

کاربردهای یادگیری عمیق در مهندسی زیست پزشکی

یگانه حبیبی، دانشجوی ارشد مهندسی شیمی، ^۱Hobbip22@gmail.com

یاسر ترابی، دانشجوی ارشد مهندسی فناوری اطلاعات، ^۲y.torabi11@gmail.com

سمیرا کرامت طلائی، دانشجوی دکتری مهندسی کامپیوتر، ^۳samirakeramat760@yahoo.com

پرویز قربانزاده، مدرس دانشگاه، ^۴p.ghorbanzadeh@uut.ac.ir

چکیده

تقریباً از چهار دهه پیش یادگیری عمیق و داده‌های زیست پزشکی در حال تکامل و تغذیه یکدیگر هستند. گستردگی، پیچیدگی و رشد روز افزون داده‌های زیست پزشکی، توسعه روش‌های جدید یادگیری عمیق را سبب شده است و کاربرد این روش‌ها در داده‌های زیست پزشکی منجر به اکتشافات علمی و راه‌حل‌های عملی شده است. پیشرفت‌های انتزاعی در زیست و تکنولوژی‌های زیستی، حجم بسیار زیادی از داده‌های زیستی و فیزیولوژیک را ایجاد کرده است، از جمله تصویرهای پزشکی، الکتروانسفالوگرافی، نقشه‌های ژنوم و توالی‌های پروتئینی. یادگیری با استفاده از این داده‌ها منجر به تسهیل درک ما نسبت به سلامت و بیماری‌های انسان می‌شود. الگوریتم‌های مبتنی بر یادگیری عمیق که از شبکه‌های عصبی مصنوعی توسعه پیدا کرده‌اند، توانایی بالایی برای استخراج کردن ویژگی و الگوهای یادگیری از داده‌های پیچیده را از خودشان نشان داده‌اند. هدف این تحقیق فراهم کردن مروری بر روی تکنیک‌های یادگیری عمیق و بعضی از جدیدترین کاربردهای آن‌ها در زمینه‌ی زیست پزشکی می‌باشد. ما نخست معماری‌های مولد یادگیری عمیق و کاربردهای آن را بررسی می‌کنیم. سپس دو بخش دیگر از معماری‌های یادگیری عمیق، یعنی معماری‌های وابسته و معماری‌های ترکیبی یادگیری عمیق را معرفی می‌کنیم. در نهایت بعضی از نمونه‌های کاربردی روش یادگیری عمیق ارائه می‌گردد. واژه‌های کلیدی: یادگیری عمیق، زیست پزشکی، شبکه‌های عصبی، استخراج ویژگی

۱- مقدمه

• یادگیری عمیق یکی از روش‌های جدید با رشد سریع در زمینه‌ی یادگیری ماشین می‌باشد. در این روش تلاش می‌شود تا استخراج ویژگی‌ها و اطلاعات مفید از داده‌هایی با مقیاس بزرگ، با استفاده از شبکه‌های عصبی عمیق چند لایه‌ای استخراج شود تا بتوان از داده‌هایی مانند تصاویر، صداها و متن‌ها، اطلاعات مفید به دست آورد. یادگیری عمیق به صورت عمومی دارای دو ویژگی می‌باشد: (۱) لایه‌های چندگانه از واحدهای پردازش غیر خطی و (۲) یادگیری با نظارت یا بدون نظارت از نمایه‌ی ویژگی‌ها در هر لایه. قالب کاری اولیه برای یادگیری عمیق بر اساس شبکه‌های عصبی مصنوعی در دهه‌ی ۱۹۸۰ ایجاد شد، در حالی که تاثیر واقعی این روش‌های یادگیری عمیق در سال ۲۰۰۶ نمایان شد. از آن زمان تا کنون، یادگیری عمیق در گستره‌ی زمینه‌ی

^۱محقق پارک علم و فناوری استان آذربایجان غربی

^۲محقق پارک علم و فناوری استان آذربایجان غربی

^۳محقق پارک علم و فناوری استان آذربایجان غربی

^۴محقق پارک علم و فناوری استان آذربایجان غربی

های مختلف، شامل شناسایی خودکار گفتار، شناسایی تصویر، پردازش طبیعی زبان، شناسایی دارو و انفورماتیک زیستی مورد استفاده قرار گرفته است. در دهه های اخیر، رشد گسترده ای در زمینه ی داده های پزشکی مانند توالی های ژنی، ساختار پروتئین ها، و تصویرهای پزشکی ایجاد شده است که به دلیل پیشرفت در تکنولوژی هایی با کارایی بالا بوده است. این طوفان گسترده از داده های بزرگ زیستی، منجر به الزام استفاده از ابزار محاسباتی موثر و کارآمد شده است تا بتوانیم این چنین داده-هایی را ذخیره سازی، تحلیل و تفسیر کنیم. قالب های کاری یادگیری عمیق، مسائل جدیدی را نمایان کرده اند. هدف این تحقیق فراهم کردن یک مرور در رابطه با یادگیری عمیق و بعضی از جدید ترین کاربردهای یادگیری عمیق در زمینه ی پزشکی و انفورماتیک زیستی می باشد. نویسندگان امیدوارند که این تحقیق بتواند برای خوانندگان، مروری مناسب در رابطه با یادگیری عمیق ایجاد کرده و کاربردهای آن برای تحلیل داده های زیستی را نمایان کند.

۲- یادگیری عمیق

یادگیری عمیق، دسته ای از الگوریتم های یادگیری ماشین است که:

- از آبخاری از لایه های چندگانه واحدهای پردازش غیرخطی برای استخراج و تبدیل ویژگی استفاده می کنند. هر لایه، از خروجی لایه قبل به عنوان ورودی استفاده می کند.
- به شکلی نظارت شده (مثل طبقه بندی) و یا بدون نظارت (مثل تحلیل الگو) یادگیری می کنند.
- لایه های چندگانه ای از نمایش را یادگیری می کنند که متناظر با سطوح مختلفی از انتزاعات هستند؛ این سطوح سلسله ای از مفاهیم را تشکیل می دهند.

در حال حاضر، یادگیری عمیق در زمینه های مختلف تحقیقاتی از جمله تشخیص تصویر، تشخیص گفتار، پردازش زبان طبیعی، فیلتر شبکه های اجتماعی و غیره مورد بررسی قرار می گیرد. توانایی الگوریتم های یادگیری عمیق در یادگیری همزمان ویژگی ها، طبقه بندی و وظایف خوشه بندی و یا پیدا کردن همبستگی در بین داده ها در مقیاس بزرگ از منابع مختلف متفاوت می باشد. معماری های یادگیری عمیق به سه دسته اصلی طبقه بندی می شوند: معماری های مولد، معماری های وابسته و معماری های ترکیبی، که در ادامه به بررسی آنها خواهیم پرداخت.

۳- پیشینه تحقیق

به لطف پیشرفت در تکنولوژی ها با کارایی بالا، طوفان داده های پزشکی و زیستی در دهه های اخیر ایجاد شده است که این داده ها شامل داده های مرتبط با تصویرهای پزشکی، توالی های ژنی و ساختارهای پروتئینی می باشد که در این موارد استفاده از یادگیری عمیق که بخشی از یادگیری ماشین است می تواند به تسریع فرایند و بهبود نتایج کمک کند.

تجزیه و تحلیل به کمک رایانه برای تفسیر بهتر تصاویر، از مسائل قدیمی در زمینه تصویربرداری پزشکی بوده است. در زمینه درک تصویر، پیشرفت های اخیر در یادگیری ماشین، به ویژه در روش یادگیری عمیق، جهشی بزرگ برای کمک به شناسایی، طبقه بندی و تعیین کمیت الگوها در تصاویر پزشکی انجام داده است. به طور خاص، بهره برداری از نمایش های ویژگی سلسله مراتبی که صرفاً از داده ها آموخته می شود، به جای ویژگی های دستی که عمدتاً بر اساس دانش خاص طراحی شده اند، در هسته اصلی پیشرفت ها قرار دارد. به این ترتیب، به سرعت ثابت می شود که یادگیری عمیق، پایه ای پیشرفته است و به عملکردهای پیشرفته در کاربردهای مختلف پزشکی کمک می کند. در این تحقیق به معرفی اصول روش های یادگیری عمیق و الگوریتم های آن می پردازیم. همچنین کاربرد الگوریتم های مختلف یادگیری عمیق را در مهندسی زیست پزشکی بررسی می کنیم.

شن و همکاران (۲۰۱۷) در تحقیقی تحت عنوان یادگیری عمیق در تجزیه و تحلیل تصاویر پزشکی بیان می‌کنند: مدل‌سازی محاسباتی برای تجزیه و تحلیل تصویر پزشکی تأثیرات زیادی بر کاربردهای بالینی و تحقیقات علمی دارد. پیشرفت‌های اخیر در یادگیری عمیق با امکان کشف الگوهای مورفولوژیکی و یا بافتی صرفاً از داده‌های تصویری، افق روشنی در تجزیه و تحلیل تصاویر پزشکی گشوده است. از آنجایی که روش‌های یادگیری عمیق به عملکرد پیشرفته‌ای در کاربردهای مختلف پزشکی دست یافته‌اند، استفاده از آن برای بهبود بیشتر می‌تواند گام اصلی در زمینه محاسبات پزشکی باشد. با این حال، هنوز فضایی برای بهبود وجود دارد. اولاً، با آموختن در بینایی کامپیوتر، جایی که پیشرفت‌های مهمی با بهره‌برداری از مقادیر زیادی از داده‌های آموزشی حاصل شده است، به عنوان مثال، بیش از ۱ میلیون تصویر حاشیه نویسی شده در ImageNet، ساخت چنین مجموعه داده‌های گسترده‌ای از تصاویر پزشکی در دسترس عموم خواهد بود که با استفاده از آن مدل‌های عمیق می‌توانند ویژگی‌های تعمیم‌یافته‌تری را در تصاویر پزشکی پیدا کنند، بنابراین امکان بهبود در عملکرد را فراهم می‌کنند. دوم، در حالی که نمایش‌های ویژگی مبتنی بر داده، به ویژه به شیوه‌ای بدون نظارت، به افزایش دقت کمک می‌کنند، مطلوب خواهد بود که یک معماری روش‌شناختی جدید ابداع شود، که با آن امکان انعکاس یا درگیر کردن دانش خاص دامنه وجود داشته باشد. سوم اینکه، توسعه تکنیک‌های الگوریتمی برای مدیریت مؤثر تصاویر به دست آمده با پروتکل‌های اسکن مختلف، که نیازی به آموزش مدل‌های عمیق خاص نیست، ضروری است. نهایت اینکه، هنگام استفاده از یادگیری عمیق برای بررسی الگوهای زیربنایی در تصاویری مانند fMRI، به دلیل ویژگی‌های شبیه جعبه سیاه مدل‌های عمیق، درک و تفسیر شهودی مدل‌های آموخته شده همچنان چالش برانگیز است [۱].

همچنین در تحقیقی دیگر، بالادی و همکاران (۲۰۱۸) تحت عنوان یادگیری عمیق در علم داده‌های زیست پزشکی اظهار می‌دارند: از دهه ۱۹۸۰، یادگیری عمیق و داده‌های زیست پزشکی در حال تکامل یکدیگر بوده‌اند. گستردگی و پیچیدگی در حال گسترش داده‌های زیست پزشکی، توسعه روش‌های جدید یادگیری عمیق را تحریک کرده است و کاربرد این روش‌ها در داده‌های زیست پزشکی منجر به اکتشافات علمی و راه حل‌های عملی شده است. این نمای کلی نکات فنی و تاریخی را در این زمینه ارائه می‌کند و کاربردهای فعلی یادگیری عمیق را برای داده‌های زیست‌پزشکی سازمان‌دهی شده در حول پنج حوزه ذیل، بررسی می‌کند: شیمی‌انفورماتیک، پروتئومیکس، ژنومیک، تصویربرداری زیست پزشکی، و مراقبت‌های بهداشتی.

در ۳۵ سال گذشته کاربردهای یادگیری عمیق زیادی برای داده‌های زیست پزشکی وجود داشته است و سرعت آن فقط در حال افزایش است. مانند هر مرحله رشد تصاعدی، آنچه در آینده باقی می‌ماند فراتر از آنچه قبلاً انجام شده است، و می‌توان انتظار داشت که این کاربردها به گسترش خود ادامه داده و دستاوردهای مهم علمی، زیست پزشکی و بالینی را به همراه داشته باشند. یکی از مسائل مهمی که همیشه هنگام آموزش شبکه‌های عصبی از داده‌ها مطرح می‌شود، مسئله جعبه سیاه است: احساس ناامنی که از ندانستن اینکه چگونه یک شبکه عصبی یک کار خاصی را انجام می‌دهد، ناشی می‌شود. اهمیت این موضوع با پیشرفت‌های اخیر در انواع روش‌های متخاصم که می‌توانند شبکه‌های عصبی را فریب دهند، ترکیب شده است [۱].

بررسی تیان و همکاران (۲۰۲۱) در مقاله یادگیری عمیق در اپتیک زیست پزشکی، توسط حوزه‌های تصویربرداری در اپتیک زیست‌پزشکی سازمان‌دهی شده است و شامل میکروسکوپ، تصویربرداری طول عمر فلورسانس، میکروسکوپ درون بدن، آندوسکوپی میدان وسیع، توموگرافی انسجام نوری، تصویربرداری فوتوآکوستیک، توموگرافی، و تصویربرداری اپتیکال عملکردی مغز است. تکنیک‌های مبتنی بر DL در پرداختن به چالش‌های فنی مختلف برای توسعه سیستم‌های اپتیک زیست‌پزشکی جدید، گسترده و متنوع هستند. با پیشرفت تکنیک‌های DL در بسیاری از حوزه‌های مختلف اپتیک زیست‌پزشکی، چالش‌های برجسته‌ای نیز وجود دارد که باید برای درک کامل تأثیر این تکنیک‌ها مورد توجه قرار گیرد. همانطور که ما به سرعت در حال مشاهده چندین روش اپتیک زیست پزشکی هستیم، تکنیک‌های DL پتانسیل امیدوارکننده‌ای برای کاهش هزینه‌های سیستم، کاهش سطوح مهارت مورد نیاز برای انجام اندازه‌گیری‌ها و در نهایت افزایش کیفیت، مقرون به صرفه بودن و دسترسی به مراقبت‌های بهداشتی دارند [۱]. شافیک و همکاران (۲۰۲۱) در تحقیقی با موضوع درک نظری یادگیری عمیق در پهپاد و تجزیه و تحلیل فناوری‌های مهندسی زیست پزشکی وسایل نقلیه

هوایی بدون سرنشین (پهپاد) در سال جاری در یک روند تحقیقاتی امیدوارکننده بررسی کردند که در آن شبکه‌های فعلی و آینده قرار است از اتصال پیشرفته در زمینه‌های مختلف مانند عملیات پزشکی، ارتباطات، جستجو و نجات و غیره بهره مند شوند [۲].

۴- الگوریتم‌های یادگیری عمیق

۴-۱- معماری‌های مولد یادگیری عمیق

معماری‌های مولد (بدون نظارت) یادگیری عمیق می‌توانند به طور خودکار از داده‌های خام بدون برچسب برای انجام کارهای مختلف یاد بگیرند. معمول‌ترین معماری‌های این دسته در زیر ارائه شده‌اند.

۴-۱-۱- شبکه‌های خود رمز نگار (AE) و کاربرد آنها

خود رمزنگار یک شبکه‌ی عصبی است که توسط هیئتون و همکاران معرفی شده است و مجموعه‌ای از داده‌های بدون برچسب را دریافت می‌کند و با رمزکردن آنها سعی در بازنمایی مجدد ورودی‌ها در خروجی می‌کند به صورتی که کمترین اختلاف ممکن را با مقدار ورودی داشته باشند. در واقع، خود رمزنگار یک شبکه عصبی عمیق است، و به طور معمول برای کاهش ابعاد از طریق تولید اطلاعات بهتر داده از ورودی داده‌های خام استفاده می‌کند. می‌توان گفت که شبکه‌های خود رمز نگار شبکه‌های ساده‌ی یادگیری هستند که با هدف تبدیل ورودی به خروجی بدون کمترین تغییر پیاده سازی می‌شوند. در عین سادگی خود رمزنگارها نقش به سزایی را در یادگیری ماشینی ایفا می‌کنند. خود رمزنگارها در دسته یادگیری بدون نظارت دسته‌بندی می‌شوند. در این دسته مسایل برچسبی برای توصیف داده‌ها وجود ندارد. ساختار خود رمزنگار به دو بخش رمزگذاری و رمزگشایی تقسیم می‌شود. در بخش رمزگذاری داده‌های ورودی به فضای ویژگی‌ها نگاشت می‌شوند و در بخش رمزگشایی از فضای ویژگی مجدداً به حالت ابتدایی خود تبدیل می‌شوند. در واقع بخش اصلی یک خود رمزنگار لایه‌ی پنهان میانی است که به عنوان ویژگی استخراج شده برای دسته‌بندی استفاده می‌شود.

راجا و رانی (۲۰۲۰) طبقه‌بندی تومور مغزی با استفاده از رمزگذار خودکار عمیق ترکیبی با رویکرد تقسیم‌بندی مبتنی بر خوشه‌بندی فازی را مورد بررسی قرار داده‌اند. در پردازش تصاویر پزشکی، تشخیص و تقسیم بندی تومور مغزی یک کار چالش برانگیز و زمان بر است. آنالیز اسکن تصویر تشدید مغناطیسی (MRI) یک ابزار قدرتمند در فناوری‌های اخیر است که باعث می‌شود بافت‌های غیرطبیعی مغز را به طور موثر تشخیص دهد. در تصویر مغز، اندازه تومور می‌تواند برای بیماران مختلف همراه با جزئیات دقیق تومور متفاوت باشد. تشخیص و طبقه بندی تومور از روی تصاویر متعدد برای رادیولوژیست‌ها کار دشواری است. این تحقیق یک طبقه‌بندی تومور مغزی را با استفاده از رمزگذار خودکار عمقی ترکیبی با رویکرد تقسیم‌بندی مبتنی بر خوشه‌بندی فازی بیزی بررسی کرد [۳].

۴-۱-۲- ماشین بولتزمن محدود (RBM) و کاربرد آن در مهندسی زیست پزشکی

از لحاظ ساختاری، ماشین بولتزمن محدود یک شبکه عصبی عمیق است که مبتنی بر مدل هارمونوم ابداع شد و فقط دارای دو لایه - لایه قابل مشاهده و لایه پنهان - است. در این شبکه، هر گره به همه‌ی گره‌های لایه مجاور متصل می‌شود. "محدودیت" به این واقعیت اشاره دارد که هیچ دو گره از یک لایه با یکدیگر ارتباط ندارند. هدف ماشین بولتزمن محدود این است که ورودی‌ها را در حد امکان دقیق بازسازی کند. در گذر از جلو، ورودی‌ها توسط وزن‌ها و بایاس‌ها اصلاح می‌شوند و برای فعال کردن لایه پنهان استفاده می‌شوند. در مرحله‌ی بعدی، فعال سازی‌های موجود از لایه پنهان توسط وزن‌ها و بایاس‌ها اصلاح می‌شوند و برای فعال سازی به لایه ورودی ارسال می‌شوند. در لایه ورودی، فعال سازی‌های اصلاح شده به عنوان بازسازی ورودی مشاهده می‌شوند و با ورودی اصلی مقایسه می‌شوند. از معیارهایی به نام KL Divergence برای تحلیل دقیق شبکه استفاده می‌شود. روند آموزش شامل افزایش مداوم وزن‌ها و بایاس‌ها در هر دو گذر است تا ورودی بازسازی شده تا حد ممکن به ورودی اصلی نزدیک شود.

ونکدو و حمید (۲۰۲۲) فشرده سازی تصاویر MRI مغز با استفاده از رمزگذار خودکار و ماشین بولتزنم محدود مورد بررسی قرار داده- اند. هدف افزایش تشخیص بالینی با جمع آوری داده‌ها به شیوه ای کارآمد و قابل اعتماد است. تجزیه و تحلیل تصویر پزشکی در نتیجه اکتشافات اخیر در مهندسی زیست پزشکی به یکی از اهداف اصلی تحقیق و توسعه تبدیل شده است. از آنجایی که تعداد حجم داده‌های ایجاد شده توسط روش‌های مختلف تصویربرداری پزشکی با استفاده از تصویربرداری پزشکی در عمل بالینی توسعه می‌یابد، فشرده سازی داده‌ها برای انتقال، ذخیره سازی و مدیریت مجموعه داده‌های تصویر پزشکی دیجیتال ضروری است. یکی از دلایل این پیشرفت استفاده از الگوریتم‌های یادگیری ماشین برای پردازش تصویر پزشکی است. تکنیک‌های یادگیری عمیق، که در آن یک شبکه عصبی ویژگی‌ها را به طور خودکار یاد می‌گیرد، به عنوان یک ابزار یادگیری ماشینی فوق‌العاده مؤثر است. در مقابل، تکنیک‌هایی که به روش سنتی وابسته هستند تاثیر کمتری دارند. یک شبکه حسگر بی سیم ممکن است برای ساخت یک سیستم مراقبت بهداشتی ابتدایی استفاده شود که داده‌های بیمار را جمع آوری می‌کند و فرآیند درمان پزشکی را در مواقع اضطراری بهبود می‌بخشد [۴].

در تحقیق طبقه بندی سیگنال‌های EEG برای تشخیص تشنج صرع با استفاده از طبقه بندی کننده ماشین بولتزنم محدود در سال ۲۰۲۲، کومار و همکاران بیان می‌کنند: صرع یک بیماری است که یک اختلال الکتروفیزیولوژیک مربوط به مغز است و با انواع تشنج- های مکرر مشخص می‌شود. الکتروانسفالوگرام (EEG) آزمایشی است که توسط متخصصان مغز و اعصاب مختلف برای گرفتن سیگنال- های الکتریکی که در مغز رخ می‌دهد انجام می‌شود و به طور گسترده برای تجزیه و تحلیل و تشخیص تشنج‌های صرع استفاده می‌شود.

همانطور که می‌دانیم تشخیص انواع مختلف فعالیت‌های الکتریکی با بازرسی بصری دشوار است. بنابراین، تحقیقات گسترده ای را در زمینه مهندسی زیست پزشکی برای توسعه یک سیستم و الگوریتم‌های مختلف برای شناسایی این فعالیت‌ها و تغییرات در مغز انسان انجام گرفته است. بنابراین یک سیستم تشخیص تشنج خودکار برای طبقه بندی تشنج‌های صرعی مورد نیاز است. کومار و همکاران مجموعه داده‌های EEG CHB-MIT (EEG پوست سر) را بررسی کردند تا بفهمند آیا مدل آنها می‌تواند از بهترین مدل‌های کلاس پیشنهادی جلوتر باشد یا خیر. آنها یک روش مبتنی بر مدل شبکه عصبی ماشین بولتزنم محدود (RBM) پیشنهاد کردند که برای انجام طبقه‌بندی بر روی سیگنال‌های EEG در بین کلاس‌های باینری، یعنی کلاس‌های سالم (غیر تشنج) و غیر سالم (تشنج) استفاده می‌شود. تجزیه و تحلیل بر روی یک مجموعه داده CHB-MIT در دسترس باز انجام می‌شود. عملکرد مدل بر اساس معیارهای عملکرد مختلف مانند دقت، ویژگی و حساسیت ارزیابی می‌شود. نتایج آزمون از نظر دقت، حساسیت و ویژگی به صورت جداگانه ۹۸،۹۴، ۹۸،۸۹ و ۹۸،۸۹ درصد است که نتایج بهتر از روش‌های موجود بوده است [۵].

۴-۱-۳- ماشین بولتزنم عمیق (DBM) و کاربردهای آن

ماشین بولتزنم عمیق یا به اختصار DBM توسط سالخودینوف و همکاران ارائه شد و یکی دیگر از الگوریتم‌های یادگیری عمیق است که در آن، واحدهای پردازشی در لایه‌هایی قرار می‌گیرند. در قیاس با شبکه‌های باور عمیق یا DBN ها که دو لایه بالایی تشکیل یک مدل گرافی بی جهت و لایه‌های پایینی تشکیل یک مدل مولد جهت دار را می‌داد، DBM دارای اتصالاتی در سراسر ساختار خود است. همانند RBM، DBM هم یکی از زیرمجموعه‌های خانواده بولتزنم است. تفاوت آن‌ها در این است که DBM‌ها دارای چندین لایه حاوی واحدهای پنهان بوده که واحدهای موجود در لایه‌های با شماره فرد بصورت شرطی مستقل از لایه‌های با شماره زوج هستند و بالعکس. در زمان آموزش شبکه، یک DBM بصورت مشترک تمامی لایه‌های یک مدل بدون نظارت خاص را آموزش داده و بجای بیشینه سازی احتمال بصورت مستقیم، از الگوریتم مبتنی بر احتمال بیشینه تصادفی برای بیشینه سازی مرز پایینی در احتمال استفاده می‌کند.

سیفونتنس و همکاران (۲۰۲۰) پیش‌بینی انتقال خون با استفاده از ماشین‌های بولتزنم محدود مورد بررسی قرار دادند. در دسترس بودن انتقال خون یک نگرانی مکرر برای موسسات پزشکی و بیماران بوده است. مدیریت کارآمد این منبع یک چالش مهم برای بسیاری از بیمارستان‌ها است. به همین ترتیب، واکنش سریع در طول تصمیم‌گیری و برنامه‌ریزی انتقال خون، عاملی حیاتی برای به حداکثر رساندن مراقبت از بیمار است. این مقاله یک استراتژی جدید برای پیش‌بینی نیاز به انتقال خون، بر اساس اطلاعات موجود، با استفاده از

ماشین‌های بولترزمن محدود (RBM) پیشنهاد کرده است. با استخراج و تجزیه و تحلیل ویژگی‌های سطح بالا از پرونده‌های ۴۸۳۱ بیمار، RBM می‌تواند با تشخیص الگوهای پیچیده مقابله کند و به طبقه‌بندی‌کننده‌های نظارت شده در کار شناسایی خودکار نیازهای انتقال خون کمک نماید. نتایج نشان می‌دهد که تنها بر اساس اطلاعات موجود از سوابق بیمار، یک طبقه‌بندی موفقیت‌آمیز (۹۶٫۸۵٪) به دست آمده است [۶].

۴-۱-۴- شبکه‌های باور عمیق (DBN) و کاربرد آن

شبکه باور عمیق یا DBN نیز توسط جف هینتون ساخته شد. اعتقاد بر این است که این شبکه‌های قدرتمند توسط گوگل برای کار خود در مورد مسئله تشخیص تصویر استفاده می‌شود. از نظر ساختار، یک باور عمیق با پرسترون چند لایه (MLP) یکسان است، اما شباهت آن‌ها تنها از نظر ساختار می‌باشد. یک شبکه باور عمیق دارای یک روش آموزش کاملاً متفاوت است که به آن اجازه می‌دهد تا با محدودی‌گرادیان مقابله کند. این روش به عنوان پیش آموزش بدون نظارت لایه به لایه (Layer-wise Unsupervised Greedy Pre-Training) شناخته می‌شود. در اصل، DBN به طور هم زمان دو لایه آموزش داده می‌شود و با این دو لایه مانند RBM رفتار می‌شود. در سراسر شبکه، لایه پنهان یک RBM به عنوان لایه ورودی یک RBM مجاور عمل می‌کند. بنابراین اولین RBM آموزش داده می‌شود و از خروجی‌های آن بعنوان ورودی RBM بعدی استفاده می‌شود. این روش تا رسیدن به لایه خروجی تکرار می‌شود.

کومار و همکاران (۲۰۱۸) در تحقیقی تحت عنوان شبیه سازی رباتیک مغز انسان با استفاده از شبکه‌های باور عمیق کانولوشنی تلاش‌های جمعی در زمینه‌های علوم اعصاب محاسباتی، مهندسی نرم‌افزار و زیست‌شناسی، امکان تشریح مدل‌های معقول طبیعی مغز انسان را در پرتو شبکه‌های باور عمیق کانولوشنی فراهم کردند. در حالی که دستگاه‌های رضایت‌بخشی برای تقلید از سیستم‌های عصبی پیچیده یا محیط اطراف آن‌ها وجود دارد، تاکنون هیچ مکانیسمی وجود ندارد که به تبادل بین مغز و مدل ریاضی آن منجر شود. رباتیک عمیق مرحله دیگری است که قصد دارد این شکاف را با ارائه به محققان و مهندسان نوآور در تشخیص بیماری‌های مغز انسان از طریق ایجاد ارتباط بین مدل‌های مغز انسان با اجرای مجدد برنامه‌ریزی خودکار، پر نماید. در این تحقیق، رباتیک عمیق با استفاده از شبکه‌های باور عمیق کانولوشنی برای بازآفرینی مغز انسان در تشخیص بیماری‌های مغزی مورد بهره‌برداری قرار گرفت. دقت پیش‌بینی سه مدل ایده‌آل قابل توجه، برای مثال، شبکه‌های عصبی مصنوعی، یادگیری ماشینی و یادگیری عمیق در تشخیص بیماری‌های مرتبط با مغز، مانند بیماری آلزایمر و بیماری پارکینسون مورد بررسی قرار گرفتند. در تجزیه و تحلیل عددی، شبکه‌های باور عمیق کانولوشنال از شبکه‌های پس انتشار عصبی و شبکه‌های عصبی کانولوشنال در تخمین بیماری آلزایمر و بیماری پارکینسون برتری داشتند [۷].

تاجی و همکاران (۲۰۱۷) در مقاله کاهش هشدار کاذب در تشخیص فیبریلاسیون دهلیزی با استفاده از شبکه‌های باور عمیق روش جدیدی را برای کاهش نرخ هشدار کاذب (FA) ناشی از اندازه‌گیری سیگنال الکتروکاردیوگرام (ECG) با کیفیت پایین در طول تشخیص فیبریلاسیون دهلیزی (AFib) پیشنهاد می‌کنند. یک شبکه باور عمیق برای افتراق بخش‌های قابل قبول از غیرقابل قبول ECG استفاده می‌شود. برای اعتبارسنجی روش، هشت سطح مختلف از کیفیت ECG توسط سوابق ECG آلوده کننده مصنوعی، از پایگاه داده MIT-BIH AFib، با برداشتی از پایگاه داده تست استرس نوین MIT-BIH ارائه شده است [۸].

در سال ۲۰۱۵ شیم و همکاران در مقاله‌ی طبقه بندی الگوی EMG توسط شبکه باور عمیق تقسیم و ادغام یک الگوریتم تشخیص الگوی الکترومیوگرافی پیشرفته (EMG) را بر اساس یک شبکه باور عمیق تقسیم و ادغام (SM-DBN) معرفی کردند. به طور کلی، طبقه بندی ویژگی‌های EMG دشوار است زیرا سیگنال EMG دارای ویژگی‌های غیر خطی و متغیر با زمان است. بنابراین، روش‌های مختلف یادگیری ماشینی به کار گرفته شده است. DBN یک الگوریتم یادگیری سریع است که می‌تواند مجموعه نسبتاً خوبی از وزن‌ها را به سرعت - حتی در شبکه‌های عمیق با تعداد زیادی پارامتر و بسیاری از لایه‌های پنهان - شناسایی کند. برای کاهش بیش‌برازش و افزایش عملکرد، روش بهینه‌سازی اتخاذ شده بر اساس الگوریتم‌های ژنتیک (GA) است [۹].

۴-۲- معماری‌های وابسته یادگیری عمیق

معماری‌های وابسته (تحت نظارت) یادگیری عمیق عمدتاً برای داده‌های دارای برجسب برای تمایز الگوهای مربوط به وظایف پیش بینی مورد استفاده قرار می‌گیرند. معمول ترین معماری‌های یادگیری عمیق در زیر آمده است.

۴-۲-۱- شبکه عصبی عمیق (DNN) و کاربردهای آن

شبکه عصبی عمیق (DNN)، یک نوع شبکه عصبی مصنوعی با لایه‌های متعددی بین ورودی و خروجی است. DNN روابط ریاضی صحیح را (خطی یا غیر خطی) برای تبدیل ورودی به خروجی پیدا می‌کند. شبکه با حرکت در لایه‌ها، احتمال هر خروجی را محاسبه می‌نماید. برای مثال، DNN ای که برای تشخیص نژاد سگ آموزش دیده است، تصویر داده شده را بررسی و احتمال اینکه سگ داخل تصویر، نژادی خاص باشد را محاسبه می‌کند. کاربر می‌تواند نتایج را بررسی و تعیین کند که شبکه چه احتمالاتی را باید نشان دهد (مثلاً احتمالات بالاتر از یک مقدار خاص و غیر) و برجسب پیشنهادی را بازگرداند. هر محاسبه ریاضی این چینی را به عنوان یک لایه در نظر می‌گیرند، و DNN های پیچیده لایه‌های زیادی دارند، لذا نام شبکه‌های "عمیق" برایشان انتخاب شده است. هدف نهایی این است که شبکه ای آموزش داده شود تا تصویر را به ویژگی‌های آن تجزیه، روندهای موجود در تمام نمونه‌ها را شناسایی، و تصاویر جدید را طبق شباهت‌هایشان بدون نیاز به ورودی انسانی طبقه بندی کند. DNN ها می‌توانند روابط پیچیده غیرخطی را مدل سازی کنند. معماری‌های DNN، مدل‌هایی ترکیبی تولید می‌کنند که در آن شیء به عنوان ترکیبی لایه ای از داده‌های اولیه بیان می‌شود. لایه‌های اضافی، ترکیب ویژگی‌های لایه‌های پایین تر را ممکن می‌سازند، که بطور بالقوه موجب مدل سازی داده‌ها با واحدهایی کمتر از یک شبکه کم عمق با عملکرد مشابه می‌شود معماری‌های عمیق شامل اشکال متعددی از چند روش اساسی هستند. هر معماری در زمینه ای خاص موفق بوده است. مقایسه عملکرد چند معماری همواره ممکن نیست، مگر اینکه روی یک مجموعه داده ارزیابی شوند. DNN ها معمولاً شبکه‌هایی پیشخور هستند که در آن داده‌ها از لایه ورودی، بدون حلقه، به سمت لایه خروجی جریان پیدا می‌کند. ابتدا DNN نگاشتی از نورون‌های مجازی درست می‌کند و به اتصالات میان آنها، مقادیر عددی تصادفی یا "وزن" تخصیص می‌دهد. وزن‌ها و ورودی‌ها ضرب می‌شوند و یک خروجی بین ۰ و ۱ را باز می‌گردانند. اگر شبکه بطور دقیق الگوی مورد نظر را تشخیص ندهد، یک الگوریتم وزن‌ها را تنظیم می‌کند. به این طریق الگوریتم می‌تواند تاثیر برخی پارامترها را بیشتر کند، تا وقتی که محاسبات ریاضی صحیح را برای پردازش کامل داده‌ها پیدا کند.

بلو و همکاران (۲۰۱۷) در مقاله ای تحت عنوان یادگیری و سنتز سیگنال‌های زیستی با استفاده از شبکه‌های عصبی عمیق بیان کردند: مدل سازی سیگنال‌های فیزیولوژیکی یک کار پیچیده برای درک و تجزیه سیگنال‌های زیست پزشکی است. آنها یک مدل شبکه عصبی عمیق را پیشنهاد کردند که سیگنال‌های زیستی را یاد گرفته و تجزیه می‌نماید، که توسط معادل مورفولوژیکی سیگنال‌های اصلی تایید شده است.

در این تحقیق نتیجه گرفته شد که : سیگنال‌های تولید شده مشابه با بیان مورفولوژیکی نمونه‌های اصلی هستند. در طول فرآیند یادگیری، پس از مجموعه ای از تکرارها، مدل شروع به درک ویژگی‌های مورفولوژیکی اولیه سیگنال و بعداً ویژگی‌های چرخه ای آنها می‌کند. پس از آموزش، پیش‌بینی این مدل‌ها به سیگنال‌هایی که آنها را آموزش داده است، به‌ویژه RESP و ECG نزدیک‌تر است. این مکانیسم تجزیه نتایج مرتبطی را نشان داده است که الهام‌بخش استفاده برای توصیف سیگنال‌های سایر منابع فیزیولوژیکی است [۱۰].

در مقاله بررسی تابع فعالسازی تطبیقی در شبکه عصبی عمیق که در سال ۲۰۱۸ منتشر شده است، لا و لیم بیان می‌دارند: یک الگوریتم الهام گرفته شده بیولوژیکی از مغز انسان به نام شبکه عصبی عمیق (DNN) که حاوی چندین لایه پنهان است، اغلب به دلیل ویژگی اشباع تابع فعال‌سازی، مشکل گرادیان محو می‌شود. بنابراین، انتخاب تابع فعال‌سازی در DNN برای افزایش عملکرد تشخیص DNN بسیار مهم است. توابع فعال‌سازی غیراشباع، یعنی واحد خطی اصلاح‌شده اخیراً برای جلوگیری از محو شدن مشکل گرادیان در طول فرآیند آموزش DNN پیشنهاد شده است [۱۱]. چن و همکاران (۲۰۱۷) در تحقیق ۱S و ۲S تشخیص صدای قلب با استفاده از

شبکه‌های عصبی عمیق، شبکه عصبی عمیق در داده‌های زیست پزشکی را مورد تحلیل قرار دادند. این مطالعه بر تشخیص صدای قلب اول (۱S) و دوم (۲S) تنها بر اساس ویژگی‌های صوتی تمرکز دارد. مفروضات مدت زمان فردی ۱S و ۲S و فواصل زمانی ۱S-۲S و ۲S-۲S در فرآیند تشخیص دخالت ندارند. هدف اصلی این است که بررسی شود که آیا عملکرد شناسایی قابل اعتماد ۱S و ۲S در شرایطی که ممکن است اطلاعات مدت و فاصله زمانی قابل دسترسی نباشد هنوز قابل دستیابی است یا خیر. یک روش شبکه عصبی عمیق (DNN) برای تشخیص صداهای قلب ۱S و ۲S پیشنهاد شده است. در روش پیشنهادی، سیگنال‌های صدای قلب ابتدا به دنباله ای از ضرایب مغزی فرکانس مل (MFCCs) تبدیل می‌شوند. الگوریتم K-means برای خوشه‌بندی ویژگی‌های MFCC به دو گروه اعمال می‌شود تا نمایش و قابلیت تمایز آنها را اصلاح کند. سپس ویژگی‌ها به یک طبقه بندی کننده DNN داده می‌شود تا شناسایی ۱S و ۲S را انجام دهد. آنها آزمایش‌هایی را با استفاده از سیگنال‌های صدای قلب واقعی که با استفاده از گوشی پزشکی الکترونیکی ضبط شده بود انجام دادند. دقت، فراخوان، اندازه گیری F و دقت به عنوان معیارهای ارزیابی استفاده می‌شود. روش مبتنی بر DNN پیشنهادی می‌تواند به نمرات دقت بالا، یادآوری و اندازه گیری F با نرخ دقت بیش از ۹۱ درصد دست یابد. طبقه بندی کننده DNN امتیازات ارزیابی بالاتری را در مقایسه با سایر روش‌های طبقه بندی الگوی معروف ارائه می‌دهد. روش مبتنی بر DNN پیشنهادی می‌تواند به عملکرد شناسایی قابل اعتماد ۱S و ۲S بر اساس ویژگی‌های صوتی بدون استفاده از مرجع ECG یا ترکیب مفروضات مدت زمان‌های فردی ۱S و ۲S و فواصل زمانی ۱S-۲S و ۲S-۲S دست یابد [۱۲].

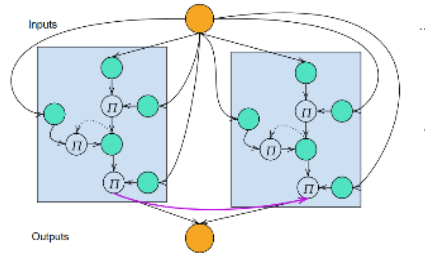
۴-۲-۲- شبکه‌های عصبی بازگشتی (RNN) و کاربرد آن

شبکه‌های عصبی بازگشتی در سال ۱۹۸۰ ایجاد شدند اما تنها در چند سال اخیر بوده است که این گونه از شبکه‌ها بطور گسترده مورد استفاده قرار گرفته‌اند. نام این شبکه عصبی از این واقعیت بدست می‌آید که این نوع از شبکه‌ها بصورت بازگشتی عمل می‌کنند. یعنی یک عملیات برای تک تک المان‌های یک دنباله (کلمه، جمله، ...) انجام می‌گیرد و خروجی آن وابسته به ورودی فعلی و عملیات‌های قبلی است. این گونه از شبکه‌های عصبی بطور خاص برای پردازش داده‌های سری یا دنباله دار مفید هستند و در آن‌ها هر نورون یا واحد پردازشی قادر به حفظ حالت داخلی یا همان حافظه به منظور حفظ اطلاعات مرتبط با ورودی قبلی می‌باشد. این ویژگی بطور ویژه در کاربردهای مختلف مرتبط با داده‌های سری اهمیت اساسی پیدا می‌کند. این نوع شبکه‌ها دارای حلقه ای در درون خود هستند که بوسیله آن می‌توانند اطلاعات را در حین خواندن ورودی از نورون‌ها عبور دهند. اکثر شبکه‌های یادگیری ماشینی به فرض استقلال در میان داده‌های آموزشی و آزمایشی مستقل هستند. بنابراین پس از پردازش هر نقطه داده، کل وضعیت شبکه از بین می‌رود. ظاهراً اگر نقاط داده به طور مستقل تولید شوند، این مشکلی نیست. اما اگر از نظر زمانی یا مکانی مرتبط باشند، فرض فوق غیر قابل قبول می‌شود. علاوه بر این، شبکه‌های معمولی معمولاً به نقاط داده ای تکیه می‌کنند که می‌توانند در بردارهایی با طول ثابت سازماندهی شوند. با این حال، در عمل، مشکلات متعددی وجود دارد که نیازمند مدل‌سازی داده‌ها با ساختار زمانی یا ترتیبی و ورودی‌ها و خروجی‌های طولی متفاوت است.

به منظور غلبه بر محدودیت‌های ذکر شده، RNNها پیشنهاد شده‌اند RNNها مدل‌هایی اتصالگرا هستند که می‌توانند اطلاعات را به صورت انتخابی در مراحل توالی انتقال دهند، در حالی که داده‌های متوالی را پردازش می‌کنند. از نقطه نظر کاربردهای مقیاس نانو، RNNها برای طراحی ساختار نانو و تشخیص توالی داده در MCها استفاده شده‌اند.

شکل ۱ موفق ترین الگوریتم RNN معرفی شده توسط Hochreiter و Schmidhuber را نشان می‌دهد. از این شکل، مشهود است که تنها تفاوت بین RNN و CNN در این است که لایه‌های پنهان آخر با سلول‌های حافظه با لایه‌های ثابت بازگشتی متصل جایگزین می‌شوند. سلول‌های حافظه حالت داخلی RNN را ذخیره می‌کنند و امکان پردازش توالی ورودی‌های با طول‌های مختلف را فراهم می‌کنند. به همین ترتیب، لایه‌های برگشتی تضمین می‌کنند که گرادیان می‌تواند از چندین مرحله بدون حذف شدن عبور کند. وزن‌ها در طول تمرین با سرعت کم تغییر می‌کنند تا حافظه بلند مدت ایجاد شود. در نهایت، RNNها از حافظه کوتاه مدت از طریق فعال سازی-

های زودگذر پشتیبانی می‌کنند، که از هر گره به گره‌های متوالی منتقل می‌شود. این به RNN ها اجازه می‌دهد تا از اطلاعات زمانی پویا پنهان در توالی‌های زمانی استفاده کنند.



شکل ۱. یک RNN با یک لایه پنهان متشکل از دو سلول حافظه

گاجندران و همکاران (۲۰۲۰) تعبیه سطح کاراکتر و سطح کلمه با LSTM دو طرفه را مورد بررسی قرار دادند. شناسایی موجودیت نامگذاری شده، فرآیند شناسایی موجودیت‌های مختلف در یک زمینه معین است. شناسایی موجودیت با نام زیست پزشکی (BNER) وظیفه استخراج نام‌های شیمیایی از منابع زیست پزشکی برای حمایت از تحقیقات زیست پزشکی است. هدف این سیستم استخراج نام‌های شیمیایی مفید از متن مراجع زیست پزشکی بدون بسیاری از ویژگی‌های مهندسی سنتی است. این رویکرد یک معماری شبکه عصبی جدید را با ترکیب حافظه کوتاه مدت دو طرفه (BLSTM)، شبکه عصبی بازگشتی پویا (RNN) و میدان تصادفی شرطی (CRF) معرفی می‌کند که از سطح کاراکتر و تعبیه سطح کلمه به عنوان تنها ویژگی برای شناسایی استفاده می‌کند [۱۳].

در مقاله شبکه‌های عصبی بازگشتی با استفاده از نماهای لیاپانوف برای تجزیه و تحلیل سیگنال‌های ECG از کوبلی (۲۰۱۰) رویکردی مبتنی بر ملاحظه سیگنال‌های الکتروکاردیوگرام (ECG) مورد بررسی قرار گرفت که برای تشخیص خودکار تغییرات الکتروکاردیوگرافی ارائه شده است. این ملاحظات با استفاده از ابزارهای دینامیک غیرخطی، مانند محاسبه توان لیاپانوف، با موفقیت آزمایش شد. شبکه عصبی بازگشتی (RNN) پیاده سازی شد و به عنوان مبنایی برای تشخیص تغییرات سیگنال‌های ECG استفاده شد. چهار نوع ضربان ECG (ضربان طبیعی، ضربان نارسایی احتقانی قلب، ضربان تاکی آریتمی بطنی، ضربان فیبریلاسیون دهلیزی) به دست آمده از پایگاه داده PhysioBank طبقه‌بندی شدند. تصمیم‌گیری در دو مرحله انجام شد: ویژگی‌های محاسباتی که بعداً به RNN وارد شدند و طبقه‌بندی با استفاده از RNN آموزش دیده با الگوریتم Levenberg-Marquardt. این تحقیق نشان داد که نماهای لیاپانوف ویژگی‌هایی هستند که به خوبی سیگنال‌های ECG را نشان می‌دهند و RNN آموزش دیده بر روی این ویژگی‌ها به دقت طبقه بندی بالایی دست یافته است [۱۴].

الابوگین و همکاران (۲۰۲۱) در تحقیقی تحت عنوان استفاده از شبکه‌های عصبی بازگشتی برای تشخیص ناهنجاری فرآیندهای صنعتی، کاربرد شبکه‌های عصبی بازگشتی برای تشخیص ناهنجاری‌های فرآیند صنعتی برای تشخیص نفوذ در سیستم‌های کنترل صنعتی را بررسی کرده‌اند. حمله سایبری به سیستم‌های کنترل صنعتی اغلب منجر به بروز ناهنجاری‌هایی در فرآیند صنعتی می‌شود. بنابراین، تشخیص چنین ناهنجاری‌هایی با پیش‌بینی وضعیت یک فرآیند صنعتی با استفاده از یک شبکه عصبی بازگشتی و مقایسه وضعیت پیش‌بینی شده با وضعیت فرآیند واقعی پیشنهاد می‌شود. در جریان تحقیقات تجربی، یک شبکه عصبی بازگشتی با لایه بازگشتی تک بعدی اجرا شده است [۱۵].

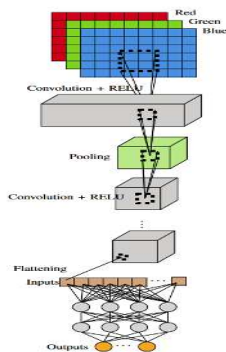
۴-۲-۳- شبکه‌های عصبی پیچشی (CNN) و کاربردهای آن

شبکه‌های عصبی پیچشی رده ای از شبکه‌های عصبی عمیق هستند که معمولاً برای انجام تحلیل‌های تصویری یا گفتاری در یادگیری ماشین استفاده می‌شوند. این شبکه یک الگوریتم یادگیری عمیق است که تصویر ورودی را دریافت می‌کند و به هر یک از اشیا

جنبه‌های موجود در تصویر میزان اهمیت (وزنهای قابل یادگیری و بایاس) تخصیص می‌دهد و قادر به متمایزسازی آنها از یکدیگر است. در الگوریتم ConvNet در مقایسه با دیگر الگوریتم‌های دسته‌بندی به پیش‌پردازش کمتری نیاز است. در حالیکه فیلترهای روشهای اولیه به صورت دستی مهندسی شده‌اند، شبکه عصبی پیچشی، با آموزش دیدن به اندازه کافی، توانایی فراگیری این فیلترها مشخصات را کسب می‌کند. معماری ConvNet مشابه با الگوی اتصال نورون‌ها در مغز انسان است و از سازماندهی قشر بصری در مغز الهام گرفته شده است. هر نورون به محرک‌ها تنها در منطقه محدودی از میدان بصری که تحت عنوان میدان تاثیر شناخته شده است پاسخ می‌دهد. یک مجموعه از این میدان‌ها برای پوشش دادن کل ناحیه بصری با یکدیگر هم‌پوشانی دارند. ConvNet قادر است به طور موفقیت‌آمیزی وابستگی‌های زمانی و فضایی را در یک تصویر با استفاده از فیلترهای مرتبط ثبت کند و همچنین، معماری فیلترگذاری بهتری را روی مجموعه داده تصویر به دلیل کاهش تعداد پارامترهای درگیر و استفاده مجدد از وزن‌ها انجام می‌دهد. به بیان دیگر، شبکه می‌تواند برای درک تصاویر پیچیده به طور بهتری آموزش ببیند.

CNN ها به طور گسترده برای تجزیه و تحلیل تصاویر با درجاتی از همبستگی فضایی استفاده شده‌اند. هدف CNN ها استخراج همبستگی‌های محلی اساسی در داده‌ها است و بنابراین، آن‌ها برای شناسایی ویژگی‌های تصویری که به این همبستگی‌ها بستگی دارند مناسب هستند. از این نظر محققین از CNNها برای تجزیه و تحلیل اسکایمییونها در تصاویر میکروسکوپ الکترونی عبوری لورنتس (TEM) برجسب‌گذاری شده استفاده کرده‌اند، همچنین از CNNها برای شناسایی فازهای ماده از داده‌های استخراج‌شده از طریق شبیه‌سازی مونت کارلو استفاده شده است. یکی دیگر از کاربردهای CNN در سیستم‌های زیست پزشکی، استفاده از سیستم‌های تحقیقاتی مستقل (ARES) است. شکل ۳ یک طراحی معمولی CNN را نشان می‌دهد که الگوهای اتصال نورون‌ها را در مغز انسان بازسازی می‌کند و از نورون‌هایی تشکیل شده است که در یک فضای سه بعدی شامل عرض، ارتفاع و عمق چیده شده‌اند. هر نورون چندین ورودی دریافت می‌کند و یک ضرب عنصری را انجام می‌دهد که معمولاً با یک عملیات غیر خطی دنبال می‌شود. توجه داشته باشید که در اکثر موارد، الگوریتم‌های CNN به طور کامل به هم متصل نیستند. این بدان معناست که نورون‌های یک لایه تنها به ناحیه کوچکی از لایه قبلی متصل خواهند شد. هر لایه از یک CNN ورودی خود را به یک خروجی سه بعدی فعال سازی نورون تبدیل می‌کند. به طور دقیق تر، از لایه‌های زیر تشکیل شده است:

- ورودی: این لایه تصویر ورودی را در CNN نشان می‌دهد. لایه ورودی پیکسل‌های خام تصویر را در سه کانال رنگی قرمز، سبز و آبی نگه می‌دارد.
- پیچیدگی: لایه‌ها ستون‌های CNN هستند. آنها حاوی وزن‌هایی هستند که برای استخراج ویژگی‌های متمایز تصاویر استفاده می‌شود. همانطور که در شکل ۲ نشان داده شده است، آنها خروجی نورون‌ها را که به مناطق محلی در ورودی متصل هستند، ارزیابی می‌کنند.
- واحد خطی اصلاح شده (RELU): یک تابع فعال سازی از نظر عنصر مانند آستانه گذاری در صفر را اعمال می‌کند. این اجازه می‌دهد تا مرزهای تصمیم‌گیری غیر خطی ایجاد شود.
- Pooling: نمونه برداری پایین را در امتداد ابعاد فضایی انجام می‌دهد.
- Flattening: مقادیر ماتریس سه بعدی را به یک بردار، سازماندهی مجدد می‌نماید.
- لایه‌های پنهان: نمرات طبقه بندی را برمی‌گرداند.



شکل ۲: طراحی معمولی CNN

در تحقیق رویکرد شبکه عصبی عمیق در بهینه‌سازی افزونگی شبه انسانی برای دستکاری آنترومورفیک که سو و همکاران در سال ۲۰۱۹ انجام دادند رفتار شبه انسانی در حوزه رباتیک برای بهبود کیفیت تعامل انسان و ربات (HRI) نشان داده شد. برای تقلید رفتار شبه انسانی، نگاشت سینماتیک بین بازوی انسان و دستکاری ربات یکی از راه‌های محبوب است. برای تحقق این نیاز، یک روش بازسازی به نام حرکت چرخشی برای دستیابی به تقلید شبه انسانی اتخاذ شد. هدف این رویکرد مدل‌سازی رابطه رگرسیون بین وضعیت ربات و زاویه حرکت چرخشی است. سپس با استفاده از درجات اضافی دستکاری کننده به حرکت چرخشی شبه انسانی می‌رسد. این ویژگی برای بیشتر ربات‌های انسانی دیگر صادق است. اگرچه رویکردهای مبتنی بر شبکه عصبی مصنوعی (ANN) استحکام مناسبی را نشان می‌دهند، اما عملکرد پیش‌بینی محدود می‌باشد [۱۶]. در تحقیقی دیگر ریوس و همکاران در سال ۲۰۱۵ بر روی شبکه‌های عصبی کانولوشن برای طبقه‌بندی زیست پزشکی: کاربرد در نمایه سازی مقالات زیست پزشکی مورد بررسی قرار گرفته است. ساخت طبقه‌بندی‌کننده‌های متنی با دقت بالا، با توجه به انبوهی از اطلاعات پنهان در روایت‌های بدون ساختار مانند مقالات تحقیقاتی و اسناد بالینی، یک کار مهم در زیست پزشکی است. با توجه به فضاها مشخصه بزرگ، به طور سنتی، رویکردهای متمایز مانند رگرسیون لجستیک و ماشین‌های بردار پشتیبان با ویژگی‌های n-gram و معنایی (به عنوان مثال، موجودیت‌های نام‌گذاری شده) برای طبقه‌بندی متن استفاده می‌شود که در آن دستاوردهای عملکرد اضافی معمولاً از طریق انتخاب ویژگی و رویکردهای مجموعه ایجاد می‌شوند. در این مقاله، نویسندگان نشان دادند که یک رویکرد مستقیم با استفاده از شبکه‌های عصبی کانولوشنال (CNN) از چندین رویکرد سنتی در طبقه‌بندی متن زیست پزشکی با استفاده ویژه از اختصارات سرفصل‌های موضوعی پزشکی (یا اصطلاحات MeSH) به مقالات زیست پزشکی بهتر عمل می‌کند. کد نویسان آموزش دیده در کتابخانه ملی پزشکی (NLM) به طور متوسط ۱۳ کد را به هر مقاله زیست پزشکی اختصاص می‌دهند، بنابراین متون علمی را به صورت معنایی نمایه می‌کنند تا از سیستم جستجوی PubMed NLM پشتیبانی کنند. شواهد نشان می‌دهد که تلاش‌های خودکار مؤثر برای تخصیص اصطلاح MeSH با طبقه‌بندی‌کننده‌های باینری برای هر عبارت آغاز می‌شود. در این مقاله، ریوس و همکاران از CNN برای ساخت طبقه‌بندی‌کننده‌های متن باینری استفاده کردند و در مقایسه با بهترین نتایج قبلی در یک مجموعه داده عمومی، به بهبود مطلق بیش از ۳ درصد در امتیاز F کلی نسبت به مجموعه‌ای از اصطلاحات MeSH انتخاب شده که طبقه‌بندی پیچیده ای دارند، پرداختند. آزمایش‌های اضافی روی ۵۰ عبارت فرکانس بالا در مجموعه داده نیز بهبودهایی را با CNN نشان می‌دهد. نتایج بدست آمده، پتانسیل قوی CNN ها را در وظایف طبقه بندی زیست پزشکی نشان می‌دهد [۱۷].

انوار و همکاران (۲۰۱۸) تجزیه و تحلیل تصویر پزشکی با استفاده از شبکه‌های عصبی کانولوشن را مورد مرور قرار دادند. دانش حل مسائل بالینی با تجزیه و تحلیل تصاویر تولید شده در عمل بالینی به عنوان تجزیه و تحلیل تصویر پزشکی شناخته می‌شود. هدف استخراج اطلاعات به شیوه ای موثر و کارآمد برای بهبود تشخیص بالینی است. پیشرفت‌های اخیر در زمینه مهندسی زیست پزشکی، تجزیه و تحلیل تصویر پزشکی را به یکی از حوزه‌های تحقیق و توسعه برتر تبدیل کرده است. یکی از دلایل این پیشرفت استفاده از تکنیک‌های یادگیری ماشینی برای تجزیه و تحلیل تصاویر پزشکی است. یادگیری عمیق با موفقیت به عنوان ابزاری برای یادگیری

ماشینی استفاده می‌شود، جایی که یک شبکه عصبی قادر به یادگیری خودکار ویژگی‌ها است. این برخلاف روش‌هایی است که در آن از ویژگی‌های دستی سنتی استفاده می‌شود. انتخاب و محاسبه این ویژگی‌ها یک کار چالش برانگیز است. در میان تکنیک‌های یادگیری عمیق، شبکه‌های کانولوشن عمیق به طور فعال برای تجزیه و تحلیل تصویر پزشکی استفاده می‌شوند. این تکنیک شامل حوزه‌های کاربردی مانند تقسیم‌بندی، تشخیص ناهنجاری، طبقه‌بندی بیماری، تشخیص و بازیابی به کمک رایانه است [۱۸].

۳-۴- معماری‌های ترکیبی یادگیری عمیق

معماری ترکیبی هر دو مدل معماری مولد (بدون نظارت) و معماری وابسته (تحت نظارت) را شامل می‌شود. این معماری از ویژگی‌های معماری مولد در مراحل اولیه و ویژگی‌های معماری وابسته در مراحل بعدی برای تفکیک داده‌ها بهره می‌برد.

۴-۳-۱- شبکه‌های مولد تخصصی (GAN) و کاربرد آن

شبکه‌های مولد تخصصی (GAN)، دسته‌ای از سیستم‌های یادگیری ماشین محسوب می‌شوند که توسط ایان گودفلو و همکارانش در سال ۲۰۱۴ ابداع شده‌اند. دو شبکه عصبی، در یک بازی با یکدیگر به رقابت می‌پردازند (بازی به مفهومی که در نظریه بازی وجود دارد، اما همیشه به شکل بازی با مجموع صفر نیست). با بهره‌گیری از یک مجموعه داده آموزشی، این روش می‌آموزد تا داده‌های جدیدی را با آماره‌هایی مشابه با مجموعه آموزش تولید کند. شبکه مولد تخصصی رویکردی برای مدلسازی مولد با استفاده از روش‌های یادگیری عمیق مانند شبکه‌های عصبی پیچشی است. مدلسازی مولد یک فعالیت نظارت نشده در یادگیری ماشین است که شامل اکتشاف خودکار و یادگیری قواعد یا الگوهای موجود در داده‌های ورودی می‌شود. این کار به صورتی انجام می‌شود که از مدل می‌توان برای تولید یا خروجی دادن نمونه‌های جدیدی که به شکل قابل باوری از مجموعه داده اصلی قابل برگرفته شدن هستند استفاده کرد. شبکه‌های مولد تخصصی راهکاری هوشمندانه برای آموزش دادن یک مدل مولد هستند. آنها این کار را با قاب بندی مساله به عنوان یک مساله یادگیری نظارت شده با دو زیر مدل انجام می‌دهند. این دو زیر مدل عبارتند از مدل مولد که برای تولید نمونه‌های جدید آموزش داده می‌شود و مدل متمایزگر که تلاش می‌کند تا نمونه‌ها را به عنوان نمونه واقعی (از دامنه) یا جعلی (تولید شده) دسته‌بندی کند. هر دو مدل با یکدیگر در یک بازی مجموع صفر تخصصی آموزش داده می‌شوند و این کار تا جایی ادامه پیدا می‌کند که مدل متمایزگر بالغ بر نیمی از دفعات گول بخورد؛ بدین معنا که مدل مولد، نمونه‌های قابل باور تولید کرده است.

در مقاله شبکه‌های متخاصم مولد: یک مرور کلی، تام وایت و همکاران (۲۰۱۸) شبکه‌های متخاصم مولد (GANs) را بررسی کرده و راهی برای یادگیری بازنمایی‌های عمیق بدون داده‌های آموزشی گسترده ارائه داده‌اند. آنها با استخراج سیگنال‌های پس انتشار از طریق یک فرآیند رقابتی شامل یک جفت شبکه به این امر دست می‌یابند. نمایش‌هایی که توسط GAN ها یاد گرفته می‌شوند، ممکن است در کاربردهای مختلفی از جمله سنتز تصویر، ویرایش معنایی تصویر، انتقال سبک، وضوح تصویر فوق العاده و طبقه بندی استفاده شوند [۱۹].

وانگ و همکاران (۲۰۲۰) در مقاله بهبود کیفیت تصویر دستگاه‌های سونوگرافی دستی با شبکه دو مرحله ای مولد متخاصم، یک روش تصویربرداری پرکاربرد در زمینه پزشکی از راه دور معرفی نمودند، به صورتی که توسعه دستگاه‌های سونوگرافی قابل حمل به یک موضوع تحقیقاتی محبوب تبدیل شده است. با این حال، اندازه محدود دستگاه‌های اولتراسوند قابل حمل معمولاً کیفیت تصویربرداری را کاهش داده و از قابلیت اطمینان تشخیصی می‌کاهد. برای غلبه بر محدودیت‌های سخت‌افزاری و بهبود کیفیت تصویر دستگاه‌های اولتراسوند قابل حمل، آنها یک مدل شبکه متخاصم مولد جدید (GAN) برای دستیابی به نداشت بین تصاویر اولتراسوند با کیفیت پایین و تصاویر با کیفیت بالای مربوطه پیشنهاد کردند. نتایج نشان می‌دهند که رویکرد پیشنهادی، راه‌حلی بهینه را برای بهبود کیفیت و ارائه اطلاعات تشخیصی مفید برای تصاویر سونوگرافی قابل حمل به دست می‌آورد. این فناوری برای ارائه مراقبت‌های پزشکی عمومی از اهمیت بالایی برخوردار است [۲۰].

۵- نتیجه گیری

یادگیری عمیق به سمت هدف اصلی خود یعنی هوش مصنوعی حرکت می‌کند: ظرفیت استخراج ویژگی‌های پیشرفته یادگیری عمیق، کاربرد آن را در طیف وسیعی از زمینه‌ها ممکن می‌سازد. یادگیری عمیق برای کاربردهای زیست پزشکی، یک ابزار قوی در تشخیص و یا ارزیابی بیماری‌ها بوده است. این روند نیازمند مشارکت متخصص‌ها و پزشکان می‌باشد. روش‌های یادگیری عمیق، موفقیت زیادی در انواع وظایف بصری کامپیوتری مانند شناسایی اشیاء، مشخص کردن مکان آن‌ها و یا بخش بندی تصویرهای طبیعی به دست آورده است. این موارد، باعث شده که این روش‌ها از نظر تفسیر تصویرهای پزشکی نیز امید بخش باشند.

مراجع

- [1] D. Shen, G. Wu, and H.-I. Suk, "Deep learning in medical image analysis," *Annual review of biomedical engineering*, vol. 19, p. 221, 2017.
- [2] W. Shafik, S. M. Matinkhah, and M. Ghasemzadeh, "Theoretical understanding of deep learning in uav biomedical engineering technologies analysis," *SN Computer Science*, vol. 1, no. 6, pp. 1-13, 2020.
- [3] P. S. Raja, "Brain tumor classification using a hybrid deep autoencoder with Bayesian fuzzy clustering-based segmentation approach," *Biocybernetics and Biomedical Engineering*, vol. 40, no. 1, pp. 440-453, 2020.
- [4] R. Vankdothu and M. A. Hameed, "Image Compression of Brain MRI images using an Autoencoder and Restricted Boltzmann Machine," *Neuroscience Informatics*, p. 100084, 2022.
- [5] S. Kumar, R. R. Janghel, and S. P. Sahu, "Classification of EEG Signals for Detection of Epileptic Seizure Using Restricted Boltzmann Machine Classifier," *Data Mining and Machine Learning Applications*, pp. 397-421, 2022.
- [6] J. Cifuentes, Y. Yao, M. Yan, and B. Zheng, "Blood transfusion prediction using restricted Boltzmann machines," *Computer Methods in Biomechanics and Biomedical Engineering*, vol. 23, no. 9, pp. 510-517, 2020.
- [7] P. J. Kumar, Y. Yuan, Y. Yung, M. Pan, and W. Hu, "Robotic simulation of human brain using convolutional deep belief networks," *International Journal of Intelligent Machines and Robotics*, vol. 1, no. 2, pp. 180-191, 2018.
- [8] B. Taji, A. D. Chan, and S. Shirmohammadi, "False alarm reduction in atrial fibrillation detection using deep belief networks," *IEEE Transactions on Instrumentation and Measurement*, vol. 67, no. 5, pp. 1124-1131, 2017.
- [9] H.-m. Shim, H. An, S. Lee, E. H. Lee, H.-k. Min, and S. Lee, "EMG pattern classification by split and merge deep belief network," *Symmetry*, vol. 8, no. 12, p. 148, 2016.
- [10] D. Belo, J. Rodrigues, J. R. Vaz, P. Pizarat-Correia, and H. Gamboa, "Biosignals learning and synthesis using deep neural networks," *Biomedical engineering online*, vol. 16, no. 1, pp. 1-17, 2017.
- [11] M. M. Lau and K. H. Lim, "Review of adaptive activation function in deep neural network," in *2018 IEEE-EMBS Conference on Biomedical Engineering and Sciences (IECBES)*, 2018: IEEE, pp. 686-690.
- [12] T.-E. Chen *et al.*, "S1 and S2 heart sound recognition using deep neural networks," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 64, no. 2, pp. 372-380, 2016.
- [13] S. Gajendran, D. Manjula, and V. Sugumaran, "Character level and word level embedding with bidirectional LSTM-Dynamic recurrent neural network for biomedical named entity recognition from literature," *Journal of Biomedical Informatics*, vol. 112, p. 103609, 2020.
- [14] E. D. Übeyli, "Recurrent neural networks employing Lyapunov exponents for analysis of ECG signals," *Expert systems with applications*, vol. 37, no. 2, pp. 1192-1199, 2010.

- [15] S. K. Alabugin and A. N. Sokolov, "Applying of Recurrent Neural Networks for Industrial Processes Anomaly Detection," in *2021 Ural Symposium on Biomedical Engineering, Radioelectronics and Information Technology (USBREIT)*, 2021: IEEE, pp. 0467-0470.
- [16] H. Su, W. Qi, C. Yang, A. Aliverti, G. Ferrigno, and E. De Momi, "Deep neural network approach in human-like redundancy optimization for anthropomorphic manipulators," *IEEE Access*, vol. 7, pp. 124207-124216, 2019.
- [17] A. Rios and R. Kavuluru, "Convolutional neural networks for biomedical text classification: application in indexing biomedical articles," in *Proceedings of the 6th ACM Conference on Bioinformatics, Computational Biology and Health Informatics*, 2015, pp. 258-267.
- [18] S. M. Anwar, M. Majid, A. Qayyum, M. Awais, M. Alnowami, and M. K. Khan, "Medical image analysis using convolutional neural networks: a review," *Journal of medical systems*, vol. 42, no. 11, pp. 1-13, 2018.
- [19] A. Creswell, T. White, V. Dumoulin, K. Arulkumaran, B. Sengupta, and A. A. Bharath, "Generative adversarial networks: An overview," *IEEE signal processing magazine*, vol. 35, no. 1, pp. 53-65, 2018.
- [20] Z. Zhou, Y. Wang, Y. Guo, Y. Qi, and J. Yu, "Image quality improvement of hand-held ultrasound devices with a two-stage generative adversarial network," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 67, no. 1, pp. 298-311, 2019.