; Hassanien, A.E. (2020), An optimized deep learning architecture for the diagnosis of COVID-19 disease based on gravitational search optimization Appl, *Soft Comput*, 98, 106742.
- [10] G Huang, Z Liu, L Van Der Maaten (2017), *Densely connected convolutional networks*, CVPR, p.4700-4708.
- [11] M. Tan and Q. V Le (2019), EfficientNet: Rethinking Model Scaling for Convolutional Neural Networks, ICML, p.6105-6114.

- [12] Vũ Hữu Tiếp (2019), *Machine learning cơ bản*, Nxb. Khoa học và Kỹ thuật, Hà Nội.
- [13] C.Corinna,V.Vapnik (1995), *Support-vector networks*, Machine learning 20.3, 273-297.
- [14] X. Gironés,C .Julià (2017), Real-time text localization in natural scene images using a linear spatial filter, ICDAR, 1261-1268.
- [15] AM Tahir, MEH Chowdhury (2021), *COVID-19 Infection Localization and Severity Grading from Chest X-ray Images*, Computers in Biology and Medicine, vol.139, p.105002.
- [16] <https://keras.io/>

COVID-19 DETECTION IN X-RAY IMAGES USING CONVOLUTIONAL NEURAL NETWORKS

Phan Thanh Quyên, Nguyen Dinh Cong

ABSTRACT

This paper focuses on object detection methods with a particular attention to covid-19 detection in X-Ray images based on a convolutional neural network (CNN). A new approach using the transfer learning method within the EfficientNet model and a fully connected neural network is given. The proposed model is performed in a dataset of 30,000 images, and achieved F1-scores of 82.06% in all labels and 86.3% in the covid-19 label.

Keywords: *EfficientNet, MLP, Covid-19, X-ray images.*

* Ngày nộp bài: 10/6/2022; Ngày gửi phản biện: 22/6/2022; Ngày duyệt đăng: 27/10/2022