

A Method Based on an Evolutionary Algorithm to Achieve an Efficient Artificial Neural Network Model for Prediction of Breast Tumors Status

Mahaar Daaraee¹,
Javad Vahidi²,
Abbas Alipour³

¹ MSc in Computer Engineering, Department of Computer Engineering, Ayatollah Amoli Branch, Islamic Azad University, Amol, Iran

² Assistant Professor, Department of Applied Mathematics, Faculty of Mathematics, Iran University of Science and Technology, Nour, Iran

³ Assistant Professor, Department of Community Medicine, Faculty of Medicine, Mazandaran University of Medical Sciences, Sari, Iran

(Received March 13, 2015 Accepted May30, 2015)

Abstract

Background and purpose: Intelligent methods such as artificial neural networks (ANN) have been recently used as an efficient model for prediction and classification of tumors. Diagnosis of benign and malignant breast tumors based on morphological, clinical and demographic features without using invasive paraclinical methods is very important. The aim of this study was to provide a neural network model to predict the status of breast tumors and compare its efficacy with the common regression model.

Materials and methods: In this study, Wisconsin breast cancer database was used. It was obtained from cytology results of the breast tumors of 683 patients. In the proposed model different features such as clump thickness, uniformity of cell size, uniformity of cell shape, etc. were used as input variables. We applied the genetic algorithm (GA) for determination of the best structure and training of multi-layer NN model was implemented in MATLAB. The performance of proposed NN model was compared applying logistic regression (LR) in SPSS. 5-fold cross validation was used for accurate calculation of the performance of the models.

Results: The results found GA capable of determining the best structure for a multi-layer NN that could also train it properly. In different performances the best NN structure was NN(9-8-6-1) with an average accuracy, sensitivity, specificity, and AUC (area under ROC curve) of 0.971, 0.988, 0.962, and 0.9955, respectively, while the values of the corresponding parameters for LR were 0.968, 0.975, 0.964 and 0.9954, respectively.

Conclusion: The achieved ANN model could be used as a method with high sensitivity and specificity alongside common non-invasive diagnostic methods as a diagnosis support system to identify benign and malignant breast tumors.

Keywords: Invasive methods, cutoff prediction, artificial neural network, K-fold cross validation, ROC curve

ارائه روشی مبتنی بر یک الگوریتم تکاملی برای دستیابی به مدلی کارآمد از شبکه عصبی مصنوعی جهت پیش بینی وضعیت تومورهای پستان

مهیار دارائی^۱
جواد وحیدی^۲
عباس علی پور^۳

چکیده

سابقه و هدف: اخیراً روش های هوشمند نظیر شبکه های عصبی مصنوعی به عنوان یک مدل کارآمد جهت پیش بینی و طبقه بندی تومورها مورد استفاده قرار گرفته اند. تشخیص خوش خیمی و یا بدخیمی توده های پستانی بر اساس خصوصیات مورفولوژیک، بالینی و دموگرافیک و بدون استفاده از روش های تهاجمی پاراکلینیکی بسیار با اهمیت است. هدف این پژوهش ارائه یک مدل شبکه عصبی برای پیش بینی وضعیت تومورهای پستان و مقایسه کارآمدی آن با مدل رایج رگرسیونی می باشد.

مواد و روش ها: Wisconsin Breast Cancer Database به عنوان مجموعه داده ای این تحقیق، مورد استفاده قرار گرفته است. این مجموعه، از طریق نتایج سیتولوژی تومورهای ناحیه پستان ۶۸۳ بیمار مختلف به دست آمده است. ویژگی هایی هم چون ضخامت توده، یکنواختی اندازه و شکل سلول و ... به عنوان متغیرهای ورودی مدل پیشنهادی به کار رفته اند. از الگوریتم ژنتیک (GA) برای تعیین بهترین ساختار و نیز آموزش مدل شبکه عصبی چند لایه استفاده و پیاده سازی آن در نرم افزار MATLAB انجام گردیده است. کارایی مدل شبکه عصبی پیشنهادی با رگرسیون لجستیک مقایسه و برازش مدل رگرسیون لجستیک در نرم افزار SPSS انجام شده است. برای محاسبه دقیق کارایی مدل ها از تکنیک 5-fold cross validation استفاده شده است.

یافته ها: نتایج نشان داد که GA توانایی تعیین بهترین ساختار برای یک شبکه چند لایه را دارد و شبکه را نیز به نحو مطلوب آموزش می دهد. بر اساس نتایج حاصله، پس از اجراهای مختلف، بهترین مدل شبکه عصبی با ساختار NN(9-8-6-1) به دست آمد که دقت، حساسیت، ویژگی و سطح زیر منحنی ROC آن به طور میانگین به ترتیب ۰/۹۷۱، ۰/۹۸۸، ۰/۹۶۲ و ۰/۹۹۵۵ بود. ضمن آن که مقادیر همین پارامترها برای رگرسیون لجستیک به ترتیب ۰/۹۶۸، ۰/۹۷۵، ۰/۹۶۴ و ۰/۹۹۵۴ به دست آمد.

استنتاج: بدین ترتیب مدل شبکه عصبی به دست آمده می تواند در کنار روش های تشخیصی غیر تهاجمی معمول، به عنوان یک سیستم پشتیبان تشخیص با حساسیت و ویژگی بالا، جهت شناسایی تومورهای خوش خیم و بدخیم پستان مورد استفاده قرار گیرد.

واژه های کلیدی: روش های تهاجمی، نقطه برش پیش بینی، شبکه عصبی مصنوعی، K-fold cross validation، منحنی ROC

مقدمه

امروزه سرطان پستان به عنوان یک معضل اجتماعی در همه جوامع در حال افزایش است (۱، ۲) و علت اصلی مرگ ناشی از سرطان در زنان ۲۰ تا ۵۹ ساله به شمار می رود (۳). این بیماری در کشورمان رتبه دوم را بعد از

مؤلف مسئول: مهیار دارائی - آمل: ۵ کیلومتر جاده قدیم آمل به بابل، فرعی دانشگاه، دانشگاه آزاد اسلامی واحد آیت الله آملی E-mail: mahyar354@yahoo.com

۱. کارشناسی ارشد مهندسی کامپیوتر، گروه مهندسی کامپیوتر، دانشگاه آزاد اسلامی واحد آیت الله آملی، آمل، ایران

۲. استادیار، گروه ریاضی کاربردی، دانشکده ریاضی، دانشگاه علم و صنعت ایران، نور، ایران

۳. استادیار، گروه پزشکی اجتماعی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی مازندران، ساری، ایران

© تاریخ دریافت: ۱۳۹۳/۱۲/۲۳ تاریخ ارجاع جهت اصلاحات: ۱۳۹۴/۱/۲۵ تاریخ تصویب: ۱۳۹۴/۳/۹

سرطان ریه و رتبه نخست را در بین سرطان زنان دارد(۴). میانگین بقای بیماران بعد از تشخیص بیماری، ۵۵ ماه بوده، بیماران به طور متوسط بعد از تشخیص تا ۴۹ سالگی عمر می کنند(۳).

تشخیص صحیح بیماری سرطان پستان یکی از مسائل عمده دنیای پزشکی است؛ زیرا که تشخیص صحیح و به موقع این بیماری تاثیر به سزایی در ارائه درمان به موقع و کنترل آن دارد(۵). روش هایی هم چون نمونه برداری و عمل جراحی، اگرچه بهترین روش ارزیابی بیماری سرطان پستان می باشند، ولی یک روش گران، وقت گیر و تهاجمی بوده، با خطراتی نظیر عوارض بیهوشی، استرس بیمار و ... همراه می باشد(۴)؛ لذا برای شناسایی و ارزیابی میزان وسعت این بیماری قبل از انجام روش های پیشگفت، روش های غیر تهاجمی (مانند ماموگرافی و رادیوگرافی و...) انجام می گیرد که به علت دقت پایین این روش ها و احتمال وقوع خطاهای انسانی، ممکن است در نتایج، مثبت یا منفی کاذب داشته باشیم که برای بیمار خطر آفرین می باشد(۴). از این رو وجود سیستم های پشتیبان تصمیم گیری در کنار روش های دیگر برای کم کردن نتایج کاذب لازم به نظر می رسد و در صورتی که بتوان به مدلی دست یافت که وضعیت بیماری سرطان پستان را با دقت بالایی پیش بینی کند، علاوه بر جلوگیری از روش های تهاجمی، به پزشکان معالج نیز در تشخیص زودرس آن، کمک شایانی می کند. از طرفی دیگر، فرآیند طبقه بندی داده ها با استفاده از دانشی که از داده های شناخته شده به دست می آید، امروزه یکی از پرطرفدارترین موضوعات مورد مطالعه در آمار، علوم تصمیم گیری، علوم کامپیوتری و مسائل پزشکی می باشد(۶). مسائل متنوعی نظیر تشخیص تصاویر، تشخیص بیماری و... از تکنیک های طبقه بندی استفاده می کنند(۸،۷). اخیراً مدل های هوشمند نظیر شبکه های عصبی مصنوعی (که از این پس در این مقاله جهت رعایت اختصار به آن شبکه های عصبی یا ANNs

خواهیم گفت)، در این حوزه، به فراوانی مورد استفاده قرار گرفته اند(۱۰،۹). در این گونه مسائل استفاده از مدل های کلاسیک آماری با محدودیت ها و مشکلاتی همراه است. همواره مشکل برقراری شرایط اولیه مورد نیاز این مدل ها مانند توزیع نرمال متغیرهای پاسخ، یکسان بودن واریانس خطا و ... که بر پایه آن بتوان مدل مناسبی بر اساس داده های مورد نظر برآزش نمود، وجود داشته است. ANNs که از روش های نوین مدلسازی و پیش بینی هستند، محدودیت های روش های کلاسیک را ندارند(۱۱).

ایده اصلی شبکه های عصبی مصنوعی که در اصل یک مدل ریاضی می باشند، تا حدودی الهام گرفته از شیوه کارکرد سیستم عصبی زیستی، برای پردازش داده ها و اطلاعات به منظور یادگیری و ایجاد دانش می باشد. عنصر کلیدی این ایده، ایجاد ساختارهایی جدید برای سامانه پردازش اطلاعات است. این سیستم از شمار زیادی عناصر پردازشی فوق العاده به هم پیوسته با نام نورون یا گره یا سلول تشکیل شده که برای حل یک مسأله با هم هماهنگ عمل می کنند. ساده ترین نوع از شبکه عصبی، بر مبنای یک واحد محاسباتی به نام پرسپترون ساخته می شود. یک پرسپترون، برداری از ورودی های با مقادیر حقیقی را گرفته و یک ترکیب خطی از این ورودی ها را محاسبه می کند. اگر حاصل از یک مقدار آستانه بیش تر بود، خروجی پرسپترون برابر با ۱ و در غیر این صورت معادل ۰ خواهد بود. افزودن بایاس موجب می شود تا استفاده از شبکه پرسپترون با سهولت بیش تری انجام شود. بدین ترتیب خروجی شبکه از رابطه زیر به دست می آید:

$$y = b + \sum_{i=1}^n x_i w_i$$

از شبکه های عصبی تک لایه برای طبقه بندی الگوها می توان استفاده نمود. این شبکه ها می توانند تنها الگوهایی که به طور خطی در فضای ورودی از هم مستقلند، جدا نمایند. در این تحقیق احتیاج داریم که

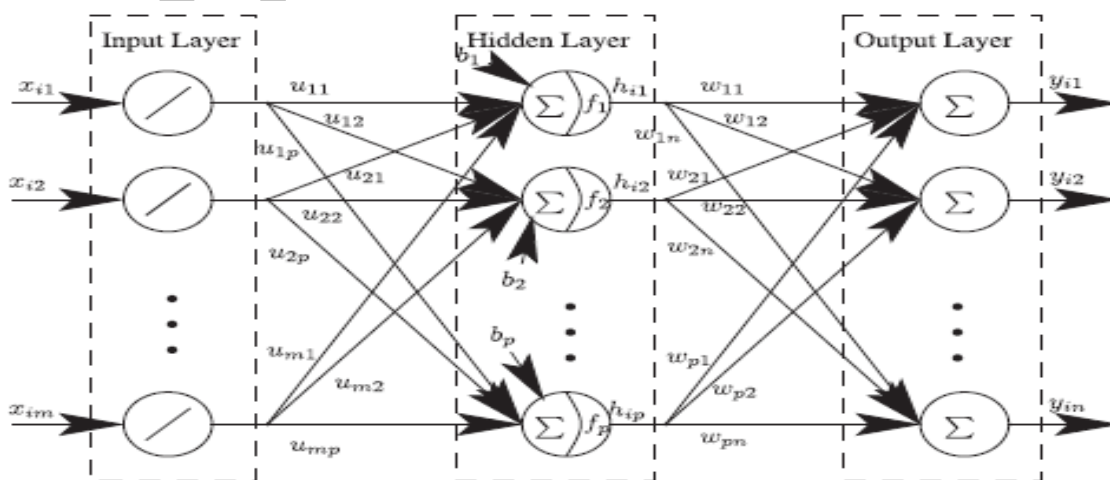
شدن نحوه تعیین وزن‌ها و ورود داده‌ها، لازم می‌باشد که وزن‌های ورودی به گره‌های لایه میانی و لایه خروجی توسط یک تابع، مورد محاسبه و استنتاج قرار گرفته، بر آن اساس مقادیر خروجی از آن‌ها صادر شود که به این توابع، توابع فعال ساز گویند. معروف‌ترین انواع توابع فعال ساز، نوع خطی، Hyperbolic Tangent Sigmoid و Log-Sigmoid می‌باشند. در تصویر شماره ۱، ساختار یک ANN چند لایه نمایش داده شده است.

اگر یک شبکه را هم ارز با یک گراف بدانیم، فرآیند آموزش شبکه تعیین مقادیر بهینه برای وزن‌ها و بایاس‌ها خواهد بود (۱۲). با توجه به نیاز دنیای پزشکی به سیستم‌های پشتیبان تصمیم‌گیر و روش‌های غیر تهاجمی و هم‌چنین با توجه به توانایی‌های ANN، طی سالیان اخیر بسیاری از پژوهش‌ها مبتنی بر استفاده از ANNs در پیش‌بینی، طبقه‌بندی و تحلیل بیماری‌ها و... بوده است (۱۱، ۱۶، ۱۳). در حوزه بیماری سرطان پستان نیز بخشی از این تحقیق‌ها متمرکز بر ارزیابی بیماری با استفاده از وضعیت گره‌های لنفوسیتی زیربغلی (ALN)^۲ بوده است (۱۸، ۱۷). بعضی از پژوهش‌ها نیز به بررسی بقای بیماران پرداخته‌اند (۱۹، ۳). از آنجایی که پارامترهای حاصل از نتیجه سیتولوژی (یاخته‌شناسی)، مانند ضخامت توده سلولی و هم‌اندازه بودن و هم‌شکل بودن سلول‌ها

نگاشت مناسبی که خروجی سیستم را به ورودی‌های سیستم ارتباط می‌دهد، تقریب زده شود. بر خلاف پرسپترون‌ها شبکه‌های چند لایه می‌توانند این کار را انجام دهند. اجزای سازنده یک شبکه عصبی چند لایه شامل لایه‌ها و وزن‌ها می‌باشد. لایه‌ها بر پایه اتصال به هم پیوسته چندین نرون تشکیل می‌شود که مجموعه ورودی را به خروجی ربط می‌دهند. هر دو لایه از یک شبکه به وسیله وزن‌ها و در واقع اتصالات با هم ارتباط می‌یابند. در حالت کلی در شبکه‌های عصبی سه نوع لایه وجود دارد:

۱. لایه ورودی: شامل اطلاعات خام دریافتی است که به شبکه تغذیه شده است، به عبارت دیگر ورودی شبکه ویژگی‌های نمونه‌ها می‌باشد.
 ۲. لایه‌های پنهان: عملکرد این لایه‌ها به وسیله ورودی‌ها و وزن ارتباط بین آن‌ها و لایه پنهان تعیین می‌شود. وزن‌های بین ورودی‌ها و نرون‌های لایه پنهان تعیین می‌کند که چه وقت یک نرون لایه پنهان باید فعال شود.
 ۳. لایه خروجی: عملکرد لایه خروجی بسته به فعالیت نرون‌های لایه پنهان و وزن ارتباط بین نرون‌های لایه پنهان و لایه خروجی می‌باشد.

توابع فعال ساز: آخرین مرحله پیاده‌سازی شبکه، تعیین توابع فعال‌ساز، برای نودهای لایه پنهان و لایه خروجی می‌باشد. پس از تعیین ساختار شبکه، مشخص



تصویر شماره ۱: ساختار یک شبکه عصبی چند لایه (۳)

1- Axillary Lymph Nodes

به عنوان شاخص‌های ارزیابی توده‌های سرطانی به حساب می‌آیند، می‌توانند به عنوان متغیرهای ورودی (متغیرهای مستقل یا ویژگی‌های) یک مدل ANN در تشخیص خوش خیم یا بدخیم بودن توده‌های ناحیه پستان به کار روند (۱۵). لذا این تحقیق سعی دارد با استفاده از این پارامترها یک مدل ANN با ساختار و کارایی بهینه را جهت پیش‌بینی (تشخیص) وضعیت تومورهای پستان (از لحاظ خوش خیمی و بدخیمی) پیشنهاد دهد و جهت ارزیابی مدل، کارایی آن را با مدل رگرسیون لجستیک مقایسه کند. پیش از این نیز تحقیقاتی برای پیش‌بینی خوش خیمی و بدخیمی تومورهای پستان با استفاده از ANN انجام شده است (۶، ۲۰)؛ ولی وجه مشترک این تحقیق‌ها و دیگر پژوهش‌هایی که در آن‌ها از ANN برای تشخیص‌های پزشکی استفاده شده است، این است که در آن‌ها تعیین ساختار بهینه شبکه‌های عصبی عمدتاً بدون استفاده از الگوریتمی مشخص و مبتنی بر سعی و خطا بوده است (۳، ۱۱، ۱۶-۱۳). لذا ما در این پژوهش قصد داریم ساختار بهینه مدل شبکه عصبی برای تشخیص وضعیت تومورهای پستان را با بهره‌گیری از یک الگوریتم تکاملی (در این تحقیق مشخصاً الگوریتم ژنتیک) تعیین نموده، علاوه بر آن، از این الگوریتم برای آموزش شبکه نیز استفاده نماییم.

الگوریتم ژنتیک (GA) یکی از انواع الگوریتم‌های تکاملی است که روش یادگیری آن بر پایه تکامل بیولوژیک است. این روش در سال ۱۹۷۰ توسط John Holland معرفی گردید. این الگوریتم برای حل یک مسئله، مجموعه بسیار بزرگی از راه حل (فرضیه)های ممکن را تولید می‌کند. هر یک از این راه حل‌ها با استفاده از یک «تابع تناسب» مورد ارزیابی قرار می‌گیرد. آن‌گاه تعدادی از بهترین راه حل‌ها باعث تولید راه حل (نسل)های جدیدی می‌شوند که این کار باعث تکامل راه حل‌ها می‌گردد. در زیر این الگوریتم ارائه می‌شود:

۱. Initialize: جمعیت P ، با تعداد p فرضیه به طور

اولیه و به صورت تصادفی مقداردهی می‌شود.

۲. Evaluate: برای هر فرضیه h در P مقدار تابع Fitness (h) محاسبه می‌شود.

۳. تا زمانی که $\text{Fitness}(h)_{\text{Best}} < \text{Threshold}$ تا زمانی که $\{ \text{Select} \}$ تعداد $p(1-r)$ فرضیه از میان P انتخاب و به P_s اضافه می‌شود.

Crossover: با استفاده از احتمال به دست آمده توسط رابطه $P(h_i) = \text{Fitness}(h_i) / \sum_j \text{Fitness}(h_j)$ تعداد $2+rp$ زوج فرضیه از میان P انتخاب و با استفاده از اپراتور Crossover دو فرزند از آنان ایجاد می‌شود. سپس فرزندان به P_s اضافه می‌شود.

Mutation: تعداد m درصد از اعضا P_s با احتمال یکنواخت انتخاب و یک بیت از هر یک از آن‌ها به صورت تصادفی معکوس می‌شود.

Update: $P \leftarrow P_s$

Evaluate: برای هر فرضیه h در P مقدار تابع Fitness (h) محاسبه می‌شود.

۴. فرضیه‌ای که دارای بیش‌ترین مقدار Fitness است، $\text{Fitness}(h) = \text{Fitness}(h)_{\text{Best}}$ برگردانده می‌شود (۲۱).

طی سال‌های اخیر، برخی از پژوهشگران از GA برای افزایش کارایی ANN بهره‌جسته‌اند. در این تحقیق‌ها، از GA عمدتاً برای آموزش شبکه و یا انتخاب بهترین متغیرهای ورودی استفاده می‌شده است (۲۴-۲۲). ما در این تحقیق سعی داریم با هدف رسیدن به یک پیش‌بینی بهتر برای وضعیت تومورهای پستان، از GA علاوه بر آموزش ANN، برای تعیین ساختار بهینه مدل ANN نیز استفاده و برای ارزیابی دقیق‌تر روش پیشنهادی، کارایی مدل به دست آمده را با نتایج دیگر تحقیقاتی که در آن‌ها وضعیت تومورهای پستان پیش‌بینی شده است، مقایسه نماییم.

مواد و روش‌ها

داده‌های مربوط به سرطان پستان که در این تحقیق مورد استفاده قرار گرفته است، توسط دکتر William H. Wolberg از دانشگاه ویسکونسن ایالات

¹ 1- Feature Selection

ویژگی‌ها با خوش خیمی یا بدخیمی تومورهای ناحیه پستان است و بر این اساس همه ویژگی‌ها را به عنوان متغیرهای ورودی، در مدل شبکه عصبی استفاده نمودیم. برای به کارگیری داده‌ها در مدل شبکه عصبی مصنوعی، ابتدا باید آن‌ها را نرمال نمود. بدین منظور کلیه داده‌های هر ستون داده‌ای (ویژگی) را بر مقدار بیشینه هر ستون که عدد ۱۰ می‌باشد، تقسیم نمودیم که در نتیجه کلیه داده‌ها در بازه [۰، ۱] قرار گرفتند.

برای محاسبه دقیق کارایی مدل پیشنهادی در مراحل آموزش و آزمون از روش 5-fold cross validation استفاده نمودیم (۲۵). بر این اساس، مجموعه داده‌ای را به پنج قسمت تقریباً مساوی تقسیم نموده، به گونه‌ای که نسبت داده‌های دو کلاس (بدخیم به خوش خیم) در هر قسمت، برابر با نسبت آن‌ها در کل داده‌ها یعنی (۴۴۴÷۲۳۹) باشد. بر اساس این روش، در هر اجراء، چهار قسمت از پنج قسمت از داده‌ها جهت آموزش شبکه و یک قسمت باقیمانده برای آزمون شبکه استفاده گردید. این عمل برای هر پنج قسمت، انجام شده، میانگین پارامترهای مربوط به کارایی شبکه در مراحل آموزش و آزمون به طور جداگانه، محاسبه گردید.

هدف ما در این تحقیق، تعیین اوزان و ساختار بهینه برای یک شبکه عصبی چند لایه بود. لذا برای نیل به این هدف از الگوریتم ژنتیک استفاده نمودیم. در حقیقت حوزه استفاده از الگوریتم‌های تکاملی و (در این تحقیق الگوریتم ژنتیک) در شبکه‌های عصبی آن جایی است که آموزش یک شبکه و به عبارتی دیگر تعیین وزن یال‌های آن به یک مساله بهینه سازی ختم می‌شود که ما در این تحقیق از الگوریتم ژنتیک علاوه بر این کاربرد، یعنی استفاده در تعیین وزن یال‌های یک شبکه چند لایه، برای تعیین ساختار آن نیز استفاده نمودیم.

جهت پیاده‌سازی، در گام نخست، مجموعه‌ای از راه‌حل‌ها (جواب‌ها یا فرضیه‌ها یا کروموزوم‌ها) را که جمعیت اولیه نامیده می‌شوند، تولید کردیم. این جواب‌ها در برگیرنده اوزان یال‌ها، بایاس‌ها و پارامترهای مختلف

متحدہ آمریکا گردآوری شده است و ما در این تحقیق آن را به اختصار WBCD (Wisconsin Breast Cancer Database) می‌نامیم. این مجموعه، دارای ۶۹۹ نمونه (رکورد) داده‌ای می‌باشد که از طریق سیتولوژی تومورهای ناحیه پستان به دست آمده‌اند. هر نمونه داده‌ای دارای نه ویژگی می‌باشد که مقادیر عددی صحیح، در بازه [۱، ۱۰] دارند. برای ارزیابی اولیه این ویژگی‌ها آزمون T را در نرم‌افزار SPSS بر روی این متغیرها اجرا نمودیم که نتایج این آزمون به همراه شرح ویژگی‌ها در جدول شماره ۱ ارائه می‌شود.

جدول شماره ۱: نتایج آزمون T بر روی ویژگی‌های داده‌ها

ردیف	نام ویژگی (متغیر مستقل)	کلاس (متغیر وابسته)	تعداد	انحراف معیار ± میانگین	سطح معنی‌دار*
۱	Clump Thickness	خوش خیم (۱)	۴۴۴	۲/۹۶ ± ۱/۶۷۳	۰/۰۰۰
		بدخیم (۲)	۲۳۹	۷/۱۹ ± ۲/۴۳۸	
۲	Uniformity of Cell Size	خوش خیم (۱)	۴۴۴	۱/۳۱ ± ۰/۸۵۶	۰/۰۰۰
		بدخیم (۲)	۲۳۹	۶/۵۸ ± ۲/۷۲۴	
۳	Uniformity of Cell Shape	خوش خیم (۱)	۴۴۴	۱/۴۱ ± ۰/۹۵۷	۰/۰۰۰
		بدخیم (۲)	۲۳۹	۶/۵۸ ± ۲/۵۶۹	
۴	Marginal Adhesion	خوش خیم (۱)	۴۴۴	۱/۳۵ ± ۰/۹۱۷	۰/۰۰۰
		بدخیم (۲)	۲۳۹	۵/۵۹ ± ۳/۱۹۷	
۵	Single Epithelial Cell Size	خوش خیم (۱)	۴۴۴	۲/۱۱ ± ۰/۸۷۷	۰/۰۰۰
		بدخیم (۲)	۲۳۹	۵/۳۳ ± ۲/۴۴۳	
۶	Bare Nuclei	خوش خیم (۱)	۴۴۴	۱/۳۵ ± ۱/۱۷۸	۰/۰۰۰
		بدخیم (۲)	۲۳۹	۷/۶۳ ± ۳/۱۱۷	
۷	Bland Chromatin	خوش خیم (۱)	۴۴۴	۲/۰۸ ± ۱/۰۶۲	۰/۰۰۰
		بدخیم (۲)	۲۳۹	۵/۹۷ ± ۲/۲۸۲	
۸	Normal Nucleoli	خوش خیم (۱)	۴۴۴	۱/۲۶ ± ۰/۹۵۵	۰/۰۰۰
		بدخیم (۲)	۲۳۹	۵/۸۶ ± ۳/۳۴۹	
۹	Mitoses	خوش خیم (۱)	۴۴۴	۱/۰۷ ± ۰/۵۱۰	۰/۰۰۰
		بدخیم (۲)	۲۳۹	۲/۶۰ ± ۲/۵۶۴	

* سطح معنی‌دار در فاصله اطمینان ۹۵٪ محاسبه شده است.

داده‌ها در دو کلاس (گروه)، خوش خیم و بدخیم، طبقه‌بندی شده‌اند. از آن جایی که ۱۶ رکورد، هر کدام دارای یک فیلد خالی بودند، ما آن‌ها را از مجموعه داده‌ای حذف نمودیم و در نتیجه ۶۸۳ نمونه باقی ماندند که از این تعداد، ۴۴۴ نمونه متعلق به بیمارانی با تومور خوش خیم و ۲۳۹ نمونه متعلق به بیماران با تومور بدخیم می‌باشد. همان‌طور که در جدول شماره ۱، مطابق با نتایج آزمون T مشاهده می‌شود، میانگین و انحراف معیار کلیه ویژگی‌ها در دو گروه سالم و بیمار تفاوت معنی‌داری دارند و این موضوع حاکی از ارتباط مقادیر همه این

مربوط به ساختار یک شبکه عصبی بودند که می‌خواستیم با توجه به آن‌ها و با کمک GA، ضمن آموزش (بهینه‌سازی اوزان یال‌ها و بایاس‌ها)، بر اساس متغیرهای ورودی، بهترین ساختار ممکن برای مدل شبکه عصبی چند لایه را (از لحاظ تعداد لایه‌های میانی، تعداد گره‌های لایه‌های میانی و خروجی و نیز نوع توابع فعال‌ساز گره‌های لایه‌های میانی و خروجی) پیشنهاد دهیم.

قرارداد: در این مقاله، شبکه $NN(m,n,k)$ بیانگر ساختار شبکه ای با m متغیر ورودی، n گره در لایه میانی و k گره در لایه خروجی می‌باشد.

فضای جستجو جواب‌ها: محدود به انتخاب مقادیری محتمل برای رسیدن به یک ساختار بهینه بود تا با پرهیز از جستجو در فضایی غیر متعارف، از پیچیدگی مسئله و افزایش هر چه بیش تر زمان اجرا جلوگیری شود. یک معیار متداول که معمولاً برای تعیین تعداد گره‌های لایه میانی استفاده می‌شود، رابطه زیر است (۱۲):

$$+1 \text{ (تعداد ویژگی‌ها)} \times 2 = \text{تعداد نرون‌های لایه میانی}$$

ما فضای جستجو را برای تعیین تعداد گره‌های لایه میانی، در بازه‌ای گسترده‌تر نسبت به معیار پیشگفت، یعنی بازه $[1, 28] + 1 = [29, 29]$ در نظر گرفتیم. با توجه به این که هدف، تخصیص نمونه‌ها به یکی از دو گروه ممکن (خوش خیم یا بدخیم) می‌باشد، شبکه منطقیاً باید دارای دو گره در لایه خروجی خود باشد، که در هر وضعیت یکی از گره‌ها فعال و دیگری غیرفعال شود. با این حال می‌توان از یک گره در لایه خروجی نیز استفاده نمود؛ بدین ترتیب که با انتخاب یک نقطه برش مناسب در مقادیر خروجی، داده‌های دو گروه را از هم تفکیک

نمود. بنابراین فضای جستجو برای تعداد گره‌های لایه خروجی را، بازه $[1, 2]$ در نظر گرفتیم. با عنایت به این که در مطالعات قبلی (۶، ۲۰)، تعداد لایه‌های میانی یک در نظر گرفته شده و یک لایه میانی معمولاً جوابگوی مسائل بوده است، ما در این تحقیق فضای جستجوی تعداد لایه میانی را بازه‌ای گسترده‌تر، $[1, 2]$ در نظر گرفته‌ایم. با توجه به فضای جستجوی پیشگفت و این که ۲۸ گره لایه میانی می‌تواند در ساختارهایی با یک لایه میانی و یا دو لایه میانی توزیع شوند، در هنگام پیاده‌سازی مساله، فضای جستجو برای شبکه‌هایی با یک لایه میانی از ساختار $NN(9-1-1)$ تا ساختار $NN(9-28-2)$ و برای شبکه‌هایی با دو لایه میانی از ساختار $NN(9-1-1)$ تا ساختار $NN(9-14-14-2)$ را در بر گرفت. فضای جستجوی توابع فعال ساز گره‌ها نیز دربرگیرنده توابع پر کاربرد یعنی خطی، Hyperbolic Tangent Sigmoid و Log-Sigmoid می‌باشد. بدین ترتیب هر یک از این جواب‌ها (کروموزوم‌ها) به ازای هر یک از پارامترها، دارای صفاتی (ژن‌هایی) بودند که مطابق با جدول شماره ۲ در جمعیت اولیه مقدار گرفتند.

نحوه ارزیابی جواب‌ها (کروموزوم‌ها): برای مقایسه کارایی جواب‌های مختلف و انتخاب بهترین اعضا جمعیت، تابع هزینه را تعریف کردیم؛ به نحوی که پس از اجرای کامل GA، فرضیه‌ای که تابع هزینه آن، مقدار کم‌تری داشته باشد، به عنوان جواب بهینه انتخاب گردد. تابع هزینه در اولویت اول برابر با خطای مدل در پیش‌بینی متغیرهای پاسخ براساس داده‌های ورودی (برحسب درصد) و در اولویت دوم برابر با خطای مدل در تشخیص

جدول شماره ۲: مقادیر ژن‌های متناظر با هر یک از پارامترهای ساختار شبکه عصبی در کروموزوم‌های جمعیت اولیه

نام پارامتر	مقدار ژن متناظر کروموزوم‌های جمعیت اولیه
وزنها و بایاس‌های شبکه	به ازای هر یک از یالها و بایاس‌ها و وزن متناظر با آن، یک ژن اختصاص داده می‌شود که مقادیر تصادفی در بازه $(-1, 1)$ دارند.
تعداد گره‌های لایه خروجی	به صورت تصادفی مقدار ۱ یا ۲
تعداد لایه‌های میانی	به صورت تصادفی مقدار ۱ یا ۲
تعداد گره‌های لایه‌های میانی	در صورتی که ژن قبلی (ژن تعداد لایه میانی)، مقدار ۱ داشته باشد، برای این پارامتر تنها یک ژن اختصاص می‌دهیم که به طور تصادفی مقداری در بازه $[1, 28]$ دارد و در صورتی که مقدار ۲ داشته باشد، برای این پارامتر دو ژن اختصاص می‌دهیم که به طور تصادفی مقداری در بازه $[1, 14]$ دارند.
نوع توابع فعال‌ساز گره‌های لایه‌های میانی اول، دوم و خروجی	متناظر با گره‌های هر یک از لایه‌ها یک ژن اختصاص داده می‌شود (نوع تابع فعال‌ساز همه گره‌های یک لایه یکسان می‌باشد) که متناظر با هر یک از سه تابع مورد استفاده، به طور تصادفی مقداری در بازه $[1, 3]$ می‌گیرند.

عصبی مصنوعی، آموزش و بهینه‌سازی ساختار آن با استفاده از الگوریتم ژنتیک، در نرم‌افزار MATLAB انجام شده است.

رگرسیون لجستیک: یک مدل آماری معمول برای پیش بینی متغیرهای وابسته دو حالتی مانند بیماری یا سلامت است. این مدل به صورت

$$\logit(p) = \ln\left(\frac{p}{1-p}\right) = \alpha + \beta_1 x_{1i} + \dots + \beta_n x_{ni} \quad i=1,2,\dots,n$$

است و

$$p = \Pr(Y_i = 1|X) = \frac{e^{\alpha + \beta_1 x_{1i} + \dots + \beta_n x_{ni}}}{1 + e^{\alpha + \beta_1 x_{1i} + \dots + \beta_n x_{ni}}}$$

در این مدل، p احتمال تعلق فرد به سطح اول متغیر وابسته، x_{1i}, \dots, x_{ni} متغیر مستقل k ام از نمونه i ام و β_1, \dots, β_n ضریب برآورد شده مدل برای متغیر مستقل k ام است.

از مزایای استفاده از این مدل علاوه بر مدل‌سازی مشاهده‌ها، امکان پیش‌بینی احتمال تعلق هر فرد به هر یک از سطوح متغیر وابسته و هم چنین امکان محاسبه‌ی مستقیم نسبت شانس با استفاده از ضرایب مدل است (۱۱). ما در این پژوهش، مدل رگرسیون لجستیک را در نرم‌افزار SPSS تشکیل داده، سپس کارایی آن را با مدل بهینه شبکه عصبی مقایسه نمودیم که نتایج آن در بخش بعدی می‌آید. منحنی مشخصه عملکرد (ROC Curve): با توجه به دو سطحی بودن متغیر پاسخ (خوش‌خیم یا بدخیم)، یک ملاک مناسب برای سنجش کیفیت مدل‌های برازش شده و تعیین توان پیش‌بینی صحیح آن‌ها استفاده از سطح زیرمنحنی ROC است. این منحنی عبارت است از حساسیت بر حسب یک منهای ویژگی مساحت زیر آن که عددی بین ۰ و ۱ است، هر چه به ۱ نزدیک‌تر باشد، نشانه توان‌تر بودن مدل برای پیش‌بینی است (۱۱).

یافته‌ها

با توجه به استفاده از تکنیک اعتبارسنجی متقاطع ۵ دسته‌ای، برای هر ترکیب مختلف داده‌های آموزش و آزمون (مجموعاً ۵ ترکیب) مراحل زیر انجام شد.

تومورهای بدخیم (حساسیت=۱) تعریف گردید. در حالتی که فرضیه دارایی فقط یک گره در لایه خروجی باشد، رویکرد روش پیشنهادی، یافتن بهترین نقطه برش پیش‌بینی^۱ (۱۳) برای طبقه‌بندی خروجی‌های شبکه عصبی بود؛ به نحوی که در آن نقطه مقادیر تابع هزینه، کمینه گردد. جهت انتخاب کروموزوم‌ها برای Crossover از روش انتخاب چرخ دوار (Roulette Wheel Selection) استفاده شده است. با استفاده از این روش، شانس کروموزوم‌هایی با مقدار تابع هزینه کم‌تر برای عمل Crossover بیش‌تر بوده، در عین این که همه کروموزوم‌ها از حداقل شانس برای ترکیب با دیگر جواب‌ها و عمل Crossover برخوردار بودند. در هر بار اجرای الگوریتم ژنتیک، جمعیت اولیه‌ای بالغ بر ۲۵۰۰ کروموزوم که هر کروموزوم در برگیرنده خصوصیات مختلف ساختار یک شبکه عصبی بود، تشکیل و بر این اساس به ازای هر کروموزوم، یک شبکه چند لایه ساخته شد. سپس با استفاده از تابع هزینه، کارایی هر یک از ساختارها بر اساس مجموعه داده آموزشی محاسبه گردید. سپس اعضای جمعیت به ترتیب کارایی محاسبه شده، مرتب شدند، ۵ درصد از بهترین آن‌ها بدون تغییر به نسل بعدی منتقل شدند، ۶۰ درصد از کروموزوم‌ها با یکدیگر با استفاده از عملگر Crossover ترکیب شدند و بخشی دیگر از جمعیت نسل بعدی را تشکیل دادند و ۳۵ درصد باقیمانده از کروموزوم‌ها نیز جهش پیدا کرده و به نسل بعدی منتقل شدند و این عمل تا زمانی ادامه پیدا می‌کرد که تا ۱۰۰ نسل متوالی، بهترین کروموزوم (جواب) تغییر نکند. بدین ترتیب، ساختار و اوزان یک شبکه چند لایه آموزش دیده که بر اساس داده‌های آموزشی، کم‌ترین خطا را داشتند، به دست آمد. در آخرین گام، شبکه به دست آمده را با داده‌های آزمون شبیه‌سازی نموده، کارایی آن را سنجیدیم و این فرآیند را با استفاده از ایده ۵-fold cross validation، ۴ بار دیگر (مجموعاً ۵ بار) تکرار کردیم. لازم به ذکر است پیاده‌سازی شبکه

1- Cutoff Prediction

مرحله اول: تعیین ساختار و آموزش شبکه عصبی با استفاده از الگوریتم ژنتیک انجام شد که نتایج آن در جدول شماره ۳ می آید.

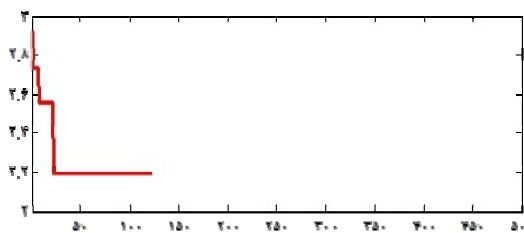
همان طور که مشاهده می شود بعد از هر ۵ اجرا، تمامی ساختارهای پیشنهادی توسط الگوریتم ژنتیک دارای دو لایه پنهان و یک گره در لایه خروجی بودند. تصاویر شماره ۲ و ۳، ضمن نشان دادن چگونگی نزدیک شدن الگوریتم ژنتیک به جواب بهینه، سیر کاهش خطای الگوریتم ژنتیک (برحسب درصد) طی نسل های متوالی، در پیش بینی توده های خوش خیم و بدخیم در اجزای چهارم و پنجم را نشان می دهند.

مرحله دوم: در این مرحله با فیکس کردن ۵ ساختار به دست آمده در مرحله قبل، از الگوریتم ژنتیک بر اساس ایده 5-fold cross validation به ازای هر ساختار، به تعداد ۴ بار دیگر و در هر بار با یک ترکیب از مجموعه داده ها (که ۸۰ درصد از داده ها را در بر می گرفتند)، فقط برای آموزش آن ها استفاده شد و بعد از هر بار اجرا با

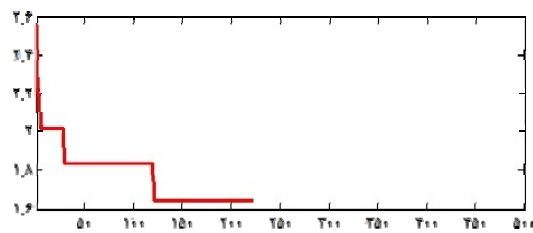
جدول شماره ۳: نتایج تعیین ساختار و آموزش شبکه با الگوریتم ژنتیک

Sp	Sen	Acc	Cut	Dtest	FuncO	Func2	Func1	N.O	N.H.2	N.H.1	N.H	Generation	Dtrain	ID
۰.۹۵۵	۱	۰.۹۷۱	۰.۶۳	F1	purelin	tansig	tansig	۱	۵	۶	۲	۱۲۲	All-{F1}	۱
۰.۹۵۵	۰.۹۵۸	۰.۹۵۶	۰.۶۱	F2	logsig	purelin	tansig	۱	۶	۸	۲	۱۰۷	All-{F2}	۲
۰.۹۴۴	۰.۹۳۸	۰.۹۴۲	۰.۲۶	F3	tansig	tansig	tansig	۱	۴	۶	۲	۱۰۳	All-{F3}	۳
۰.۹۶۶	۰.۹۵۸	۰.۹۶۴	۰.۸۱	F4	logsig	purelin	tansig	۱	۸	۱	۲	۲۲۲	All-{F4}	۴
۰.۹۷۷	۱	۰.۹۸۵	۰.۱۷	F5	tansig	tansig	logsig	۱	۵	۱۲	۲	۱۲۴	All-{F5}	۵

ID: شماره اجرا. Dtest و Dtrain به ترتیب مجموعه داده های آموزش و آزمون است. Generation شماره نسلی است که الگوریتم ژنتیک بعد از ۱۰۰ نسل متوالی، نتایج آن تغییر نکرده است. N.H: تعداد لایه های مخفی (میانی) پیشنهاد شده توسط الگوریتم ژنتیک است. N.H.1، N.H.2، N.O و تعداد گره های لایه به ترتیب مخفی اول، مخفی دوم و خروجی پیشنهاد شده توسط الگوریتم ژنتیک است. Func1، Func2 و FuncO: نوع تابع فعال ساز گره های لایه به ترتیب مخفی اول، مخفی دوم و خروجی پیشنهاد شده توسط الگوریتم ژنتیک می باشد. purelin، logsig و tansig: اختصار توابع به ترتیب خطی، Hyperbolic Tangent Sigmoid و Log-Sigmoid می باشد. بیانگر ۵ دسته داده است که به روش 5-Fold Cross validation انتخاب شده اند. Cut: نقطه برش طبقه بندی مقادیر خروجی، برای رسیدن به بالاترین دقت و حساسیت مدل است که بر اساس داده های آموزشی بدست می آید. Acc، Sen و Sp به ترتیب نرخ صحت (دقت)، پیش بینی، حساسیت و ویژگی مدل بر روی مجموعه داده ای آزمون می باشد.



تصویر شماره ۳: سیر کاهش خطای الگوریتم ژنتیک (بر حسب درصد) طی نسل های متوالی در اجرای ۵. محورهای افقی و عمودی به ترتیب، شماره نسل و خطای پیش بینی (برحسب درصد) می باشند.



تصویر شماره ۲: سیر کاهش خطای الگوریتم ژنتیک (بر حسب درصد) طی نسل های متوالی در اجرای ۴. محورهای افقی و عمودی به ترتیب، شماره نسل و خطای پیش بینی (برحسب درصد) می باشند.

استفاده از رگرسیون لجستیک (LR): بدین منظور، در ۵ اجرای مختلف و در هر بار اجرا، مدل رگرسیون لجستیک را بر اساس یکی از ترکیب‌های داده‌های آموزشی به دست آورده، بهترین نقطه برش پیش‌بینی برای تفکیک داده‌های کلاس ۱ از کلاس ۲ را تعیین نمودیم؛ سپس با توجه به نقطه برش تعیین شده، مدل یا داده‌های باقیمانده را آزمودیم که نتایج آن در جدول شماره ۵ می‌آید. با توجه به این جدول مشاهده می‌شود که میانگین دقت، حساسیت و ویژگی مدل رگرسیون لجستیک در مواجهه با داده‌های آزمون به ترتیب ۰/۹۶۸، ۰/۹۷۵ و ۰/۹۶۴ بوده است که با مقایسه آن با میانگین مشخصه‌های متناظر در مدل شبکه عصبی NN(9-8-6-1)، در می‌بایم که مدل شبکه عصبی مصنوعی در مقایسه با رگرسیون لجستیک، دقیق‌تر و حساس‌تر بوده است.

تحلیل با منحنی مشخصه عملکرد سیستم (ROC) جهت ارزیابی قدرت تشخیص مدل‌ها (مدل شبکه عصبی پیشنهادی و رگرسیون لجستیک) در تمایز بین دو گروه دارای توده خوش‌خیم و بدخیم، از منحنی ROC استفاده گردید. جدول شماره ۶، سطح زیر منحنی (AUC) هر دو مدل را در فاز آزمون در اجراهای پنج‌گانه نشان می‌دهد و تصاویر شماره‌های ۵ و ۶ برای نمونه، منحنی ROC مدل‌ها در اجرای ۵ (از جدول شماره ۶) می‌آید.

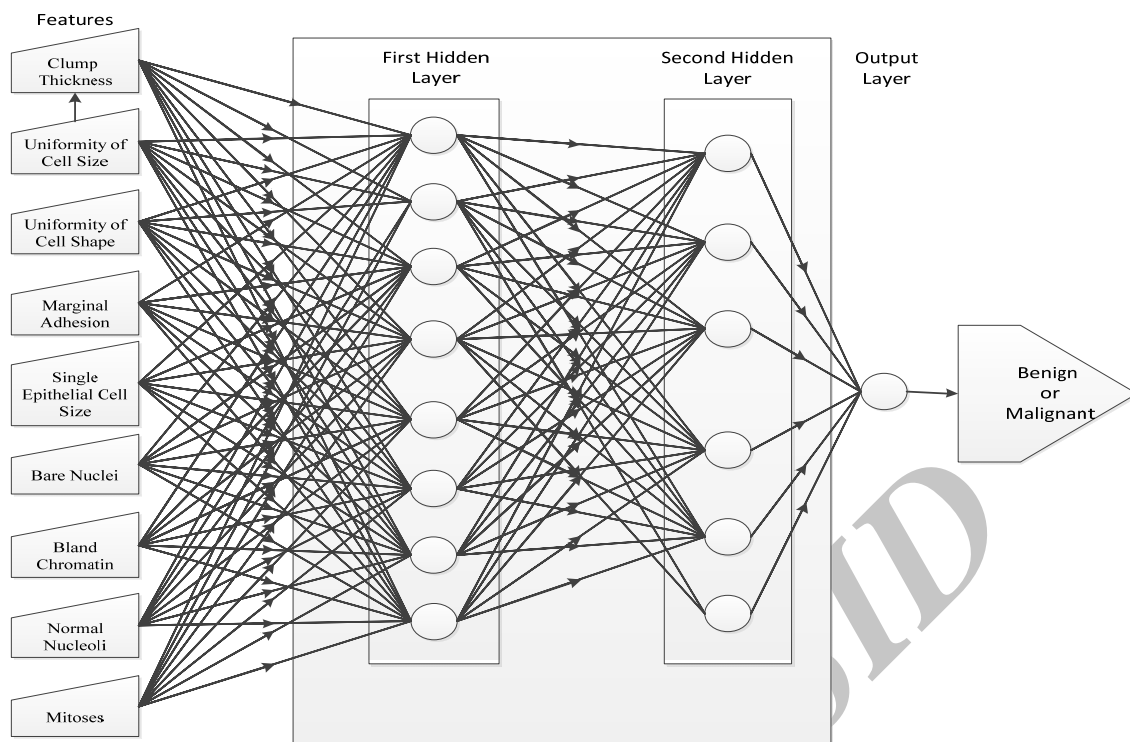
همان‌طور که در جدول شماره ۶ مشاهده می‌شود، سطح زیر منحنی ROC برای مدل شبکه عصبی و رگرسیون لجستیک به طور میانگین به ترتیب ۰/۹۹۵۵ و ۰/۹۹۵۴ به دست آمد.

که نتایج آموزش و آزمون این ساختار با ترکیب‌های داده‌ای مختلف در جدول شماره ۴ آمده است.

با توجه به این که تمامی ساختارهای پیشنهاد شده توسط GA دارای یک گره در لایه خروجی خود می‌باشند، در چنین حالتی خروجی شبکه مقداری در بازه [۰، ۱] خواهد داشت؛ به این معنی که خروجی شبکه (مقدار متغیر وابسته) در حالتی که ورودی‌های شبکه، مقادیر پارامترهای یک توده بدخیم است، در اکثر موارد، مقدار ۱ و یا یک عدد اعشاری نزدیک به ۱ و در حالتی که مقادیر پارامترهای یک توده خوش‌خیم است، در اکثر موارد، مقدار صفر و یا یک عدد اعشاری نزدیک به صفر را دارد که در این حالت لازم است بهترین نقطه برش پیش‌بینی (نقطه برش طبقه بندی) برای تفکیک داده‌های مربوط به تومورهای خوش‌خیم از بدخیم (سالم از بیمار) مشخص شود. منطق الگوریتم پیاده‌سازی شده به گونه‌ای بود که در هر بار اجرا، به هنگام آموزش شبکه، با تقریب ۰/۰۱ به دنبال یافتن بهترین نقطه برش طبقه‌بندی مقادیر خروجی برای تفکیک داده‌های کلاس ۱ از کلاس ۲ باشد؛ یعنی یافتن بهترین نقطه‌ای که مدل به دست آمده با دقت و حساسیت بهینه، خروجی‌هایی که مقدار آن‌ها بزرگ‌تر یا مساوی با آن باشد را متعلق به نمونه‌های مربوط به تومورهای بدخیم و کوچک‌تر از آن را متعلق به نمونه‌های مربوط به تومورهای خوش‌خیم پیش‌بینی نماید. بعد از فاز آموزش، در هنگام آزمون نیز بر اساس همین نقطه برش به دست آمده، کارایی مدل محاسبه گردید. یک شمای کلی از این مدل در تصویر شماره ۴ آمده است.

جدول شماره ۴: نتایج محاسبه عملکرد مدل NN(9-8-6-1) بر روی داده‌های آموزشی و آزمون

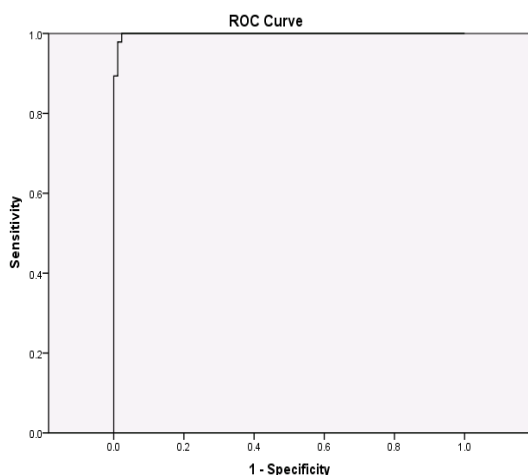
شماره اجرا	داده‌های آموزشی	دقت	حساسیت	ویژگی	نقطه برش	داده‌های آزمون	دقت	حساسیت	ویژگی
۱	All-{F1}	۰.۹۸۰	۰.۹۹۰	۰.۹۷۵	۰.۴۸	F1	۰.۹۷۸	۱.۰۰۰	۰.۹۶۶
۲	All-{F2}	۰.۹۸۲	۰.۹۹۵	۰.۹۷۵	۰.۶۱	F2	۰.۹۵۶	۰.۹۵۸	۰.۹۵۵
۳	All-{F3}	۰.۹۸۲	۱.۰۰۰	۰.۹۷۲	۰.۳۰	F3	۰.۹۶۴	۱.۰۰۰	۰.۹۴۴
۴	All-{F4}	۰.۹۸۰	۰.۹۹۵	۰.۹۷۲	۰.۵۲	F4	۰.۹۶۴	۰.۹۷۹	۰.۹۵۵
۵	All-{F5}	۰.۹۷۴	۰.۹۹۰	۰.۹۶۶	۰.۵۵	F5	۰.۹۹۳	۱.۰۰۰	۰.۹۸۹
	میانگین	۰.۹۸۰	۰.۹۹۴	۰.۹۷۲		میانگین	۰.۹۷۱	۰.۹۸۸	۰.۹۶۲



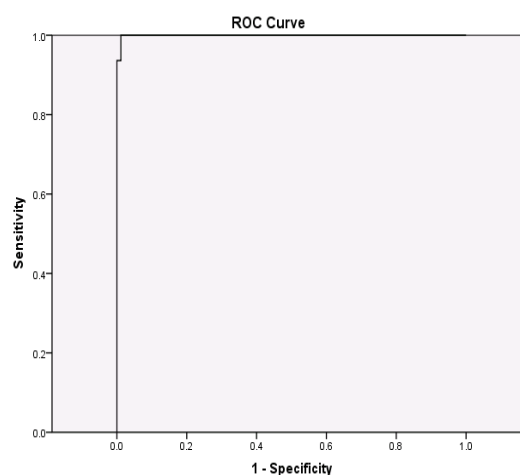
تصویر شماره ۴: یک شمای کلی از ساختار شبکه عصبی پیشنهادی NN(9-8-6-1) توسط الگوریتم ژنتیک

جدول شماره ۵: نتایج محاسبه کارایی مدل رگرسیون لجستیک بر روی مجموعه داده های آموزشی و آزمون

شماره اجرا	داده های آموزشی	دقت	حساسیت	ویژگی	نقطه برش	داده های آزمون	دقت	حساسیت	ویژگی
۱	All-{F1}	۰.۹۷۸	۰.۹۹۵	۰.۹۶۹	۰.۱۶	F1	۰.۹۷۱	۱.۰۰۰	۰.۹۵۵
۲	All-{F2}	۰.۹۷۸	۰.۹۹۵	۰.۹۶۹	۰.۱۷	F2	۰.۹۶۴	۰.۹۵۸	۰.۹۶۶
۳	All-{F3}	۰.۹۷۸	۰.۹۹۰	۰.۹۷۲	۰.۲۳	F3	۰.۹۵۶	۰.۹۵۸	۰.۹۵۵
۴	All-{F4}	۰.۹۷۸	۰.۹۹۵	۰.۹۶۹	۰.۱۷	F4	۰.۹۶۴	۰.۹۷۹	۰.۹۵۵
۵	All-{F5}	۰.۹۷۶	۰.۹۸۴	۰.۹۷۲	۰.۲۵	F5	۰.۹۸۵	۰.۹۷۹	۰.۹۸۹
	میانگین	۰.۹۷۸	۰.۹۹۲	۰.۹۷۰		میانگین	۰.۹۶۸	۰.۹۷۵	۰.۹۶۴



تصویر شماره ۶: منحنی ROC مدل رگرسیون لجستیک



تصویر شماره ۵: منحنی ROC مدل NN(9-8-6-1)

جدول شماره ۶: مقایسه سطح زیر منحنی ROC مدل های رگرسیون لجستیک و NN(9-8-6-1) در فاز آزمون

شماره اجرا	داده های آموزشی	داده های آزمون	NN(9-8-6-1) AUC	LR AUC
۱	All-{F1}	F1	۰.۹۹۹۳	۰.۹۹۹۵
۲	All-{F2}	F2	۰.۹۹۳۲	۰.۹۹۴۶
۳	All-{F3}	F3	۰.۹۸۸۳	۰.۹۸۷۶
۴	All-{F4}	F4	۰.۹۹۷۴	۰.۹۹۶۵
۵	All-{F5}	F5	۰.۹۹۹۵	۰.۹۹۸۵
		میانگین	۰.۹۹۵۵	۰.۹۹۵۴

بحث

سرطان پستان یکی از شایع ترین عوامل مرگ و میر زنان در کشورهای مختلف است. با توجه به پیشرفت های به دست آمده در پردازش تصاویر پزشکی که از رادیوگرافی و ماموگرافی حاصل می شود، هنوز هم تشخیص دقیق این بیماری با استفاده از روش های یاد شده کاری دشوار است و در بسیاری از موارد نمونه برداری و جراحی تنها راه تشخیص قطعی بیماری است که این روش ها نیز با مخاطراتی برای بیماران همراه هستند؛ به همین دلیل طی سالیان اخیر پژوهش های گسترده ای در زمینه استفاده از مدل های ریاضی و سیستم های هوشمند ماشینی برای تشخیص این بیماری انجام شده است. در این میان، ANNs همواره به دلیل توانایی در شبیه سازی توابع غیرخطی و پیچیده و قدرت تعمیم و قابلیت گسترش آنها، همواره مورد توجه محققین بوده اند. با این وجود، ANNs معایبی هم دارند از جمله این که قادر نیستند تاثیر هر متغیر مستقل را بر متغیر وابسته مشخص کنند که برای رفع این عیب باید از روش های کمکی مانند آزمون T بهره جست. عیب دیگر این است که ANNs مستعد گرفتار شدن به آموزش نادرست هستند (۴). ما در این تحقیق سعی نموده ایم، به جای استفاده از الگوریتم انتشار به عقب خطای رایج (۱۲)، از الگوریتم ژنتیک برای آموزش شبکه استفاده نماییم. علاوه بر آن؛ از GA برای تعیین ساختار یک شبکه چند لایه از جهت تعداد لایه های میانی، تعداد گره های لایه های میانی و خروجی

و نوع توابع فعال ساز گره های لایه های میانی و خروجی نیز استفاده شده است که از جنبه های نوآوری این تحقیق محسوب می شود.

اتخاذ رویکردی نسبتاً محافظه کارانه: رویکرد روش ارائه شده، یافتن جواب هایی است که به ترتیب اولویت، اولاً حداکثر دقت^۲ را در تشخیص توده های خوش خیم از بدخیم داشته باشند (رسیدن به دقت بالاتر)، ثانیاً حداکثر دقت را در شناسایی توده های بدخیم داشته باشند. بدین معنی که بین جواب هایی که دقت یکسان ولی حساسیت^۳ و ویژگی^۴ متفاوت دارند، جوابی انتخاب می شود که حساسیت بیش تری داشته باشد. به عبارتی دیگر، رویکرد این روش به گونه ای است که نتایج مثبت کاذب (۱۳) را بیش از نتایج منفی کاذب (۱۳) می پسندد، زیرا نتیجه منفی کاذب (تشخیص مدل مبنی بر بدخیم نبودن تومورها در حالی که بیمار دارای تومورهای بدخیم باشد) می تواند برای بیمار خطر آفرین باشد، از این جهت که می تواند وی را از انجام معالجات پزشکی معاف کند. در صورتی که نتیجه مثبت (تشخیص مدل مبنی بر تومور بدخیم) می تواند با انجام سایر آزمایشات پزشکی مورد بررسی دقیق تر قرار گیرد. بدین ترتیب می توان گفت رویکرد روش پیشنهادی نسبتاً محافظه کارانه است. پیش از این در حوزه تشخیص پزشکی، تحقیقاتی انجام پذیرفته که رویکردی کاملاً محافظه کارانه یعنی رسیدن به بالاترین میزان حساسیت داشته اند؛ مثلاً مدلی که Mobley و همکاران با استفاده از ANN برای پیش بینی تنگی عروق کرونری قلب پیشنهاد کرده بودند، دارای دقت ۱ و ویژگی ۰/۴۷ بود (۱۳).

ویژگی دیگری که این تحقیق را با تحقیقات مشابهی که با استفاده از ANN در حوزه پزشکی انجام

۲- دقت مدل بنا به تعریف عبارت است از خارج قسمت تقسیم تعداد پیش بینی های درست مدل بر تعداد کل تومورها.

۳- حساسیت مدل بنا به تعریف عبارت است از خارج قسمت تعداد تومورهایی که توسط مدل بدخیم تشخیص داده شده بر تعداد تومورهای بدخیم.

۴- ویژگی مدل بنا به تعریف عبارت است از خارج قسمت تعداد تومورهایی که توسط مدل خوش خیم تشخیص داده شده بر تعداد تومورهای خوش خیم.

1- Error Back Propagation Algorithm

جواب‌های بهتری تولید کردند و روشی را برای دستیابی به بهترین مدل شبکه عصبی مصنوعی بر اساس ویژگی‌های مجموعه داده‌ای ارائه نمودیم که به طور خلاصه در تصویر شماره ۷ رسم شده است.



تصویر شماره ۷. روند ایجاد مدل پیش بینی تومورهای پستان

البته پیاده‌سازی الگوریتم ژنتیک برای آموزش و تعیین ساختار شبکه عصبی بر اساس رویکرد این تحقیق، فرآیندی پیچیده و اجرای آن زمان زیادی نیاز دارد و این پیچیدگی و زمان اجرا متناسب با افزایش تعداد کروموزوم‌های جمعیت اولیه، مقدار شرط توقف الگوریتم (تعداد نسلی که بهترین جواب دست نخورده باقی بماند) و نیز فضای جستجوی جواب‌ها، افزایش می‌یابد؛ اما با توجه این که بعد از اجرای آن، مدل بهینه به دست آمده می‌تواند در نرم‌افزارهای کاربردی طراحی شود و با وارد نمودن مقادیر متغیرهای ورودی به سادگی جهت

شده است، متمایز می‌کند این است که در آن‌ها تعیین ساختار بهینه شبکه‌های عصبی عمدتاً بدون استفاده از الگوریتمی مشخص و مبتنی بر سعی و خطا بوده است (۱۱،۳، ۱۶-۱۳)؛ در حالی که در این پژوهش ساختار بهینه شبکه با استفاده از الگوریتم ژنتیک تعیین شده است. برای ارزیابی بهتر روش مورد استفاده، نتایج آن را با نتایج دیگر تحقیقاتی که در آن‌ها از ANN برای پیش‌بینی خوش خیمی و بدخیمی تومورها استفاده شده، مقایسه می‌کنیم. Cai و Jiang (۲۰) با استفاده از شبکه عصبی سه لایه مبتنی بر ماتریس شبه معکوس، خوش خیمی و بدخیمی تومورهای ناحیه پستان را پیش‌بینی نمودند و مجموعه داده‌ای مورد استفاده، همان مجموعه مورد استفاده در این تحقیق (WBCD) بود. دقت، حساسیت و ویژگی مدل پیشنهادی آن‌ها در آزمون طبقه‌بندی تومورها به ترتیب ۰/۸۹۷، ۰/۹۲۸ و ۰/۸۴۱ بود که نسبت به مقادیر پارامترهای مشابه در این تحقیق کم‌تر بوده است. Karabatak و Cevdet (۶) نیز، یک سیستم تشخیصی خودکار برای شناسایی سرطان پستان، ارائه نمودند. در مرحله آزمون از تکنیک 3-fold cross validation برای ارزیابی کارایی روش پیشنهادی، استفاده شد. در این پژوهش، دقت مدل NN(9-11-1) که مجموعه داده‌ای WBCD بر روی آن اعمال شده و همانند این تحقیق از هر ۹ ویژگی به عنوان متغیرهای ورودی استفاده شده است، ۰/۹۵۲ به دست آمد که از دقت مدل پیشنهادی این تحقیق یعنی مدل NN(9-8-6-1)، کم‌تر بوده است. ما در این پژوهش، با بهره‌گیری از الگوریتم ژنتیک توانستیم یک مدل شبکه عصبی مصنوعی بسازیم که بتواند وضعیت تومورهای ناحیه پستان را از لحاظ خوش خیمی یا بدخیمی، با دقت بالایی تشخیص دهد. بدین صورت که اعضای جمعیت GA شامل تعداد زیادی شبکه عصبی می‌شد که ویژگی‌های ساختاری آن‌ها و نیز اوزان یال‌ها، صفات (ژن‌های) هر یک از اعضای جمعیت (کروموزوم‌ها) بودند و کروموزوم‌های با کارایی بهتر، طی نسل‌های متوالی ارتقاء یافته،

زمان ممکن و با بیش ترین دقت مشخص نماید. رویکردی که در این پژوهش مورد توجه قرار گرفته است، یعنی استفاده از الگوریتم ژنتیک برای تعیین ساختار و آموزش شبکه عصبی، می تواند در آینده به طور گسترده تر زمینه پژوهش دیگر محققان باشد، از آن جمله:

- استفاده از دیگر الگوریتم های تکاملی به جای الگوریتم ژنتیک برای تعیین ساختار و آموزش شبکه عصبی مصنوعی.

- تعمیم روش پیشنهادی برای به کارگیری دیگر ریسک فاکتورهای سرطان پستان به جای ویژگی های استفاده شده در این مجموعه داده ای به عنوان متغیرهای ورودی.

- استفاده از رویکرد این پژوهش برای دستیابی به مدلی کارآمد از شبکه های عصبی مصنوعی جهت تشخیص دیگر بیماری ها.

سپاسگزاری

از همه بزرگوارانی که ما را در انجام این پژوهش یاری نمودند، تشکر می نماییم. این مقاله حاصل کار پایان نامه کارشناسی ارشد مهندسی کامپیوتر آقای مهیار دارائی می باشد.

تشخیص وضعیت تومورهای پستان به کار رود، می توان از این عیب صرف نظر کرد.

مقایسه با رگرسیون لجستیک: با مقایسه نتایج جداول شماره ۴ و ۵ مشاهده می شود که اگر چه هر دو مدل شبکه عصبی و رگرسیون لجستیک، در پیش بینی وضعیت خوش خیمی یا بدخیمی تومورها به هنگام مواجهه با داده های آزمون، دقت و حساسیت بالایی داشته اند و سطح زیر منحنی ROC هر دو مدل نیز موید این موضوع است، ولی عملکرد مدل شبکه (1-6-8-9) NN، نسبت به LR اندکی بهتر بوده است.

بدین ترتیب مدل شبکه عصبی مصنوعی که به روش شرح داده شده، به دست می آید، می تواند در کنار روش های تشخیصی غیر تهاجمی معمول (مانند ماموگرافی و رادیوگرافی)، به عنوان یک سیستم پشتیبان تشخیص با حساسیت و ویژگی بالا، جهت شناسایی تومورهای خوش خیم و بدخیم پستان مورد استفاده قرار گیرد. این نتیجه بسیار مهم می باشد، زیرا از عوارض و آسیب های احتمالی روش های تهاجمی (نمونه برداری و عمل جراحی) برای بیمارانی که نیازی به آن ها ندارند، جلوگیری می شود. از طرف دیگر می تواند بیمارانی را که واقعاً به این اقدامات تشخیصی و درمانی نیاز دارند، در سریع ترین

References

1. Raneta O, Ondruš D, Bella V. Utilisation of electrical impedance tomography in breast cancer diagnosis. *Klin Onkol* 2012; 25(1): 36-41.
2. Yip CH, Taiba NA. Breast health in developing countries. *Climacteric* 2014; 17(2): 54-59.
3. Sedehi M, Amani F, Momeni Dehaghi F. Analysis of survival data of patient with breast cancer using artificial neural network and cox regression models. *Journal of Zabol University of Medical Sciences and health services* 2014, 5(4): 24-32.
4. Niroei M, Abdolmaleki P, Gitee M. Simulation of a hybrid model using Genetic algorithm and neural network analysis for differentiation of malignant and benign patterns in breast cancer from mammographic findings. *Iranian J of Medical Physics* 2007; 3(13): 67-80 (Persian).
5. Salama GI, Abdelhalim M, Zeid MAE. Breast Cancer Diagnosis on Three Different Datasets. *International Journal of Computer and Information Technology* 2012; 1(1): 36-43.
6. Karabataka M, Cevdet M. An expert system for detection of breast cancer based on

- association rules and neural network. *Expert Systems with Applications* 2009; 36(2): 3465-3469.
7. Maravalla D, De Lopeb J, Fuentesb JP. Fusion of probabilistic knowledge-based classification rules and learning automata for automatic recognition of digital images. *Pattern Recognition Letters* 2013; 34(14): 1719-1724.
 8. Sánchez-Morillo D, López-Gordo MA, León A. Novel multiclass classification for home-based diagnosis of sleep apnea hypopnea syndrome. *Expert Systems with Applications* 2014; 41(4): 1654-1662.
 9. Ryua YU, Chandrasekaranb R, Jacobc VS. Breast cancer prediction using the isotonic separation technique. *European Journal of Operational Research* 2007; 181(2): 842-854.
 10. Dai K, Zhao J, Cao F. A novel algorithm of extended neural networks for image recognition. *Engineering Applications of Artificial Intelligence* 2015; 42: 57-66.
 11. Sedehi M, Mehrabi Y, Kazemnejad A & Hadaegh F. Comparison of artificial neural network, logistic regression and discriminant analysis methods in prediction of metabolic syndrome. *Iranian Journal of Endocrinology & Metabolism* 2010; 11(6): 638-646 (Persian).
 12. Menhaj MB. *Fundamentals of Neural networks*. 8rd ed. Tehran: Amir Kabir University Publishing; 2013. (Persian).
 13. Mobley BA, Schechter E, Moore WE, McKee PA, Eichner JE. Predictions of coronary artery stenosis by artificial neural network. *Artificial Intelligence in Medicine* 2000; 18(3): 187-203.
 14. Tahamtan RAM, Esmaeili MH, Ghaemian A, Esmaeili J. Application of artificial neural network for assessing coronary artery disease. *J Mazandaran Univ Med Sci* 2012; 22(86): 8-17.
 15. Garg B, Sufian Beg MM, Ansari AQ. Optimizing number of inputs to classify breast cancer using artificial neural network. *J Comput Sci Syst Biol* 2009; 2: 247-254.
 16. Hussein SE, Hassan OA, Granat MH. Assessment of the potential iridology for diagnosing kidney disease using wavelet analysis and neural networks. *Biomedical Signal Processing and Control* 2013; 8(6): 534-541.
 17. Lancashire LJ, Rees RC, Ball GR. Identification of gene transcript signatures predictive for estrogen receptor and lymph node status using a stepwise forward selection artificial neural network modelling approach. *Artif Intell Med* 2008; 43(2): 99-111.
 18. Karakis R, Tez M, Fatma Guler N. Classification the axillary lymph node status of breast cancer patients with the analysis of pattern recognition. In: *Proceedings of the 19th IEEE Conference on Signal Processing and Communication Applications (SIU)* 2011; IEEE 19th Conference on: 988-991.
 19. Salehi M, Gohari MR, Vahabi N, Zayeri F, Yahyazadeh SH, Kafashian MR. Comparison of Artificial Neural Network and Cox Regression Models in Survival Prediction of Breast Cancer Patients. *Scientific Journal of Ilam University of Medical Sciences* 2013; 21(2): 120-127 (Persian).
 20. Cai B, Jiang X. A novel artificial neural network method for biomedical prediction based on matrix pseudo-inversion. *Journal of Biomedical Informatics* 2014; 48: 114-121.
 21. Melanie M. *An Introduction to Genetic Algorithms*. 5rd ed. London; 1999.
 22. Marchevsky AM, Shah S, Patel S. Reasoning with uncertainty in pathology: artificial

- neural networks and logistic regression as tools for prediction of lymph node status in breast cancer patients. *Mod Pathol* 1999; 12(5): 505–513.
23. Elveren E, Yumuşak N. Tuberculosis disease diagnosis using artificial neural network trained with genetic algorithm. *Journal of Medical Systems* 2011; 35(3): 329-332.
24. Karakış R, Tezb M, Kılıç YA, Kuru Y, Güler İ. A genetic algorithm model based on artificial neural network for prediction of the axillary lymph node status in breastcancer. *Engineering Applications of Artificial Intelligence* 2013; 26(3): 945-950.
25. Kohavi R. A study of cross-validation and bootstrap for accuracy estimation and model selection. In: *Proceeding of the international joint conference on artificial intelligence* 1995; 14(2): 1137-1145.

Archive of SID