



دانشکده مهندسی برق و رباتیک

پایان نامه کارشناسی ارشد

گرایش کنترل

تشخیص بیماری روماتیسم قلبی عروقی تاکایاسو

نگارنده:

پریسا رضائی مجد

استاد راهنما

دکتر علیرضا الفی

استاد مشاور

دکتر حیدر طوسی‌ان شاندیز

خرداد ۱۳۹۸

تقدیم به همه کسانی که به اندازه محظی ای هر چند کوچک، از وجود بیماری رنج برده اند و سلامتی از جسمشان رخت بر

بسته است.

آدمی را آدمیت لازم است

عود را اگر بوناشد، میزوم است

پاس از خدای بزرگ که از دریای بی‌کرانه رحمتش، نعمتی نبود که بر من عطا نکرده باشد و زندگی را آنگنان برایم زیبا ساخت تا به پاس تمام نعمتش، هر سختی و مشقتی را تاب بیاورم.

بردگشتی آنجا که خواهد خدای

وگر جامه بر تن دردنا خدای

پاس از استاد گرانقدرم جناب آقای دکتر علیرضا الفی که با قبول کرسی استاد راهنمایی این پایان نامه، اینجانب را در انجام این مهم یاری نمودند و از کنجینه ارزشمند دانش خود مرا بهره‌مند ساختند.

اینجانب **پریسا رمضانی مجد** دانشجوی دوره کارشناسی ارشد رشته **مهندسی برق/کنترل** دانشکده برق و رباتیک دانشگاه صنعتی شاهرود نویسنده پایان‌نامه **تشخیص بیماری روماتیسم قلبی و عروقی تاکایاسو تحت راهنمایی دکتر علیرضا الفی** متعهد می‌شوم.

- تحقیقات در این پایان‌نامه توسط اینجانب انجام شده است و از صحت و اصالت برخوردار است .
- در استفاده از نتایج پژوهشهای محققان دیگر به مرجع مورد استفاده استناد شده است .
- مطالب مندرج در پایان‌نامه تاکنون توسط خود یا فرد دیگری برای دریافت هیچ نوع مدرک یا امتیازی در هیچ جا ارائه نشده است .
- کلیه حقوق معنوی این اثر متعلق به دانشگاه صنعتی شاهرود می‌باشد و مقالات مستخرج با نام « دانشگاه صنعتی شاهرود » و یا « Shahrood University of Technology » به چاپ خواهد رسید .
- حقوق معنوی تمام افرادی که در به دست آمدن نتایج اصلی پایان‌نامه تأثیرگذار بوده اند در مقالات مستخرج از پایان‌نامه رعایت می‌گردد.
- در کلیه مراحل انجام این پایان‌نامه ، در مواردی که از موجود زنده (یا بافتهای آنها) استفاده شده است ضوابط و اصول اخلاقی رعایت شده است .
- در کلیه مراحل انجام این پایان‌نامه، در مواردی که به حوزه اطلاعات شخصی افراد دسترسی یافته یا استفاده شده است اصل رازداری ، ضوابط و اصول اخلاق انسانی رعایت شده است .

تاریخ

امضای دانشجو

مالکیت نتایج و حق نشر

کلیه حقوق معنوی این اثر و محصولات آن (مقالات مستخرج ، کتاب ، برنامه های رایانه ای ، نرم افزار ها و تجهیزات ساخته شده است) متعلق به دانشگاه صنعتی شاهرود می‌باشد . این مطلب باید به نحو مقتضی در تولیدات علمی مربوطه ذکر شود . استفاده از اطلاعات و نتایج موجود در پایان‌نامه بدون ذکر مرجع مجاز نمی‌باشد.

چکیده

بیماری تاکایاسو یکی از بیماری‌های التهاب عروق است که پیشرفت آن در بدن، عواقب خطرناکی از جمله مرگ شخص را به دنبال دارد. برای کنترل این بیماری به تشخیص به موقع، سریع و با دقت بالا نیاز داریم. اگر بیماری تاکایاسو در مراحل اولیه تشخیص داده شود، قابل کنترل بوده و از مرگ یا انسداد کامل عروق شخص، جلوگیری می‌شود. در این پایان‌نامه الگوریتمی به منظور تشخیص بیماری تاکایاسو، بدست آمده است، که از تکنیک‌های شبکه عصبی بر مبنای الگوریتم‌های لونبرگ مارکوارت و ژنتیک بهره می‌برد. ابتدا از میان داده‌های ورودی که پارامترهای بیماری هستند، آنهایی را که تأثیر بیشتری در تشخیص این بیماری دارند، جداسازی کرده و سپس آنها را به وسیله روش **z-core** پیش پردازش می‌کنیم تا در محدوده موردنظر قرار گیرند. سپس توسط شبکه‌های عصبی پرسپترون چندلایه، سیستمی طراحی می‌کنیم که بتواند وضعیت افراد را در سه گروه «سالم»، «بیمار» و «عدم تشخیص» طبقه‌بندی کند. سپس دقت سیستم در هر کلاس بررسی می‌شود. نتایج حاصل از الگوریتم‌های پیشنهادی نشان می‌دهد که نه تنها در دستیابی به تشخیص مؤثر، صحیح و بادقت بیماری تاکایاسو می‌رسیم، بلکه با استفاده از الگوریتم ژنتیک نتایج مطلوب‌تر و با دقت بیشتری برای سیستم بدست می‌آید.

واژه‌های کلیدی: بیماری تاکایاسو، التهاب، تشخیص، شبکه عصبی، الگوریتم لونبرگ مارکوارت، الگوریتم ژنتیک، روش **z-core** دقت

فهرست مطالب

۱.....	فصل اول: کلیات تحقیق
۲.....	۱-۱ مقدمه
۳.....	۲-۱ طبقه‌بندی
۴.....	۳-۱ مسئله تحقیق
۴.....	۴-۱ ضرورت و روش تحقیق
۵.....	۵-۱ تاریخچه تحقیق
۶.....	۶-۱ فرضیات تحقیق
۷.....	۷-۱ ساختار پایان‌نامه
۹.....	فصل دوم: مبانی نظری تحقیق
۱۰.....	۱-۲ تاکایاسو
۱۱.....	۲-۲ تاریخچه بیماری
۱۱.....	۳-۲ علت بروز بیماری
۱۲.....	۴-۲ انواع روماتیسم قلبی و عروقی تاکایاسو
۱۳.....	۵-۲ چگونگی تشخیص
۱۷.....	فصل سوم: ادبیات تحقیق
۱۸.....	۱-۳ ضریب همبستگی پارامترها
۱۹.....	۲-۳ استانداردهای داده‌ها
۲۰.....	۳-۳ شبکه‌های عصبی
۲۰.....	۱-۳-۳ طبقه‌بندی در شبکه‌های عصبی
۲۲.....	۲-۳-۳ تابع انتقال
۲۳.....	۳-۳-۳ معیار بهترین برآورد
۲۳.....	۴-۳ الگوریتم لونیبرگ مارکوارت
۲۴.....	۱-۴-۳ الگوریتم گرادیان نزولی
۲۵.....	۲-۴-۳ الگوریتم نیوتن
۲۸.....	۳-۴-۳ الگوریتم گوس-نیوتن
۲۹.....	۴-۴-۳ الگوریتم لونیبرگ مارکوارت
۳۵.....	۵-۳ الگوریتم ژنتیک
۳۶.....	۱-۵-۳ جمعیت
۳۶.....	۲-۵-۳ ارزیابی جمعیت
۳۷.....	۳-۵-۳ انتخاب چرخ رولت
۳۸.....	۴-۵-۳ ترکیب یکنواخت

۳۹۵-۵-۳ عملگرهای الگوریتم ژنتیک
۴۰۶-۵-۳ شرایط خاتمه الگوریتم ژنتیک
۴۱ فصل چهارم: شبیه‌سازی و نتایج عملی
۴۲۱-۴ جمع‌آوری اطلاعات
۴۴۲-۴ ضریب همبستگی پارامترها به کمک نرم‌افزار SPSS
۴۶۳-۴ استانداردسازی داده‌ها به کمک نرم‌افزار SPSS
۴۸۴-۴ ایجاد شبکه عصبی
۴۸۱-۴-۴ معماری شبکه عصبی
۵۰۲-۴-۴ معیار بهترین برآورد
۵۱۵-۴ به‌روزرسانی اوزان به کمک الگوریتم ژنتیک
۵۳۶-۴ چگونگی تحلیل نتایج طبقه‌بندی
۵۵۷-۴ نتایج شبیه‌سازی MLP با الگوریتم لونیبرگ مارکوارت
۵۵۸-۴ نتایج شبیه‌سازی MLP با الگوریتم ژنتیک
۵۷۹-۴ تحلیل دقت و ماتریس درهم‌ریختگی
۵۷۱-۹-۴ ماتریس درهم‌ریختگی MLP با الگوریتم لونیبرگ مارکوارت
۵۹۲-۹-۴ ماتریس درهم‌ریختگی MLP با الگوریتم ژنتیک
۶۰۱۰-۴ تحلیل منحنی ROC
۶۳ فصل پنجم: نتیجه‌گیری و پیشنهادها
۶۴۱-۵ نتیجه‌گیری
۶۶۲-۵ پیشنهادها

فهرست اشکال

- شکل ۱-۲ التهاب در آنورت ۱۰
- شکل ۲-۲ انواع روماتیسم قلبی و عروقی تاکیاسو ۱۲
- شکل ۱-۳ سمت چپ توزیع نرمال داده‌ها و سمت راست توزیع نرمال استاندارد شده ۱۹
- شکل ۲-۳ تابع تانژانت سیگموئید ۲۳
- شکل ۳-۳ اتصال نرون j به شبکه ۳۰
- شکل ۴-۳ شبکه پرسپترون سه لایه ۳۳
- شکل ۵-۳ چرخ رولت ۳۸
- شکل ۶-۳ ترکیب یکنواخت ۳۸
- شکل ۱-۴ مراحل طراحی سیستم تحقیق ۴۲
- شکل ۲-۴ نمودار وضعیت افراد مورد آزمایش ۴۳
- شکل ۳-۴ نمودار تخصیص پارامترها برای افراد سالم و بیمار ۴۴
- شکل ۴-۴ نمودار جنسیت افراد سالم و بیمار ۴۵
- شکل ۵-۴ توزیع نرمال پارامترهای ورودی قبل از استانداردسازی ۴۷
- شکل ۶-۴ نتایج استانداردسازی پارامترهای ورودی ۴۷
- شکل ۷-۴ ساختار شبکه عصبی ۵۰
- شکل ۸-۴ عملکرد الگوریتم ژنتیک در به‌روزرسانی اوزان ۵۲
- شکل ۹-۴ همگرایی وزن‌های لایه پنهان ۵۴
- شکل ۱۰-۴ همگرایی تعدادی از وزن‌های شبکه عصبی ۵۴
- شکل ۱۱-۴ میانگین تابع هدف و بهترین و بدترین مقدار تابع هدف ۵۶
- شکل ۱۲-۴ ماتریس درهم‌ریختگی شبکه عصبی اولیه ۵۸
- شکل ۱۳-۴ ماتریس درهم‌ریختگی شبکه عصبی با الگوریتم ژنتیک ۵۹
- شکل ۱۴-۴ نمودار ROC سیستم اولیه ۶۱
- شکل ۱۵-۴ نمودار ROC سیستم بر مبنای الگوریتم ژنتیک ۶۱

فهرست جداول

- جدول ۱-۲ پارامترهای تشخیص بیماری طبق تحقیقات انجام شده تاکنون ۱۵
- جدول ۱-۴ پارامترهای استخراج شده بیماری ۴۳
- جدول ۲-۴ نتایج همبستگی پارامترهای بیماری ۴۵
- جدول ۳-۴ پارامترهای مؤثر در تشخیص بیماری ۴۵
- جدول ۴-۴ وضعیت کلاس‌ها و خروجی مطلوب هر کدام ۴۸
- جدول ۵-۴ تعیین معماری بهینه لایه پنهان ۴۹
- جدول ۶-۴ مشخصات شبکه عصبی ۵۰
- جدول ۷-۴ تعداد ژن‌ها در الگوریتم ژنتیک ۵۱
- جدول ۸-۴ پارامترهای الگوریتم ژنتیک ۵۲
- جدول ۹-۴ روش‌های به کار برده شده در هر کدام از پارامترهای الگوریتم ژنتیک ۵۲
- جدول ۱۰-۴ تحلیل پارامترهای طبقه‌بندی ۵۳
- جدول ۱۱-۴ نتایج شبیه‌سازی بر مبنای الگوریتم لونبرگ مارکوارت ۵۵
- جدول ۱۲-۴ نتایج شبیه‌سازی بر مبنای الگوریتم ژنتیک ۵۵
- جدول ۱۳-۴ پارامترهای طبقه‌بندی در شبکه اولیه ۵۸
- جدول ۱۴-۴ پارامترهای طبقه‌بندی در شبکه بر مبنای الگوریتم ژنتیک ۶۰
- جدول ۱-۵ زمان‌های اجرا برای هر دو الگوریتم ۶۵
- جدول ۲-۵ درصد مقادیر نهایی تابع هدف برای هر دو الگوریتم ۶۵

فصل اول

کلیات تحقیق

در این فصل کلیات این تحقیق بررسی خواهد شد. این تحقیق جنبه‌های مختلفی از «تشخیص» را شامل می‌شود. در ابتدای فصل، به بررسی اهمیت این تحقیق خواهیم پرداخت. سپس مسئله تحقیق مطرح می‌گردد. در انتهای فصل نیز مروری بر فصول پایان‌نامه خواهیم داشت.

۱-۱ مقدمه

از دیرباز تاکنون انسان‌ها با بیماری‌های مختلفی درگیر بوده‌اند. در بعضی موارد توانسته‌اند بیماری را تشخیص داده و راهکاری در جهت بهبود آن ارائه دهند. تشخیص بیماری نقش اولیه و به‌سزایی دارد. دلیل اهمیت آن این است که برای درمان بیماری و ارائه راهکاری برای آن، ابتدا نیاز به تشخیص درست بیماری است. اگر بیماری درست تشخیص داده نشود، ممکن است منجر به مرگ بیمار شود. بر همین اساس مطالعه و بررسی‌های فراوانی در عرصه تشخیص بیماری‌های مختلف انجام گردیده است، تاجایی که امروزه بشر برای تشخیص، از روش‌های هوشمند استفاده می‌کند. استفاده از روش‌های هوشمند در تشخیص بیماری‌ها به‌عنوان دستیار در کنار پزشک، علاوه بر کمک شایان به علم پزشکی، راه را برای شناسایی دقیق و عاری از خطا برای شناسایی بیماری هموار می‌نماید. از جمله دستاوردهای تشخیص به روش‌های هوشمند در پزشکی عبارتند از [۶]:

- تشخیص بیماری‌ها در افراد
- پیدا کردن قواعدی به‌منظور درمان بیماری‌ها
- پیش‌بینی داروهای مناسب برای هر بیماری خاص
- پیش‌بینی هزینه‌های درمان
- پیش‌بینی مدت زمان زنده ماندن در برخی بیماری‌های خاص
- کشف عوامل مؤثر بر بیماری یا عوامل شدت آن

امروزه در پزشکی، جمع‌آوری داده‌ها در مورد بیماری‌های مختلف، از اهمیت زیادی برخوردار است. حجم داده‌های جمع‌آوری شده به خودی خود کاربردی ندارند. برای معنا بخشیدن به این داده‌ها، باید آنها را تحلیل کرد. برای تحلیل می‌بایست نتایج و الگوهای مورد نظر را پیدا کرد و از تکنیک‌های مدل‌سازی استفاده نمود. پاره‌ای از این تکنیک‌ها عبارتند از [۱۲]:

- **مدل‌سازی و پیش‌گویی عوامل بیماری‌ها:** استفاده از تکنیک‌ها و الگوهای مدل‌سازی، می‌تواند نتایجی را برای محققان فراهم کند که عوامل ابتلا به بیماری‌های مختلف را استخراج کنند و بر اساس این نتایج، پزشکان در پیش‌گیری از آن بیماری اقدام کنند.
- **مدل‌سازی در بهداشت و درمان:** حوضه پزشکی و سلامت از بخش‌های مهم در جوامع صنعتی است. استخراج دانایی از میان حجم انبوه داده‌های مرتبط با سوابق بیماری و پرونده‌های پزشکی افراد با استفاده از فرآیند مدل‌سازی، می‌تواند منجر به شناسایی قوانین حاکم بر رشد بیماری‌ها شده و اطلاعات ارزشمندی را به منظور شناسایی علل رخداد بیماری‌ها، تشخیص و پیش‌بینی با توجه به عوامل محیطی حاکم، در اختیار متخصصان سلامت قرار دهد.
- **مدل‌سازی ویژگی‌های بیماری و تشخیص خودکار:** کاربرد دیگری که مدل‌سازی در علم پزشکی دارد و هدف از ارائه این پایان‌نامه را نیز شامل می‌شود، این است که با به‌کارگیری الگوریتم‌های دسته‌بندی، می‌توان تشخیص داد که یک فرد با ویژگی‌هایی از یک بیماری، به آن مبتلا است یا خیر. البته در این مورد باید توجه داشت که سیستم حاصل، از دقت بالایی برخوردار باشد.

۱-۲ طبقه‌بندی

دسته‌بندی^۱ (طبقه‌بندی) فرآیند یافتن مدلی است که با تشخیص دسته‌ها یا مفاهیم داده‌ها، می‌تواند کلاس دسته‌های ناشناخته را تشخیص دهد. در طراحی یک سیستم که وظیفه دسته‌بندی را بر عهده

^۱classification

دارد، داده‌ها به دو دسته آموزش و آزمایش تقسیم می‌شوند. داده‌های آموزش برای یادگیری قواعد توسط سیستم و داده‌های آزمایش برای بررسی دقت دسته‌بندی استفاده می‌شوند [۶ و ۱۱].

۱-۳ مسئله تحقیق

در مدل‌سازی برای تشخیص بیماری، ساختار بدن انسان به مثابه یک نظام بسیار هماهنگ فرض شده و بیماری به‌عنوان یک عامل بی‌نظمی در این ساختار مطرح گردیده است. همان‌طور که در قسمت مقدمه اشاره شد، یکی از چالش‌های مهم در مواجهه با بیماری‌ها، تشخیص صحیح آن بیماری است [۷].

بر همین اساس در این تحقیق به طراحی یک سیستم پشتیبان از تصمیم در پزشکی جهت تشخیص بیماری روماتیسم قلبی و عروقی تاکایاسو پرداخته شده است. در سیستم این تحقیق انواع تصمیم‌ها به کمک شبیه‌سازی با نرم‌افزار متلب، اتخاذ می‌گردد. با توجه به این‌که دقت سیستم حاصل از اهمیت بالایی برخوردار است، برای دستیابی به این مهم، با استفاده از الگوریتم ژنتیک براساس داده‌های دریافت شده از بیماران، سعی بر آن شده است تا دقت سیستم افزایش یابد. همچنین خروجی این سیستم با در نظر گرفتن خطا به‌عنوان تابع هدف، می‌تواند بیمار بودن یا نبودن فرد را مشخص کند.

۱-۴ ضرورت و روش تحقیق

مدل‌سازی برای تشخیص بیماری علاوه بر کاهش هزینه‌ها و افزایش دقت در برنامه‌ریزی و طراحی، مزایای دیگری نیز به‌همراه دارد. از جمله این مزیت‌ها می‌توان به فراهم آمدن امکان انجام تحلیل‌های گوناگون بر روی متغیرهای مسئله اشاره کرد. به بیان دیگر با داشتن ابزار تشخیص دقیق، می‌توان تحلیل‌های گوناگونی بر روی ابعاد مختلف مسئله انجام داد. به دلیل این‌که بیماری تاکایاسو در نهایت منجر به بیماری‌های قلبی، نابینایی، ناشنوایی و از کار افتادن اندام‌ها می‌شود، تشخیص زودهنگام این بیماری بسیار مهم است. بنابراین تشخیص از طریق مدل‌سازی و تفسیر مناسب بر روی داده‌ها، سرعت این تشخیص را بالا برده و موجب کاهش زمان تشخیص می‌شود [۲۲].

باتوجه به مطالب گفته شده، لازم دیده شد تا برای کمک به تشخیص بیماری روماتیسم قلبی و عروقی تاکایاسو، سیستمی طراحی شود تا بتواند برای پزشک متخصص نقش دستیار را ایفا کند. برای دست-یابی به مدل بهینه برای سیستم با استفاده از داده‌های جمع‌آوری شده از بیماران، سیستم طبقه‌بندی با شبکه‌های عصبی بر مبنای الگوریتم ژنتیک طراحی شده است.

دلیل اصلی استفاده از شبکه‌های عصبی، قابلیت مدل‌سازی غیرخطی و انعطاف‌پذیری این شبکه‌ها است. در این شبکه‌ها دیگر نیازی به تشخیص شکل خاص مدل نبوده و مدل مورد نظر براساس اطلاعات موجود در داده‌ها شکل می‌گیرد. این رویکرد مبتنی بر داده برای بسیاری از مجموعه داده‌های تجربی به‌خصوص برای زمانی که هیچ اطلاعات تئوریک برای پیشنهاد یک فرآیند مناسب، در دسترس نباشد، بسیار کارآمد هستند [۲۴ و ۵۲].

۱-۵ تاریخچه تحقیق

در زمینه تشخیص خودکار بیماری‌ها به کمک هوش مصنوعی مطالعات زیادی در داخل و خارج از کشور انجام شده است. اما در زمینه تشخیص بیماری روماتیسم قلبی و عروقی تاکایاسو هیچ‌گونه فعالیتی به‌صورت طراحی سیستم پشتیبان از تصمیم پزشک و سیستم خودکار در تشخیص، تاکنون انجام نشده است. در زیر به مرور چند نمونه از کاربردهای هوش مصنوعی در تشخیص بیماری‌ها پرداخته شده است.

حسن تیمورتاش و همکاران در سال ۲۰۰۹ پژوهشی تحت عنوان مطالعه مقایسه‌ای بر روی بیماری دیابت و تشخیص آن به کمک شبکه‌های عصبی با هدف طبقه‌بندی و تشخیص بیماری دیابت، انجام دادند. از آنجا که دیابت زمانی اتفاق می‌افتد که بدن قادر به تولید یا پاسخ درست به تولید انسولین نیست و همچنین به دلیل عوارض خطرناک بیماری دیابت از جمله خطر ابتلا به بیماری‌های کلیوی، نابینایی و عوارض آن بر سیستم عصبی، تحقیق بر روی داده‌های این بیماری و مسئله طبقه‌بندی انواع

این بیماری بسیار حائز اهمیت است. در مطالعه ذکر شده، سیستم تشخیص بیماری به کمک شبکه‌های عصبی پرسپترون چندلایه و با الگوریتم لونبرگ مارکوارت طراحی شده است [۲۵].

آندره استوا و همکاران در سال ۲۰۱۷ پژوهشی تحت عنوان طراحی یک متخصص تشخیص سرطان پوست به کمک شبکه‌های عصبی کانولوشن با هدف طبقه‌بندی ضایعات پوستی با استفاده از تصاویر انجام دادند. سرطان پوست یکی از شایع‌ترین نوع بدخیم سرطان در بین انسان‌ها است، که عمدتاً به صورت بصری تشخیص داده می‌شود. به دلیل وجود تنوع در ریزدانه‌های ضایعات پوستی، شبکه‌های عصبی کانولوشن پتانسیل قابل قبولی در تشخیص این تنوع گفته شده را دارند. به این صورت که شبکه به صورت مستقیم با تصاویر بیماران آموزش می‌بیند. در نهایت سیستم طراحی شده قادر است بیماران جدید را در دو نوع سرطان پوست مورد نظر طبقه‌بندی کند [۸].

ماریوس آنتیموپولوس و همکاران در سال ۲۰۱۶ پژوهشی تحت عنوان طراحی یک سیستم طبقه‌بندی برای بیماری‌های بینابینی ریه با استفاده از شبکه عصبی کانولوشن انجام دادند. در این مقاله یک شبکه عصبی کانولوشن پیشنهاد شده و تکنیک‌های تشخیص به کمک رایانه، پیاده‌سازی شده است. در آخر ارزیابی شده است که آیا طبقه‌بندی حاصل شده، قابل قبول است یا خیر. لازم به ذکر است داده‌های مورد استفاده جهت آموزش شبکه، تصاویر سی‌تی اسکن از بیماران است [۴].

۱-۶ فرضیات تحقیق

- با استفاده از تکنیک‌های مبتنی بر شبکه‌های عصبی، می‌توان بیماری روماتیسم قلبی و عروقی تاکیاسو را تشخیص داد.
- با استفاده از الگوریتم ژنتیک، می‌توان دقت سیستم تشخیص طراحی شده را افزایش داد.
- به کارگیری این طراحی سبب تشخیص وخامت بیماری در زمان مناسب و همچنین تشخیص نوع تاکیاسو، می‌باشد.

۱-۷ ساختار پایان نامه

در این فصل به بیان مسئله، هدف و ضرورت انجام تحقیق و همچنین به بیان توضیحاتی در مورد مراحل انجام تحقیق، پرداخته شد.

در فصل دوم به معرفی بیماری تاکیاسو، تاریخچه این بیماری و پارامترهای تشخیص آن می‌پردازیم. در فصل سوم، مطالب گفته شده بر روی داده‌های در دسترس پیاده سازی خواهد شد. دقت و خطای سیستم و همچنین نمودارها و جداول حاصل از شبیه‌سازی و به تبع آن عملکرد سیستم بهینه، تحلیل می‌شود. در فصل چهارم نتیجه‌گیری و پیشنهادهای لازم را برای آینده‌ی تشخیص این بیماری به کمک مدل‌سازی ارائه خواهیم داد.

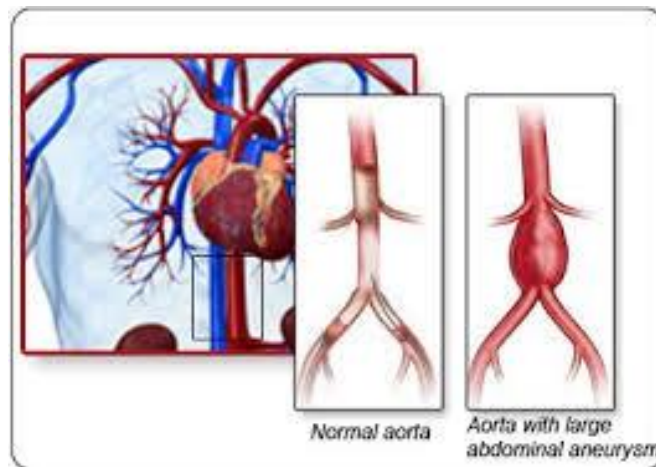
فصل دوم

مبانی نظری تحقیق

در این فصل به بررسی بیماری تاکایاسو می‌پردازیم که در آن تاریخچه بیماری، انواع آن، علت بروز و چگونگی تشخیص بررسی می‌شود.

۱-۲ تاکایاسو

آرتریت^۱ تاکایاسو، نوع نادری از واسکولیت^۲ است. یعنی گروهی از اختلالات که باعث التهاب رگ‌های خونی است. همانطور که در شکل ۱-۲ مشخص است، در آرتریت تاکایاسو التهاب در درجه اول سبب خسارت به آئورت و سرخرگ‌های بزرگ می‌شود. این بیماری می‌تواند منجر به انسداد، تنگی شریان‌ها و یا آئوریسم (گشاد شدن غیرطبیعی عروق) شود. آرتریت تاکایاسو همچنین می‌تواند به درد بازو و یا درد قفسه سینه و فشارخون بالا و درنهایت به نارسائی قلبی و یا سکته مغزی منجر شود. هدف از درمان، از بین بردن التهاب در سرخرگ‌ها و پیش‌گیری از عوارض بالقوه است. حتی با تشخیص زودهنگام و درمان [۱۰].



شکل ۱-۲ التهاب در آئورت [۱۰]

گزارشات اولیه نشان داد این بیماری تنها به زنان آسیای شرقی محدود می‌شود. اما در حال حاضر در هر دو جنس زن و مرد و در سراسر جهان شناخته شده است. هرچند در میان جمعیت‌ها، نوع بروز این بیماری و تظاهر آن ممکن است متفاوت باشد، ولی مشخصه‌های اصلی آن یکسان است [۱۵].

^۱Artritis

^۲vaskulit

۲-۲ تاریخچه بیماری

توصیف‌های این بیماری از سال ۱۸۳۰ آغاز شد. اما در سال ۱۹۰۵ تاکایاسو، چشم پزشک ژاپنی، با مطالعه درمورد تب پایدار تعدادی از بیماران، یک زن ۲۱ ساله را با انسداد عروق کرونر مشخصه، معرفی کرد. در سال ۱۹۹۰ این بیماری در آمریکا مورد مطالعه قرار گرفت و اثرات و نتایج آزمایشات طی ۱۲ ماه به ثبت رسید.

این بیماری نادر است و اغلب در ژاپن، جنوب شرقی آسیا، هند و مکزیک دیده می‌شود. تعداد مبتلایان در ایران ۵۱ نفر اعلام شده‌است. تاکایاسو معمولاً در دهه دوم یا سوم زندگی بروز می‌کند. اغلب یا تأخیر در تشخیص از زمان شروع نشانه‌ها تا درگیری اندام‌های مهم، تنها چندماه تا یک سال به طول می‌انجامد. تأخیر در تشخیص در سنین پایین، چهار برابر بیش‌تر است. این اختلاف، بین دو تا پنج ماه است و علت آن مربوط به تفاوت در شیوع بیماری در میان دو جمعیت است که منجر به تفاوت در آگاهی می‌شود [۱۰].

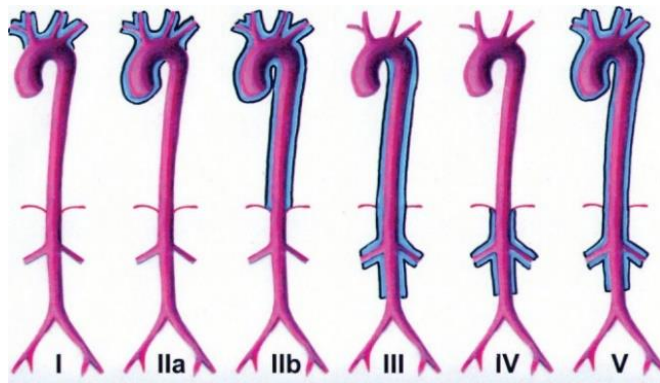
۳-۲ علت بروز بیماری

علت اصلی این بیماری ناشناخته‌است. هرچند که سیستم ایمنی نقش مهمی در این واقعه ایفا می‌کند. همان‌طور که سیستم ایمنی زمینه حفاظت و حمایت از بدن را فراهم می‌کند، در مواردی بیش‌فعال شده و به نقاطی از بدن که سالم هستند، حمله می‌کند. در مورد این بیماری نیز یکی از علل ابتلا را همین اتفاق بیان کرد که سبب التهاب در نقاط بدن می‌شود. هرچقدر التهاب اندام پیشرفت کند، ویژگی‌ها مشخص‌تر می‌شوند زیرا این التهاب در عروق گردش خون را تحت تأثیر قرار می‌دهد و عمل-کرد اندام‌ها از چگونگی گردش خون تأثیر می‌پذیرد. هنگامی که تشخیص این بیماری مشکوک است، درمان باید به‌سرعت آغاز شود تا از عوارض جدی نظیر انسداد شریان‌های اصلی یا نابینایی و یا

ناشنوایی جلوگیری شود. پردنیزلون^۱ و متوتروکسات^۲ در مراحل اولیه می‌توانند این بیماری را کنترل کنند. همچنین جراحی قلب، ممکن است در برخی بیماران مفید باشد [۱۳].

۲-۴ انواع روماتیسم قلبی و عروقی تاکایاسو

این بیماری با توجه به این که کدام قسمت از آئورت را دچار التهاب می‌کند به شش دسته تقسیم می‌شود، که این دسته‌بندی در شکل ۲-۲ نیز نشان داده شده است [۱۵ و ۱۹ و ۲۳].



شکل ۲-۲ انواع روماتیسم قلبی و عروقی تاکایاسو [۱۵]

- نوع I: فقط شامل التهاب در شاخه‌های قوس آئورت است.
- نوع IIa: شامل التهاب در قوس آئورت و شاخه‌های آن است.
- نوع IIb: التهاب به آئورت صعودی، قوس آئورت و شاخه‌های آن و قسمتی از آئورت نزولی، آسیب می‌زند.
- نوع III: التهاب باعث آسیب دیدگی آئورت صعودی، قوس آئورت و شاخه‌های آن و همچنین آئورت نزولی قفسه سینه، آئورت شکمی و شریان‌های کلیه، می‌شود.
- نوع IV: التهاب مربوط به آئورت شکمی و شریان‌های متصل به کلیه است

^۱Perdenisolone

^۲Methotrexate

- نوع V: این نوع از تاکایاسو که شایع‌ترین نوع آن است، شامل ترکیبی از تاکایاسو نوع IIb و IV است.

۵-۲ چگونگی تشخیص

علائم اولیه و ظاهری این بیماری عبارتند از درد بازو و دست به خصوص در هنگام استفاده، درد قفسه سینه، سرماخوردگی، خستگی، سردرد و تب، درد عضلانی، کاهش وزن شدید بدون رژیم غذایی و ورزش، کاهش نبض رادیال و فشار خون بالا [۱۳].

تشخیص زمانی به صورت قطعی صورت می‌گیرد که فرد علائم و نشانه‌های التهاب رگ‌های خونی را داشته باشد. همچنین هیچ آزمایش خونی به تنهایی برای تشخیص کامل این بیماری وجود ندارد. آزمایش خون به همراه سایر آزمایش‌ها می‌تواند تشخیص قطعی در مورد این بیماری داشته باشد. آزمایش‌های ممکن برای تشخیص این بیماری عبارتند از:

- **آرتروگرافی:** یک آزمایش است که به کمک اشعه ایکس می‌توان از داخل شریان‌ها عکس برداری کرد. این آزمایش برای عکس برداری از شریان‌های تمام نقاط بدن خصوصاً قلب و مغز، کاربرد دارد. شیوه انجام این آزمایش به این صورت است که از طریق شریان‌های کشاله ران لوله‌ای وارد بدن می‌شود و سپس به سمت التهاب احتمالی از طریق جریان خون، هدایت شده و از محل التهاب عکس برداری می‌کند [۹].
- **آنژیوگرافی:** در این روش برای عکس برداری از شریان‌ها از مواد رنگی مخصوص و اشعه ایکس استفاده می‌شود. این آزمایش وظیفه دارد چگونگی جریان خون از طریق شریان‌ها در قلب را نشان دهد. این روش را اندازه گیری فشار خون در قلب می‌گویند [۹].

^۱Arteriogram

^۲X-Ray

^۳Angiography

- **الکتروکاردیوگرافی (ECG):** یک آزمایش برای ضبط فعالیت الکتریکی قلب است. انجام این آزمایش به این صورت است که الکترودها به قسمت‌هایی از بدن مانند مچ پاها، مچ دست‌ها و قفسه سینه متصل می‌شوند. این الکترودها به وسیله سیم‌هایی به یک ماشین که سیگنال‌های قلب را به صورت خطوطی از امواج رسم می‌کند، اتصال می‌یابد [۱۸].
- **سونوگرافی:** این آزمایش از امواج فرکانسی برای عکس‌برداری از داخل بدن استفاده می‌کند. ماشین، امواج صوت با فرکانس بالا را به بدن می‌فرستد. رایانه انعکاس آن را دریافت کرده و به تصویر تبدیل می‌کند. این آزمایش برخلاف اشعه ایکس و سیتی اسکن، به امواج رادیویی احتیاج ندارد [۱۸].
- **MRA:** همان MRI است با این تفاوت که با این روش متخصصان می‌توانند شریان‌های نقاط مختلف بدن را ببینند [۳].
- **تعداد ذرات موجود در خون (CBC):** این ویژگی از بیماری که با آزمایش خون حاصل می‌شود، تعداد گلبول‌های قرمز خون (RBC)، تعداد گلبول‌های سفید خون (WBC) و هموگلوبین‌های^۵ موجود در خون و همچنین این که چه کسری از خون از گلبول‌های قرمز^۶ تشکیل شده است را نشان می‌دهد [۱۵].
- **پروتئین واکنشی (CRP):** این پروتئین توسط گلبول‌های سفید موجود در کبد در طی التهاب تولید می‌شود. وقتی در قسمتی از شریان‌ها التهاب وجود داشته باشد، میزان CRP افزایش پیدا می‌کند. در واقع این افزایش تولید پروتئین یک واکنش به التهاب موجود، است [۱۳ و ۱۵ و ۲۰].

¹ Electro cardiogram

² Ultrasound

³ Magnetic resonance Angiography

⁴ Complete blood count

⁵ Hemoglobin

⁶ Hematocrit

⁷ C-reactive Protein

- **سرعت رسوب گلبول قرمز (ESR):** وقتی التهاب در بدن وجود دارد، پروتئین‌های خاصی باعث چسبیدن گلبول‌های قرمز به یکدیگر و همچنین باعث رسوب آن‌ها بیش‌تر از حالت طبیعی در شریان‌ها می‌شود. افزایش این ویژگی از بیماری به‌این معنی است که میزان سدیم موجود در گلبول‌های قرمز زیاد است [۱۳ و ۱۵ و ۲۰].

روش‌های تشخیص ذکر شده در همه‌ی مناطق و شرایط، به‌عنوان پارامتر تشخیص به‌کار می‌روند. سایر پارامترهای تشخیص استخراج شده در آزمایشات گوناگون و در مناطق جغرافیایی مختلف، ممکن است متفاوت باشند. برای بررسی این موضوع و طبق تحقیقات انجام شده در یک تقسیم‌بندی دقیق مطابق جدول ۱-۲ داریم:

جدول ۱-۲ پارامترهای تشخیص بیماری طبق تحقیقات انجام شده تاکنون

پارامتر	مرجع	پارامتر	مرجع
جنسیت	[۱۴ و ۱۵ و ۱۹ و ۲۱ و ۲۳]	احساس بیماری	[۱۵]
سن ابتلا	[۱ و ۱۵ و ۱۹]	کاهش وزن	[۱۵ و ۲۳]
تب	[۱۵ و ۱۹ و ۲۳]	افزایش فشار خون	[۱۵ و ۱۹ و ۲۳]
عدم تناسب نبض	[۱۵ و ۱۹ و ۲۰]	لمس شدن اندام	[۱۵ و ۲۳]
درد مفاصل	[۱۵ و ۱۹ و ۲۳]	تحریک پوستی	[۱ و ۱۵ و ۱۹ و ۲۳]

¹ Erythrocyte Sedimentation Rate

فصل سوم

ادبیات تحقیق

در این فصل به بررسی مسائل پایه‌ای که دانستن آن‌ها برای ادامه‌ی تحقیق لازم است، پرداخته می‌شود. ابتدا در مورد همبستگی و استانداردسازی داده‌ها مطالبی گفته خواهد شد، سپس به بیان مطالبی از شبکه‌های عصبی، تابع انتقال و معیار بهترین برآورد و در آخر به بررسی الگوریتم‌های پیاده شده در شبکه‌های عصبی در این تحقیق، می‌پردازیم.

۳-۱ ضریب همبستگی پارامترها

ضریب همبستگی یک شاخص آماری است که درجه و حدود بین پارامترها را نشان می‌دهد و دامنه تغییرات آن بین -۱ تا ۱ است. مقادیر نزدیک به -۱ و ۱ نشان از همبستگی قوی بین دو پارامتر است. این در حالی است که هر قدر این مقدار به صفر نزدیک شود، از قدرت همبستگی کاسته می‌شود و در نقطه صفر هیچ رابطه‌ای بین دو پارامتر وجود ندارد. ضریب همبستگی مانند یک بردار است، یعنی دارای اندازه و جهت است. به این صورت که اندازه آن میزان قوی بودن رابطه بین دو متغیر را نشان می‌دهد و جهت آن (مثبت یا منفی)، رفتار هم‌سو یا عکس دو پارامتر را نشان می‌دهد [۲۶].

برای بررسی همبستگی باید حداقل دو متغیر داشته باشیم. چون داده‌های ما به صورت نسبی در این نرم‌افزار استفاده شده اند، از روش پیرسون برای محاسبه ضریب همبستگی استفاده شده است. در خروجی ظاهر شده برای ضریب همبستگی، دو عدد مهم نمایش داده می‌شود. یکی از این اعداد همان ضریب همبستگی است که تفسیر آن به این صورت است [۲۶]:

- ضریب همبستگی بین ۰ تا ۰/۲۹ نشان دهنده همبستگی ضعیف است.
- ضریب همبستگی بین ۰/۳۰ تا ۰/۵۰ نشان دهنده همبستگی متوسط است.
- ضریب همبستگی بین ۰/۵۰ تا ۱ نشان دهنده همبستگی قوی است.

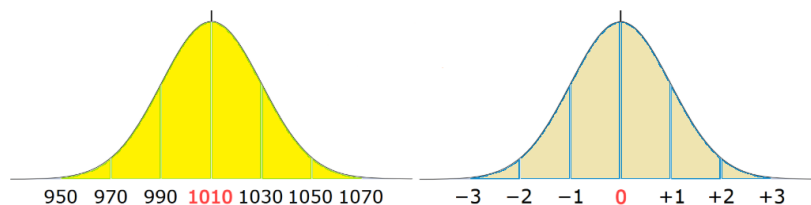
$$\text{corr}(x, y) = \frac{\text{cov}(x, y)}{\sigma_x \sigma_y} = \frac{E[(X - \mu_x)(Y - \mu_y)]}{\sigma_x \sigma_y} \quad (۱-۳)$$

رابطه ۱-۳ نشان دهنده ضریب همبستگی پیرسون است. تابع COV همان کوواریانس داده‌ها است که به صورت امید ریاضی نیز بیان شده است و σ انحراف معیار داده‌ها است. مزیت استفاده از روش پیرسون نسبت به روش مؤلفه‌های اصلی^۱ این است که در روش پیرسون یک عدد دیگر نمایش داده می‌شود که میزان «معناداری» را در همبستگی بررسی می‌کند. این عبارت نشان دهنده خطای موجود در به دست آوردن میزان همبستگی است. مقدار معناداری باید کمتر از ۰/۰۵ باشد به عبارت دیگر، میزان خطا در محاسبه ضریب همبستگی باید کمتر از مقدار گفته شده باشد، تا عدد همبستگی پذیرفته شود.

۲-۳ استانداردسازی داده‌ها

قبل از انجام هرگونه تحلیل روی داده‌ها، باید آن‌ها را استاندارد کرد. استفاده از داده‌های استاندارد نشده، ممکن است روی نتایج حاصل از تحلیل‌ها اثر نامناسبی داشته باشد. استانداردسازی کمک می‌کند تا اهمیت داده‌ها به واحد اندازه‌گیری‌شان بستگی نداشته باشد. استانداردسازی مفهومی از نرمال-سازی است که در تحلیل شبکه‌های عصبی مصنوعی، کاربرد دارد. در این تحقیق، برای تبدیل داده‌ها به شکل استاندارد، از روش Z-Core استفاده شده است. در این روش رابطه بین داده واقعی و داده استاندارد، به صورت رابطه ۲-۳ است [۲۶].

$$Z_i = \frac{x_i - \bar{x}}{\sigma_x} \quad (2-3)$$



شکل ۲-۳ سمت چپ توزیع نرمال داده‌ها و سمت راست توزیع نرمال استاندارد شده [۲۶]

^۱ Principal component analysis

در رابطه ۲-۳، \bar{x} برابر میانگین و σ_x برابر انحراف معیار نمونه موردنظر است. به این ترتیب داده‌های جدید دارای میانگین صفر و واریانس ۱ خواهند بود. این مطلب به صورت یک مثال در شکل ۱-۳ نشان داده شده است. این به آن معنا است که بعضی از داده‌های استاندارد دارای مقادیر منفی (کوچکتر از میانگین) و بعضی از آن‌ها دارای مقادیر مثبت (بزرگتر از میانگین) هستند.

۳-۳ شبکه‌های عصبی

شبکه عصبی یک سیستم شامل مجموعه‌ای از نرون‌ها می‌باشد که اعمال و واکنش جانداران را هماهنگ کرده، و سیگنال‌ها را به بخش‌های متفاوت بدن می‌فرستد. هر نرون عموماً از سه قسمت اصلی بدنه سلول، تعدادی دندریت^۱ و آکسون^۲ تشکیل گردیده است. دندریت‌ها سیگنال‌ها را از آکسون نرون‌های دیگر به بدنه سلول انتقال می‌دهد. بدنه سلول انرژی لازم را برای فعالیت نرون، فراهم کرده و بر روی سیگنال‌ها یک عمل جمع جبری ساده انجام داده و آن را با یک سطح آستانه مقایسه می‌کند. آکسون نیز سیگنال‌ها را از بدنه سلول به دندریت سایر نرون‌ها منتقل می‌کند. محل تلاقی یک آکسون از یک نرون به دندریت‌های سایر نرون‌ها را سیناپس می‌نامند. سیناپس‌ها ارتباط بین نرون‌ها را برقرار می‌سازد. زمانی که سیگنال‌های عصبی از آکسون سایر نرون‌ها به یک نرون برسد، آن را تحریک می‌کند. نرون از هر اتصال ورودی خود یک ولتاژ کم را دریافت کرده و آنها را با هم جمع می‌کند، سپس اگر به مقدار آستانه برسد نرون به آکسون خود یک ولتاژ خروجی ارسال می‌کند و آکسون نیز با توجه به شدت آن، ممکن است یک سیگنال را به دندریت نرون‌های دیگر بفرستد، یا اینکه به دلیل ضعیف بودن آن، هیچگونه سیگنالی را عبور ندهد [۲۲].

۳-۳-۱ طبقه‌بندی در شبکه‌های عصبی

در قسمت ۱-۲ به طور مختصر در مورد طبقه‌بندی گفته شد. حال به بررسی طبقه‌بندی در شبکه‌های عصبی می‌پردازیم. وظیفه یک سیستم طبقه‌بندی در شبکه این است که هر یک از موارد موردنظر را به

Dendrite

² Axon

یک کلاس به خصوص (کلاس‌هایی که همگی آنها از پیش تعیین شده است)، تقسیم بندی می‌کند. در این سیستم‌ها یک دسته آموزش برای سیستم در نظر می‌گیریم که شامل الگوهای تمامی کلاس‌های مورد نظر است. باید دقت داشت که جزئیات هر کلاس باید الگوی مربوط به آن، ذکر شده باشد. با استفاده از دسته آموزش، نقش هر عضو در هر کلاس مشخص می‌شود. در نتیجه یک سیستم طبقه‌بندی طراحی خواهد شد که باتوجه به جزئیاتی که آموخته است، می‌تواند الگوهای ناشناخته را در کلاس‌هایی مشخص، طبقه‌بندی کند. این طبقه‌بندی به این صورت است که برای هر گروه از خروجی، یک کلاس در نظر گرفته می‌شود. برای هر دسته از این خروجی‌ها، ورودی‌هایی به سیستم داده می‌شود. هنگامی که الگوی ورودی به شبکه ارسال می‌شود، گره مربوط به خروجی آن ورودی‌ها، محاسبه می‌شود. این مقدار به حد تعیین شده برای هر کلاس که نزدیک‌تر باشد، متعلق به همان کلاس در نظر گرفته می‌شود [۲۲].

شبکه عصبی یکی از پرکاربردترین روش‌های مدل‌سازی به شمار می‌رود که در مسائل طبقه‌بندی استفاده می‌گردد. هر شبکه عصبی از سه لایه اصلی (لایه ورودی، لایه پنهان، لایه خروجی) تشکیل شده است. در این تحقیق از شبکه عصبی پرسپترون چندلایه^۱ جهت طراحی سیستم طبقه‌بندی استفاده شده است. روش‌های انتقال اطلاعات در این نوع شبکه عصبی در دو مرحله انجام می‌گیرد. در مرحله اول آموزش پس انتشار رو به جلو^۲، هریک از واحدهای ورودی را دریافت می‌کند و این سیگنال را به همه واحدها در لایه بالاتر (لایه پنهان و خروجی) انتشار می‌دهند، سپس هر کدام از لایه‌های پنهان سیگنال‌های ورودی خود را جمع می‌کنند. هر لایه از نرون‌هایی تشکیل گردیده که هر نرون به شرح زیر اطلاعات را دریافت و انتقال می‌دهد [۱۷]:

- نرون‌های ورودی که اطلاعات را به شبکه وارد کرده و تعداد آنها برابر با پارامترهای مسئله است.

¹ Multilayer perceptron

² Feed forward

- نرون‌های پنهان که اطلاعات را از نرون‌های ورودی دریافت کرده و توسط توابع انتقال، اطلاعات را پردازش می‌کند.

- نرون‌های خروجی اطلاعات را از نرون‌های لایه مخفی دریافت کرده و اطلاعات را پردازش و به خروجی هدایت می‌کند.

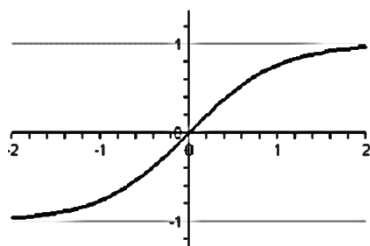
در مرحله دوم آموزش پس انتشار به عقب، هر واحد خروجی یک الگوی هدف مطابق با الگوی آموزشی ورودی دریافت کرده و خطای اطلاعات را محاسبه می‌کند و هر شبکه عصبی مطابق با خطای وزن و بایاس‌هایش به‌روز می‌گردد تا به شروط توقف و تابع هدف برسد. تابع هدف مورد استفاده در این تحقیق در رابطه ۳-۳ آورده شده است.

$$E = \frac{1}{P} \sum_{t=1}^P (y_t^{real} - y_t^{predict})^2 \quad (3-3)$$

در رابطه ۳-۳، P تعداد مشاهدات در زمان‌های مختلف، همچنین y^{real} خروجی واقعی، $y^{predict}$ خروجی شبیه‌سازی شده و E ، مجموع اختلاف خروجی‌ها در زمان‌های مختلف می‌باشد.

۳-۳-۲ تابع انتقال

تابع انتقال در هر دو لایه پنهان و خروجی از نوع تانژانت سیگموئید است، تا خاصیت غیرخطی بودن برای شبکه حفظ شود. انتخاب تابع انتقال مناسب در کارایی شبکه مؤثر است. زیرا مقدار خروجی مطلوب باید در محدوده تابع انتقال باشد. در غیر این صورت پارامترهای آزاد به سمت بی‌نهایت می‌رود. همانطور که در شکل ۳-۲ مشخص است، تابع انتقال تانژانت سیگموئید تابعی است که نتایج را بعد از خروج از نرون به محدوده‌ی ۱- تا ۱ انتقال می‌دهد. در رابطه ۳-۴، β میزان شیب و محدوده خطی بودن تابع انتقال را تعیین می‌کند.



شکل ۳-۲ تابع تانژانت سیگموئید [۱۱]

$$f(x) = \frac{2}{1 + e^{-\beta x}} - 1 \quad (۴-۳)$$

۳-۳-۳ معیار بهترین برآورد

در شبکه موردنظر جهت محاسبه میانگین خطا از روش میانگین توان دوم خطا (MES) استفاده شده است. MSE یک معیار بسیار معمول برای بدست آوردن بهترین برآورد به شمار می‌رود که در بین آماردانان از مطلوبیت خاصی برخوردار است. با استفاده از این معیار، برآوردگری که دارای کمترین MSE باشد، انتخاب می‌شود. رابطه ۳-۵ با وضوح بیشتری معیار MSE را نشان می‌دهد [۱۱].

$$MSE = \frac{1}{P} \sum_{i=1}^P (Y_i - \hat{Y}_i)^2 \quad (۵-۳)$$

Y_i خروجی واقعی، \hat{Y}_i خروجی شبیه‌سازی شده می‌باشد.

۴-۳ الگوریتم لونیبرگ مارکوارت^۱

از میان روش‌های مختلف آموزش به روش پس‌انتشار خطا، الگوریتم لونیبرگ مارکوارت (LM)، به دلیل همگرایی سریع‌تر در آموزش شبکه‌های با اندازه متوسط، برای استفاده در تحقیق حاضر انتخاب شده است. الگوریتم پس‌انتشار خطا، وزن‌های شبکه را در جهتی تغییر می‌دهد که تابع عملکرد با سرعت بیشتری کاهش یابد. همچنین از الگوریتم پس‌انتشار خطا برای محاسبه‌ی ماتریس ژاکوبین بر اساس وزن‌ها استفاده می‌شود. لازم به ذکر است تمامی موارد و روابط ذکر شده در بخش ۳-۴ با استناد بر مرجع [۲۷] آورده شده است.

¹ levenberg marquardt

در این مرحله برای رسیدن به لونبرگ مارکوارت، عناوین زیر را بررسی می‌کنیم:

- الگوریتم گرادیان نزولی
- الگوریتم نیوتن
- الگوریتم گاوس-نیوتن
- الگوریتم لونبرگ مارکوارت

قبل از شروع، علامت‌های ذکر شده را تعریف می‌کنیم:

p ← الگوهای ورودی که از ۱ تا P هستند و P تعداد ورودی‌ها است.

m ← تعداد الگوهای خروجی که از ۱ تا M است و M تعداد خروجی‌ها است.

i, j ← اندیس‌های وزن‌ها (w) هستند که مقادیر آنها از ۱ تا N است. N تعداد وزن‌ها و k تعداد تکرارها است. بقیه موارد در جای مخصوص خود توضیح داده خواهند شد. مجموع مربعات خطا طبق رابطه ۳-۶ محاسبه می‌شود، که در آن بردار ورودی و بردار وزن‌ها است.

$$E(x, w) = \frac{1}{2} \sum_{p=1}^P \sum_{m=1}^M e_{p,m}^2 \quad (۳-۶)$$

$e_{p,m}$ خطا در آموزش در خروجی m است که از مشاهده p به صورت رابطه ۳-۷ تعریف می‌شود، که d میزان خروجی پیش‌بینی شده و o خروجی حاصل از شبیه‌سازی است.

$$e_{p,m} = d_{p,m} - o_{p,m} \quad (۳-۷)$$

۳-۴-۱ الگوریتم گرادیان نزولی

گرادیان نزولی یک الگوریتم مرتبه اول است که از مشتق مرتبه اول برای کمینه کردن خطا استفاده می‌کند. در اینجا گرادیان را طبق رابطه ۳-۸ با g نمایش می‌دهیم که مشتق مرتبه اول خطای کل سیستم است.

$$g = \frac{\partial E(x, w)}{\partial w} = \left[\frac{\partial E}{\partial w_1} \quad \frac{\partial E}{\partial w_2} \quad \dots \quad \frac{\partial E}{\partial w_N} \right]^T \quad (۸-۳)$$

به روزرسانی اوزان در الگوریتم گرادیان نزولی طبق رابطه ۹-۳ محاسبه می‌شود. α همان نرخ یادگیری است که میزان تنظیم وزن‌ها در هر گام را مشخص می‌کند. در نزدیکی محل همگرایی تمامی پارامترهای بردار گرادیان، مقادیر کوچکی دارند و در آن ناحیه تغییرات وزن، بسیار کوچک خواهد بود.

$$w_{k+1} = w_k - \alpha g_k \quad (۹-۳)$$

۳-۴-۲ الگوریتم نیوتن

در روش نیوتن، گرادیان گفته شده در قسمت قبل و اجزای آن به صورت روابط ۳-۱۰، ۳-۱۱، بیان می‌شود. در این روابط، F_1 تا F_N رابطه غیرخطی بین وزن‌ها و مؤلفه گرادیان مربوط به آن‌ها است. هر کدام از g_1 تا g_N به صورت تقریبی با استفاده از بسط تیلور و مشتق مرتبه اول، به صورت رابطه ۳-۱۲ بیان می‌شود.

$$g_1 = [g_1, g_2, \dots, g_N] \quad (۱۰-۳)$$

$$\begin{cases} g_1 = F_1(w_1, w_2, \dots, w_N) \\ g_2 = F_2(w_1, w_2, \dots, w_N) \\ \vdots \\ g_N = F_N(w_1, w_2, \dots, w_N) \end{cases} \quad (۱۱-۳)$$

$$g_1 \approx g_{1,0} + \frac{\partial g_1}{\partial w_1} \Delta w_1 + \frac{\partial g_1}{\partial w_2} \Delta w_2 + \dots + \frac{\partial g_1}{\partial w_N} \Delta w_N$$

$$\vdots \quad (۱۲-۳)$$

$$g_N \approx g_{N,0} + \frac{\partial g_N}{\partial w_1} \Delta w_1 + \frac{\partial g_N}{\partial w_2} \Delta w_2 + \dots + \frac{\partial g_N}{\partial w_N} \Delta w_N$$

از تعریف بردار گرادیان طبق رابطه ۳-۸ استفاده می‌کنیم.

$$\frac{\partial g_i}{\partial w_j} = \frac{\partial(\frac{\partial E}{\partial w_j})}{\partial w_j} = \frac{\partial^2 E}{\partial w_i \partial w_j} \quad (۱۳-۳)$$

با قرار دادن رابطه ۱۳-۳ در ۱۲-۳، به رابطه ۱۴-۳ خواهیم رسید.

$$\begin{aligned} g_1 &\approx g_{1,0} + \frac{\partial^2 E}{\partial w_1^2} \Delta w_1 + \frac{\partial^2 E}{\partial w_1 \partial w_2} \Delta w_2 + \dots + \frac{\partial^2 E}{\partial w_1 \partial w_N} \Delta w_N \\ g_2 &\approx g_{2,0} + \frac{\partial^2 E}{\partial w_2 \partial w_1} \Delta w_1 + \frac{\partial^2 E}{\partial w_2^2} \Delta w_2 + \dots + \frac{\partial^2 E}{\partial w_2 \partial w_N} \Delta w_N \\ &\vdots \\ g_N &\approx g_{N,0} + \frac{\partial^2 E}{\partial w_N \partial w_1} \Delta w_1 + \frac{\partial^2 E}{\partial w_N \partial w_2} \Delta w_2 + \dots + \frac{\partial^2 E}{\partial w_N^2} \Delta w_N \end{aligned} \quad (۱۴-۳)$$

برای دستیابی به کمترین مقدار تابع E ، هر کدام از مولفه‌های بردار گرادیان باید صفر شود. بنابراین سمت چپ معادلات رابطه ۱۴-۳ را برابر صفر قرار داده و به صورت رابطه ۱۵-۳ بازنویسی می‌کنیم.

$$\begin{aligned} 0 &\approx g_{1,0} + \frac{\partial^2 E}{\partial w_1^2} \Delta w_1 + \frac{\partial^2 E}{\partial w_1 \partial w_2} \Delta w_2 + \dots + \frac{\partial^2 E}{\partial w_1 \partial w_N} \Delta w_N \\ 0 &\approx g_{2,0} + \frac{\partial^2 E}{\partial w_2 \partial w_1} \Delta w_1 + \frac{\partial^2 E}{\partial w_2^2} \Delta w_2 + \dots + \frac{\partial^2 E}{\partial w_2 \partial w_N} \Delta w_N \\ &\vdots \\ 0 &\approx g_{N,0} + \frac{\partial^2 E}{\partial w_N \partial w_1} \Delta w_1 + \frac{\partial^2 E}{\partial w_N \partial w_2} \Delta w_2 + \dots + \frac{\partial^2 E}{\partial w_N^2} \Delta w_N \end{aligned} \quad (۱۵-۳)$$

با ترکیب روابط ۸-۳ و ۱۵-۳، به رابطه ۱۶-۳ خواهیم رسید. در ۱۶-۳، N معادله با N مجهول داریم که تمامی Δw_i ها قابل محاسبه است. رابطه ۱۶-۳ به صورت ماتریسی به شکل رابطه ۱۷-۳ خواهد شد، که ماتریس مربعی نوشته شده در رابطه ۱۸-۳، همان ماتریس هسین است.

$$\begin{aligned}
-\frac{\partial E}{\partial w_1} &= -g_{1,0} \approx \frac{\partial^2 E}{\partial w_1^2} \Delta w_1 + \frac{\partial^2 E}{\partial w_1 \partial w_2} \Delta w_2 + \dots + \frac{\partial^2 E}{\partial w_1 \partial w_N} \Delta w_N \\
-\frac{\partial E}{\partial w_2} &= -g_{1,0} \approx \frac{\partial^2 E}{\partial w_2 \partial w_1} \Delta w_1 + \frac{\partial^2 E}{\partial w_2^2} \Delta w_2 + \dots + \frac{\partial^2 E}{\partial w_2 \partial w_N} \Delta w_N \\
&\vdots \\
-\frac{\partial E}{\partial w_N} &= -g_{1,0} \approx \frac{\partial^2 E}{\partial w_N \partial w_1} \Delta w_1 + \frac{\partial^2 E}{\partial w_N \partial w_2} \Delta w_2 + \dots + \frac{\partial^2 E}{\partial w_N^2} \Delta w_N
\end{aligned} \tag{۱۶-۳}$$

$$\begin{bmatrix} -g_1 \\ -g_2 \\ \vdots \\ -g_N \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -\frac{\partial E}{\partial w_1} \\ \frac{\partial E}{\partial w_2} \\ \vdots \\ \frac{\partial E}{\partial w_N} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{\partial^2 E}{\partial w_1^2} & \frac{\partial^2 E}{\partial w_1 \partial w_2} & \dots & \frac{\partial^2 E}{\partial w_1 \partial w_N} \\ \frac{\partial^2 E}{\partial w_2 \partial w_1} & \frac{\partial^2 E}{\partial w_2^2} & \dots & \frac{\partial^2 E}{\partial w_2 \partial w_N} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial^2 E}{\partial w_N \partial w_1} & \frac{\partial^2 E}{\partial w_N \partial w_2} & \dots & \frac{\partial^2 E}{\partial w_N^2} \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} \Delta w_1 \\ \Delta w_2 \\ \vdots \\ \Delta w_N \end{bmatrix} \tag{۱۷-۳}$$

با ترکیب روابط ۱۵-۳، ۱۶-۳ و ۱۷-۳ به رابطه ۱۸-۳ خواهیم رسید.

$$H = \begin{bmatrix} \frac{\partial^2 E}{\partial w_1^2} & \frac{\partial^2 E}{\partial w_1 \partial w_2} & \dots & \frac{\partial^2 E}{\partial w_1 \partial w_N} \\ \frac{\partial^2 E}{\partial w_2 \partial w_1} & \frac{\partial^2 E}{\partial w_2^2} & \dots & \frac{\partial^2 E}{\partial w_2 \partial w_N} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial^2 E}{\partial w_N \partial w_1} & \frac{\partial^2 E}{\partial w_N \partial w_2} & \dots & \frac{\partial^2 E}{\partial w_N^2} \end{bmatrix} \tag{۱۸-۳}$$

$$-g = H \Delta w$$

$$\Delta w = -H^{-1} g$$

در نهایت به روزرسانی اوزان در روش نیوتن به صورت رابطه ۱۹-۳ است.

$$w_{k+1} = w_k - H^{-1} g_k \tag{۱۹-۳}$$

۳-۴-۳ الگوریتم گaus-نیوتن

اگر از روش نیوتن برای به‌روزرسانی استفاده شود، نیاز به محاسبه ماتریس هسین که از مشتق مرتبه دوم خطا در شبکه است، داریم. برای سادگی در محاسبه‌ی ماتریس هسین به‌صورت رابطه ۳-۲۰ عمل می‌کنیم.

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial e_{1,1}}{\partial w_1} & \frac{\partial e_{1,1}}{\partial w_2} & \dots & \frac{\partial e_{1,1}}{\partial w_N} \\ \frac{\partial e_{1,2}}{\partial w_1} & \frac{\partial e_{1,2}}{\partial w_2} & \dots & \frac{\partial e_{1,2}}{\partial w_N} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial e_{1,M}}{\partial w_1} & \frac{\partial e_{1,M}}{\partial w_2} & \dots & \frac{\partial e_{1,M}}{\partial w_N} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial e_{p,1}}{\partial w_1} & \frac{\partial e_{p,1}}{\partial w_2} & \dots & \frac{\partial e_{p,1}}{\partial w_N} \\ \frac{\partial e_{p,2}}{\partial w_1} & \frac{\partial e_{p,2}}{\partial w_2} & \dots & \frac{\partial e_{p,2}}{\partial w_N} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial e_{p,M}}{\partial w_1} & \frac{\partial e_{p,M}}{\partial w_2} & \dots & \frac{\partial e_{p,M}}{\partial w_N} \end{bmatrix} \quad (20-3)$$

با انتگرال‌گیری از روابط ۳-۶ و ۳-۸ مؤلفه‌های بردار گرادیان به‌صورت رابطه ۳-۲۱ محاسبه می‌شود.

$$g_i = \frac{\partial E}{\partial w_i} = \frac{\partial \left(\frac{1}{2} \sum_{p=1}^P \sum_{m=1}^M e_{p,m}^2 \right)}{\partial w_i} = \sum_{p=1}^P \sum_{m=1}^M \left(\frac{\partial e_{p,m}}{\partial w_i} e_{p,m} \right) \quad (21-3)$$

با ترکیب روابط ۳-۲۰ و ۳-۲۱، رابطه بین ماتریس ژاکوبین و بردار گرادیان g به‌صورت ۳-۲۲ محاسبه می‌شود.

$$g = Je \quad (22-3)$$

بردار خطای e به شکل رابطه ۳-۲۳ محاسبه می‌شود.

اگر رابطه ۳-۶ را داخل رابطه ۳-۱۸ قرار دهیم، مؤلفه سطر i ام و ستون j ام ماتریس هسین به‌صورت رابطه ۳-۲۴ محاسبه می‌شود. معادله $S_{i,j}$ در رابطه ۳-۲۵ آورده شده است.

$$e = \begin{bmatrix} e_{1,1} \\ e_{1,2} \\ \dots \\ e_{1,M} \\ \dots \\ e_{p,1} \\ e_{p,2} \\ \dots \\ e_{p,M} \end{bmatrix} \quad (23-3)$$

$$h_{i,j} = \frac{\partial^2 E}{\partial w_i \partial w_j} = \frac{\partial^2 \left(\frac{1}{2} \sum_{p=1}^P \sum_{m=1}^M e_{p,m}^2 \right)}{\partial w_i \partial w_j} = \sum_{p=1}^P \sum_{m=1}^M \frac{\partial e_{p,m}}{\partial w_i} \frac{\partial e_{p,m}}{\partial w_j} + S_{i,j} \quad (24-3)$$

$$S_{i,j} = \sum_{p=1}^P \sum_{m=1}^M \frac{\partial^2 e_{p,m}}{\partial w_i \partial w_j} e_{p,m} \quad (25-3)$$

طبق فرضی که در روش نیوتن بررسی کردیم، اگر $S_{i,j}$ به صفر نزدیک باشد، رابطه بین ماتریس هسین و ماتریس ژاکوبین به صورت رابطه ۲۶-۳ محاسبه می شود.

$$H = J^T J \quad (26-3)$$

با ترکیب روابط ۱۹-۳ و ۲۲-۳ و ۲۶-۳، به روزرسانی اوزان در الگوریتم گaus-نیوتن به صورت رابطه ۳-۲۷ خواهد بود.

$$w_{k+1} = w_k - (J_k^T J_k)^{-1} J_k e_k \quad (27-3)$$

۳-۴-۴ الگوریتم لونبرگ مارکوارت

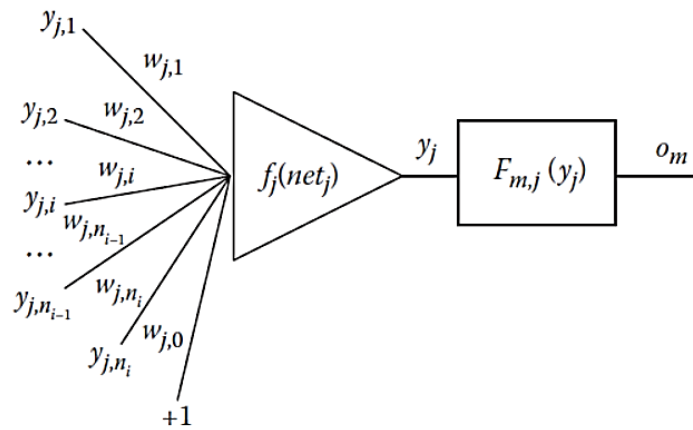
برای اطمینان از معکوس پذیر بودن ماتریس هسین محاسبه شده در روش گaus-نیوتن، مانند رابطه ۳-۲۸ یک مقدار ثابت قابل تنظیم μ به ماتریس هسین اضافه می کنیم.

$$H \approx J^T J + \mu I \quad (28-3)$$

با ترکیب روابط ۲۷-۳ و ۲۸-۳، به روزرسانی اوزان در الگوریتم لونبرگ مارکوارت به صورت رابطه ۳-۲۹ خواهد بود.

$$w_{k+1} = w_k - (J_k^T J_k + \mu I)^{-1} J_k e_k \quad (29-3)$$

در محاسبات قبلی این تحقیق، k و اندیس‌های نرون‌ها از ۱ تا nn بودند که nn برابر تعداد نرون‌های معماری شبکه است. i اندیس نرون‌های ورودی از ۱ تا n_i است که n_i تعداد ورودی‌های شبکه است. در شکل ۳-۳ نرون j با n_i ورودی را در نظر بگیرید. اگر نرون j در لایه اول باشد، تمام ورودی‌ها آن به ورودی‌های شبکه متصل می‌شود. در غیر این صورت، تمام ورودی‌های آن به خروجی نرون‌های دیگر یا ورودی شبکه به صورتی که لایه دیگر داشته باشیم، متصل می‌شود.



شکل ۳-۳ اتصال نرون j به شبکه [۲۷]

گره y گره‌ای است که به صورت $y_{j,i}$ می‌تواند بیان شود، که به معنای i امین ورودی از نرون j است. همچنین به صورت y_j هم می‌توان آن را نشان داد. در آن صورت به عنوان خروجی نرون j خواهد بود. گره خروجی نرون j به صورت رابطه ۳۰-۳ محاسبه می‌شود.

در رابطه ۳۰-۳، f_j تابع انتقال نرون j ام و net_j مجموع ورودی‌های وزن دار شده نرون j است. در رابطه ۳۱-۳، $y_{i,j}$ ، i امین گره ورودی از نرون j ام است که با $w_{i,j}$ وزن دار شده است.

$$y_j = f_j(net_j) \quad (30-3)$$

$$net_j = \sum_{i=1}^{n_i} w_{j,i} y_{j,i} + w_{j,0} \quad (31-3)$$

تابع $F_{m,j}(y_j)$ ، رابطه غیرخطی بین خروجی نرون y_j و خروجی شبکه (o_m) است. مشتق تابع net به صورت رابطه ۳-۳۲ محاسبه خواهد شد.

$$\frac{\partial net_j}{\partial w_{j,i}} = y_{j,i} \quad (32-3)$$

S_j مشتق تابع انتقال f_j است. که در رابطه ۳-۳۳ آورده شده است.

$$S_j = \frac{\partial y_j}{\partial net_j} = \frac{\partial f_j(net_j)}{\partial net_j} \quad (33-3)$$

بین خروجی نرون y_j از لایه پنهان و لایه خروجی o_m شبکه، رابطه ۳-۳۴ برقرار است.

$$o_m = F_{m,j}(y_j) \quad (34-3)$$

مؤلفه‌های ماتریس ژاکوبین به صورت رابطه ۳-۳۵ محاسبه می‌شود.

$$\frac{\partial e_{p,m}}{\partial w_{j,i}} = \frac{\partial (d_{p,m} - o_{p,m})}{\partial w_{j,i}} = -\frac{\partial o_{p,m}}{\partial w_{j,i}} = -\frac{\partial o_{p,m}}{\partial y_j} \frac{\partial y_j}{\partial net_j} \frac{\partial net_j}{\partial w_{j,i}} \quad (35-3)$$

با ترکیب روابط ۳-۳۵ و ۳-۳۱ و انطباق بر ۳-۳۳ و ۳-۳۴ به رابطه ۳-۳۶ خواهیم رسید که در آن $F_{m,j}$ مشتق تابع غیرخطی بین نرون j و خروجی m است.

$$\frac{\partial e_{p,m}}{\partial w_{j,i}} = -F_{m,j} S_j y_{j,i} \quad (36-3)$$

در الگوریتم لونبرگ مارکوارت تابع حساسیت (δ) برای هر نرون محاسبه می‌شود. مقدار تابع حساسیت طبق رابطه ۳-۳۷ محاسبه می‌شود.

$$\delta_j = S_j \sum_{m=1}^M F_{m,j} e_m \quad (37-3)$$

$$\delta_{m,j} = S_j F_{m,j}$$

با ترکیب روابط ۳-۳۶ و ۳-۳۷، مؤلفه‌های δ به صورت رابطه ۳-۳۸ محاسبه می‌شود.

$$\frac{\partial e_{p,m}}{\partial w_{j,i}} = -\delta_{m,j} y_{j,i} \quad (38-3)$$

در رابطه ۳-۳۸ دو مقدار نامعلوم وجود دارد. برای محاسبه ماتریس j ، گره ورودی $y_{i,j}$ می‌تواند از انتشار روبه‌جلو محاسبه شود و $\delta_{m,j}$ در محاسبات انتشار به عقب محاسبه می‌شود. خطای پس‌انتشار از

لایه خروجی به لایه ورودی محاسبه می‌شود. در نرون خروجی m ($j=m$) داریم: $\delta_{m,j} = S_m$

در شکل ۳-۱۲ مقدار تابع net در لایه اول طبق روابط ۳-۳۹، ۳-۴۰ و ۳-۴۱ محاسبه می‌شود.

$$net_j^1 = \sum_{i=1}^{n_i} I_i w_{j,i}^1 + w_{j,0}^1 \quad (39-3)$$

خروجی نرون‌ها در لایه اول برابر ورودی نرون‌ها در لایه دوم است. که محاسبات آن مانند لایه قبلی طبق روابط ۳-۴۲، ۳-۴۳ و ۳-۴۴ محاسبه می‌شود.

$$y_j^1 = f_j^1(net_j^1) \quad (40-3)$$

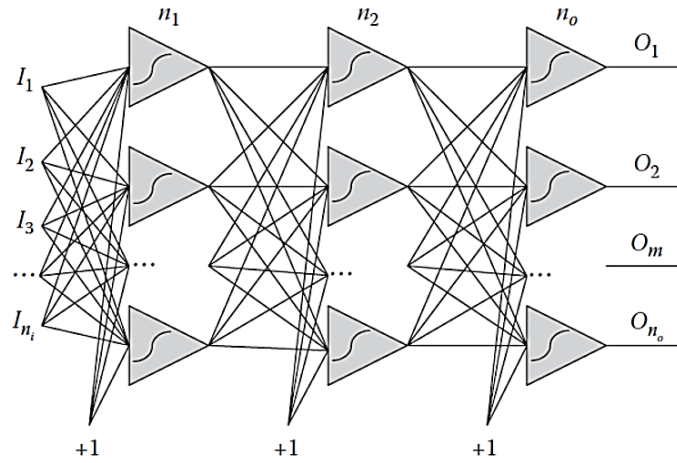
$$S_j^1 = \frac{\partial f_j^1}{\partial net_j^1} \quad (41-3)$$

$$net_j^2 = \sum_{i=1}^{n_1} y_i^1 w_{j,i}^2 + w_{j,0}^2 \quad (42-3)$$

$$y_j^2 = f_j^2(net_j^2) \quad (43-3)$$

$$S_j^2 = \frac{\partial f_j^2}{\partial net_j^2} \quad (44-3)$$

خروجی‌های لایه دوم به‌عنوان ورودی‌های لایه آخر در نظر گرفته می‌شود. و محاسبات آن به‌صورت روابط ۳-۴۵، ۳-۴۶ و ۳-۴۷ خواهد بود.



شکل ۳-۴ شبکه پرسپترون سه لایه [۲۷]

$$net_j^3 = \sum_{i=1}^{n_2} y_i^2 w_{j,i}^3 + w_{j,0}^3 \quad (45-3)$$

$$o_j = f_j^3 (net_j^3) \quad (46-3)$$

$$S_j^3 = \frac{\partial f_j^3}{\partial net_j^3} \quad (47-3)$$

بعد از محاسبات روبه جلو برای نرون j ، محاسبات روبه عقب برای آن به صورت روابط ۳-۴۸، ۳-۴۹ و ۳-۵۰ خواهد بود، که d_j خروجی پیش بینی شده و o_j خروجی شبیه سازی در نرون j در انتشار رو به جلو است. $\delta_{j,j}^3$ بازگشت به عقب تابع حساسیت برای زمانی که این تابع از خود نرون j عبور می کند و $\delta_{j,k}^3$ برای زمانی که تابع از سایر نرون های همان لایه است.

$$e_j = d_j - o_j \quad (48-3)$$

$$\delta_{j,j}^3 = S_j^3 \quad (49-3)$$

$$\delta_{j,k}^3 = 0 \quad (50-3)$$

تابع پس انتشار از ورودی های لایه سوم به خروجی های لایه دوم به صورت رابطه ۳-۵۱، که k تعداد ورودی های لایه دوم است و مقدار آن از ۱ تا n_2 خواهد بود. تابع پس انتشار از خروجی های لایه دوم به ورودی های لایه دوم به صورت رابطه ۳-۵۲ خواهد بود. تابع پس انتشار از ورودی های لایه دوم به

خروجی‌های لایه اول به صورت رابطه ۳-۵۳ که k تعداد ورودی‌های لایه اول است و مقدار آن از ۱ تا n_1 و تابع پس‌انتشار از خروجی‌های لایه اول به ورودی‌های لایه اول به صورت رابطه ۳-۵۴ خواهد بود.

$$\delta_{j,k}^3 = w_{j,k}^3 \delta_{j,j}^3 \quad (۵۱-۳)$$

$$\delta_{j,k}^2 = w_{j,k}^2 S_k^2 \quad (۵۲-۳)$$

$$\delta_{j,k}^1 = \sum_{i=1}^{n_2} w_{j,i}^2 \delta_{j,i}^2 \quad (۵۳-۳)$$

$$\delta_{j,k}^1 = \delta_{j,k}^1 S_k^1 \quad (۵۴-۳)$$

به عناصر قطر اصلی در ماتریس $[J^T]$ میرایی گفته می‌شود، که μ بستگی به میرایی گفته شده دارد. در LM در هر تکرار، μ برای کاهش خطا تنظیم می‌شود. اگر مقدار μ بزرگ باشد، الگوریتم LM به الگوریتم گرادیان نزولی نزدیک می‌شود. همچنین μ قادر است شرایط ماتریس ژاکوبین را تاجایی که $[J^T]$ معکوس پذیر باشد، کنترل کند. به این ترتیب LM می‌تواند در فضایی از پارامتر حرکت کند که مدل در آن غیرخطی است. اگر مقدار μ کوچک باشد، سیستم به سمت خطی بودن حرکت می‌کند. LM یک الگوریتم تطبیقی است، به این معنا که خودش میزان μ را کنترل می‌کند. در صورتی که گام نتواند کاهش داشته باشد، الگوریتم μ را افزایش می‌دهد، در غیر این صورت آن را کاهش می‌دهد. به همین دلیل الگوریتم LM قادر است در زمان‌هایی که دور از محل همگرایی قرار دارد آهسته عمل کند و زمان‌هایی که نزدیک به محل همگرایی است، سریع باشد [۲۲].

الگوریتم LM زمانی پایان می‌یابد که حداقل یکی از شروط زیر برآورده شود [۱۶]:

- اندازه‌ی گرادیان $e^T e$ کوچکتر از حد آستانه‌ی ϵ_1 باشد.
- اندازه‌ی $e^T e$ کوچکتر از حد آستانه‌ی ϵ_2 باشد.
- تکرار الگوریتم، به حداکثر تکرار تعیین شده برای آن رسیده باشد.

'damping

از مزایای الگوریتم LM می‌توان به این موضوع اشاره کرد که هنگام روی دادن تغییری مؤثر، اثرات این تغییر با همگرایی سریع‌تر خودش را نشان می‌دهد. از معایب این الگوریتم می‌توان به وابستگی بیش از حد به داده‌ها اشاره کرد.

۳-۵ الگوریتم ژنتیک

الگوریتم ژنتیک به عنوان یک الگوریتم محاسباتی بهینه‌سازی با در نظر گرفتن مجموعه‌ای از نقاط فضای جواب در هر تکرار محاسباتی به نحو مؤثری نواحی مختلف فضای جواب را جستجو می‌کند. در مکانیزم جستجو، گرچه مقدار تابع هدف تمام فضای جواب محاسبه نمی‌شود ولی مقدار محاسبه شده تابع هدف برای هر نقطه، در متوسط‌گیری آماری تابع هدف در کلیه زیر فضاهایی که آن نقطه به آنها وابسته بوده دخالت داده می‌شود و این زیر فضاها به طور موازی از نظر تابع هدف متوسط‌گیری آماری می‌شوند. این مکانیزم را توازی ضمنی می‌گویند. این روند باعث می‌شود که جستجوی فضا به نواحی از آن که متوسط آماری تابع هدف در آنها زیاد بوده و امکان وجود نقطه بهینه مطلق در آنها بیشتر است، سوق پیدا کند. چون در این روش برخلاف روش‌های تک مسیری فضای جواب به طور همه جانبه جستجو می‌شود، امکان کمتری برای همگرایی به یک نقطه بهینه محلی وجود خواهد داشت. امتیاز دیگر این الگوریتم آن است که هیچ محدودیتی برای تابع بهینه شونده، مثل مشتق‌پذیری یا پیوستگی لازم ندارد و در روند جستجو خود تنها به تعیین مقدار تابع هدف در نقاط مختلف نیاز دارد و هیچ اطلاعات کمکی دیگری، مثل مشتق تابع را استفاده نمی‌کند. لذا می‌توان در مسائل مختلف اعم از خطی، پیوسته یا گسسته استفاده شود و به سهولت با مسائل مختلف قابل تطبیق است. در هر تکرار هر یک از رشته‌های موجود در جمعیت رشته‌ها، رمزگشایی شده و مقدار تابع هدف برای آن به دست می‌آید. بر اساس مقادیر به‌دست آمده تابع هدف در جمعیت رشته‌ها، به هر رشته یک عدد برازندگی نسبت داده می‌شود. این عدد برازندگی احتمال انتخاب را برای هر رشته تعیین خواهد کرد. بر اساس این احتمال انتخاب، مجموعه‌ای از رشته‌ها انتخاب شده و با اعمال عملکردهای ژنتیکی روی

آنها رشته‌های جدید جایگزین رشته‌هایی از جمعیت اولیه می‌شوند تا تعداد جمعیت رشته‌ها در تکرارهای محاسباتی مختلف ثابت باشد [۵].

الگوریتم ژنتیک یکی از الگوریتم‌های جستجوی تصادفی است که ایده آن برگرفته از طبیعت می‌باشد. الگوریتم ژنتیک علاوه بر اینکه برای روش‌های در حل مسائل خطی، محدب و برخی مشکلات مشابه بسیار موفق بوده است، برای حل مسایل گسسته و غیرخطی نیز بسیار کارا می‌باشد. در ژنتیک طبیعی، از ترکیب کروموزوم‌های بهتر، نسل‌های بهتری پدید می‌آیند. همچنین در این بین گاهی اوقات جهش‌هایی در کروموزوم‌ها روی می‌دهد که ممکن است باعث بهتر شدن نسل بعدی شود. الگوریتم ژنتیک نیز با استفاده از این ایده به حل مسائل می‌پردازد [۵].

۳-۵-۱ جمعیت

مفهوم جمعیت در الگوریتم ژنتیک شبیه به چیزی است که در زندگی طبیعی وجود دارد. برای مسأله گزاره‌هایی وجود دارند که می‌توانند به عنوان پاسخ، چه درست، چه غلط در نظر گرفته شوند. به این گزاره‌ها پاسخ‌های ممکن یا شدنی می‌گوییم. در الگوریتم ژنتیک به عنوان اولین مرحله لازم است مجموعه‌ای از جواب‌های شدنی به عنوان جمعیت اولیه ایجاد شود. اعضای این مجموعه معمولاً به صورت تصادفی انتخاب می‌شوند اما در الگوریتم‌های بهینه، از قیدهایی استفاده می‌شود تا جمعیت پراکندگی بیش از حد نداشته باشد. تعداد اعضای جمعیت به نوع مسأله بستگی دارد. در واقع تعداد اعضا، پارامتری است که با تغییر آن می‌توان دقت جواب‌ها و سرعت همگرایی جستجو را بهبود بخشید [۵].

۳-۵-۲ ارزیابی جمعیت

تابع برازندگی از اعمال تبدیل مناسب بر روی تابع هدف یعنی تابعی که قرار است بهینه شود به دست می‌آید. این تابع هر رشته را با یک مقدار عددی ارزیابی می‌کند که کیفیت آن را مشخص می‌نماید. هر چه کیفیت رشته جواب بالاتر باشد مقدار برازندگی جواب بیشتر است و احتمال مشارکت برای تولید نسل بعدی نیز افزایش خواهد یافت. بسته به اینکه مسأله مورد نظر بیشینه‌سازی یا کمینه‌سازی باشد

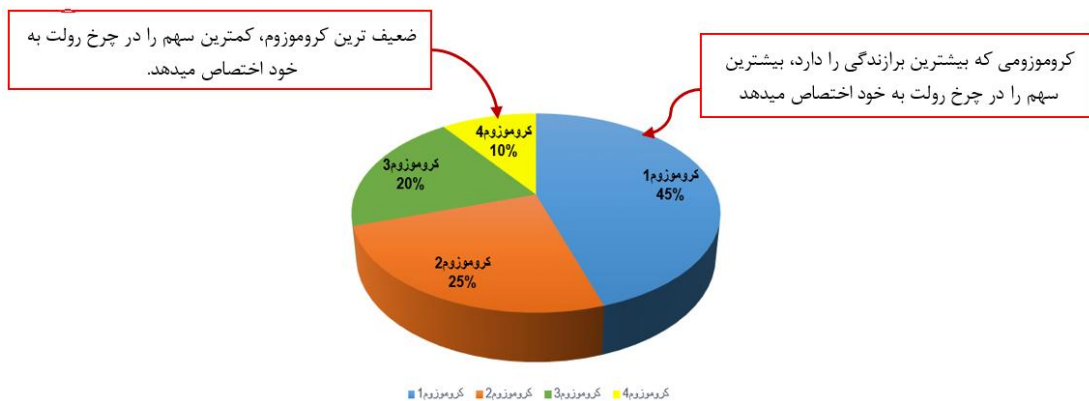
برازندگی بیشتر مترادف با بیشینه یا کمینه بودن تابع هدف خواهد بود، از آنجایی که الگوریتم ژنتیک طبیعتاً به دنبال بیشینه تابع است باید مسائل کمینه‌سازی به بیشینه‌سازی تبدیل شود. در این قسمت معمولاً از روش‌هایی مانند MSE جهت ارزیابی استفاده می‌شود. در شبکه مورد نظر نیز جهت محاسبه میانگین خطا از روش MSE استفاده گردیده است [۲۴].

۳-۵-۳ انتخاب چرخ رولت

در مرحله انتخاب، یک جفت از کروموزوم‌ها برگزیده می‌شوند تا با هم ترکیب شوند، عملگر انتخاب رابط بین دو نسل است و بعضی از اعضای نسل کنونی را به نسل آینده منتقل می‌کند، بعد از انتخاب، عملگرهای ژنتیک روی دو عضو برگزیده اعمال می‌شوند، معیار در انتخاب اعضاء ارزش تطابق آنها می‌باشد اما روند انتخاب حالتی تصادفی دارد.

چرخ رولت به این صورت عمل میکند که برای انتخاب هر کروموزوم یک عدد تصادفی بین یک و صفر تولید کرده و عدد مذکور در هر بازه‌ای که قرار گرفت، کروموزوم متناظر با آن انتخاب می‌شود. البته روش پیاده‌سازی چرخ رولت به این شکل است که ما یک دایره را در نظر گرفته و آن را به تعداد کروموزوم‌ها طوری تقسیم می‌کنیم که هر بخش متناظر با مقدار برازندگی کروموزوم مربوط باشد، حال چرخ را چرخانده و هر کجا که چرخ متوقف شد به شاخص چرخ نگاه کرده، کروموزوم مربوط به آن بخش انتخاب می‌گردد. کروموزومی که بیشترین برازندگی را دارد، بیشترین سهم را در چرخ رولت به خود اختصاص می‌دهد. ضعیف‌ترین کروموزوم، کمترین سهم را در چرخ رولت به خود اختصاص می‌دهد. مطالب گفته شده در شکل ۳-۵ نشان داده شده است.

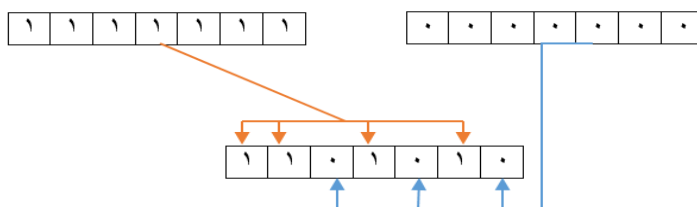
چرخ رولت، روشی است که نسبت مقدار تطابق، اعضاء را انتخاب می‌کند. هر عضو به نسبت تطابقش، تعدادی از بخش‌های چرخ رولت را به خود اختصاص می‌دهد. سپس در هر مرحله انتخاب یک عضو برگزیده می‌شود و روند آنقدر تکرار می‌شود تا به اندازه کافی، جفت برای تشکیل نسل بعد انتخاب گردد [۵].



شکل ۳-۵ چرخ رولت [۵]

۳-۵-۴ ترکیب یکنواخت

در ترکیب یکنواخت، هر ژن کروموزوم جدید به صورت جداگانه انتخاب می‌شود. هر ژن وابسته به موقعیتش به صورت تصادفی از یکی از دو والد انتخاب می‌شود، مثلاً ژن اول از والد اول، ژن دوم از والد دوم، ژن سوم از والد اول تا ژن آخر، برخلاف ترکیب‌هایی که قبلاً ذکر شد، این نوع ترکیب، یک فرزند بوجود می‌آورد، در واقع در این حالت از یک ماسک استفاده می‌شود. جمعیت جدیدی که با ترکیب یکنواخت بوجود می‌آید، دارای تنوع ژنتیکی بیشتری نسبت به ترکیب‌های تک نقطه‌ای و دو نقطه‌ای می‌باشد به همین دلیل این نوع ترکیب در جمعیت‌هایی که اعضای کمی دارند اثر بهتری دارد تا جمعیت‌هایی که تعداد اعضای زیادی دارند. در جمعیت‌های کوچک، ممکن است به تنوع ژنتیکی نیاز باشد تا روش، سریع‌تر همگرا شود، اما در جمعیت‌های بزرگ، معمولاً تنوع ژنتیکی لازم فراهم است. در شکل ۳-۶ نمونه‌ای از ترکیب یکنواخت مشاهده می‌شود.



شکل ۳-۶ ترکیب یکنواخت [۵]

۳-۵-۵ عملگرهای الگوریتم ژنتیک

در هر مسئله قبل از آنکه بتوان الگوریتم ژنتیک را برای یافتن یک پاسخ به کار برد به دو عنصر نیاز است: در ابتدا روشی برای ارائه یک جواب به شکلی که الگوریتم ژنتیک بتواند روی آن عمل کند لازم است. در دومین جزء اساسی الگوریتم ژنتیک روشی است که بتواند کیفیت هر جواب پیشنهاد شده را با استفاده از توابع تناسب محاسبه نماید.

• عملگر تقاطعی^۱

این عملگر با احتمالی از پیش تعیین شده، اجرا می‌گردد. عملگر تقاطعی ترکیبی از دو یا چند جواب والد است که یک جواب جدید (فرزند) را نتیجه می‌دهد. انتخاب عملگر مناسب، بر کارایی الگوریتم ژنتیک تأثیر دارد. در جریان عمل بازترکیبی به صورت اتفاقی بخشهایی از کروموزوم‌ها با یکدیگر تعویض می‌شوند. این موضوع باعث می‌شود که فرزندان ترکیبی از خصوصیات والدین خود را به همراه داشته باشند و دقیقاً مشابه یکی از والدین نباشند. هدف تولید فرزند جدید می‌باشد به این امید که خصوصیات خوب دو موجود در فرزندشان جمع شده و یک موجود بهتری را تولید کند [۲۴].

• عملگر جهش^۲

در طبیعت برخی عوامل مانند تابش اشعه ماوراء بنفش باعث به وجود آمدن تغییرات غیرقابل پیش‌بینی در کروموزوم‌ها می‌شوند. از آنجایی که الگوریتم‌های ژنتیکی از قانون تکامل پیروی می‌کنند در این الگوریتم‌ها نیز عملگر جهش با احتمال کم اعمال می‌شود. جهش باعث جستجو در فضاهای دست‌نخورده مسأله می‌شود. می‌توان استنباط کرد که مهم‌ترین وظیفه‌ی جهش اجتناب از همگرایی به بهینه محلی است.

در الگوریتم ژنتیک نیز بعد از اینکه یک عضو در جمعیت جدید به وجود آمد، هر ژن آن با احتمال جهش، جهش می‌یابد. در جهش ممکن است ژنی از مجموعه ژن‌های جمعیت حذف شود یا ژنی که تا

^۱Crossover

^۲Mutation

به حال در جمعیت وجود نداشته است، به آن اضافه شود. جهش یک ژن به معنای تغییر آن ژن است و وابسته به نوع کدگذاری، روش‌های متفاوت جهش استفاده می‌شود. اگر مرحله جهش صورت نگیرد، فرزندان بلافاصله بعد از ترکیب و بدون هیچ تغییری بوجود می‌آیند یا مستقیماً نسخه برداری می‌شوند که در نتیجه عمل ترکیب هم صورت نگرفته است [۲۴].

۳-۵-۶ شرایط خاتمه الگوریتم ژنتیک

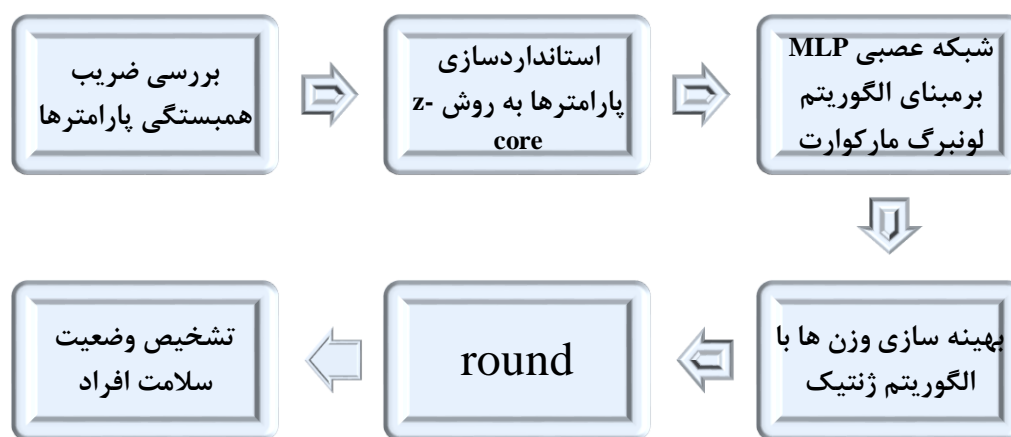
چون که الگوریتم‌های ژنتیک بر پایه تولید و تست می‌باشند، جواب مسأله مشخص نیست و نمی‌دانیم که کدامیک از جواب‌های تولید شده جواب بهینه است تا شرط خاتمه را پیدا شدن جواب در جمعیت تعریف کنیم. به همین دلیل، معیارهای دیگری را برای شرط خاتمه در نظر می‌گیریم [۲۴]:

- تعداد مشخصی نسل: می‌توانیم شرط خاتمه را برای مثال ۱۰۰ دور چرخش حلقه اصلی برنامه قرار دهیم.
- عدم بهبود در بهترین شایستگی جمعیت در طی چند نسل متوالی.
- بهترین شایستگی جمعیت از یک حد خاصی کمتر شود.

فصل چهارم

تشیه سازی و نتایج عملی

محتویات این فصل مربوط به جزئیات پیاده‌سازی‌ها و آزمایشات، در نرم‌افزارهای SPSS و متلب می‌باشد. مطالب ذکر شده در این فصل در چهار بخش ارائه خواهد شد. در بخش اول همبستگی داده‌های جمع‌آوری شده، توسط نرم افزار SPSS محاسبه و پارامترهای مؤثر در شبیه‌سازی مشخص خواهند شد. در بخش دوم داده‌ها، استاندارد شده و برای انجام طراحی با شبکه‌های عصبی آماده خواهند شد. در بخش سوم داده‌ها به شبکه عصبی پرسپترون چندلایه داده می‌شوند تا سیستم کلاس‌بندی مورد نظر برای تشخیص بیماری، طراحی شود. در بخش چهارم از الگوریتم ژنتیک برای اصلاح وزن‌ها و بایاس‌ها جهت رسیدن به سیستم بهینه با دقت بهتر، استفاده خواهد شد. تمامی این مراحل در شکل ۴-۱ قابل مشاهده است.



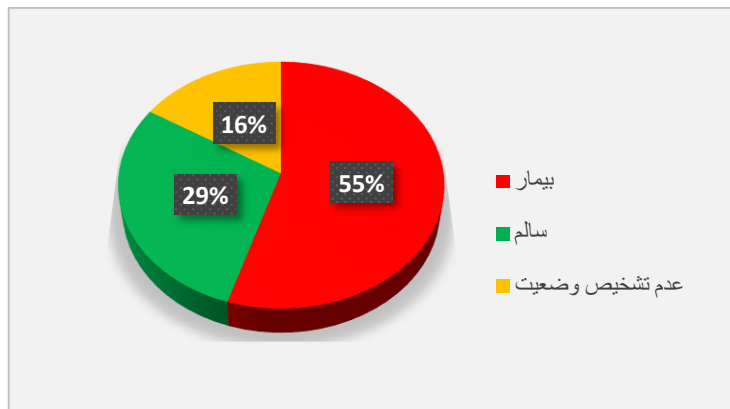
شکل ۴-۱ مراحل طراحی سیستم تحقیق

۴-۱ جمع‌آوری اطلاعات

برای طراحی و همچنین ارزیابی مدل مورد نظر، نیازمند داده‌هایی هستیم که با استفاده از آن‌ها بتوانیم سیستم کلاس‌بندی را طراحی کرده و دقت آن را بسنجیم. در این تحقیق از داده‌های مرکز تحقیقات روماتولوژی بیمارستان دکتر شریعتی، استفاده شده است.

در این تحقیق مجموعاً از ۹۳ داده استفاده شده است، که ۵۱ داده مربوط به افراد بیمار است. علاوه بر نمونه‌های افراد بیمار، از ۲۷ نمونه فرد سالم و ۱۵ نمونه افرادی که اطلاعات کافی برای تشخیص

بیماری آن‌ها در دسترس نیست، جهت آموزش و تست شبکه استفاده شده است. ۷۶ نفر از افراد مورد آزمایش زن و ۱۷ نفر مرد هستند. با بررسی پرونده بیماران و مشاوره با پزشک متخصص به ۱۴ پارامتر جهت تشخیص بیماری تاکایاسو، دست یافتیم. تمامی افراد مورد آزمایش در سنین ۱۲ تا ۴۹ سال قرار دارند، که این اعداد مربوط به سن ابتلای افراد به این بیماری است. موارد گفته شده از ویژگی‌های فردی موارد تحت آزمایش، در نمودار شکل ۴-۲ آورده شده است.



شکل ۴-۲ نمودار وضعیت افراد مورد آزمایش

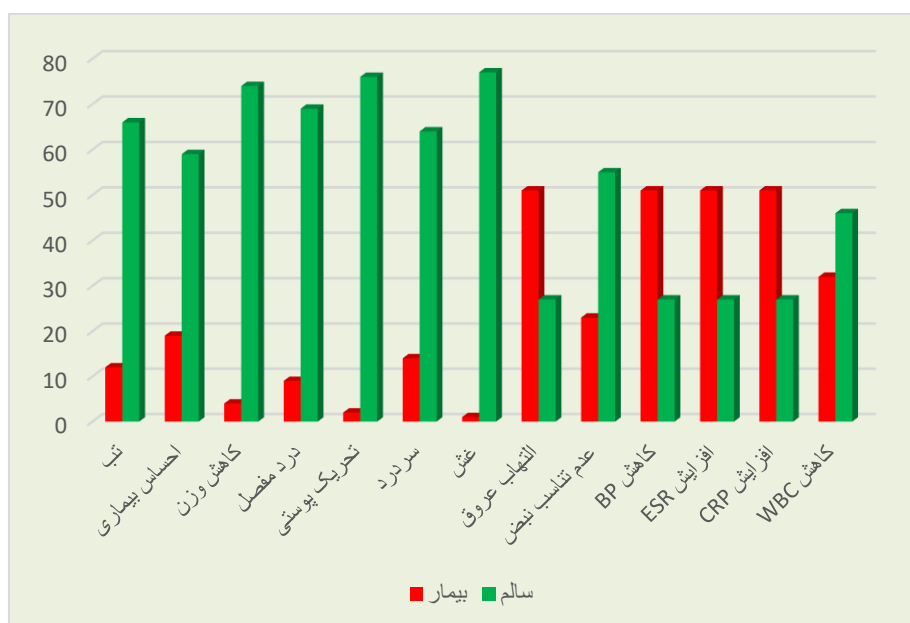
پارامترهای استخراج شده در جدول ۴-۱ آورده شده است. در تشخیص این بیماری روش‌های تصویربرداری نقش به‌سزایی دارند، از این‌رو نتایج این روش به‌عنوان یکی از پارامترهای تشخیص تحت عنوان «مشاهده التهاب» ذکر شده است. لازم به ذکر است که منظور از فرد بیمار شخصی است که بیمار تاکایاسو است و فرد سالم شخصی است که بیمار تاکایاسو نیست.

جدول ۴-۱ پارامترهای استخراج شده بیماری

۱	جنسیت	۶	تحریک پوستی	۱۱	نبض رادیال
۲	تب	۷	سردرد	۱۲	ESR
۳	احساس بیماری	۸	غش	۱۳	CRP
۴	کاهش وزن	۹	مشاهده التهاب	۱۴	WBC
۵	درد مفصل	۱۰	عدم تناسب نبض		

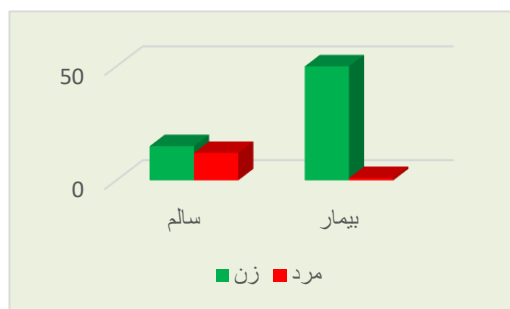
۴-۲ ضریب همبستگی پارامترها به کمک نرم افزار SPSS

در این تحقیق برای نشان دادن این که هریک از چهارده پارامتر گفته شده چه مقدار در خروجی سیستم، که وضعیت سلامت افراد است، نقش دارند از ضریب همبستگی استفاده می‌کنیم. باید توجه شود که در این مرحله چون هدف محاسبه همبستگی با خروجی «سالم» و «بیمار» است، تنها از داده‌های افرادی که در مورد وضعیت آنها نظر قطعی می‌توان داد، استفاده می‌شود. تخصیص هر کدام از پارامترها در شکل ۳-۴ و شکل ۴-۴، همچنین ضریب همبستگی در جدول ۴-۲ آورده شده است.



شکل ۴-۳ نمودار تخصیص پارامترها برای افراد سالم و بیمار

در هر قسمت با توجه به افراد دارای آن پارامتر، ضریب همبستگی محاسبه شده است. مشاهده می‌شود که تنها پارامترهای «جنسیت»، «مشاهده التهاب»، «عدم تناسب نبض»، «کاهش نبض رادیال»، «افزایش ESR» و «افزایش CRP» در تشخیص این که افراد به بیماری تاکیاسو مبتلا هستند، مؤثر است. بنابراین برای طراحی مدل تشخیص این بیماری، طبق جدول ۴-۳ تنها ویژگی‌های زیر که از ضریب همبستگی بالا برخوردار هستند، به‌عنوان ورودی سیستم استفاده می‌شود.



شکل ۴-۴ نمودار جنسیت افراد سالم و بیمار

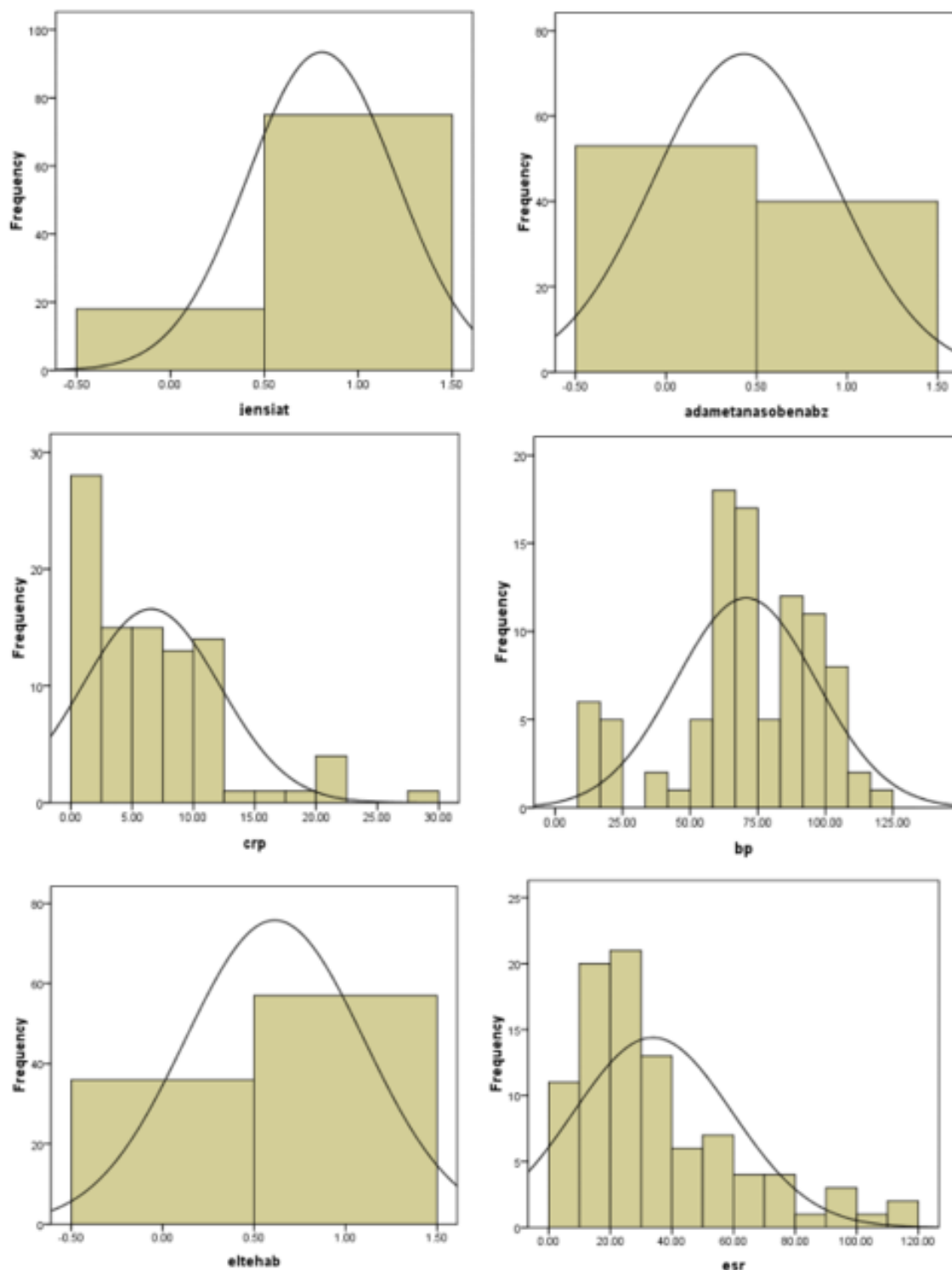
جدول ۲-۴ نتایج همبستگی پارامترهای بیماری

معناداری	ضریب همبستگی	درصد تخصیص	پارامتر	
۰/۰۰	۰/۵۴۲	۸۵/۰	جنسیت (زن)	۱
۰/۰۰۶	۰/۳۱۰	۱۵/۳۸	تب	۲
۰/۰۰	۰/۴۱۳	۲۴/۳۶	احساس بیماری	۳
۰/۰۲۹	۰/۱۶۹	۵/۱۳	کاهش وزن	۴
۰/۰۲۰	۰/۲۶۳	۱۱/۵۴	درد مفصل	۵
۰/۰۳	۰/۱۱۸	۲/۵۶	تحریک پوستی	۶
۰/۰۰۲	۰/۳۴۰	۱۷/۹۵	سر درد	۷
۰/۰۳	۰/۲۹۵	۱/۲۸	غش	۸
۰/۰۰	۱	۶۵/۳۸	مشاهده التهاب	۹
۰/۰۱۲	۰/۶۲۳	۲۹/۴۹	عدم تناسب نبض	۱۰
۰/۰۰	۱	۶۵/۳۸	کاهش نبض رادیال	۱۱
۰/۰۰	۱	۶۵/۳۸	افزایش ESR	۱۲
۰/۰۰	۱	۶۵/۳۸	افزایش CRP	۱۳
۰/۰۰۹	۰/۲۹۵	۴۱/۰۲	کمبود WBC	۱۴

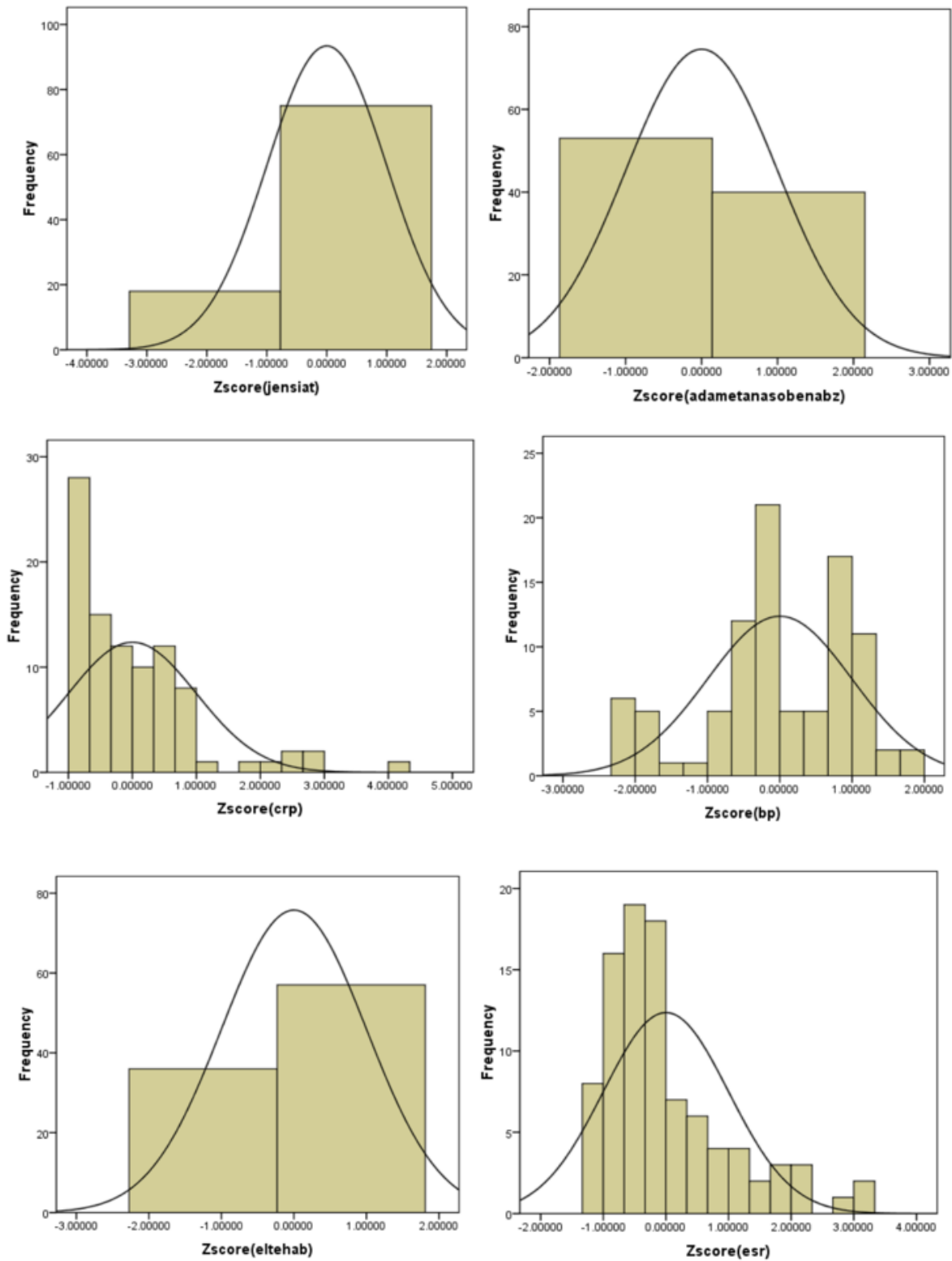
جدول ۳-۴ پارامترهای مؤثر در تشخیص بیماری

۱	جنسیت	۳	کاهش نبض رادیال	۵	عدم تناسب نبض
۲	مشاهده التهاب	۴	افزایش ESR	۶	افزایش CRP

۳-۴ استانداردسازی داده‌ها به کمک نرم‌افزار SPSS



شکل ۴-۵ توزیع نرمال پارامترهای ورودی قبل از استانداردسازی



شکل ۴-۶ نتایج استانداردسازی پارامترهای ورودی

به این ترتیب داده‌ها قبل از استانداردسازی در شکل ۴-۵ و داده‌های جدید دارای میانگین صفر و واریانس ۱ خواهند بود. این مطلب در مورد پارامترهای ورودی در شکل ۴-۶ نشان داده شده است. این به آن معنا است که بعضی از داده‌های استاندارد دارای مقادیر منفی (کوچکتر از میانگین) و بعضی از آن‌ها دارای مقادیر مثبت (بزرگتر از میانگین) هستند.

۴-۴ ایجاد شبکه عصبی

در این مرحله از تحقیق ۹۳ داده موجود، برای آموزش و آزمایش به شبکه عصبی تحویل داده می‌شوند. در تحقیق حاضر، سه کلاس برای ورودی با توجه به خروجی آن به شبکه تحویل می‌شود. به این صورت که برای هر کدام از افراد «سالم»، «بیمار» و کسانی که «نظر قطعی در مورد وضعیت آن‌ها نداریم»، یک خروجی خاص در نظر گرفته شده است. تشریح موارد گفته شده در جدول ۴-۴ آورده شده است. در نهایت خروجی سیستم مدلی است که به ازای ورودی‌های جدید، می‌تواند وضعیت افراد را در کلاس‌های گفته شده طبقه‌بندی کند.

جدول ۴-۴ وضعیت کلاس‌ها و خروجی مطلوب هر کدام

خروجی مطلوب	وضعیت	کلاس
۱ و ۱	بیمار	۱
۱-۱	سالم	۲
۱ و ۱ - ۱	عدم نظر قطعی	۳

۴-۴-۱ معماری شبکه عصبی

در این پژوهش برای ساختار شبکه، از شبکه عصبی پرسپترون چندلایه (MLP) استفاده شده است. در این معماری، ۶ نرون در لایه ورودی به ازای ۶ ویژگی‌های بیماری هستند که در جدول ۴-۳ به آن‌ها اشاره شد، ۲۴ نرون در لایه پنهان که ۱۶ نرون در لایه پنهان اول و ۸ نرون در لایه پنهان دوم و ۲ نرون در لایه خروجی برای نشان دادن کلاس مورد نظر، قرار داده شده است. در ابتدا و

جهت رسیدن به بهترین دقت و همچنین بهترین تعداد نرون‌ها برای لایه پنهان، پارامترهای شبکه را ثابت نگه داشته و تعداد نرون‌های لایه پنهان را تغییر دادیم. نتایج در جدول ۴-۵ آورده شده است. همان‌طور که مشاهده می‌شود ساختار با ۲۴ نرون در لایه پنهان در دو لایه، دارای کمترین خطا و بیشترین دقت نسبت به سایر ساختارها می‌باشد.

جدول ۴-۵ تعیین معماری بهینه لایه پنهان

ساختار	دقت شبکه	خطای شبکه
۶-۶-۲	۵۱/۴	۴۸/۶
۶-۸-۲	۵۴/۶	۴۵/۴
۶-۱۰-۲	۵۵/۷	۴۴/۳
۶-۱۲-۲	۵۴/۶	۴۵/۴
۶-۱۴-۲	۵۳/۹	۴۶/۱
۶-۱۶-۲	۶۰/۵	۳۹/۵
۶-۲۰-۲	۵۶/۸	۴۳/۲
۶-۲۴-۲	۶۸/۹	۳۱/۱
۲-۶-۳-۳	۶۸/۶	۳۱/۴
۲-۶-۶-۲	۶۹/۴	۳۰/۶
۲-۶-۴-۴	۷۰/۳	۲۹/۷
۲-۶-۵-۵	۶۹/۲	۳۰/۸
۶-۱۰-۱۰-۲	۷۱/۰	۲۹/۰
۲-۶-۱۶-۸	۷۴/۲	۲۵/۸
۶-۱۲-۱۲-۲	۷۲/۸	۲۷/۲

همان‌طور که در فصل اول اشاره شد، یکی از معیارهای مهم در تعیین عملکرد سیستم‌های تشخیص بیماری، دقت سیستم می‌باشد. دقت طبقه‌بندی برای هر یک از کلاس‌های گفته شده در این سیستم، طبق رابطه ۴-۱ تعریف می‌شود.

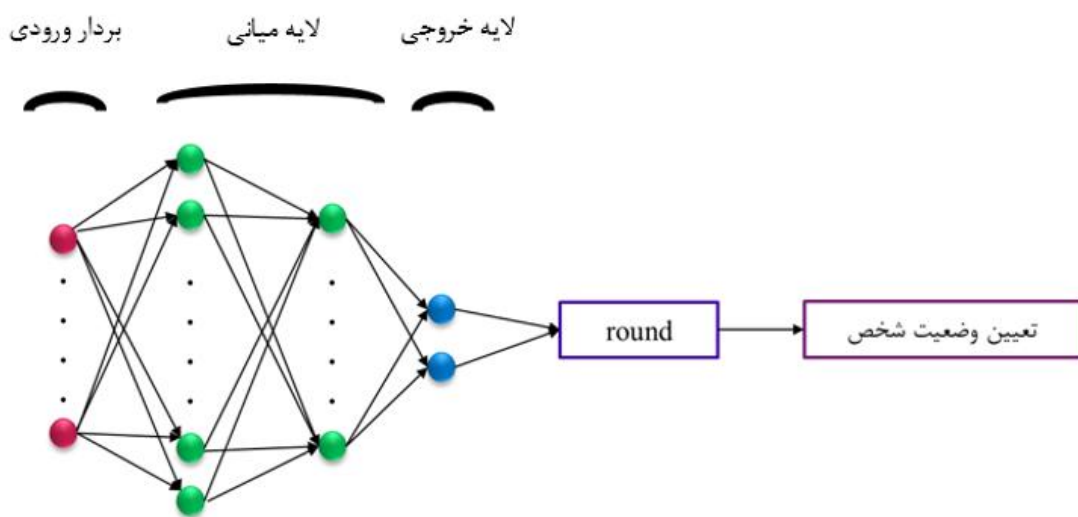
$$Accuracy = \frac{\text{correctly classified samples}}{\text{total number of samples}} \quad (1-4)$$

۲-۴-۴ معیار بهترین برآورد

در شبکه موردنظر جهت محاسبه میانگین خطا از روش میانگین توان دوم خطا (MES) استفاده شده است. MSE یک معیار بسیار معمول برای بدست آوردن بهترین برآورد به شمار می‌رود که در بین آماردانان از مطلوبیت خاصی برخوردار است. با استفاده از این معیار، برآوردگری که دارای کمترین MSE باشد، انتخاب می‌شود. رابطه ۲-۴ با وضوح بیشتری معیار MSE را نشان می‌دهد.

$$MSE = \frac{1}{P} \sum_{i=1}^p (Y_i - \hat{Y}_i)^2 \quad (۲-۴)$$

در نهایت مشخصات شبکه عصبی طراحی شده به صورت شکل ۷-۴ و جدول ۶-۴ می‌باشد.



شکل ۷-۴ ساختار شبکه عصبی

جدول ۶-۴ مشخصات شبکه عصبی

۱۶-۸	نرون لایه میانی	۸۰	درصد داده‌های آموزش
MSE	معیار بهترین برآورد	۲۰	درصد داده‌های آزمایش
تانژانت سیگموئید	تابع انتقال لایه پنهان	۶	نرون بردار ورودی
تانژانت سیگموئید	تابع انتقال لایه خروجی	۲	نرون لایه خروجی

لازم به ذکر است، در شبکه عصبی اولیه به روزرسانی اوزان توسط الگوریتم لونیگ مارکواریت انجام می‌شود. از میان روش‌های مختلف آموزش به روش پس انتشار خطا، الگوریتم لونیگ مارکواریت به دلیل همگرایی سریع‌تر در آموزش شبکه، برای استفاده در تحقیق حال حاضر انتخاب شده است. در مرحله بعد سعی در به روزرسانی اوزان شبکه به کمک الگوریتم ژنتیک را داریم، تا بتوانیم دقت سیستم را جهت تشخیص بیماری، افزایش دهیم.

۴-۵ به روزرسانی اوزان به کمک الگوریتم ژنتیک

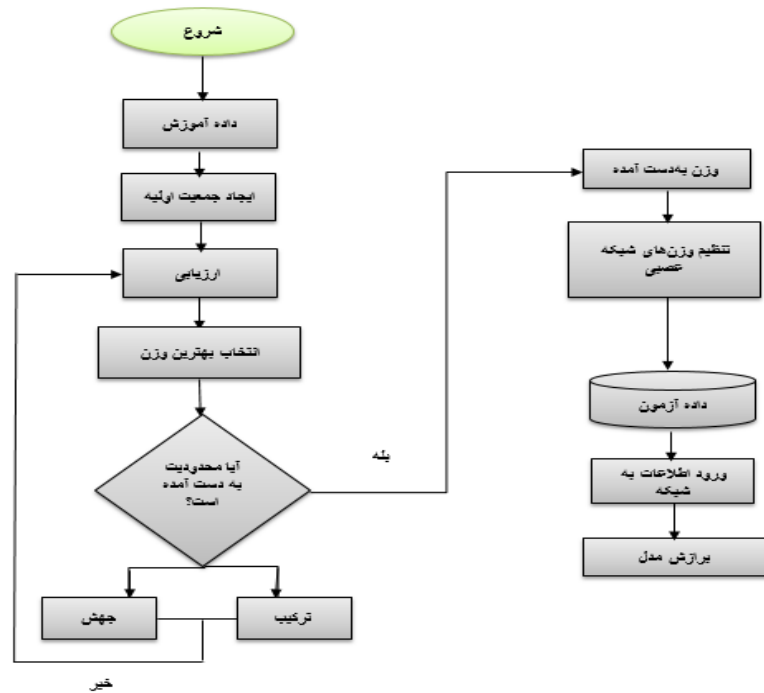
در این مرحله از تحقیق، وزن‌ها و بایاس‌های شبکه عصبی MLP ساخته شده در مرحله قبل، به کمک الگوریتم ژنتیک بهینه‌سازی شده و مجدداً به شبکه عصبی تحویل داده می‌شود تا دقت سیستم افزایش و عملکرد سیستم نهایی بهبود یابد. از آنجایی که الگوریتم ژنتیک جهت آموزش از کروموزوم و ژن استفاده می‌کند، باید وزن‌ها و بایاس‌ها، ژن‌های کروموزوم را تشکیل دهد. تعداد ژن‌ها طبق جدول ۴-۷ برآورد می‌شود. همان‌طور که در فلوچارت شکل ۴-۸ مشاهده می‌شود، در ابتدا با استفاده از الگوریتم ژنتیک، آموزش‌های لازم جهت پیدا کردن وزن‌های مناسب برای شبکه، انجام می‌شود. هنگامی که وزن‌های مطلوب بدست آمد، به شبکه عصبی MLP اعمال شده و خروجی مورد نظر محاسبه می‌شود.

جدول ۴-۷ تعداد ژن‌ها در الگوریتم ژنتیک

۲۲۴	تعداد وزن‌های لایه پنهان
۱۶	تعداد وزن‌های لایه خروجی
۲۴	تعداد بایاس‌های لایه پنهان
۲	تعداد بایاس‌های لایه خروجی
۲۶۶	مجموع ژن‌های یک کروموزوم

روش‌های استفاده شده برای هر کدام از پارامترهای الگوریتم ژنتیک در جدول ۴-۸ قابل مشاهده است.

پارامترهای مختلف در الگوریتم ژنتیک عبارتند از اندازه جمعیت، تقاطع، جهش و حداکثر تکرار حلقه اصلی الگوریتم. در بدست آوردن پارامترهای ذکر شده، طبق تجربیات دیده شده از مطالعات متعدد، مقادیر بدست آمده به صورت جدول ۴-۹ در نظر گرفته شده است.



شکل ۴-۸ عملکرد الگوریتم ژنتیک در به‌روزرسانی اوزان

جدول ۴-۸ پارامترهای الگوریتم ژنتیک

درصد تقاطع	درصد جهش	جمعیت	حداکثر تکرار
۸۰	۲۰	۲۰۰	۵۰

جدول ۴-۹ روش‌های به‌کار برده شده در هرکدام از پارامترهای الگوریتم ژنتیک

روش یکنواخت	تولید در تقاطع و جهش
چرخ رولت	انتخاب والدین در تقاطع
روش تصادفی	انتخاب والدین در جهش

۴-۶ چگونگی تحلیل نتایج طبقه‌بندی

معمولاً برای ارزیابی عملکرد شبکه از پارامترهای مشخصی استفاده می‌شود. این پارامترها و چگونگی تعریف آن‌ها در جدول ۴-۱۰ آمده است. باید دقت داشت که در سیستم‌های دارای چند کلاس، این پارامترها برای هر کلاس از طبقه‌بندی به صورت مجزا تعریف می‌شود.

همگرایی وزن‌های لایه پنهان که در شکل ۴-۹ آورده شده است، پایداری سیستم طراحی شده را اثبات می‌کند. برای نشان دادن وضوح بیشتر در همگرایی وزن‌ها، به صورت تصادفی نمودار چند وزن را جداگانه ترسیم کرده‌ایم که در شکل ۴-۱۰ نمایش داده شده است. مشاهده می‌شود که هر کدام از وزن‌های نشان داده شده، همگرایی لازم را دارا می‌باشند. منظور از W_{13} ، وزن بین نرون دوم از لایه اول و نرون پنجم از لایه دوم است. به همین ترتیب W_{23} وزن بین نرون سوم لایه اول و نرون هفتم لایه دوم، W_{71} وزن بین نرون نهم لایه اول و نرون هفتم لایه دوم و W_{114} وزن بین نرون پانزدهم لایه اول و نرون هشتم لایه دوم خواهد بود

جدول ۴-۱۰ تحلیل پارامترهای طبقه‌بندی

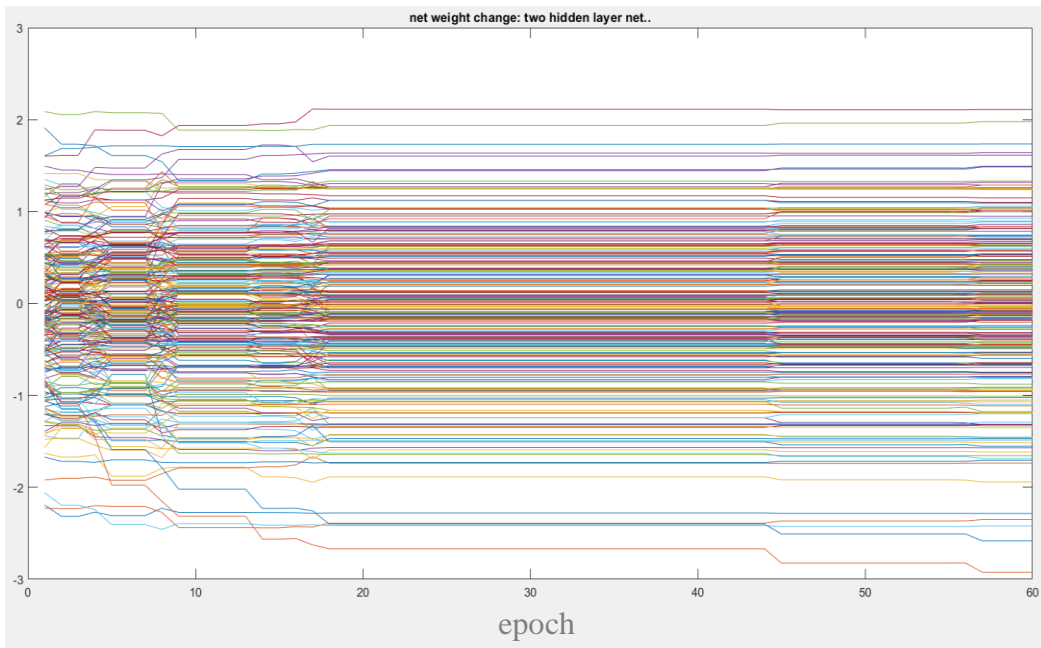
TP^۱	تعداد افرادی که متعلق به همان کلاس است و کلاس آن‌ها به درستی تشخیص داده شده است.
FP^۲	تعداد افرادی که به همان کلاس تعلق ندارند ولی سیستم آن‌ها را متعلق به آن کلاس تشخیص داده است.
TN^۳	تعداد افرادی که متعلق به همان کلاس نبوده و سیستم این را به درستی تشخیص داده است.
FN^۴	تعداد افرادی که متعلق به آن کلاس بوده‌اند ولی سیستم به اشتباه، آن‌ها را تشخیص نداده است.

¹ True Positive

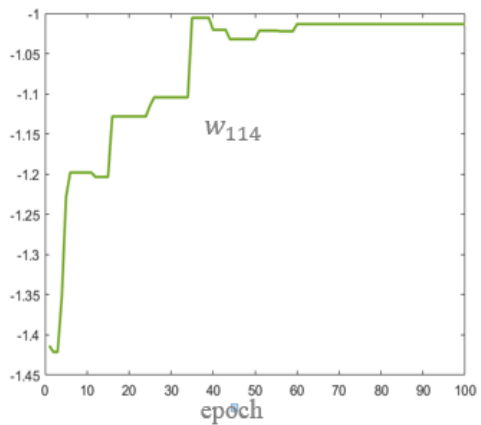
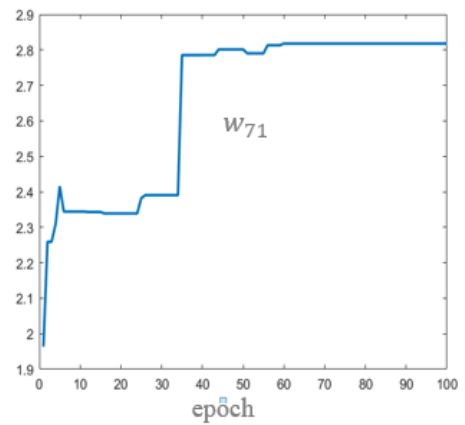
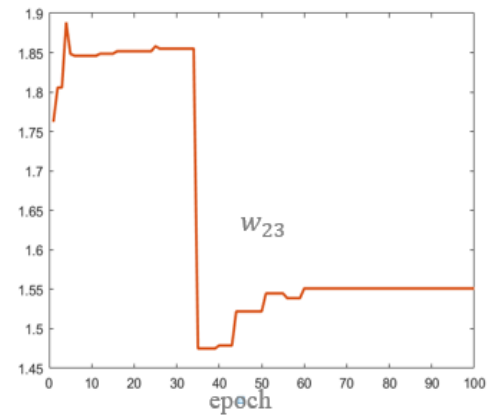
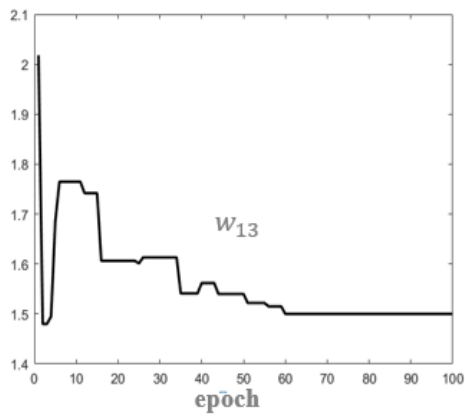
² False Positive

³ True Negative

⁴ False Negative



شکل ۴-۹ همگرایی وزن های لایه پنهان



شکل ۴-۱۰ همگرایی تعدادی از وزن های شبکه عصبی

۷-۴ نتایج شبیه‌سازی MLP با الگوریتم لونبرگ مارکوارت

یکی دیگر از معیارهای به‌کاربرده شده در این تحقیق، صحت سیستم است که بیانگر تعداد کلاس‌های مستعد خطایی که توسط مدل به‌درستی به‌عنوان مستعد خطا پیش‌بینی شده‌اند، را نشان می‌دهد. بهترین مقدار آن، ۱ است. صحت بیشتر، یعنی FP کمتر. این معیار طبق رابطه ۳-۴ تعریف می‌شود.

جدول ۱۱-۴ نتایج شبیه‌سازی بر مبنای الگوریتم لونبرگ مارکوارت

خطا	دقت	صحت	وضعیت	کلاس
۲۵/۸۱	۷۴/۱۹	۱۰۰/۰	بیمار	۱
۱۷/۲۵	۸۲/۷۵	۱۰۰/۰	سالم	۲
۸/۶۱	۹۱/۳۹	۸۰/۰	عدم تشخیص	۳

$$precision = \frac{TP}{TP + FP} \quad (۳-۴)$$

همانطور که بیان شد در قسمت اول از شبیه‌سازی از الگوریتم لونبرگ مارکوارت در محاسبه به-روزرسانی اوزان در سیستم طبقه‌بندی و محاسبه دقت، استفاده شده است. نتایج درصد دقت سیستم و همچنین درصد خطای طبقه‌بندی مربوط به این بخش در جدول ۱۱-۴ آورده شده است، که دقت و خطا را در هر کدام از کلاس‌های تعیین شده برای وضعیت افراد نشان می‌دهد. ارزیابی نتایج نشان می‌دهد، الگوریتم پیشنهادی دقت قابل قبولی در تشخیص کلاس‌ها داشته است و توانسته خطای طبقه‌بندی را به‌طور قابل توجهی کاهش دهد.

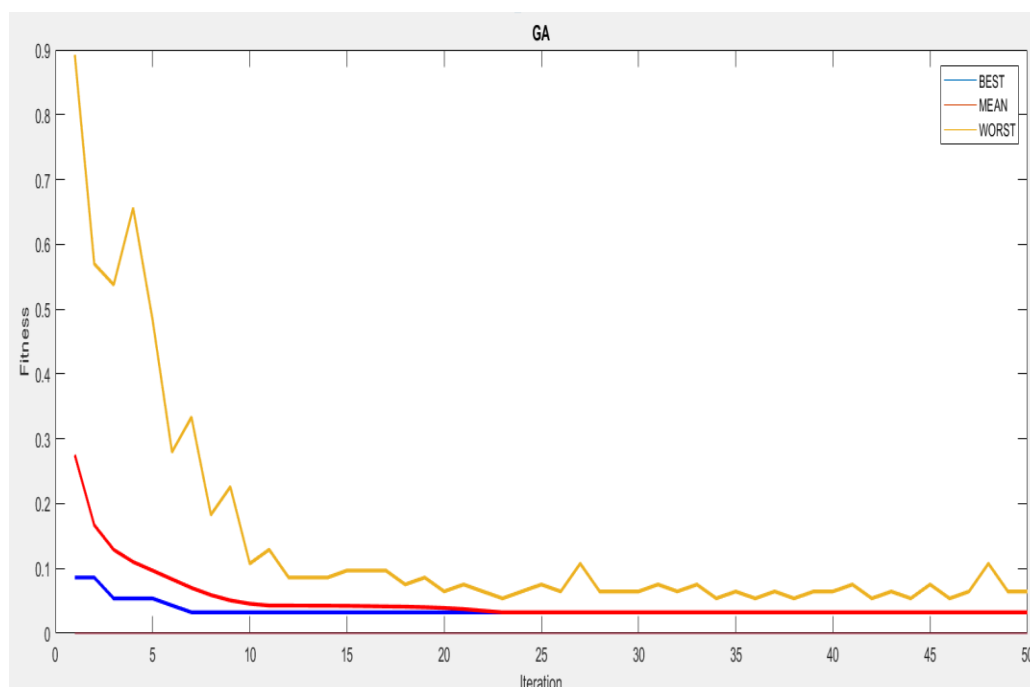
۸-۴ نتایج شبیه‌سازی MLP با الگوریتم ژنتیک

سیستم طراحی شده بر مبنای الگوریتم ژنتیک نسبت به سیستم طراحی شده در قسمت قبل از دقت بیشتری برخوردار است. اما باید دقت داشت که زمان اجرای این سیستم بیشتر از زمان اجرا در سیستم قبل می‌باشد. بعد از اجرای این الگوریتم نتایج بدست آمده مطابق جدول ۱۲-۴ می‌باشد.

اگر مراحل شبیه‌سازی به‌گونه‌ای انجام شود که بعد از هر بار اجرای کد، جواب‌های بد حذف و جواب-های نسل جدید که احتمالاً خطای کمتری دارند، جایگزین آن‌ها شوند، به‌مرور میانگین جواب‌ها به بهترین جواب میل می‌کند. به‌طور کلی هرچه قدر فاصله میانگین جواب‌ها و بهترین جواب کمتر باشد، به نتیجه بهتر شبکه نزدیکتر می‌شویم. شکل ۴-۱۱ مطلب گفته شده را در مورد سیستم این تحقیق، تأیید می‌کند.

جدول ۴-۱۲ نتایج شبیه‌سازی بر مبنای الگوریتم ژنتیک

خطا	دقت	صحت	وضعیت	کلاس
۲/۱۶	۹۷/۸۴	۱۰۰/۰	بیمار	۱
۱/۰۸	۹۸/۹۲	۱۰۰/۰	سالم	۲
۳/۲۳	۹۶/۷۷	۸۰/۰	عدم تشخیص	۳



شکل ۴-۱۱ میانگین تابع هدف و بدترین مقدار تابع هدف

۴-۹ تحلیل دقت و ماتریس درهم‌ریختگی^۱

برای درک چگونگی انتقال و گسترش بیماری و به‌منظور فراهم نمودن مراقبت‌های بهداشتی مناسب و مؤثر، لازم است تشخیص دهیم در بین افراد یک جامعه چه کسانی بیمار بوده و چه کسانی سالم هستند. صرف نظر از این که آزمون انجام شده چه باشد، یک سؤال مطرح است: این که یک آزمایش تا چه حد می‌تواند در یک جمعیت افراد بیمار را از غیربیمار تشخیص دهد. در این بخش از تحقیق به سنجش کیفیت طبقه‌بندی انجام شده می‌پردازیم تا بتوان برای کاربرد مدل طراحی شده، استدلال منطقی ارائه کنیم. بنابه تعریف، دقت یک مدل عبارتست از توانایی آن مدل در تشخیص افراد بیمار از افراد سالم. در این تحقیق تابع هدف برای مدل نهایی میزان خطا در نظر گرفته شده است. «خطا» با «دقت» رابطه‌ای به‌صورت «دقت-۱ = خطا» دارد از این‌رو به بررسی میزان دقت سیستم‌های بدست آمده در هر مرحله، می‌پردازیم.

۴-۹-۱ ماتریس درهم‌ریختگی MLP با الگوریتم لونیبرگ مارکوارت

این ماتریس یکی از معیارهای نشان دهنده صحت طبقه‌بندی است. چون تعداد کلاس‌های تعیین شده سه است، این ماتریس یک ماتریس مربعی 3×3 خواهد بود. درصدهای بدست آمده در هر کلاس، درستی نمونه‌های آزمایش شده را نشان می‌دهد. ماتریس مربوط به این قسمت از شبیه‌سازی در شکل ۴-۱۲ نمایش داده شده است

در کلاس ۱، ۵۰ داده از ۸۳ داده را «بیمار» تشخیص داده که شبکه ۵۰ عدد را درست شناسایی کرده است. پس دقت مربوط به کلاس ۱ برابر $54/19$ درصد و خطا در این کلاس برابر $25/81$ درصد است. در کلاس ۲، ۱۲ داده از ۱۳ داده را درست تشخیص داده (سالم شناسایی کرده است) و ۱ داده را اشتباه شناسایی کرده است. پس دقت شبکه در کلاس ۲ برابر $82/75$ درصد و خطا در این کلاس برابر $17/25$ درصد خواهد بود. در کلاس ۳، ۷ داده از ۷ داده را «افرادی که نمی‌توانیم نظر قطعی بدهیم»

¹ Confusion matrix

شناسایی کرده ۰ داده را اشتباه تشخیص داده است. بنابراین دقت شبکه در کلاس ۳ برابر ۹۱/۳۹ درصد و خطا در این کلاس برابر ۸/۶۱ درصد خواهد بود.

دقت کل شبکه ۷۴/۲ درصد و میزان خطای شبکه ۲۵/۸ درصد است. تعداد پارامترهای طبقه‌بندی مربوط به این بخش در جدول ۴-۱۱۳ آورده شده است.

کلاس تشخیص داده شده	۱	۵۰ ۵۳/۸ %	۱ ۱/۱ %	۰ ۰/۰ %	۹۸/۰ % ۲/۰ %
	۲	۱۵ ۱۶/۱ %	۱۲ ۱۲/۹ %	۰ ۰/۰ %	۴۴/۴ % ۵۵/۶ %
	۳	۸ ۸/۶ %	۰ ۰/۰ %	۷ ۷/۵ %	۴۶/۷ % ۵۳/۳ %
		۶۸/۵ % ۳۱/۵ %	۹۲/۳ % ۷/۷ %	۱۰۰ % ۰/۰ %	۷۴/۲ % ۲۵/۸ %
	۱	۲	۳	کلاس واقعی	

شکل ۴-۱۲ ماتریس درهم‌ریختگی شبکه عصبی اولیه

جدول ۴-۱۳ پارامترهای طبقه‌بندی در شبکه اولیه

FN	FP	TN	TP	
۱	۲۳	۱۹	۵۰	کلاس ۱
۱۵	۱	۶۵	۱۲	کلاس ۲
۸	۰	۷۸	۷	کلاس ۳

۲-۹-۴ ماتریس درهم‌ریختگی MLP با الگوریتم ژنتیک

طبق شکل ۴-۱۳ داریم:

در کلاس ۱ : ۵۱ داده از ۵۱ داده را «بیمار» تشخیص داده و ۰ عدد را اشتباه تشخیص داده است. پس دقت مربوط به کلاس ۱ برابر ۹۷/۸۴ درصد و خطا در این کلاس برابر ۲/۱۶ درصد است. در کلاس ۲ : ۲۷ داده از ۲۷ داده را درست تشخیص داده (سالم شناسایی کرده است) و ۰ داده را اشتباه شناسایی کرده است. پس دقت شبکه در کلاس ۲ برابر ۹۸/۹۲ درصد و خطا در این کلاس برابر ۱/۰۸ درصد خواهد بود. در کلاس ۳: ۱۲ داده از ۱۵ داده را «افرادی که نمی‌توانیم نظر قطعی بدهیم» شناسایی کرده و ۳ داده را اشتباه تشخیص داده است. بنابراین دقت شبکه در کلاس ۳ برابر ۹۶/۷۷ درصد و خطا در این کلاس ۳/۲۳ درصد خواهد بود.

دقت کل شبکه ۹۶/۸ درصد و میزان خطای شبکه ۳/۲ درصد است. این میزان دقت برای شبکه عصبی بر مبنای الگوریتم ژنتیک ایده‌آل است. تعداد پارامترهای طبقه بندی مربوط به این بخش در جدول ۴-۱۴ آورده شده است.

کلاس تشخیص داده شده	۱	۵۱ ۵۴/۸ %	۰ ۰/۰ %	۲ ۲/۲ %	۹۶/۲ % ۳/۸ %
	۲	۰ ۰/۰ %	۲۷ ۲۹/۰ %	۱ ۱/۱ %	۹۶/۴ % ۳/۶ %
	۳	۰ ۰/۰ %	۰ ۰/۰ %	۱۲ ۱۲/۹ %	۱۰۰ % ۰/۰ %
		۱۰۰ % ۰/۰ %	۱۰۰ % ۰/۰ %	۸۰ % ۲۰ %	۹۶/۸ % ۳/۲ %
	۱	۲	۳	کلاس واقعی	

شکل ۴-۱۳ ماتریس درهم‌ریختگی شبکه عصبی با الگوریتم ژنتیک

جدول ۴-۱۴ پارامترهای طبقه‌بندی در شبکه بر مبنای الگوریتم ژنتیک

FN	FP	TN	TP	
۲	۰	۴۰	۵۱	کلاس ۱
۱	۰	۶۵	۲۷	کلاس ۲
۰	۳	۷۸	۱۲	کلاس ۳

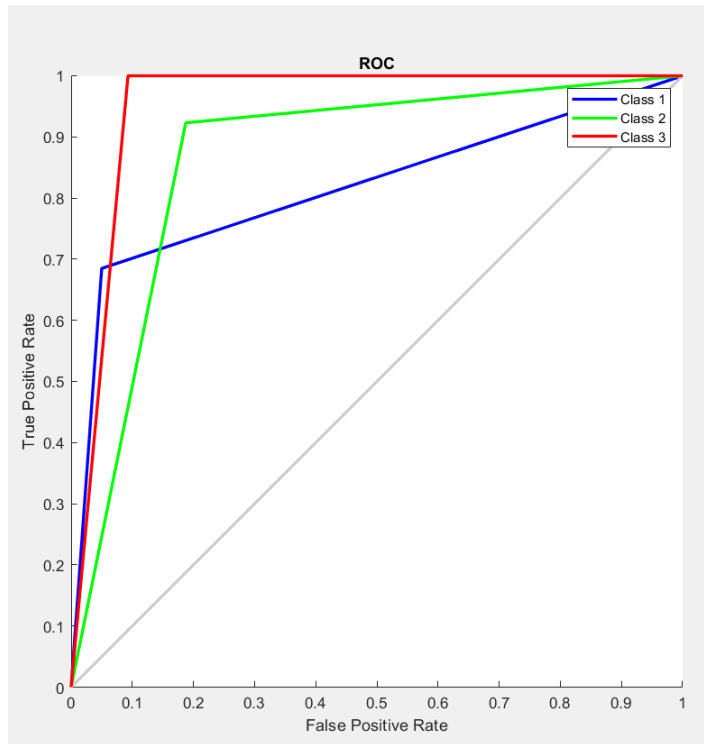
۴-۱۰ تحلیل منحنی ROC

منحنی ROC یک نمودار پراکندگی از حساسیت برای یک سیستم طبقه‌بندی باینری است، که آستانه تشخیص آن متغیر است. در ترسیم این منحنی، محور افقی عبارتست از «اختصاصی بودن» و محور عمودی عبارتست از «حساسیت» که روابط آن‌ها به ترتیب در ۴-۳ و ۴-۴ ذکر شده است. شرح نمودار ROC به این صورت است که هرچه نقاط به سمت بالا و چپ نزدیک‌تر باشد، مناسب‌تر است و مدل طراحی شده به حالت ایده آل خود نزدیک‌تر است. سطح زیر منحنی ROC را می‌توان به‌عنوان یک توصیف آماری استفاده کرد، تا تخمین زده شود که آیا احتمال این که یک مدل پیش‌بینی، یک نمونه دارای خطا را بیشتر از یک نمونه فاقد خطا، تشخیص دهد، بالاتر است.

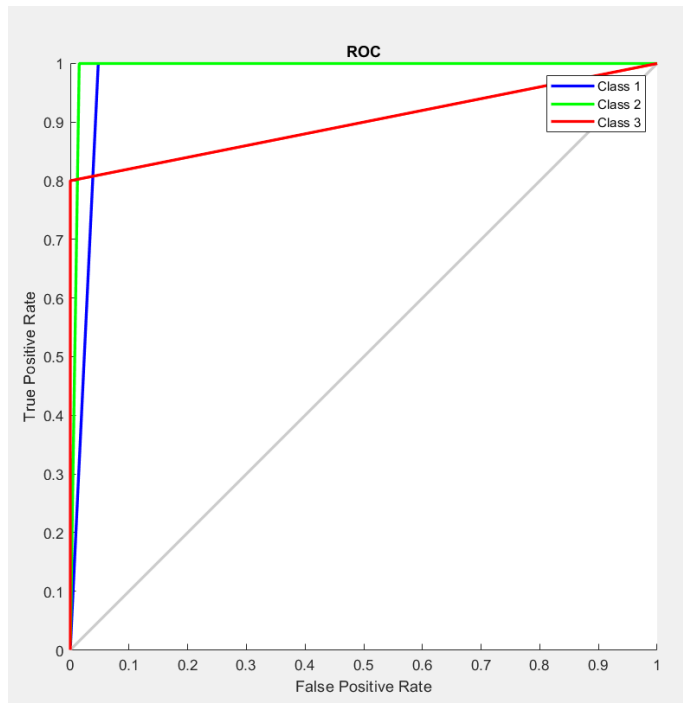
همان‌طور که در شکل‌های ۴-۱۴ و ۴-۱۵ مشاهده می‌شود، نمودارهای ROC مربوط به هر دو الگوریتم در حالت قابل قبولی قرار دارند. نمودار ROC الگوریتم ژنتیک در سطح بالاتری نسبت به الگوریتم دیگر قرار دارد که این امر سبب انتخاب مدل بر مبنای این الگوریتم در اولویت است.

$$\text{specificity} = \frac{\text{number of modules correctly predicted} - \text{fault prone}}{\text{total number of actual non faulty modules}} \quad (۳-۴)$$

$$\text{sensitivity} = \frac{\text{number of modules correctly predicted as fault prone}}{\text{total number of actual non faulty modules}} * 100 \quad (۴-۴)$$



شکل ۴-۱۴ نمودار Roc سیستم اولیه



شکل ۴-۱۵ نمودار Roc سیستم بر مبنای الگوریتم ژنتیک

فصل پنجم

نتیجه گیری و پیشنهادها

براساس پیشرفت تکنولوژی امکان بررسی عملکرد فرآیندهای بیولوژیکی، با سرعت در حال افزایش است. علاوه بر این می‌توان این فرآیندها را با قابلیت‌های بی‌سابقه‌ای، دست‌کاری کرد. استفاده و مدل‌های بدست آمده از داده‌های بیماران در تحقیقات فیزیولوژیکی به طور گسترده‌ای پذیرفته شده‌است. با این حال ارزیابی پارامتری داده‌ها، پذیرش بسیار محدودتری دارد. زیرا اکثر محققان، امکان سنجش پارامترها به صورت مستقیم را دارند. برآوردهای غیرمستقیم که توسط الگوریتم‌های پیچیده به دست می‌آیند، قابل اعتماد به نظر نمی‌رسند تا زمانی که بتوان آن‌ها را در آزمایشگاه تأیید کرد. با این وجود سیستم‌های تشخیص و ارزیابی پارامترها، به آرامی محبوبیت لازم در فضای بیولوژیکی را به دست آوردند.

۵-۱ نتیجه گیری

در این تحقیق الگوریتم ژنتیک نشان داد کارایی مطلوب‌تری از نظر کاهش خطای تشخیص، نسبت به الگوریتم لونبرگ مارکوارت دارد. تاکنون هیچ‌گونه شناسایی بر پایه مدسازی به کمک الگوریتم‌های کلاسیک و هوشمند، روی بیماری تاکایاسو صورت نگرفته است. هردو شبکه عصبی، یعنی هم شبکه عصبی که بر پایه الگوریتم پیش فرض لونبرگ مارکوارت است و هم شبکه عصبی بر پایه الگوریتم ژنتیک نسبت به داده‌های واقعی عملکرد خوبی از خود نشان دادند. برای ارزیابی عملکرد هردو شبکه عصبی مذکور، از میانگین مربعات خطای مطلق (MSE) استفاده شد.

دقت مدل نسبت به سایر ویژگی‌ها از اهمیت بالاتری برخوردار است. به دلیل این که اگر فردی بیمار باشد و مدل به اشتباه آن را سالم تشخیص دهد، آن فرد در جامعه به عنوان فرد سالم زندگی کرده و ممکن است پس از مدتی دچار عوارض جدی این بیماری مانند سکته قلبی و سکته مغزی شود. بین مدل‌هایی که پیاده‌سازی شد، الگوریتم ژنتیک دارای دقت بالاتری می‌باشد. همچنین در الگوریتم ژنتیک که خطا به عنوان تابع هدف در نظر گرفته شده بود، بهترین مقدار تابع هدف و مقدار میانگین آن پس از ۲۰۵ ثانیه و در تکرار ۲۳ از الگوریتم، به مقدار ۰/۰۳۲ همگرا شد. این مطالب در جدول ۵-۵

۱ و جدول ۲-۵ قابل مشاهده است.

جدول ۱-۵ زمان‌های اجرا برای هر دو الگوریتم

الگوریتم	ژنتیک	لونبرگ مارکوارت
زمان (ثانیه)	۲۰۵	۱۳

جدول ۲-۵ درصد مقادیر نهایی تابع هدف برای هر دو الگوریتم

الگوریتم	خطا	دقت
لونبرگ مارکوارت	۲۵/۸	۷۴/۲
ژنتیک	۳/۲	۹۶/۸

با استفاده از نتایج به دست آمده، سعی بر آن است که به فرضیات مطرح شده در فصل اول پاسخ داده شود:

- آیا با استفاده از تکنیک‌های مبتنی بر شبکه‌های عصبی، می‌توان بیماری روماتیسم قلبی و عروقی تاکایاسو را تشخیص داد؟ با پیاده سازی ساختارهای مختلف از شبکه‌های عصبی و طبقه بندی کلاس‌ها، توانستیم عمل تشخیص را انجام داده و یک شبکه با درصد خطای مناسب داشته باشیم.
- آیا با استفاده از الگوریتم ژنتیک، می‌توان دقت سیستم تشخیص طراحی شده را افزایش داد؟ بله، ساختاری که بر مبنای الگوریتم ژنتیک جهت کاهش خطای تشخیص، طراحی شده است، به‌شورت بهینه دقت سیستم را افزایش می‌دهد.
- آیا به‌کارگیری این طراحی سبب تشخیص وخامت بیماری در زمان مناسب و همچنین تشخیص نوع تاکایاسو می‌باشد؟ خیر، این سیستم تنها جهت تشخیص وضعیت سلامت افراد

توسط پارامترهای موجود از بیماری، طراحی شده است و قابلیت تشخیص وخامت و نوع بیماری تاکایاسو را ندارد.

۵-۲ پیشنهادها

آینده برای پزشکی بهتر و بهتر خواهد شد. استفاده از رایانه و ابزارهای ارتباطی می‌تواند تجربیات پزشکی را به اجزای بهتری تبدیل کند. تشخیص پزشکی با استفاده از مهارت‌های هوش مصنوعی، مشورت را فعل و انفعالی‌تر خواهد ساخت. همچنین کیفیت درمان را بهبود بخشیده و تشخیص بهتری بر پایه سابقه پزشکی بیمار ارائه خواهد داد. اما باید در نظر داشت که رایانه‌ها در حال حاضر نمی‌توانند معجزه کنند و هنوز هوش مصنوعی نمی‌تواند جای پزشکان را بگیرد. در برخی موارد از بیماری‌های خاص، هوش مصنوعی به صورت هیجان‌انگیزی می‌تواند یاور پزشکان باشد و حتی زودتر از پزشکان بیماری را تشخیص دهد. علاوه بر این اصول پایه‌ای الگوریتم ژنتیک بسیار عمومی است. همچنین این تحقیق نشان می‌دهد که شبکه‌های عصبی دارای قابلیت برآورد خوبی هستند و می‌توانند فرآیند تصمیم‌گیری در مسائل این‌چنین را آسان کنند. مبنای این شبکه‌ها روش‌های شناسایی هستند که بر مبنای قواعد و قوانین ریاضی عمل می‌کنند در حال حاضر با استفاده از تنها شش پارامتر از بیماری و نظر به این‌که از زمان ابتلا تا شدت و عوارض خطرناک آن تنها چند ماه طول می‌کشد، قادر به پیش‌بینی این بیماری قبل از ابتلا نیستیم. برای تحقیقات آتی امید است که با اطلاعات بیشتر و پیش‌رفت اطلاعات پزشکی در این موضوع، بتوان تشخیص وضعیت را نیز با استفاده از داده‌های موجود انجام داد. همان‌طور که در فصل دوم اشاره شد، تاکایاسو در شش نوع تقسیم‌بندی می‌شود. در حال حاضر انواع تاکایاسو تنها با روش‌های مبتنی بر تصویر برداری قابل تشخیص است. سیستم طراحی شده در این تحقیق تنها قابلیت تشخیص وضعیت سلامت افراد نسبت به بیماری تاکایاسو را دارا می‌باشد و قابلیت جهت تشخیص نوع تاکایاسو در آن تعبیه نشده است. تنها پارامتر کلی تحت عنوان «مشاهده التهاب» به عنوان یکی از پارامترهای تشخیص برای سیستم در نظر گرفته شده است. پیشنهاد می‌شود در

مطالعات آتی، با استفاده از روش‌های پردازش تصویر و تلفیق داده‌های گرافیکی با داده‌های بالینی، تشخیص نوع بیماری تاکایاسو نیز در دست بررسی قرار گیرد.

غالباً گفته می‌شود که طراحی یک شبکه عصبی بیش از آن که یک علم باشد، یک هنر است. چرا که تنظیم پارامترهای زیادی که در طراحی دخیل هستند، تا حد زیادی به تجربه شخصی بستگی دارد. با این وجود روش‌هایی برای بهبود کارایی شبکه وجود دارد.

می‌توان با تغییر شیوه آموزش تغییراتی در عملکرد شبکه به دست آورد اما باید به هدف در شبکه دقت داشت. همچنین به تعداد داده‌ها و این که مجموعه آموزشی متغیر است یا نه، می‌توان در مجموعه آموزشی دست به تغییر زد. زیرا مجموعه آموزشی نقش بسیار مهمی در همگرایی و تعمیم‌پذیری دارد. همچنین می‌توان از داده‌هایی استفاده کرد که تفاوت بیشتری با یکدیگر دارند. زیرا تفاوت موجب بررسی گسترده‌ی وسیع‌تری از وزن‌ها می‌شود.

راه پیشنهادی دیگر این است که داده‌های دشوارتری به شبکه اعمال شود. اما چنین عملی ممکن است تعمیم‌پذیری سیستم را با مشکل مواجه کند. تعویض تابع انتقال در شبکه می‌تواند باعث کارایی مؤثرتری شود و می‌تواند خروجی را به مطلوب نزدیک‌تر سازد. اما باید دقت داشت که خروجی باید در محدوده تابع انتقال باشد.

- [1] Aeschlimann, F. A., Eng, S. W., Sheikh, S., Laxer, R. M., Hebert, D., Noone, D., ... & Yeung, R. S. (2017). Childhood Takayasu arteritis: disease course and response to therapy. *Arthritis research & therapy*, 19(1), 255.
- [2] Amato, F., López, A., Peña-Méndez, E. M., Vañhara, P., Hampl, A., & Havel, J. (2013). Artificial neural networks in medical diagnosis.
- [3] Angeli, E., Vanzulli, A., Venturini, M., Zoccai, G. B., & Del, A. M. (2001). The role of radiology in the diagnosis and management of Takayasu's arteritis. *Journal of nephrology*, 14(6), 514-524.
- [4] Anthimopoulos, M., Christodoulidis, S., Ebner, L., Christe, A., & Mougiakakou, S. (2016). Lung pattern classification for interstitial lung diseases using a deep convolutional neural network. *IEEE transactions on medical imaging*, 35(5), 1207-1216.
- [5] Cook, D. F., Ragsdale, C. T., & Major, R. L. (2000). Combining a neural network with a genetic algorithm for process parameter optimization. *Engineering applications of artificial intelligence*, 13(4), 391-396.
- [6] Cuingnet, R., Gerardin, E., Tessieras, J., Auzias, G., Lehericy, S., Habert, M. O., ... & Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative. (2011). Automatic classification of patients with Alzheimer's disease from structural MRI: a comparison of ten methods using the ADNI database. *neuroimage*, 56(2), 766-781.
- [7] Das, R. (2010). A comparison of multiple classification methods for diagnosis of Parkinson disease. *Expert Systems with Applications*, 37(2), 1568-1572.
- [8] Esteva, A., Kuprel, B., Novoa, R. A., Ko, J., Swetter, S. M., Blau, H. M., & Thrun, S. (2017). Dermatologist-level classification of skin cancer with deep neural networks. *Nature*, 542(7639), 115.
- [9] Freitas, D. S., Camargo, C. Z., Mariz, H. A., Arraes, A. E. D., & de Souza, A. W. S. (2012). Takayasu arteritis: assessment of response to medical therapy based on clinical activity criteria and imaging techniques. *Rheumatology international*, 32(3), 703-709.
- [10] Johnston, S. L., Lock, R. J., & Gompels, M. M. (2002). Takayasu arteritis: a review. *Journal of clinical pathology*, 55(7), 481-486.
- [11] Khan, J., Wei, J. S., Ringner, M., Saal, L. H., Ladanyi, M., Westermann, F., ... & Meltzer, P. S. (2001). Classification and diagnostic prediction of cancers using gene expression profiling and artificial neural networks. *Nature medicine*, 7(6), 673.
- [12] Kohavi, R., & Quinlan, J. R. (2002, January). Data mining tasks and methods: Classification: decision-tree discovery. In *Handbook of data mining and knowledge discovery* (pp. 267-276). Oxford University Press, Inc..
- [13] Kwon, O. C., Lee, S. W., Park, Y. B., Oh, J. S., Lee, S. H., Hong, S., ... & Kim, Y. G. (2018). Extravascular manifestations of Takayasu arteritis: focusing on the features shared with spondyloarthritis. *Arthritis research & therapy*, 20(1), 142.

- [14] Lee, G. Y., Jang, S. Y., Ko, S. M., Kim, E. K., Lee, S. H., Han, H., ... & Kim, D. K. (2012). Cardiovascular manifestations of Takayasu arteritis and their relationship to the disease activity: analysis of 204 Korean patients at a single center. *International journal of cardiology*, 159(1), 14-20.
- [15] Li, J., Sun, F., Chen, Z., Yang, Y., Zhao, J., Li, M., ... & Zeng, X. (2017). The clinical characteristics of Chinese Takayasu's arteritis patients: a retrospective study of 411 patients over 24 years. *Arthritis research & therapy*, 19(1), 107.
- [16] Lourakis, M. I. (2005). A brief description of the Levenberg-Marquardt algorithm implemented by levmar. *Foundation of Research and Technology*, 4(1), 1-6.
- [17] Lv, C., Xing, Y., Zhang, J., Na, X., Li, Y., Liu, T., ... & Wang, F. Y. (2017). Levenberg–Marquardt backpropagation training of multilayer neural networks for state estimation of a safety-critical cyber-physical system. *IEEE Transactions on Industrial Informatics*, 14(8), 3436-3446.
- [18] Matsunaga, N., Hayashi, K., Sakamoto, I., Ogawa, Y., & Matsumoto, T. (1997). Takayasu arteritis: protean radiologic manifestations and diagnosis. *Radiographics*, 17(3), 579-594.
- [19] Mwiripatayi, B. P., Jeffery, P. C., Beningfield, S. J., Matley, P. J., Naidoo, N. G., Kalla, A. A., & Kahn, D. (2005). Takayasu arteritis: clinical features and management: report of 272 cases. *ANZ journal of surgery*, 75(3), 110-117.
- [20] Rivière, E., Arnaud, L., Ebbo, M., Allanore, Y., Claudepierre, P., Dernis, E., ... & Soubrier, M. (2017). Takayasu arteritis and spondyloarthritis: coincidence or association? A study of 14 cases. *The Journal of rheumatology*, 44(7), 1011-1017.
- [21] Samuel, O. W., Asogbon, G. M., Sangaiah, A. K., Fang, P., & Li, G. (2017). An integrated decision support system based on ANN and Fuzzy_AHP for heart failure risk prediction. *Expert Systems with Applications*, 68, 163-172.
- [22] Sapna, S., Tamilarasi, A., & Kumar, M. P. (2012). Backpropagation learning algorithm based on Levenberg Marquardt Algorithm. *Comp Sci Inform Technol (CS and IT)*, 2, 393-398.
- [23] Schmidt, J., Kermani, T. A., Bacani, A. K., Crowson, C. S., Cooper, L. T., Matteson, E. L., & Warrington, K. J. (2013, August). Diagnostic features, treatment, and outcomes of Takayasu arteritis in a US cohort of 126 patients. In *Mayo Clinic Proceedings (Vol. 88, No. 8, pp. 822-830)*. Elsevier.
- [24] Shen, C., Wang, L., & Li, Q. (2007). Optimization of injection molding process parameters using combination of artificial neural network and genetic algorithm method. *Journal of Materials Processing Technology*, 183(2-3), 412-418.
- [25] Temurtas, H., Yumusak, N., & Temurtas, F. (2009). A comparative study on diabetes disease diagnosis using neural networks. *Expert Systems with applications*, 36(4), 8610-8615.
- [26] Wendler, T., & Gröttrup, S. (2016). *Data mining with SPSS modeler: theory, exercises and solutions*. Springer.
- [27] Yu, H., & Wilamowski, B. M. (2011). Levenberg-marquardt training. *Industrial electronics handbook*, 5(12), 1.

Abstract

The development of Takayasu, one of the most dangerous vessels inflammation disease, may causes risky effects such as death. The well-timed treatment and fast diagnosis help us to control it well. The physicians can also avoid the whole destruction of vessels if it is detected perfectly at earlier stages. This thesis proposes an approach that uses Artificial Neural Network (ANN) with Levenberg-Marquardt (LM) training method along with Genetic Algorithm. First, the dataset is analysed to choose the most effective parameters and they are then normalized using z-core technique. Second, we propose a multilayer perceptron (MLP) structure and a GA-learned one to classify persons into different categories: “patient”, “normal”, and “not detected”. Finally, their performances are computed using different measures. The results show that the proposed structures can detect Takayasu effectively. In addition, the the GA-trained MLP returns higher accuracy than the LM-trained one.

Keyword: Takayasu disease, inflammation, diagnosis, Artificial Neural Networks, Levenberg Marquardt, Genetic Algorithm, z-core technique, accuracy



**Shahrood University of
Technology**

Faculty of Electrical Engineering and Robotic

M.Sc. Thesis in Control Engineering

Diagnosis of Takayasu disease

By: Parisa Ramezani Majd

Supervisor:

Dr. Ali Reza Alfi

Advisor:

Dr. Heidar Toosian shandiz

May 2019