

تشخیص بیماری دیابت با استفاده از الگوریتم ترکیبی گرده‌افشانی گل و الگوریتم گروهی نزدیک‌ترین همسایه*

زینب حسنی^۱

نجمه صمدیانی^۲

چکیده

دیابت بیماری است که علاوه بر پیشگیری، نیاز به مراقبت‌های فراوانی از جمله میزان نوسانات سطح قند خون دارد. تشخیص به موقع بیماری نقش بسزایی در درمان ایفا می‌کند و به طور چشمگیری صدمات ناشی از بیماری را کاهش می‌دهد. بنابراین، نیاز به تشخیص بیماری دیابت احساس می‌شود. به دلیل آنکه الگوریتم‌های ترکیبی توانایی بالایی در پیش‌بینی و تشخیص انواع بیماری‌ها دارند، در این مقاله رویکردی هوشمندانه با الگوریتم ترکیبی گرده‌افشانی گل و الگوریتم گروهی نزدیک‌ترین همسایه برای تشخیص این بیماری ارائه شده است. صحت روش پیشنهادی با مجموعه داده PID با ۷۶۸ نمونه و ۸ ویژگی ارزیابی شده و صحت ۹۷/۷۸ درصد به دست آمده است. نتایج نشان می‌دهد که صحت این روش به میزان قابل توجهی نسبت به مطالعات قبلی بهبود یافته است که برتری روش پیشنهادی را تأیید می‌کند.

واژه‌های کلیدی: الگوریتم گرده‌افشانی گل، الگوریتم نزدیک‌ترین همسایه، الگوریتم گروهی نزدیک‌ترین همسایه، بیماری دیابت.

* تاریخ دریافت: ۱۳۹۷/۰۷/۲۳؛ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۸/۰۷/۰۵.

^۱ مری، گروه مهندسی کامپیوتر، دانشکده علوم پایه و فنی، دانشگاه کوثر بجنورد، بجنورد، ایران (نویسنده مسئول) Hassani@kub.ac.ir

^۲ مری، گروه مهندسی کامپیوتر، دانشکده علوم پایه و فنی، دانشگاه کوثر بجنورد، بجنورد، ایران. Najmeh_sam@yahoo.com

مقدمه

دیابت بیماری است که از اختلال متابولیک و افزایش غلظت قند خون ناشی از کمبود انسولین یا حساسیت به انسولین یا هر دو ایجاد می‌شود و می‌تواند منجر به عوارض جدی برای بیمار یا حتی مرگ زودرس آن گردد. با این حال، انجام چندین آزمایش برای تشخیص دیابت ضروری است و تجزیه و تحلیل عوامل بحرانی نقش حیاتی در تشخیص بیماری دارد. بنابراین، امروزه سیستم‌های پزشکی مبتنی بر کامپیوتر (CAD) بسیار مرسوم شده‌اند که از الگوریتم‌های یادگیری ماشین برای طبقه‌بندی و تشخیص بیماری‌ها، درمان به موقع بیماری و کاهش هزینه‌های مورد نیاز استفاده می‌شود (بیل‌هاز، اینان و و ستر، ۲۰۱۴). علاوه بر این، این الگوریتم‌ها منجر به تصمیمات دقیق شده و مواردی مانند درد بیمار، زمان‌بر بودن و وابستگی به شرایط محیطی سیستم پیشنهادی را تحت تأثیر در تصمیم‌گیری درمان قرار نمی‌دهند.

پیشینه پژوهش

برای تشخیص بیماری دیابت مطالعات گسترده با الگوریتم‌های مختلف یادگیری ماشین انجام شده است. در سال ۲۰۱۳ آنوجا و همکارانش سیستم تشخیص بیماری دیابت با الگوریتم SVM را پیشنهاد داده‌اند و آن را با مجموعه داده PID ارزیابی کردند. صحت سیستم پیشنهادی ۷۸ درصد با تابع کرنل RBF حاصل شده است (آنوجا و چیترا، ۲۰۱۳). آیزوریا و همکارانش درخت تصمیم J48 و الگوریتم نایو بیز برای تشخیص دیابت با مجموعه داده PID به کار بردند و نتایج طبقه‌بندی به ترتیب ۷۴/۸ درصد و ۷۹/۵ درصد برای درخت تصمیم J48 و الگوریتم بیز ساده به دست آمد (آیزوریا، جیالاتا و روناک، ۲۰۱۵). هارلن و همکاران، نیز یک سیستم پیشگیری بیماری دیابت مشابه (آیزوریا، جیالاتا و روناک، ۲۰۱۵) ارائه دادند که نتایج سیستم پیشنهادی برای درخت تصمیم J48 و الگوریتم بیز ساده به ترتیب ۷۳/۸ درصد و ۷۶/۳ درصد به دست آمده است (هارلین و بامبری، ۲۰۱۶). کریه شنوینی و همکارانش، روش‌های مختلف از جمله الگوریتم

نزدیک‌ترین همسایه KNN، الگوریتم بیز ساده، تحلیل تشخیصی، ماشین بردار با تابع کرنل خطی و تابع کرنل RBF را برای پیش‌بینی بیماری دیابت مطالعه کرده‌اند. بهترین نتیجه در روش تحلیل تشخیصی با صحت $76/3\%$ در صد حاصل شده است (گریشنوینی و سودا ۲۰۱۷). در سال ۲۰۱۸، به کارگیری الگوریتم ترکیبی الگوریتم‌های فراابتکاری ژنتیک، ازدحام ذرات و گردش کار با کلاس‌بندی شبکه عصبی برای تشخیص بیماری دیابت پیشنهاد شده‌اند که از میان آن‌ها، الگوریتم ازدحام ذرات با شبکه عصبی بالاترین صحت با مقدار $80/34\%$ را نشان داده است (احسان، عثمان، اوغز و خالد ۲۰۱۸).

در این مقاله، روش جدیدی برای تشخیص بیماری دیابت پیشنهاد شده است که قادر است با بالاترین صحت، این بیماری را تشخیص دهد. مبنای الگوریتم‌های کلاس‌بندی، یادگیری ماشین با داده‌های متوازن است و داده‌های پز شکی از جمله داده بیماری دیابت نامتوازن هستند. بنابراین، در این پژوهش از روش بیش نمونه برداری Smote برای متوازن‌سازی داده‌ها استفاده شده است. سپس، عملکرد الگوریتم ترکیبی گرده‌افشانی گل و الگوریتم گروهی نزدیک‌ترین همسایه با داده‌های متوازن شده در مجموعه داده PID بررسی می‌شود.

در ادامه، در بخش دوم روش تحقیق شرح داده می‌شود. نتایج و یافته‌ها بخش سوم را شکل می‌دهند. در بخش چهارم، نتیجه‌گیری پایان‌بخش مقاله خواهد بود.

روش‌شناسی پژوهش

در این مطالعه، الگوریتم ترکیبی گرده‌افشانی گل با الگوریتم گروهی نزدیک‌ترین همسایه با مجموعه داده PID^1 مطالعه شده است. ابتدا مجموعه داده PID پیش‌پردازش می‌شود. سپس داده‌های پیش‌پردازش شده را با روش پیشنهادی ارزیابی می‌کنیم. در این بخش، مفاهیم اولیه از جمله الگوریتم گرده‌افشانی گل، الگوریتم گروهی نزدیک‌ترین همسایه و روش پیشنهادی توضیح داده می‌شود.

¹ Pima Indians Diabetes

الگوریتم گرده‌افشانی گل

الگوریتم گرده‌افشانی گل (FPA¹) یا به بیان دیگر، الگوریتم گل، توسط شین یا ننگ در سال ۲۰۱۲ معرفی شد (لنین ردی ۲۰۱۴) که عملکرد آن بر اساس روند گرده افشاندن گل گیاهان است. گرده‌افشانی پدیده‌ای است که گرده از گلی به گل دیگر انتقال داده می‌شود. برای طراحی الگوریتم FPA، ۴ بخش اصلی مد نظر قرار می‌گیرد. بخش اول: گرده‌افشانی زیست‌محیطی (biotic) و متقابل (cross) به عنوان روند گرده‌افشانی جهانی مورد توجه قرار گرفته است. گرده‌افشانی جهانی را می‌توان به صورت رابطه (۱) نشان داد.

$$x_i^{t+1} = x_i^t + \gamma L(\lambda)(g_* - x_i^t) \quad \text{رابطه (۱)}$$

x_i^t گرده i یا حل مسئله x_i در تکرار t ام، g_* بهترین راه حل فعلی در میان تمام راه‌حل‌های موجود در نسل، i حالت فعلی و γ یک معیار اندازه برای کنترل اندازه گام‌ها است. $L(\lambda)$ پارامتری مربوط به قدرت گرده‌افشانی است که با عبور به فرایند گرده‌افشانی می‌گردد. از آنجا که حشرات ممکن است با گام‌های فاصله مختلف حرکت کنند، از توزیع $L(\lambda)$ برای توزیع پروازها با مقدار بزرگتر از صفر $L > 0$ استفاده می‌شود.

$$L(\lambda) \sim \frac{\lambda \Gamma(\lambda \sin(\frac{\lambda}{2}))}{\pi} \frac{1}{s^{1+\lambda}} \quad (s \gg s_0 > 0) \quad \text{رابطه (۲)}$$

$\Gamma(\lambda)$ توزیع استاندارد گاما است و توزیع برای مراحل بزرگ $s > 0$ معتبر است.

بخش دوم: برای گرده‌افشانی محلی، A-biotic و self-pollination استفاده شده است.

بخش سوم: گرده‌افشانی توسط حشرات و پرندگان می‌تواند قابلیت افشانی گل را افزایش دهد که باعث توسعه و ثبات گل‌ها و تولید گونه‌های جدید می‌شود.

بخش دوم و سوم با رابطه (۳) نشان داده شده است.

$$x_i^{t+1} = x_i^t + e(x_j^t - x_k^t) \quad \text{رابطه (۳)}$$

¹ Flower Pollination Algorithm

x_k^t و x_j^t گرده گل های متفاوت از گونه های گیاهی مشابه است که قابلیت گرده افشانی گل را در منطقه محدودی تقلید می کنند. از دیدگاه ریاضی، اگر x_k^t و x_j^t از یک گونه یا از همان جمعیت انتخاب شده باشد، رابطه ۳ با $e \in [0, 1]$ یک جستجوی محلی در توزیع یکنواخت است.

بخش چهارم: ارتباط گرده افشانی محلی و گرده افشانی جهانی را می توان با کنترل احتمال $P \in [0, 1]$ با یک گرایش جزئی نسبت به گرده افشانی محلی کنترل کرد (عبدالعزیز، علی و عبدالعزیم، ۲۰۱۶).

اثربخشی الگوریتم FPA برای حل مسئله به دو دلیل قابل توجه است: اولین دلیل این است که گرده افشانی های حشرات می توانند در فاصله های طولانی حرکت کنند که باعث می شود الگوریتم FPA از جستجوی محلی در فضای بسیار بزرگ (کاوش) جلوگیری کند و دلیل دیگر این است که الگوریتم FPA تضمین می کند که همواره گونه های مشابه از گل ها انتخاب می شوند که تضمین کننده همگرایی سریع و یافتن راه حل بهینه (بهره برداری) است (هارونا و همکارانش، ۲۰۱۵).

الگوریتم نزدیکترین همسایه

الگوریتم نزدیکترین همسایه KNN یکی از الگوریتم های طبقه بندی یادگیری ماشین و نوعی یادگیری مبتنی بر نمونه است. طبقه بندی این روش صرفاً بر اساس تشابه صورت می گیرد. فرایند طبقه بندی KNN از یک مجموعه داده با تعداد مشخصی ویژگی شروع می شود. مجموعه داده ها به دو مجموعه آموزش برای ورودی الگوریتم و تست برای ارزیابی صحت الگوریتم تقسیم می شوند. برای طبقه بندی، داده های تست متعلق به کلاسی است که بیشترین آراء را در بین k نزدیکترین همسایگان آن داشته باشد. برای بدست آوردن نزدیکترین همسایگان یک نمونه، فاصله های مختلفی همچون فاصله اقلیدسی و منتهن طبقه رابطه (۴) و (۵) استفاده می شود (آلکا دمراندر ۲۰۱۶) و (بوناساری، برنتا ۲۰۱۵).

$$(x, t) = \sqrt{\sum_{1 \leq i \leq n} (x_i - t_i)^2} \quad \text{رابطه ۴}$$

$$d(x, t) = \sum_{1 \leq i \leq n} |x_i - t_i| \quad \text{رابطه ۵}$$

الگوریتم گروهی نزدیک‌ترین همسایه

الگوریتم گروهی، ترکیب چندین الگوریتم کلاس‌بندی است که به عنوان بهبود عملکرد کلاس‌بندی‌های یادگیری ضعیف ارائه شده است (اسما و هم‌کارانش، ۲۰۱۶). طبقه‌بندی بهبودیافته را می‌توان با استفاده از طبقه‌بندی‌های متنوع استفاده کرد. Bagging، Boosting و Rotation Forest سه روش شناخته شده از الگوریتم‌های گروهی هستند.

Bootstrap aggregation (bagging) یکی از ساده‌ترین تکنیک‌های گروهی است. خروجی‌های حاصل از طبقه‌بندی‌هایی که روی مجموعه‌های آموزش bootstrap به طور تصادفی ایجاد شده‌اند را با هم ترکیب می‌کند. از الگوریتم‌های کلاس‌بندی متنوعی مانند درخت تصمیم به عنوان طبقه‌بندی‌های پایه این الگوریتم استفاده می‌شود. الگوریتم KNN یکی دیگر از این الگوریتم‌های کلاس‌بندی است. در الگوریتم گروهی نزدیک‌ترین همسایه، هدف بهبود دقت طبقه‌بند KNN با استفاده از الگوریتم گروهی است. الگوریتم گروهی KNN، زیرمجموعه‌ای از کلاس‌بندی KNN است که در آن مجموعه داده‌ها به دو مجموعه آموزش و تست تقسیم بندی می‌شود. همچنین، در هر الگوریتم کلاس‌بندی KNN زیرمجموعه‌ای از ویژگی‌ها به صورت تصادفی انتخاب می‌شوند که تکنیک bootstrap با m کلاس‌بند لحاظ می‌شود. فرایند الگوریتم گروهی با زیرمجموعه‌ای از کلاس‌بندی KNN در ادامه بیان شده است. با فرض این که n تعداد نمونه در مجموعه داده L با d ویژگی در دو کلاس است.

۱. مجموعه داده L^* با l ویژگی تصادفی از مجموعه داده L با d ویژگی، بدون جایگزینی انتخاب می‌شود ($l < d$).

۲. تعدادی نمونه تصادفی از مجموعه داده L^* انتخاب می‌شود.

۳. طبقه‌بند KNN برای نمونه تصادفی انتخابی محاسبه می‌شود.

۴. دقت طبقه‌بند KNN بر اساس تکنیک OOB (در تکنیک OOB یک سوم از داده‌ها برای تست و مابقی برای آموزش مدل طبقه‌بندی استفاده می‌شود) محاسبه می‌شود.

۵. مراحل ۱ تا ۴ به اندازه m تکرار شده و مدل طبقه‌بندی بر اساس دقت مدل مرتب سازی می‌شود.

۶. h مدل طبقه‌بندی با دقت‌های بالا انتخاب می‌شوند.

انتخاب مدل طبقه‌بندی به این صورت است که در الگوریتم گروهی دو مدل کلاس‌بندی با دقت بالا لحاظ شده و ارزیابی بر اساس داده‌های validation محاسبه می‌شود. سپس، سومین مدل کلاس‌بندی بعدی اضافه شده و الگوریتم گروهی ارزیابی می‌شود تا h کلاس‌بند انتخاب شود.

در مرحله اول، نرخ خطای کلاس‌بندی به عنوان ارزیاب عملکرد مدل کلاس‌بند بررسی می‌شود و مدل کلاس‌بندی‌ها با نرخ خطای کمتر انتخاب می‌شوند. در مرحله بعدی الگوریتم گروهی، از Brier score برای ارزیابی عملکرد مدل کلاس‌بندی استفاده می‌شود. در این حالت علاوه بر دقت پیش‌بینی مدل کلاس‌بندی، کیفیت مدل نیز بررسی می‌شود. مقدار عملکرد الگوریتم گروهی با $r-1$ مدل $BS(r-1)$ و r مدل $BS(r)$ است. الگوریتم گروهی r مدل در صورتی که رابطه $BS(r-1) > BS(r)$ برقرار باشد، انتخاب می‌شود. مقدار Brier score برای داده‌های تست با دو تا کلاس $\{0,1\}$ برای پیش‌بینی کلاس ۱ از رابطه (۶) به دست می‌آید.

$$S = E(y_i - p(y_i = 1))^2 \quad \text{رابطه (۶)}$$

برآورد مقدار عملکرد BS بالا برابر است با:

$$\widehat{BS} = \sum_{i=1}^{n_t} (y_i - \hat{p}(y_i|x))^2 / n_t \quad \text{رابطه (۷)}$$

n_t تعداد کل داده‌های تست است. مدلی کارا تر است که BS کمتری را داشته باشد. پس در الگوریتم گروهی BS کمتر انتخاب می‌شوند. شبه کد الگوریتم گروهی KNN در الگوریتم ۱ بیان شده است (اسما و همکارانش، ۲۰۱۶).

الگوریتم ۱: شبه کد الگوریتم گروهی نزدیکترین همسایه

```

Generate m models
1: Randomly split the data into two parts, learning part and validation part.
2: For i=1 →m do
3:   Select a random sample of l features out of total of features
4:   Select a random sample of size n with replacement from the learning part for producing Bi, where Bi is the bootstrap sample used for constructing the ith model based on l features.
5:   Save the instances left out from the ith bootstrap sample as OOB(i)
6:   Call build KNN(K) to construct model Ci
7:   Find accuracy of Ci using OOB(i) and store it as Acc(i)
8: end for
9: Select the best models on the basis of individual performance
10: for j=1 →m do
11:   If Acc(j)>Q2 then
12:     Slect Cj, where Q2 is the second quartile of the accuracies of all h models
13:   else
14:     Drop Cj
15:   end if
16: end for
17: Build KNN(k)
18: Construct Knn using a bootstrap sample with l selected features
19: Return (Selected models)
20: Fusing the best models based on collective performance
21: Arrnsge selected models, say h, in decreasing order with respect to their accuracy
22: Initialize q=1 and take the best model with the highest accuracy from the above selected models as the starting ensemble.
23: for q=2 →h do
24:   if BS(q) < BS(q-1) then
25:     Select the qth knn model, where BS(q) is the brier score of the ensemble having the qth model and BS(q-1) is the brier score of the ensemble having the qth model and BS(q-1) is the Brier score of the ensemble not having the gth model after the validation data
26:   else
27:     Do not selecte the qth model for final ensemble
28:   end if
29: end for
    
```

متوازن سازی Smote

یکی از روش‌های متوازن‌سازی در داده‌های نامتوازن، روش بیش نمونه‌برداری است. در روش بیش نمونه‌برداری برای به تعادل رساندن توزیع کلاس از روش جایگزینی نمونه‌های کلاس اقلیت استفاده می‌شود تا مجموعه داده متوازن شوند. متوازن سازی Smote¹ یکی از تکنیک‌های روش بیش نمونه‌برداری است (فرانسیسکو، جوزه، جورج و جان ۲۰۱۸). Smote در سال ۲۰۰۲ به عنوان یک رویکرد هوشمند بیش نمونه‌برداری معرفی شده است. در روش بیش نمونه‌برداری، داده‌های کلاس

¹ Synthetic Minority Oversampling Technique

اقلیت به صورت تصادفی جایگزین می‌شوند. در مقایسه با روش های بیش نمونه برداری تصادفی، روش Smote به طور مؤثر در الگوریتم های کلاس بندی مانع از بیش برآزش می-شود. ویژگی های نمونه های کلاس اقلیت مشابه است. بر این اساس، با استفاده از تکنیک الگوریتم نزدیک ترین همسایه به صورت تصادفی نمونه های جدید را به کلاس اقلیت اضافه می کند. علاوه بر آن، ویژگی ها را با مقدار تصادفی بین مقادیر ۰ و ۱ ضرب می کند که باعث افزایش تنوع نمونه های جدید می شود و امکان بهره برداری بهتر از فضای تصمیم گیری داده را می دهد (مورالی و جورج، ۲۰۰۷؛ زهنگ، ۲۰۱۵).

مجموعه داده

مجموعه داده های PID از مجموعه داده های UCI انتخاب شده است. داده ها مربوط به ۷۶۸ زن حداقل ۲۱ ساله هندی می باشد که ۸ ویژگی برای هر رکورد استخراج شده است. در این میان داده های مربوط به ۵۰۰ نفر سالم و ۲۶۸ نفر مبتلا به بیماری دیابت وجود دارد. ۸ ویژگی بر اساس تعریف سازمان جهانی بهداشت ثبت شده است که جدول ۱ ویژگی های مجموعه داده PID را نمایش می دهد (پایگاه داده یادگیری ماشین UCI).

جدول ۱. ویژگی های مجموعه داده PID

| ردیف | ویژگی ها |
|------|----------------------------------------|
| ۱ | تعداد هفته های بارداری |
| ۲ | میزان تجمع گلوکز در پلاسما خون |
| ۳ | فشار خون |
| ۴ | میزان پوست triceps برای تخمین چربی بدن |
| ۵ | انسولین سرم ساعتی |
| ۶ | شاخص جرمی بدن |
| ۷ | بررسی سابقه خانوادگی دیابت |
| ۸ | سن |

روش پیشنهادی

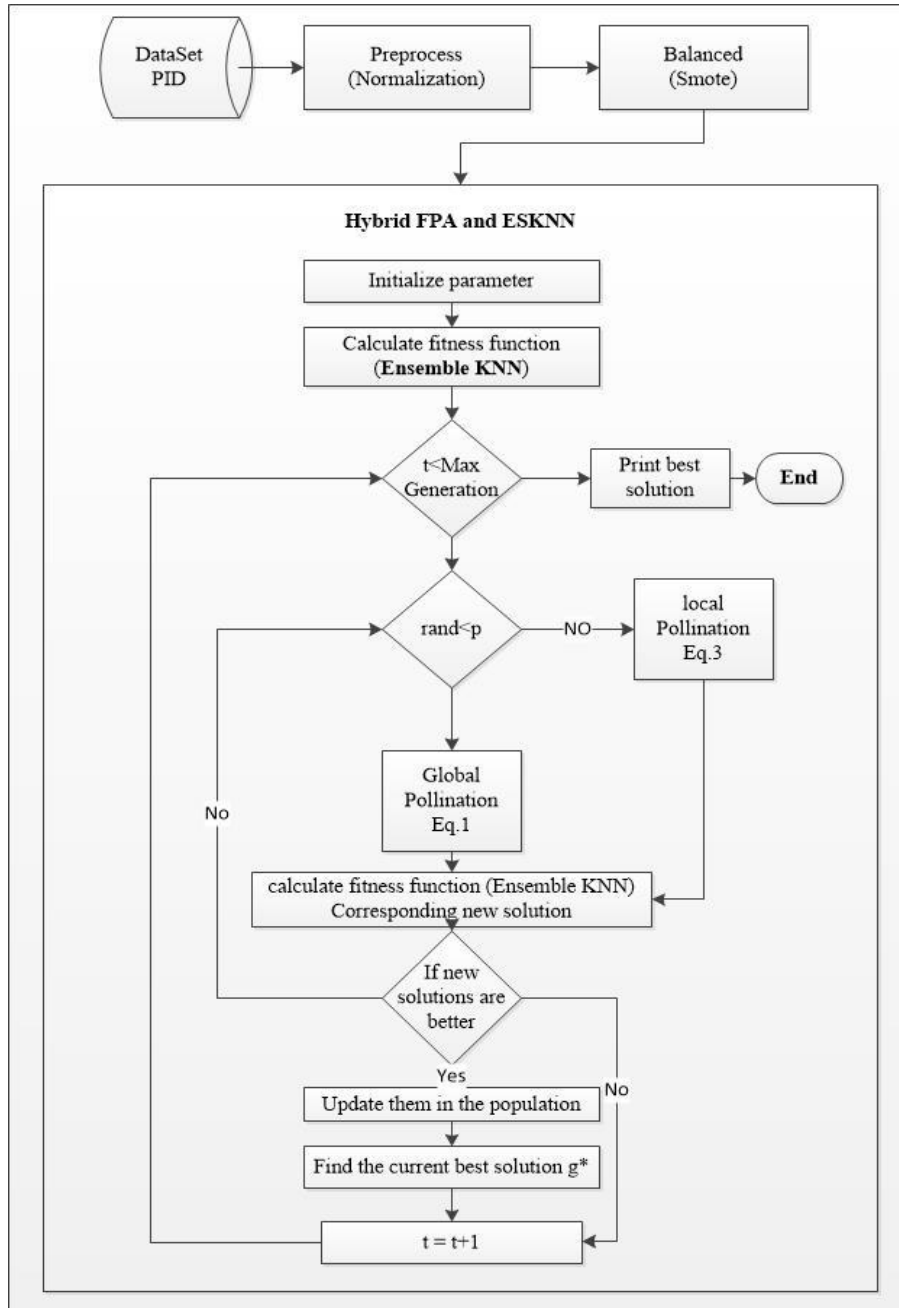
در این بخش روش پیشنهادی برای پیش‌بینی بیماری دیابت شرح داده می‌شود. شکل ۱ الگوریتم پیشنهادی را نمایش می‌دهد.

مرحله اول پیش پردازش داده است که تولید نتایج کارا، به داده‌های مناسب درسیستم پیشنهادی وابسته است. در این مرحله برای یکپارچه سازی داده‌ها، آن‌ها را نرمال‌سازی می‌کنیم. با استفاده از رابطه (۱۲) داده‌ها در بازه $[0,1]$ نرمال‌سازی می‌شوند.

$$X = (x - x_{\min})(x_{\max} - x_{\min}) \quad \text{رابطه (۱۲)}$$

به ترتیب کمترین و بیشترین مقدار در هر متغیر یا ویژگی هستند.

در مرحله دوم برای متوازن‌سازی داده‌ها از تکنیک Smote استفاده شده است.



شکل ۱. الگوریتم گرده افشانی گل با الگوریتم گروهی نزدیک ترین همسایه

از طرفی در الگوریتم‌های یادگیری ماشین، فرض بر این است که توزیع کلاس‌ها متوازن باشد. از این رو در صورت استفاده از این الگوریتم‌ها در طبقه‌بندی داده‌های نامتوازن مدل بدست آمده به سمت نمونه‌های آموزشی کلاس بزرگ‌تر متمایل می‌شود که سبب کاهش دقت مدل حاصل در پیش‌بینی کلاس اقلیت می‌شود و چالش اصلی شناسایی صحیح نمونه‌های کلاس اقلیت است. با توجه به این که داده‌های معرفی شده نامتوازن هستند، برای بالا بردن دقت روش پیشنهادی باید داده‌ها را متوازن کنیم. در مرحله سوم از الگوریتم گرده‌افشانی گل با الگوریتم گروهی نزدیک‌ترین همسایه برای پیش‌بینی بیماری دیابت استفاده شده است. در ادامه، شبه‌کد الگوریتم ترکیبی گرده‌افشانی گل با الگوریتم گروهی نزدیک‌ترین همسایه بیان می‌شود. در جدول ۲ مقادیر اولیه پارامترهای روش پیشنهادی نمایش داده شده است.

جدول ۲. مقادیر اولیه پارامترهای روش پیشنهادی

| مقدار | پارامتر |
|-------------|-----------------------------------|
| ۰/۶ | احتمال کنترل (probability switch) |
| ۵۰۰، ۲۰۰ | حداکثر تعداد نسل‌ها |
| ۲۵ و ۲۰، ۱۰ | جمعیت اولیه |

الگوریتم ۲. الگوریتم گرده‌افشانی گل با الگوریتم گروهی نزدیک‌ترین همسایه

```

1: Initialize parameter (population n, control probability P, iterations t, define x = (x1, x2, ..., xd)
2: calculate fitness function (Ensemble KNN)
3: Find the best solution g*
4: while (t < Max Generation)
5: for i = 1:n
6: if rand < p,
    Draw a (d-dimensional) step vector L which obeys a Levy Distribution Global pollination through
8: else
    Draw  $\epsilon$  from a uniform distribution in [0,1]
    Do local pollination through
    // end if
9: calculate fitness function (Ensemble KNN) (Evaluate new solutions)
10: If new solutions are better,
    Update them in the population
    // end for
11: Find the current best solution g*
12: t = t+1
    //end while
Output: best solution has been found
    
```

یافته‌های پژوهش

در این مقاله، الگوریتم گرده افشانی گل با الگوریتم گروهی KNN با مجموعه داده PID مورد مطالعه قرار گرفته است. عملکرد مدل پیشنهادی با معیار ارزیابی دقت، صحت، حساسیت و ویژگی بررسی می‌شود. در چندین آزمایش مختلف، با تعداد تکرار و جمعیت متفاوت از داده‌ها عملکرد روش پیشنهادی را ارزیابی می‌کنیم. نتایج نشان می‌دهد که روش پیشنهادی با جمعیت اولیه ۲۰ نمونه و تعداد تکرار ۵۰۰، می‌تواند با بالاترین صحت برابر با ۹۷/۷۸ درصد، دقت ۹۳/۱۰ درصد، ویژگی ۹۶/۹۵ درصد و حساسیت ۹۰ درصد بیماری دیابت را تشخیص دهد. میانگین صحت پردازش‌های انجام شده برابر با ۹۵/۶۹ درصد است که برتری روش پیشنهادی نسبت به مطالعات پیشین را نشان می‌دهد. نتایج پردازش داده‌ها روی مدل پیشنهادی در جدول ۳ نمایش داده شده است.

جدول ۳. نتایج الگوریتم ترکیبی FPA + Ensemble KNN با مجموعه داده PID

| جمعیت | تعداد تکرار | ویژگی | حساسیت | دقت | صحت |
|-------|-------------|-------|--------|-------|-------|
| ۱۰ | ۲۰۰ | ۹۴/۵۱ | ۷۶/۶۷ | ۹۲ | ۹۴/۹۶ |
| | ۵۰۰ | ۹۶/۳۸ | ۹۶/۱۵ | ۸۳/۳۳ | ۹۶/۳۴ |
| ۲۰ | ۲۰۰ | ۹۶/۳۴ | ۸۳/۳۳ | ۹۶/۱۵ | ۹۶/۳۸ |
| | ۵۰۰ | ۹۶/۹۵ | ۹۰ | ۹۳/۱۰ | ۹۷/۷۸ |
| ۲۵ | ۲۰۰ | ۹۴/۵۱ | ۷۳/۳۳ | ۹۵/۶۵ | ۹۴/۳۳ |
| | ۵۰۰ | ۹۵/۱۲ | ۷۳/۳۳ | ۱۰۰ | ۹۴/۳۷ |

برای نشان دادن برتری روش پیشنهادی، آن را با سایر پژوهش‌های موجود در این حوزه مقایسه کرده‌ایم. جدول ۴ نتایج این مقایسه را نشان می‌دهد. بالاتر بودن دقت روش پیشنهادی، به کارگیری یکی از جدیدترین الگوریتم‌های تکاملی و پیاده‌سازی آسان‌تر به خصوص در مقایسه با شبکه عصبی، از نقاط مثبت مدل پیشنهادی است.

جدول ۴. مقایسه روش پیشنهادی با مجموعه داده PID با مطالعات پیشین

| صحت | روش کار | مراجع |
|-------|------------------------------------------------|-----------------------------------|
| ۷۸ | SVM | (آنوجا و چیترا، ۲۰۱۳) |
| ۷۴/۸ | درخت تصمیم J48 | (آیزوریا، جیالاتا و روناک، ۲۰۱۵) |
| ۷۹/۵ | Naïve Bayes | |
| ۷۶/۳ | Naïve Bayes و درخت تصمیم J48 | (هارلین و بامبری، ۲۰۱۶) |
| ۷۶/۳ | Discriminant ،Naïve Bayes ،KNN SVM analysis | (کریشونینی و سودا، ۲۰۱۷) |
| ۸۰/۳۴ | PSO+ANN | (احسان، عثمان، اوغز و خالد، ۲۰۱۸) |
| ۹۷/۷۸ | FPA + Ensemble KNN | روش پیشنهادی |

نتیجه گیری و پیشنهادها

امروزه روش‌های هوش مصنوعی و یادگیری ماشین در علم پزشکی به خصوص در تشخیص بیماری‌ها به کار گرفته می‌شوند. از آنجا که بیماری دیابت بیماری مزمنی است و تشخیص به موقع بیماری در درمان بیماری نقش بسزایی دارد، بر آن شدیم تا سیستمی مبتنی بر الگوریتم‌های یادگیری ماشین برای تشخیص و شناسایی این بیماری پیشنهاد دهیم. در این مقاله با ارائه الگوریتم ترکیبی گرده‌افشانی گل و الگوریتم گروهی نزدیک‌ترین همسایه توانستیم بیماری دیابت را با دقت ۹۳ درصد و صحت ۹۷/۷۸ درصد تشخیص دهیم. نتایج حاصل، بالاتر بودن صحت روش پیشنهادی در تشخیص بیماری دیابت نسبت به مطالعات پیشین را نشان می‌دهد.

منابع

- Abdelaziz A.Y., Ali E.S., Abd Elazim S.M., (2016), Flower pollination algorithm to solve combined economic and emission dispatch problems, *Engineering Science and Technology, an International Journal*, 19: 980-990
- Aiswarya I., S. Jeyalatha and Ronak S., (2015), Diagnosis of Diabetes Using Classification Mining Techniques”, *International Journal of Data Mining & Knowledge Management Process (IJDKP)*,5(1): 1-14
- Alka L., Dharmender K., (2016), Survey on KNN and Its Variants, *IJARCCCE International Journal of Advanced Research in Computer and Communication Engineering*, 5(5): 430-435.
- Anuja V. and Chitra R., (2013), Classification Of Diabetes Disease Using Support Vector Machine”, *International Journal of Engineering Research and Applications (IJERA)*, 3(2): 1797-1801
- Asma G., Aris P., Zardad K., Osama M., Miftahuddin M., Werner A., Berthold L., (2016), Ensemble of a subset of kNN classifiers, *Mathematics Subject Classification*, 1-14.
- Bhuvaneswari P., Brintha A., (2015), Detection of Cancer in Lung with K-NN Classification Using Genetic Algorithm. *Procedia Materials Science*. 10: 433 – 440.
- Francisco J.C., Jose J.V., Jorge C., Juan R.R., (2018), Oversampling imbalanced data in the string space, *Pattern Recognition Letters*,103: 32-38.
- G. Krishnaveni, T. Sudha, (2017) A Novel Technique to Predict Diabetic Disease Using Data Mining Classification Techniques” in International Conference on Innovative Applications in Engineering and Information Technology (ICIAEIT- 2017), 3(1): 5-11
- Harleen and Bhambri P, (2016), A Prediction Technique in Data Mining for Diabetes Mellitus,” *Journal of Management Sciences and Technology*, 4(1): 1-12.
- Haruna C., Liyana M.S., Sanah A.M., Adamu I. A., et al, (2015), A Review of the Applications of Bio-Inspired Flower Pollination Algorithm, *The 2015 International Conference on Soft Computing and Software Engineering (SCSE 2015)*, 62: 435-441
- Ihsan S., Osman N., Oguz B. and Khalid S., (2018), *Impact of Metaheuristic Iteration on Artificial Neural Network Structure in Medical Data*, Processes, 6, 57.
- Lenin K. and Reddy B. R., (2014), Hybrid Eagle Strategy Flower Pollination Algorithm for Solving Optimal Reactive Power Dispatch Problem, *International Journal of Electrical Energy*, 2(3)
- Lichman, M. UCI Machine Learning Repository; University of California, School of Information and Computer Science: Irvine, CA, USA, <http://www.ics.uci.edu/~mllearn/MLRepository.html>
- Murali V., and George S. (2007) An overview of internet addiction. *Advances in Psychiatric Treatment*, 13: 24-30.
- Yilmaz N., Inan O., Uzer M.S, (2014), A new data preparation method based on clustering algorithms for diagnosis systems of heart and diabetes diseases,” *J Med Syst*, 38(5): 38-48.
- Zheng. Z. (2015). Oversampling method for imbalanced classification computing and Informatics, 34: 1017-1037.

استناد به این مقاله:

حسنی، زینب؛ صمدیانی، نجمه. (۱۳۹۷). «تشخیص بیماری دیابت با استفاده از الگوریتم ترکیبی گرده‌افشانی گل و الگوریتم گروهی نزدیک‌ترین همسایه». *مدیریت مهندسی و رایانش نرم*، ۵ (۱)، ۵۷-۷۱.