مجله انفورماتیک سلامت و زیست پزشکی
مرکز تحقیقات انفورماتیک پزشکی
دوره پنجم شماره سوم. ص ۳۹۷-۳۸٤ ، ۱۳۹۷

مقاله پژوهشی

تعیین پارامترهای منطق فازی با بکارگیری الگوریتم ژنتیک برای تشخیص بیماری کبد

مریم رضایی‌فرخ‌زاد[۱]، فرهاد سلیمانیان قره‌چپق[۲]*

• دریافت مقاله: ۹۶/۹/۱۸ • پذیرش مقاله: ۹۷/۷/۷

مقدمه: بیماری کبد یکی از شایع‌ترین مشکلات مزمن کبدی و سیروز می‌باشد. مشکلات کبدی شامل طیف وسیعی از بیماری‌ها و نارسایی‌هایی هستند که به بافت کبد یا عملکرد آن آسیب می‌رسانند. تشخیص زودهنگام و درمان این بیماری می‌تواند مرگ‌ومیر و درجه بیماری را کاهش دهد.

روش: این مطالعه از نوع توصیفی-تحلیلی است. پایگاه داده آن شامل ۵۸۳ رکورد مستقل شامل ۱۱ ویژگی موجود در پایگاه داده یادگیری ماشین UCI می‌باشد. در این مقاله با استفاده از منطق فازی که پارامترهای آن با الگوریتم ژنتیک تعیین می‌شوند روشی برای تشخیص بیماری کبد پیشنهاد شد. برای این‌منظور، ابتدا ویژگی‌های مجموعه داده با استفاده از ویژگی آنتروپی رتبه‌بندی شد و سپس بهینه‌سازی داده‌های مجموعه داده با استفاده از الگوریتم ژنتیک انجام گرفت. در نهایت بیماری کبد با استفاده از سیستم استنتاج فازی genfis2 و genfis3 تشخیص داده شد.

نتایج: نتایج نشان داد که دقت تشخیص بیماری کبد با استفاده از سیستم استنتاج فازی genfis2 با هشت ویژگی برابر با ۹۱/۶۶ درصد است و با سیستم استنتاج فازی genfis3 با شش ویژگی برابر با ۸۹/۸۷ درصد است و همچنین خطای genfis2 و genfis3 به ترتیب برابر با ۰/۰۳۴ کمتر ۰/۰۴۷ است.

نتیجه‌گیری: بیماری کبد یکی از شایع‌ترین بیماری‌ها در بین افراد جامعه است. تشخیص به موقع بیماری ضمن کاهش هزینه‌ها، می‌تواند شانس درمان موفقیت‌آمیز بیمار را افزایش دهد. با توجه به نتایج به دست آمده، مشاهده شد که مدل پیشنهادی با دقت نسبتاً بالایی، افراد مبتلا به بیماری کبد را تشخیص داد.

کلید واژه‌ها: تشخیص بیماری کبد، منطق فازی، سیستم استنتاج فازی، الگوریتم ژنتیک

•**ارجاع:** رضایی‌فرخ‌زاد مریم، سلیمانیان قره‌چپق فرهاد. تعیین پارامترهای منطق فازی با بکارگیری الگوریتم ژنتیک برای تشخیص بیماری کبد. مجله انفورماتیک سلامت و زیست پزشکی ۱۳۹۷؛ ۵(۳): ۳۹۷-۳۸۴.

۱. کارشناسی ارشد مهندسی کامپیوتر، گروه مهندسی کامپیوتر، واحد ارومیه، دانشگاه آزاد اسلامی، ارومیه، ایران
۲. دکترای مهندسی کامپیوتر، استادیار، گروه مهندسی کامپیوتر، واحد ارومیه، دانشگاه آزاد اسلامی، ارومیه، ایران
* **نویسنده مسئول:** ارومیه، کیلومتر دو جاده فرودگاه، دانشگاه آزاد اسلامی ارومیه، دانشکده فنی و مهندسی
• **شماره تماس:** ۰۹۱۴۱۷۶۴۴۲۷ • **Email:** bonab.farhad@gmail.com

[Downloaded from jhbmi.com on 2024-10-12]

مقدمه

کبد یکی از اعضای مهم بدن است که سم‌زدایی از داروها، دفع مواد زائد ناشی از تخریب و نوسازی گلبول‌های قرمز خون به‌صورت صفرا، تولید عوامل انعقادی خون، ذخیره قند به‌صورت گلیکوژن و نیز تنظیم سوخت‌وساز قند و چربی از مهم‌ترین نقش‌های آن در بدن می‌باشد؛ البته نقش کبد در جذب چربی و دفاع در مقابل میکروب‌ها و سموم جذب‌شده از راه موادغذایی را نیز نباید نادیده گرفت [۱]. در سال‌های اخیر آمار مرگ‌ومیر ناشی از اختلالات کبدی به شدت افزایش یافته است. تشخیص به‌موقع این بیماری می‌تواند در پیشگیری از عوارض آن و نیز کنترل و درمان بیماری مؤثر واقع شود [۲۴]. Brawes یکی از مهم‌ترین مشکلات در تشخیص بیماری را تشخیص نادرست و دیرهنگام پزشکان می‌داند؛ ممکن است از سوی پزشک در حوزه تشخیص و درمان خطایی رخ دهد که منجر به صدمات جبران‌ناپذیری گردد [۲،۳].

یکی از برنامه‌های مهم انفورماتیک پزشکی، استفاده از سیستم‌های خبره برای تشخیص بیماری براساس مجموعه‌ای از علائم می‌باشد [۳،۴]. این سیستم‌ها برپایه هوش مصنوعی هستند که با بررسی تست‌های آزمایشگاهی، به پزشکان در تشخیص بیماری و درمان مؤثرتر کمک می‌کنند و هزینه، زمان، تخصص انسان و تشخیص نادرست را به حداقل می‌رسانند [۵]. در صورت ایجاد مدلی به منظور پیش‌بینی و تشخیص زودهنگام بیماری با دقت، ویژگی و حساسیت بالا می‌توان به پزشکان در تشخیص به‌موقع و انجام اقدامات درمانی مناسب در مراحل اولیه کمک کرد و بدین صورت مانع از پیشرفت بیماری شد [۶].

هدف از این مطالعه، تشخیص بیماری کبدی با استفاده از ترکیب منطق فازی و الگوریتم ژنتیک بود و پارامترهای منطق فازی با استفاده از الگوریتم ژنتیک تعیین می‌شوند. هدف این مطالعه از انتخاب منطق فازی داشتن مزایایی همچون مفهوم بسیار ساده، انعطاف‌پذیری بالا، توان تحمل داده‌های غیردقیق به‌شکل مطلوب، قابلیت مدل‌سازی توابع غیرخطی پیچیده، عمل‌کردن بر مبنای تجربه متخصصان، قابل ادغام با تکنیک‌های کنترلی مرسوم، برمبنای زبان طبیعی‌بودن، می‌باشد. الگوریتم ژنتیک نیز که جستجوی قوی در فضاهای پیچیده فراهم می‌کند، برای دست‌یافتن به عمکرد بهتر منطق فازی استفاده شد.

با مطالعه پژوهش‌ها مشاهده شد که محققان بسیاری به تشخیص بیماری با استفاده از روش‌های مختلف پرداخته‌اند و هر کدام توانسته‌اند به دقت‌های قابل قبولی دست یابند. Rajamani و Rathika به مروری بر سرطان کبد با استفاده از تکنیک داده‌کاوی در سیستم استنتاج عصبی–فازی تطبیقی پرداخته‌اند. از تصاویر دو بعدی سی‌تی اسکن به عنوان ورودی استفاده کرده و در گام پردازش داده‌ها، به حذف نویز در تصاویر سی‌تی اسکن، فرآیند تقسیم‌بندی، عملیات مورفولوژیکی و تکنیک‌های استخراج ویژگی پرداخته‌اند. همچنین از سیستم استنتاج عصبی–فازی تطبیقی در تشخیص زود هنگام سرطان کبد در انسان بحث کرده‌اند و امیدوار هستند که روش ارائه شده و یا ترکیبی از سیستم استنتاج عصبی–فازی تطبیقی با دیگر تکنیک‌های داده‌کاوی به حوزه پزشکی در تشخیص زود هنگام سرطان کبد کمک نماید [۷].

Hashmi و Saleem Khanb در مقاله خود تحت عنوان «بررسی تست خون برای بیماری کبدی با استفاده از منطق فازی»، رایج‌ترین روش‌های آزمایشگاهی برای سنجش سلامت عمومی و سلامت کبد را بررسی و کارکرد کبد، شمارش کامل خون و عکس بیان نموده‌اند. ورودی‌های منطق فازی را گلبول سفیدخون، هماتوکریت، هموگلوبین و تعداد پلاکت و خروجی را رفع عفونت، کم‌خونی و ترومبوسیتوز (Thrombocytosis) در نظر گرفته‌اند. مدل فازی پیشنهادی را به چهار مرحله فازی‌سازی، موتور استنتاج و انتخاب قوانین و غیرفازی‌سازی تقسیم نموده‌اند [۸]. Obayya و Areed با استفاده از سیستم استنتاج عصبی–فازی تطبیقی به طبقه‌بندی تومور کبدی به دو دسته خوش‌خیم و بدخیم با آنالیز تصاویر سی‌تی اسکن کبد پرداخته‌اند. به‌منظور بررسی اثر هر نوع از ویژگی‌های تومور بر فرآیند طبقه‌بندی و تصمیم‌گیری درست بر طبقه‌بندی تومور خوش‌خیم و بدخیم، این دو مجموعه از ویژگی‌ها را به‌صورت جداگانه آموزش داده‌اند. نتایج نشان می‌دهد که روش پیشنهادی دارای توان بالقوه‌ای در شناسایی نوع تومور دارد [۹]. Fan و همکاران مدل ترکیبی استدلال موردی و درخت تصمیم‌گیری فازی را برای تشخیص بیماری کبدی پیشنهاد کرده و به دقت ۸۱/۶ درصد دست یافته‌اند [۱۰].

Satarkar و Ali، سیروز را یکی شایع‌ترین بیماری‌های کبدی عنوان نموده [۱۱] و سیستم خبره فازی را برای تشخیص این نوع بیماری معرفی نموده‌اند. سیستم پیشنهادی دارای سه ورودی (نرخ Aspartame Aminotransferase/Alanime Aminotransferase)، AST/ALT، تعداد پلاکت و (International

[Downloaded from jhbmi.com on 2024-10-12]

INR (Normalized Ratio) و یک خروجی (خطر ابتلا به سیروز که با اعداد ۰ تا ۶ مشخص شده) می‌باشد. در سیستم پیشنهادی، از روش استنتاج ممدانی استفاده شده است. Kalaiselvi و Nasira، در پژوهش خود رویکرد جدیدی برای تشخیص سرطان کبد و دیابت با استفاده از سیستم استنتاج عصبی–فازی تطبیقی و k نزدیک‌ترین همسایه بهبود یافته، ارائه نموده‌اند. ایشان از مجموعه داده دیابت Pima هند به‌عنوان ورودی و طبقه‌بندی براساس اطلاعات ویژگی‌ها را به‌عنوان خروجی در نظر گرفته‌اند. نتایج نشان می‌دهد که دقت طبقه‌بندی در روش پیشنهادی بهتر از روش‌های دیگر است [۱۲].

نشاط و یعقوبی، در پژوهشی تحت عنوان «طراحی یک سیستم فازی تشخیص درجه شدت هپاتیت B و مقایسه آن با سیستم فازی شبکه عصبی تطبیقی»، از مجموعه داده‌های جمع‌آوری شده در بخش بیوپسی (نمونه‌برداری) کبد بیمارستان امام‌رضا (ع) مشهد ایران که شامل ۳۰۰ رکورد و هر رکورد دارای ۷ فیلد می‌باشد، استفاده کرده‌اند. قوانین استنتاج قوی فازی، با کمک تحقیق و تجربه فرد متخصص مشخص شده است. دقت سیستم پیشنهادی در تشخیص شدت هپاتیت ۹۶/۲±۰ درصد به‌دست آمده است [۱۳].

Olaniyi و Khashman [۱۴] به تشخیص بیماری کبد با استفاده از شبکه‌های عصبی مصنوعی پس انتشار و تابع پایه شعاعی پرداخته‌اند. ایشان از مجموعه داده‌های BUPA (برگرفته از دانشگاه کالیفرنیا در ایروین) استفاده نموده و با ۶ ورودی و ۲ خروجی با استفاده از شبکه عصبی پس انتشار (با ۱۰ نرون نهان) و شبکه عصبی پایه شعاعی (با ۲۰ نرون نهان) به ترتیب به دقت ۶۳ درصد و ۷۰ درصد دست یافته‌اند حال آن که بهرامی‌راد و همکاران [۱۵]، برای طبقه‌بندی بیماری کبدی، به‌ترتیب از دو مجموعه داده AP(Andhra Pradesh) و BUPA استفاده نموده و به دقت ۷۳/۳۹ و ۶۷/۳۹ دست یافته‌اند.

اگرچه تحقیقات مربوط به بیماری کبد بیشتر بالینی و بیولوژیکی است؛ اما استفاده از تحقیقات آماری به یک امر رایج تبدیل شده است. توجه بیشتر به ویژگی‌های بالینی و بیولوژیکی بیماری کبد و تشخیص دقیق‌تر این بیماری حتی به اندازه یک درصد باعث خواهد شد که شانس بقاء بیمار افزایش یافته و روند دوره درمان با سرعت بیشتری طی شود؛ لذا در این مطالعه که با هدف تشخیص بیماری کبد صورت گرفته است، با استفاده از ترکیب الگوریتم ژنتیک و سیستم استنتاج فازی تلاش شد که دقت تشخیص بیماری کبد نسبت به مطالعات مشابه افزایش یابد.

روش

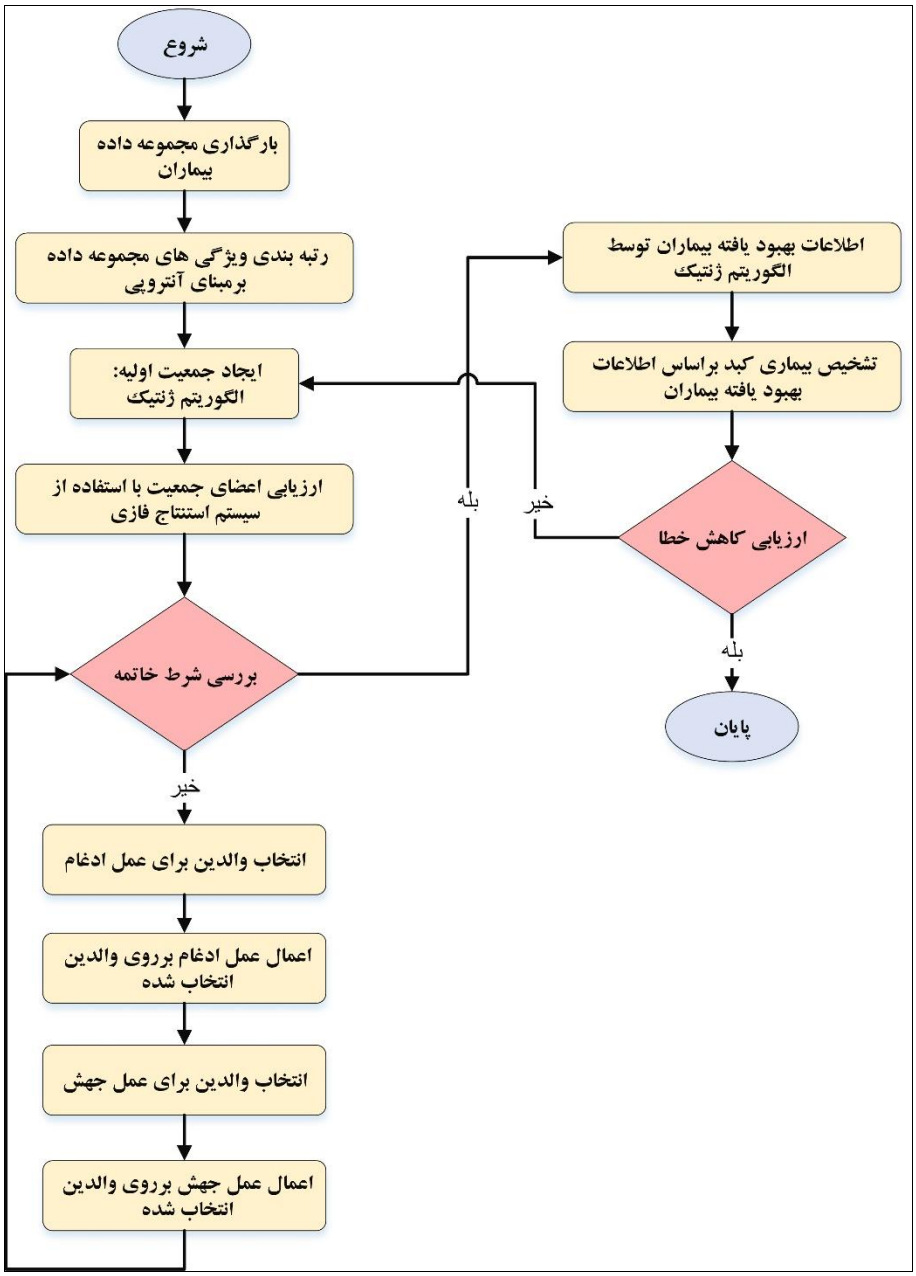
مجموعه داده استفاده شده شامل ۱۶۷ بیمار غیرکبدی (سالم) و ۴۱۶ بیماری کبدی که در شمال شرق آندراپرادش هند از ۴۴۱ مرد و ۱۴۲ زن جمع‌آوری شده است [۱۷]. بیماران بالای ۸۹ تا ۹۰ سال فرض شده‌اند. در کل مجموعه داده فوق دارای ۱۱ ویژگی و ۵۸۳ نمونه است. ویژگی‌های این مجموعه داده عبارت‌اند از: سن بیمار، جنسیت بیمار، مجموع بیلی روبین، بیلی روبین مستقیم، آلکالین فسفاتاز یا آلکالن فسفاتاز، آمینوترانسفراز آلامین، آسپارتات ترانس آمیناز، مجموع پروتئین‌ها، آلبومین، نسبت آلبومین و نسبت گلوبولین است. کل ویژگی‌ها عددی هستند و هیچ داده گمشده‌ای موجود نمی‌باشد. این پایگاه داده ۱۰ ویژگی خام دارد و تمامی آزمایش‌ها بر روی این ۱۰ ویژگی انجام شده است؛ بنابراین این پایگاه داده شامل ۱۰ علامت بیماری و یک ویژگی تشخیص است که فیلد هدف به وجود بیماری کبدی بر اساس علائم موجود در بیمار اشاره دارد که یک مقدار عددی (۲ عدم ابتلا به بیماری کبدی) و (۱ ابتلا به بیماری کبدی) است.

داده‌کاوی یا کشف دانش از میان پایگاه‌های اطلاعاتی علمی انجام می‌گیرد که برای تصمیم‌گیری‌های هوشمندانه باتوجه به پیشرفت روزافزون تکنولوژی اطلاعات بسیار کاربرد دارد. تکنیک‌های داده‌کاوی برای پیداکردن الگوهای جالب در تشخیص پزشکی و درمان مورد استفاده است [۱۶]. انواع مختلفی از تکنیک‌های داده‌کاوی در استخراج اطلاعات که می‌تواند برای پیش‌بینی مورد استفاده قرار گیرد وجود دارد که از آن جمله می‌توان به منطق فازی اشاره کرد. تئوری مجموعه‌های فازی، یک روش نظام‌مند محاسباتی است که این تئوری برمبنای محاسبات عددی برروی مقادیر تولیدشده توسط تابع عضویت برای هریک از متغیرهای زبان‌شناختی عمل می‌نماید. علاوه‌بر آن، انتخاب قواعد if-then فازی، جزء اصلی سیستم استنتاج فازی را تشکیل می‌دهد. به کمک این قواعد، می‌توان به شکل مؤثری تخصص یک انسان را در یک زمینه خاص مدل نماید. براین اساس در این مقاله به ارائه روشی جهت تشخیص بهتر بیماری کبد پرداخته می‌شود. فلوچارت روش پیشنهادی در شکل ۱ نشان داده شد.

برای رتبه‌بندی ویژگی‌ها براساس ویژگی آنتروپی، ابتدا از تابع Rank Features در نرم‌افزار Matlab نسخه ۲۰۱۷ استفاده

[Downloaded from jhbmi.com on 2024-10-12]

شد. با استفاده از این تابع، ویژگی‌های موجود در مجموعه داده گروه‌بندی شد؛ که در آن Inputs یک ماتریس ۱۱×۵۸۳، Outputs یک ماتریس ۱×۵۸۳ از خروجی مجموعه داده می‌باشد که هر دو ترا نهاده شده‌اند. آنتروپی معیار تحلیل مؤلفه اساسی استفاده شده در این مقاله است. آنتروپی نسبی همچنین به‌عنوان فاصله Kullback-Leibler یا واگرایی نیز شناخته می‌شود. خروجی تابع Features Rank برابر Index است که ویژگی‌های مجموعه داده را رتبه‌بندی نموده است و براساس اولویت به‌صورت نزولی نشان می‌دهد.



شکل ۱: فلوچارت روش پیشنهادی

فرآیند نرمال‌سازی برای داده‌های اولیه، تأثیر بسزایی برروی آماده‌سازی دارد تا آموزش بهتری انجام گیرد. بدون نرمال‌سازی آموزش سیستم استنتاج فازی بسیار کند صورت می‌گیرد [۱۹،۱۸]. در واقع، هدف از نرمال‌سازی (پیش‌پردازش) داده‌ها، بالابردن عملکرد آموزش می‌باشد. انتخاب مناسب روش نرمال‌سازی به‌نوبه خود کارآیی سیستم استنتاج فازی را بالا می‌برد. برای نرمال‌سازی از روش نرمال‌سازی "min_max" استفاده شد که این روش دوباره مقیاس‌بندی

[Downloaded from jhbmi.com on 2024-10-12]

انجام می‌دهد. به‌طوری که ویژگی‌ها یا خروجی‌ها را از یک محدوده مقادیر به محدوده مقادیر جدید انتقال می‌دهد. اغلب محدوده مقادیر بین ۰ و ۱ یا بین ۱- تا ۱ می‌باشد؛ که در این مطالعه محدوده بین ۱- و ۱ در نظر گرفته شد. فرمول نرمال‌سازی "min_max" به‌صورت رابطه ۱ می‌باشد.

$$x' = (newx_{max} - newx_{min}) \times \frac{(x_i - x_{min})}{(x_{max} - x_{min})} + newx_{min} \quad (۱)$$

که در رابطه ۱، x_{max} حداکثر مقدار ستون فعلی، x_{min} حداقل مقدار ستون فعلی و x_i محتویات خانه iام از ستون فعلی است. در این مقاله، داده‌ها به‌صورت ستونی نرمال‌سازی شد که با ایجاد یک حلقه for در هر مرحله یکی از ستون‌ها (یکی از پارامترهای نمونه) نرمال‌سازی شد.

الگوریتم ژنتیک [۲۰] دارای چندین پارامتر است که قبل از اجرای آن، باید مقداردهی گردند. اولین پارامترها که باید مقداردهی شوند؛ حد پایین و بالای ژن‌ها می‌باشد که به‌ترتیب آن‌ها را برابر کمترین و بیشترین مقدار مجموعه داده (۱- و ۱)، در نظر گرفته شد. حداکثر تعداد تکرار حلقه الگوریتم برابر ۲۰۰ و تعداد جمعیت برابر تعداد رکوردهای مجموعه داده می‌باشد. درصد ادغام و جهش برابر ۰/۵ در نظر گرفته شد. تعداد والدهای شرکت‌کننده در عمل ادغام و جهش نیز براساس روابط ۲ و ۳ محاسبه شد. در الگوریتم ژنتیک باید ترکیب و جهش انجام شود. باید مقدار پارامترهای pc و pm که به ترتیب نشان دهنده احتمال ادغام و احتمال جهش هستند، تعیین شوند. در این مقاله مقدار آن‌ها برابر با pc=pm=۰/۵ لحاظ شد.

```
nCrossover=round(pc*nPop/2)*2;      (۲)
nMutation=round(pm*nPop);           (۳)
```

که در روابط ۲ و ۳ pc درصد ادغام، nPop تعداد جمعیت اصلی و pm درصد جهش می‌باشد. اولین مرحله در الگوریتم ژنتیک، ایجاد جمعیت اولیه از کروموزوم‌ها است. برای تولید جمعیت اولیه، بیشتر از روش تولید تصادفی کروموزوم‌ها استفاده شد. تنوع کروموزوم‌ها در روش تصادفی بالا است، چرا که کروموزم‌ها متعلق به نواحی مختلف فضای جواب هستند. در نتیجه در تکرارهای اولیه الگوریتم، تکامل نسل‌ها سریع‌تر انجام شد با افزایش تکرار، تشابه کروموزم‌ها نیز افزایش یافت تا این‌که در نهایت الگوریتم به یک یا چند حل، شاخص همگرا شود. در این مقاله، نیز از روش تصادفی برای انتخاب کروموزم‌ها از مجموعه داده بیماران کبدی استفاده شد.

بدین‌صورت که به‌صورت تصادفی مقادیر nPop بیمار به‌عنوان جمعیت اولیه انتخاب شد.

برای ارزیابی اعضای جمعیت از سیستم استنتاج فازی (دو تابع genfis2 و genfis3) استفاده شد. هر سیستم استنتاج فازی شامل توابع مختلف فازی برای طبقه‌بندی نمونه‌ها است [۲۱]. هر دو تابع یک مجموعه داده آموزشی را به‌عنوان ورودی دریافت کرده و برطبق آن یک سیستم استنتاج فازی اولیه می‌سازند. ایجاد یک مدل اولیه برای توابع فازی می‌تواند در طبقه‌بندی و شناسایی هرچه بهتر داده‌ها مؤثر باشد، زیرا هرچه دقت مدل اولیه بیشتر باشد، دقت قوانین نهایی فازی استخراج شده از سیستم استنتاج فازی نیز بیشتر می‌شود؛ لذا در این مقاله، روند تعیین پارامترهای سیستم استنتاج فازی توسط الگوریتم ژنتیک انجام گرفت. در سیستم استنتاج فازی از الگوریتم ژنتیک برای تنظیم پارامترهای توابع عضویت بهره گرفته شد و از میانگین مربعات خطا به منظور تنظیم مقدار بهینه برای پارامترهای مربوط به توابع عضویت خروجی استفاده شد.

genfis2: این تابع یک ساختار سیستم استنتاج فازی از نوع سوگنو [۲۲] بااستفاده از خوشه‌بندی کاهشی ایجاد می‌کند. برای استخراج قوانین، ابتدا از تابع subclus برای تعیین تعداد قوانین و توابع عضویت اولیه استفاده کرده و سپس از میانگین مربع خطا برای تعیین معادلات مربوط به هر قانون استفاده می‌کند. این تابع یک ساختار سیستم استنتاج فازی را تحلیل می‌کند که شامل مجموعه‌ای از قوانین فازی برای پوشش فضای ویژگی است. مقادیر این تابع در جدول ۱ قابل مشاهده است. به‌طور پیش‌فرض نوع تابع عضویت ورودی و خروجی به‌ترتیب ناقوس شکل و خطی است.

[Downloaded from jhbmi.com on 2024-10-12]

جدول ۱: مقادیر تابع genfis2

Name	genfis2
Type	sugeno
And Method	prod
OR Method	probor
Defuzzification Method	wtaver
Implication Method	prod
Aggregation Method	max

genfis3: این تابع یک ساختار سیستم استنتاج فازی از نوع سوگنو بااستفاده از خوشه‌بندی فازی C-means برای استخراج یک مجموعه از قوانین که رفتار داده‌ها را مدل می‌کنند، ایجاد می‌کند، مقادیر این تابع در جدول ۲ قابل مشاهده است. به‌طور پیش‌فرض نوع تابع عضویت ورودی و خروجی در این تابع به ترتیب گاوسی و خطی است؛ اما اگر نوع سیستم استنتاج فازی، ممدانی [۲۳] در نظر گرفته شود، تابع عضویت خروجی گائوسی خواهد بود.

جدول ۲: مقادیر تابع genfis3

Name	genfis3
Type	Sugeno/ Mamdani
And Method	Prod
OR Method	probor
Defuzzification Method	wtaver
Implication Method	Prod
Aggregation Method	Sum

یک بخش دیگر الگوریتم ژنتیک، ایجاد کروموزوم‌های فرزندان از طریق کروموزوم‌های والدین است. عملگر ادغام عملگری است که در یک لحظه برروی یک یا چندین کروموزوم والد اعمال می‌شود و یک یا چند فرزند را ایجاد می‌کند. کارآیی این عملگر در رسیدن به جواب بهینه در مسائل مختلف، متفاوت است. عملگر ادغام برروی دو کروموزوم انتخاب‌شده به‌صورت تصادفی به‌صورت روابط ۴ و ۵ اعمال شد.

$$Cpop1=\alpha*pop1+(1-\alpha)\times pop2 \quad (۴)$$

$$Cpop2=\alpha*pop2+(1-\alpha)*pop1 \quad (۵)$$

که در روابط ۴ و ۵ pop1 و pop2 دو والد که به‌صورت تصادفی انتخاب شده‌اند. مقدار α نیز به‌صورت معادله ۶ به‌دست آمد.

$$\alpha=unifrnd(-d,1+d,size(pop1)) \quad (۶)$$

رابطه ۶ در بازه بین d– تا d+۱ به تعداد size والد اعداد تصادفی تولید می‌کند. هدف از جهش، بیان یک خاصیت ژنتیکی است که باعث افزایش تنوع در جواب‌های جمعیت می‌شود. جهش به‌عنوان یک عملگر الگوریتم ژنتیک، در کنار عملگر ادغام قرار می‌گیرد. به‌عبارت دیگر، این عملگر در کروموزوم‌های متفاوت تغییرات تصادفی برنامه‌ریزی نشده ایجاد می‌کند و ژن‌هایی را که در جمعیت اولیه وجود نداشته‌اند را وارد جمعیت می‌کند. برای محاسبه عملگر جهش از رابطه ۷ استفاده شد.

[Downloaded from jhbmi.com on 2024-10-12]

$$\beta = (VarMax - VarMin)/10 \quad (۷)$$

$$nPap\ (j) = pop(j) + \beta \times b \quad (۸)$$

که در رابطه ۷، VarMin و VarMax به‌ترتیب برابر کمترین و بیشترین مقدار مجموعه داده یعنی ۱- و ۱ تولیدشده در بازه بین صفر و یک است. طبق رابطه ۸، جمعیت جدید ایجاد می‌شود که پارامتر b یک عدد تصادفی در بازه ۰ و ۱ است. جمعیت‌های اولیه، ادغام و جهش‌یافته باهم ادغام شدند و پس از مرتب‌سازی آن‌ها براساس کمترین تفاضل خطا، nPop جمعیت اولیه به‌عنوان جمعیت جدید انتخاب شد.

نتایج

برای تشخیص این که چه تعداد از ویژگی‌های بیماری کبد در تشخیص بهتر بیماری کبد مؤثر هستند، از روش سعی و خطا استفاده شد؛ که نتایج آن در جدول ۴ و ۵ قابل مشاهده است. همچنین تابع برازندگی برای طبقه‌بندی نمونه‌ها طبق معادله ۹ تعریف شد.

$$Accuracy = \frac{(TP + TN)}{(TP + TN + FP + FN)} \quad (۹)$$

پارامتر TN بیانگر تعداد رکوردهایی است که دسته واقعی آن‌ها منفی بوده و الگوریتم طبقه‌بندی نیز دسته آن‌ها را به‌درستی منفی تشخیص داده است.

TP: بیانگر تعداد رکوردهایی است که دسته واقعی آن‌ها مثبت بوده و الگوریتم طبقه‌بندی نیز دسته آن‌ها را به‌درستی مثبت تشخیص داده است.

FP: بیانگر تعداد رکوردهایی است که دسته واقعی آن‌ها منفی بوده و الگوریتم طبقه‌بندی دسته آن‌ها را به‌اشتباه مثبت تشخیص داده است.

FN: بیانگر تعداد رکوردهایی است که دسته واقعی آن‌ها مثبت بوده و الگوریتم طبقه‌بندی دسته آن‌ها را به‌اشتباه منفی تشخیص داده است.

جدول ۴، نشان می‌دهد که اگر تعداد ویژگی‌ها برابر ۸ ویژگی باشد میانگین مربعات خطا کمتر است؛ لذا درصد صحت بیشتر است. کاهش بعد یکی از مهم‌ترین تکنیک‌های پیش پردازش داده است. در کاهش بعد داده مزایای زیادی وجود دارد. برای مثال با کاهش بعد، ویژگی‌های نامرتبط حذف می‌شوند، نویز کاهش می‌یابد و در نتیجه مدل بهتری ساخته می‌شود.

جدول ۴: نتایج پارامترها براساس genfis2

تعداد ویژگی	ویژگی‌ها	میانگین مربع خطا
۳	آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین و مجموع بیلی روبین	۰/۰۲۸۲
۴	آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین، مجموع بیلی روبین و بیلی روبین مستقیم	۰/۰۳۱۰
۵	آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین، مجموع بیلی روبین، بیلی روبین مستقیم و آلکالین فسفاتاز یا آلکالن فسفاتاز	۰/۰۳۳۷
۶	آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین، مجموع بیلی روبین، بیلی روبین مستقیم، آلکالین فسفاتاز و آلبومین	۰/۰۳۱۸
۷	آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین، مجموع بیلی روبین، بیلی روبین مستقیم، آلکالین فسفاتاز، آلبومین و سن بیمار	۰/۰۳۱۱
۸	آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین، مجموع بیلی روبین، بیلی روبین مستقیم، آلکالین فسفاتاز، آلبومین، سن بیمار و جنسیت بیمار	۰/۰۲۸۱
۹	آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین، مجموع بیلی روبین، بیلی روبین مستقیم، آلکالین فسفاتاز، آلبومین، سن بیمار، جنسیت بیمار و مجموع پروتئین‌ها	۰/۰۸۲۹
۱۰	آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین، مجموع بیلی روبین، بیلی روبین مستقیم، آلکالین فسفاتاز، آلبومین، سن بیمار، جنسیت بیمار، مجموع پروتئین‌ها و نسبت آلبومین و نسبت گلوبولین	۰/۰۶۷۶

جدول ۵ نشان داد که اگر تعداد ویژگی‌ها برابر ۶ ویژگی باشد میانگین مربعات خطا کمتر است؛ لذا درصد صحت بیشتر است. همچنین اگر تعداد ویژگی‌ها برابر با ۴ ویژگی باشد، میانگین مربعات خطا کمتر است.

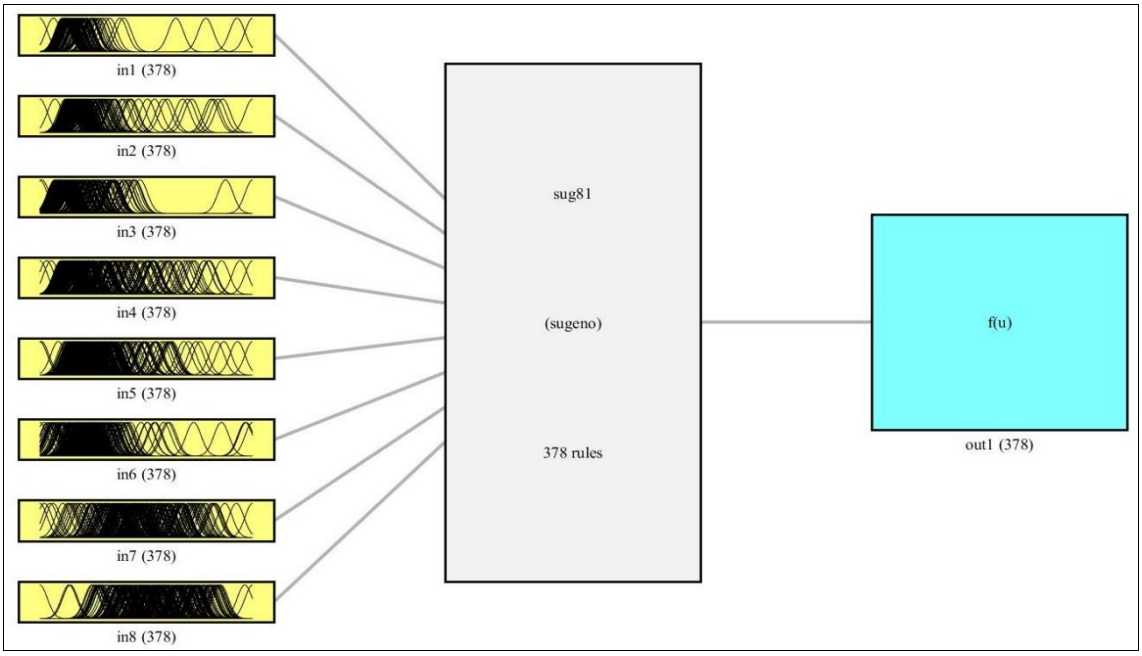
[Downloaded from jhbmi.com on 2024-10-12]

جدول ۵: نتایج پارامترها براساس genfis3

تعداد ویژگی	ویژگی‌ها	میانگین مربع خطا
۳	آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین و مجموع بیلی روبین	۰/۰۷۷۱
۴	آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین، مجموع بیلی روبین و بیلی روبین مستقیم	۰/۰۳۸۹
۵	آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین، مجموع بیلی روبین، بیلی روبین مستقیم و آلکالین فسفاتاز یا آلکالن فسفاتاز	۰/۰۵۱۰
۶	آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین، مجموع بیلی روبین، بیلی روبین مستقیم، آلکالین فسفاتاز و آلبومین	۰/۰۳۸۶
۷	آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین، مجموع بیلی روبین، بیلی روبین مستقیم، آلکالین فسفاتاز، آلبومین و سن بیمار	۰/۰۵۷۱
۸	آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین، مجموع بیلی روبین، بیلی روبین مستقیم، آلکالین فسفاتاز، آلبومین، سن بیمار و جنسیت بیمار	۰/۰۶۳۴
۹	آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین، مجموع بیلی روبین، بیلی روبین مستقیم، آلکالین فسفاتاز، آلبومین، سن بیمار، جنسیت بیمار و مجموع پروتئین‌ها	۰/۱۱۶۴
۱۰	آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین، مجموع بیلی روبین، بیلی روبین مستقیم، آلکالین فسفاتاز، آلبومین، سن بیمار، جنسیت بیمار، مجموع پروتئین‌ها و نسبت آلبومین و نسبت گلوبولین	۰/۱۱۹۲

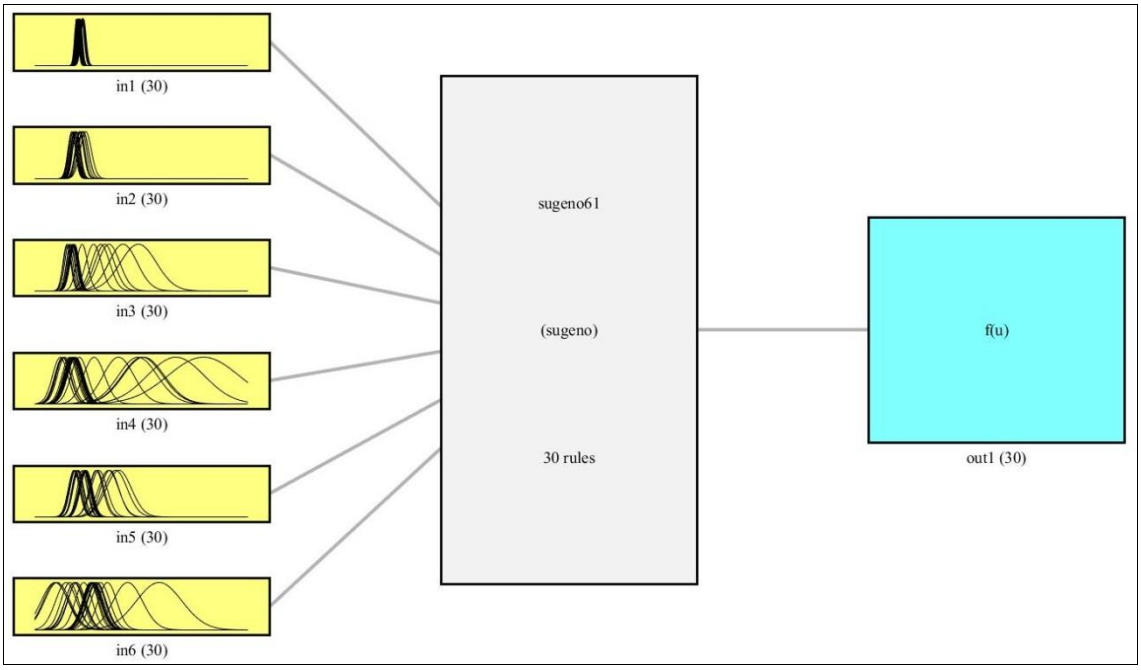
پس کمترین میانگین مربع خطا برای genfis2 برابر ۰/۰۲۸۱ برای هشت ویژگی آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین، مجموع بیلی روبین، بیلی روبین مستقیم، آلکالین فسفاتاز، آلبومین، سن بیمار و جنسیت بیمار و برای genfis3 برابر ۰/۰۳۸۶ برای شش ویژگی آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین، مجموع بیلی روبین، بیلی روبین مستقیم، آلکالین فسفاتاز و آلبومین است. مشاهده شد که تفاوت در ویژگی‌های سن و جنسیت بیمار است. برای بررسی بیشتر این هشت و شش ویژگی لازم است به نتایج تشخیص بیماری کبد براساس این تعداد ویژگی پرداخته شود تا مشخص شود که آیا این تعداد شش ویژگی در تشخیص بهتر بیماری کبد کافی است یا دو ویژگی سن و جنسیت بیمار نیز باید مدنظر قرار داده شود تا تشخیص بهتری صورت گیرد.

شمای کلی سیستم استنتاج فازی برای genfis2 و genfis3 به‌ترتیب در شکل ۲ و ۳ نشان داده شده‌اند. سیستم‌های استنتاج فازی genfis2 از نوع سوگنو و شامل ۸ ورودی و ۱ خروجی و تابع عضویت ورودی‌ها از نوع گائوسی و خروجی از نوع خطی و تعداد توابع عضویت برای تک‌تک ورودی‌ها برابر ۳۷۸ و تعداد قوانین برابر ۳۷۸ است و سیستم استنتاج فازی genfis3 از نوع سوگنو می‌باشد که شامل ۶ ورودی و ۱ خروجی و تابع عضویت ورودی‌ها از نوع گائوسی و خروجی از نوع خطی و تعداد توابع عضویت برای تک‌تک ورودی‌ها برابر ۳۰ و تعداد قوانین برابر ۳۰ است.



شکل ۲: سیستم استنتاج فازی براساس genfis2

[Downloaded from jhbmi.com on 2024-10-12]



شکل ۳: سیستم استنتاج فازی براساس genfis3

برای بررسی این هشت و شش ویژگی، به‌صورت تصادفی، ۴۶۶ نمونه (۸۰ درصد) از داده‌ها را به‌عنوان داده‌های آموزش و ۱۱۷ نمونه (۲۰ درصد) از داده‌ها به‌عنوان داده‌های آزمایش انتخاب شدند. در جدول ۶ نتایج معیارهای دقت و میانگین مربع خطا نشان داده شد. این جدول نشان داد که درصد صحت در genfis2 برابر با ۹۱/۶۶ و در genfis3 برابر با ۸۹/۸۷ درصد می‌باشد.

جدول ۶: نتایج داده‌های آزمایشی براساس هشت و شش ویژگی

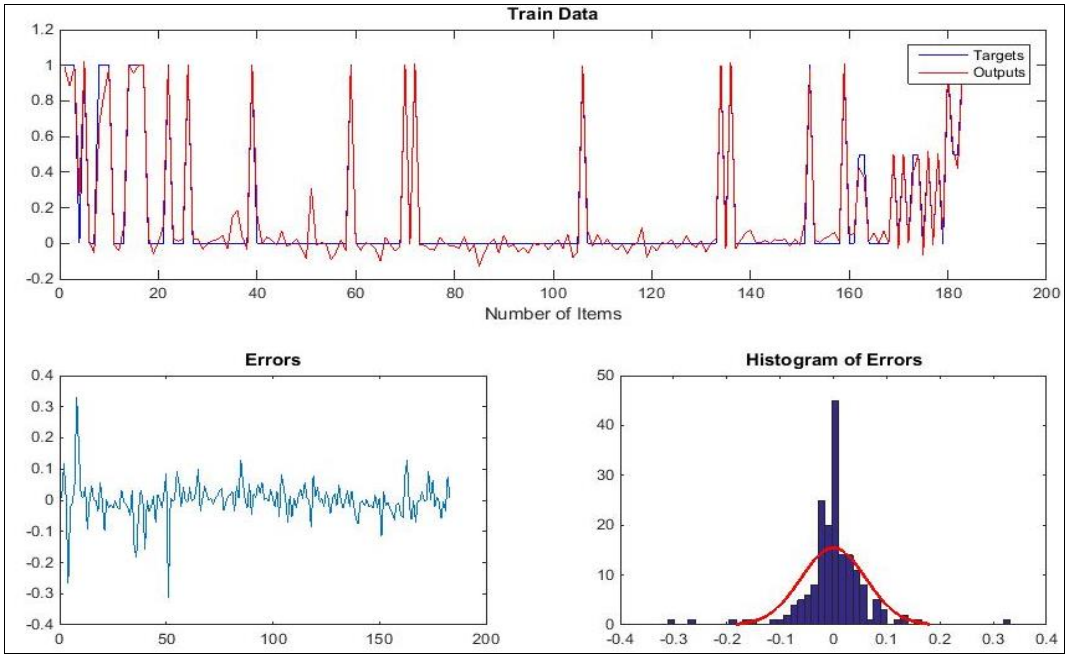
نوع استنتاج منطق فازی	معیار	درصد
genfis2 با هشت ویژگی	دقت	۹۱/۶۶
	میانگین مربع خطا	۰/۰۳۴۳
genfis3 با شش ویژگی	دقت	۸۹/۸۷
	میانگین مربع خطا	۰/۰۴۷۹

طبق نتایج به دست آمده دقت سیستم استنتاج فازی برای هشت ویژگی بهتر از شش ویژگی و همچنین خطای آن نیز کمتر است. کاهش خطا در genfis2 (برمبنای تابع سوگنو) محسوس‌تر از genfis3 (برمبنای تابع ممدانی) بوده است. پس برای تشخیص بیماری کبد از ویژگی‌های آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین، مجموع بیلی روبین، بیلی روبین مستقیم، آلکالین فسفاتاز، آلبومین، سن بیمار و جنسیت بیمار استفاده شد. الگوریتم استنتاج سوگنو بیشتر در سیستم‌های کنترلی و سیستم‌هایی که احتیاج به محاسبات ریاضی دارند استفاده شده؛ اما در الگوریتم استنتاج ممدانی نتایج منطقی با یک ساختار نسبتاً ساده بیان شد و بیشتر در سیستم‌های پشتیبانی تصمیم و سیستم‌هایی که قابلیت تفسیری از قوانین را دارند استفاده می‌شوند، خروجی الگوریتم استنتاج ممدانی غیرخطی و فازی است؛ اما خروجی سیستم استنتاج سوگنو خطی است، الگوریتم ممدانی در بسیاری از عملکردها که دقت خروجی و انعطاف‌پذیری مهم است به خوبی عمل نمی‌کند، ولی موتور استنتاج سوگنو انعطاف‌پذیرتر و از دقت عملکرد بالاتری برخوردار می‌باشد و از لحاظ محاسباتی نسبت به ممدانی مؤثرتر است، زیرا فرآیند غیرفازی کردن به زمان محاسباتی کمتری نیاز دارد.

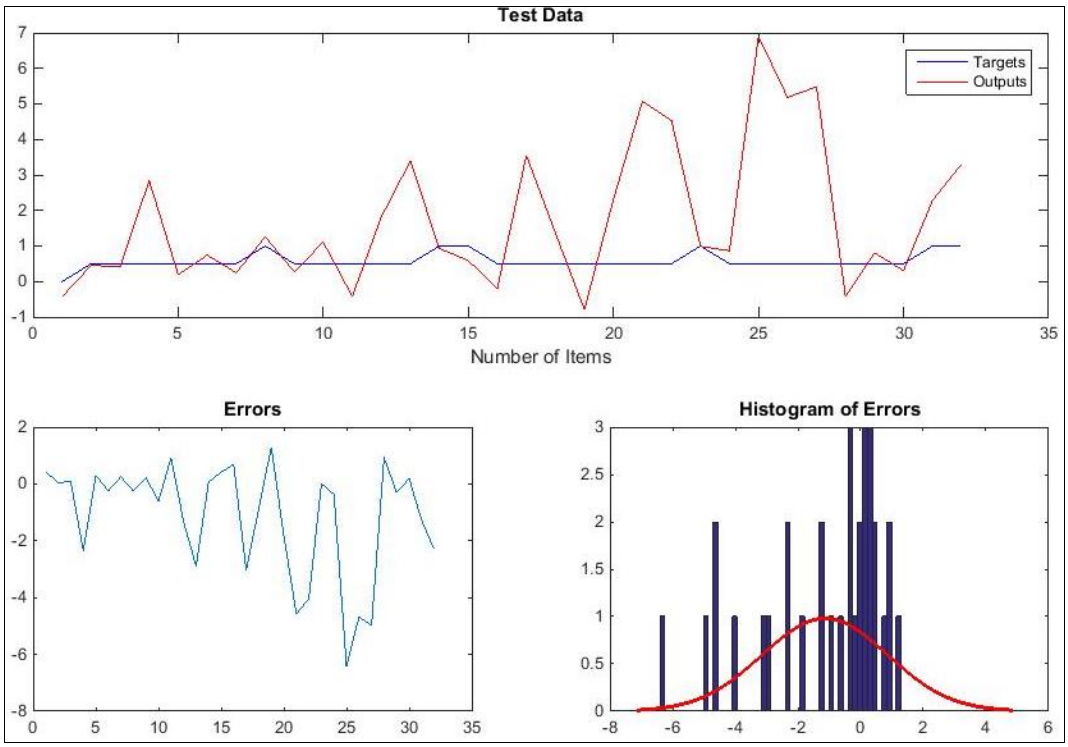
در شکل ۴ تا ۷ نمودار خروجی و هدف سیستم استنتاج فازی پیشنهادی براساس، تفاضل و هیستوگرام خطای مطلق هر آیتم

[Downloaded from jhbmi.com on 2024-10-12]

برای داده‌های آموزش و آزمایش نشان داده شد. همان‌طور که قابل مشاهده است، نتایج داده‌های آموزش و آزمایش genfis2 بهتر از genfis3 است.

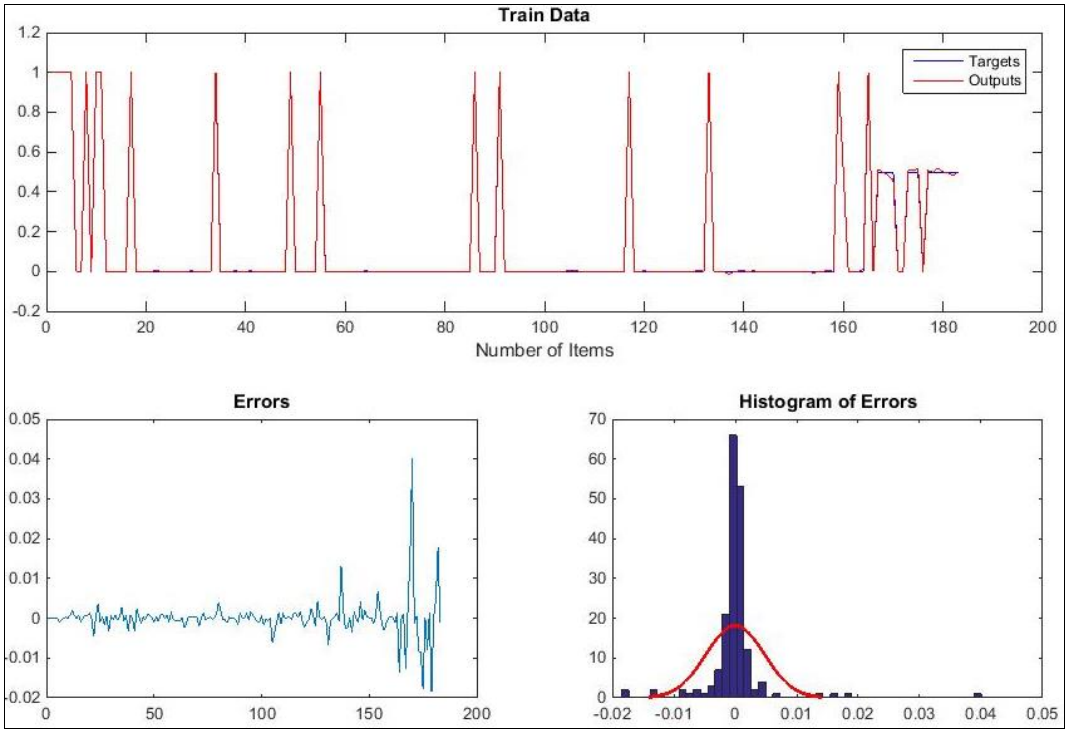


شکل ۴: نمودار خروجی و هدف سیستم استنتاج فازی پیشنهادی براساس genfis2، تفاضل و هیستوگرام خطای مطلق هر آیتم برای داده‌های آموزش

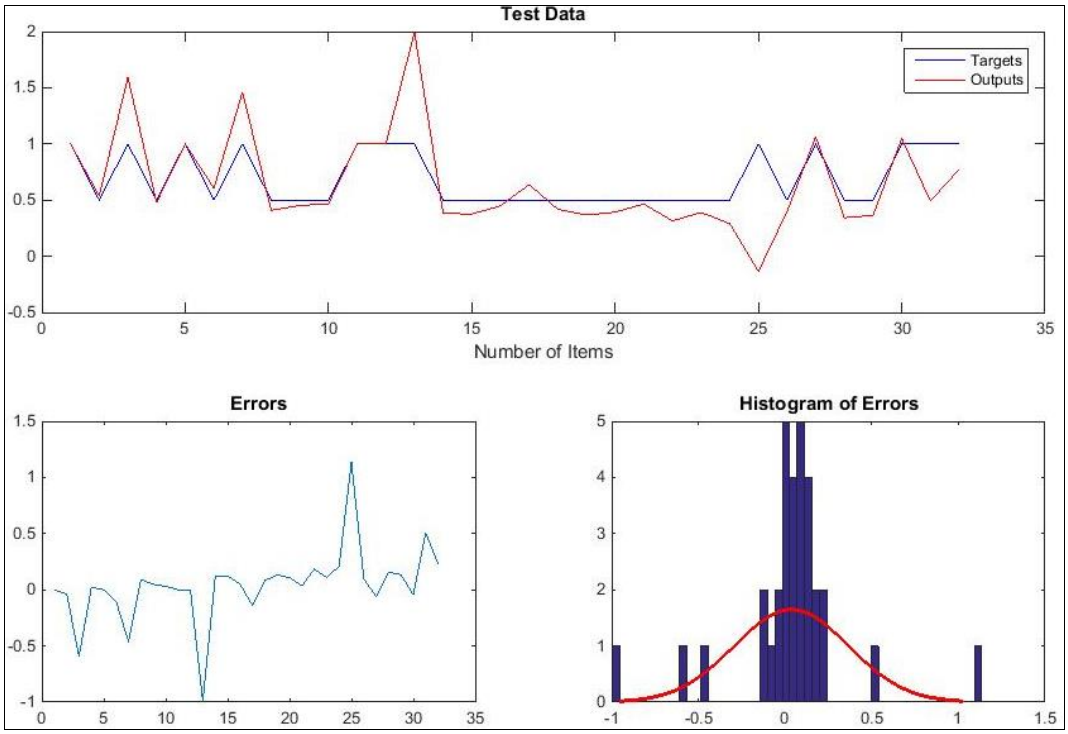


شکل ۵: نمودار خروجی و هدف سیستم استنتاج فازی پیشنهادی براساس genfis2، تفاضل و هیستوگرام خطای مطلق هر آیتم برای داده‌های آزمایش

[Downloaded from jhbmi.com on 2024-10-12]



شکل ۶: نمودار خروجی و هدف سیستم استنتاج فازی پیشنهادی براساس genfis3، تفاضل و هیستوگرام خطای مطلق هر آیتم برای داده‌های آموزش



شکل ۷: نمودار خروجی و هدف سیستم استنتاج فازی پیشنهادی براساس genfis3، تفاضل و هیستوگرام خطای مطلق هر آیتم برای داده‌های آزمایش

[Downloaded from jhbmi.com on 2024-10-12]

همان طور که از شکل ۴ تا ۷ قابل مشاهده است، تقریباً نمودار خروجی سیستم استنتاج فازی منطبق بر هدف است که این انطباق برای خروجی سیستم استنتاج فازی genfis2 محسوس‌تر از genfis3 می‌باشد. نمودار نوسانات تفاضل خطای مطلق خروجی بسیار کم و همچنین نمودار هیستوگرام خطای مطلق دارای پراکندگی کمی می‌باشند.

بحث و نتیجه‌گیری

در مطالعه حاضر، هدف ارائه روش نوین برای تعیین پارامترهای منطق فازی با استفاده از الگوریتم ژنتیک برای تشخیص بیماری کبد بود. برای این‌منظور از مجموعه داده بیماران کبدی سایت UCI استفاده گردید. پس از رتبه‌بندی ویژگی‌های مجموعه داده به کمک آنتروپی و بهبود مقادیر ویژگی‌ها با کمک الگوریتم ژنتیک؛ تشخیص بیماری با استفاده از منطق فازی ارزیابی شد. در نتیجه سیستم استنتاج فازی genfis2 با ۸ ورودی و یک خروجی و سیستم استنتاج فازی genfis3 با ۶ ورودی و یک خروجی پیشنهاد گردید. نتایج نشان داد که دقت تشخیص بیماری کبد با کمک سیستم استنتاج فازی genfis2 با هشت ویژگی (۹۱/۶۶) بیشتر از genfis3 با شش ویژگی (۸۹/۸۷) و همچنین خطای genfis2 (۰/۰۳۴) کمتر از genfis3 (۰/۰۴۷) است. دقت روش پیشنهادی نسبت به تکنیک‌های داده کاوی [۱۵] که برای طبقه‌بندی بیماری کبدی، به‌ترتیب از دو مجموعه داده AP و BUPA استفاده و به دقت ۷۳/۳۹ و ۶۷/۳۹ رسیده‌اند، نیز به‌مراتب بیشتر است؛ و این روش را می‌توان به عنوان یکی از روش‌های مطمئن برای تشخیص بیماری کبد چرب استفاده کرد. برای بهبود عملکرد سیستم جاری و همچنین گسترش مدل پیشنهادی کارهای مختلفی را می‌توان انجام داد. برای کارهای آینده می‌توان از سیستم استنتاج فازی برمبنای ترکیب دیگر الگوریتم‌های فراابتکاری مانند کلونی زنبور مصنوعی، الگوریتم کرم شب‌تاب و الگوریتم بهینه‌سازی گرگ خاکستری استفاده نمود. استفاده از الگوریتم‌های فراابتکاری برای انتخاب بهتر ویژگی‌ها است و همچنین می‌توان ار روش‌های یادگیری ماشین مانند ماشین بردار پشتیبان، نیوی بیز، k نزدیکترین همسایه برای طبقه‌بندی استفاده نمود.

میانگین مربع خطا براساس genfis2 برای ویژگی‌هایی مانند آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین، مجموع بیلی روبین، بیلی روبین مستقیم، آلکالین فسفاتاز، آلبومین، سن بیمار و جنسیت بیمار برابر ۰/۰۲۸۱ می‌باشد. میانگین مربع خطا براساس genfis3 برای ویژگی‌هایی مانند آسپارتات ترانس آمیناز، آمینوترانسفراز آلامین، مجموع بیلی روبین، بیلی روبین مستقیم، آلکالین فسفاتاز و آلبومین برابر ۰/۰۳۸۶ است.

متأسفانه اکثر پژوهشگران برای تشخیص بیماری کبد به جای مجموعه داده‌های استاندارد از عکس‌های CT استفاده نموده‌اند. دقت روش پیشنهادی نسبت به بهرامی‌راد و همکاران که برای طبقه‌بندی بیماری کبدی، به‌ترتیب از دو مجموعه داده AP و BUPA استفاده کرده‌اند، بیشتر است. درصد صحت آن‌ها برای رگرسیون لجستیک خطی (۶۹/۵۷ درصد)، شبکه عصبی مصنوعی (۷۳/۹۱ درصد)، ماشین بردار پشتیبان (۶۹/۲۳ درصد) و درخت رگرسیون (۶۶/۳۵ درصد) به دست آمده است [۱۵]. Olaniyi و Khashma [۱۴] برای تشخیص بیماری کبد با ۶ ورودی و ۲ خروجی با استفاده از شبکه عصبی پس‌انتشار (با ۱۰ نرون نهان) و شبکه عصبی پایه شعاعی (با ۲۰ نرون نهان) به‌ترتیب به دقت ۶۳٪ و ۷۰٪ دست یافته‌اند، که به‌مراتب دقت روش پیشنهادی (با ۸۹/۸۷ و ۹۱/۶۶ درصد) بیشتر است.

باتوجه به این که تمامی مطالعات نواقص و کاستی‌هایی دارند این مقاله نیز از این قاعده مستثنی نیست از جمله در مطالعه حاضر می‌توان وابستگی دقت تشخیص مدل پیشنهادی را به مقدار عملگرهای ادغام و جهش و همچنین تعیین توابع فازی ذکر کرد، همچنین باتوجه به اینکه نوشتن قوانین فازی به طور دقیق ممکن نیست؛ لذا می‌توان آن را به عنوان یک محدودیت و عیب به شمار آورد.

تعارض منافع

بدین وسیله نویسندگان تصریح می‌نمایند که هیچ‌گونه تعارض منافعی در خصوص پژوهش حاضر وجود ندارد.

References

1. Shuja A, Malespin M, Scolapio J. Nutritional Considerations in Liver Disease. Gastroenterol Clin North Am 2018;47(1):243-52.

2. Shukla A, Tiwari R, Kaur P, Janghel RR. Diagnosis of Thyroid Disorders using Artificial Neural Networks. IEEE International Advance Computing Conference 2009 Mar 6-7; Patiala, India: IEEE; 2009. p. 1016-20.

[Downloaded from jhbmi.com on 2024-10-12]

3. Isa I, Saad Z, Omar S, Osman MK, Ahmad KA, Mat Sakim HA. Suitable MLP Network Activation Functions for Breast Cancer and Thyroid Disease Detection. Second International Conference on Computational Intelligence, Modelling and Simulation; 2010 Sep 28-30; Tuban, Indonesia: IEEE; 2010. p. 39-44.

4. Sarasvathi V, Santhakumaran A. Towards artificial neural network model to diagnose thyroid problems. Global Journal of Computer Science and Technology 2011; 11(5): 53-5.

5. Chuang CL. Case-based reasoning support for liver disease diagnosis. Artif Intell Med 2011;53(1):15-23.

6. Afzali F, Heidari Z, Montazeri M, Ahmadian L, Zahedi M J. Futures studies in health: choosing the best intelligent data mining model to predict and diagnose liver cancer in early stage. Journal of Health and Biomedical Informatics 2015; 2(3):133-40. Persian

7. Rajamani R, Rathika M. Analysis of liver cancer using Adaptive Neuro Fuzzy Inference System (ANFIS). International Journal of Innovative Research in Computer and Communication Engineering 2015; 3(7): 6757-63.

8. Hashmi A, Saleem Khanb M. Diagnosis blood test for liver disease using fuzzy logic. International Journal of Sciences: Basic and Applied Research 2015; 20(1): 151-83.

9. Obayya MI, Areed NF. Liver Cancer Identification using Adaptive Neuro-Fuzzy Inference System. International Journal of Computer Applications 2016; 140(8): 1-7.

10. Fan CY, Chang PC, Lin JJ, Hsieh JC. A hybrid model combining case-based reasoning and fuzzy decision tree for medical data classification. Applied Soft Computin 2011;11(1):632-44.

11. Satarkar SL, Ali MS. Fuzzy expert system for the diagnosis of common liver disease. International Engineering Journal for Research & Development 2013; 1(1): 1-7.

12. Kalaiselvi C, Nasira GM. A novel approach for the diagnosis of diabetes and liver cancer using ANFIS and improved KNN. Research Journal of Applied Sciences, Engineering and Technology 2014; 8(2): 243-50.

13. Neshat M, Yaghobi M. Designing a fuzzy expert system of diagnosing the Hepatitis B Intensity rate and comparing it with adaptive neural network fuzzy system. Proceedings of the World Congress on Engineering and Computer Science, 2009 Oct 20-22; San Francisco, USA: WCECS; 2009.

14. Olaniyi EO, Khashman A. Liver Disease Diagnosis Based on Neural Networks. Proceedings of the 16th International Conference on Neural Networks (NN'15); 2013 Nov 7-9; At Rome, Italy: Advances in Computational Intelligence; 2013. p. 48-53.

15. Bahramirad S, Mustapha A, Eshraghi M. Classification of Liver Disease Diagnosis: A Comparative Study. Informatics and Applications. Second International Conference on Informatics & Applications (ICIA); 2013 Sep 23-25; Lodz, Poland: IEEE; 2013. p. 42- 6.

16. Mirsharif M, Rouhani S. Data mining approach based on neural network and decision tree methods for the early diagnosis of risk of gestational diabetes mellitus. Journal of Health and Biomedical Informatics 2017; 4 (1):59-68. Persian

17. UCI. Machine Learning Repository. [cited 2018 Aug 20] Available from: https://archive.ics.uci.edu/ml/datasets

18. Rajaobelina L, Brun I, Toufaily E. A relational classification of online banking customers. International Journal of Bank Marketing 2013; 31(3): 187-205.

19. Nguyen T, Singh M. Impact of internet banking on customer satisfaction and loyalty: a conceptual model. The Fourth International Conference on Electronic Business; 2004 Dec 5-9; Beijing, China: ICEB; 2004. p. 298-303.

20. Mitchell M. An Introduction to Genetic Algorithms (Complex Adaptive Systems). Cambridge, MA, USA: MIT Press; 1996.

21. Dhimish M, Holmes V, Mehrdadi B, Dales M. Comparing Mamdani Sugeno fuzzy logic and RBF ANN network for PV fault detection. Renewable Energy 2018;117:257-74.

22. David RC, Precup RE, Petriu EM, Rădac MB, Preitl S. Gravitational search algorithm-based design of fuzzy control systems with a reduced parametric sensitivity. Information Sciences 2013;247:154-73.

23. Renault A, Dagli C. Genetic Algorithm Optimization of SoS Meta-Architecture Attributes for Fuzzy Rule Based Assessments. Procedia Computer Science 2016;95:95-102.

24. Xu D, Fu H, Jiang W. Research on Liver Disease Diagnosis Based on RS_LMBP Neural Network. 12th International Conference on Computational Intelligence and Security (CIS); 2016 Dec 16-19; Wuxi, China: IEEE; 2016. p. 646-9.

[Downloaded from jhbmi.com on 2024-10-12]

Original Article

Journal of Health and Biomedical Informatics
Medical Informatics Research Center
2018; 5(3): 384-397

Determining Fuzzy Logic Parameters by using Genetic Algorithm for the Diagnosis of Liver Disease

Rezaei Farokhzad Maryam[1], Soleimanian Gharehchopogh Farhad[2*]

• **Received:** 9 Dec, 2017 • **Accepted:** 29 Sep, 2018

Introduction: Liver disease is one of the most common chronic liver problems and cirrhosis. Liver problems include a wide range of diseases and disorders that damage the liver tissue or its function. Early diagnosis and treatment of this disease can reduce the severity of the disease and mortality rate.
Method: In this descriptive-analytic study, database was consisted of 583 independent records, including 11 features in the UCI machine learning database and through using fuzzy logic that its parameters are determined by Genetic Algorithm (GA), a method for the diagnosis of liver disease is proposed. For this purpose, first, the features of the dataset were ranked using the entropy feature and then, the dataset data were optimized using GA. Ultimately, liver disease was diagnosed using the genfis2 and genfis3 Fuzzy Inference System (FIS).
Results: The results show that the accuracy of detection of liver disease using the genfis2 FIS with 8 features is 91.66% and using the genfis3 FIS with 6 features, it is equal to 89.87%. Moreover, the rates of error for genfis2 and genfis3 were 0.034 and 0.047 respectively.
Conclusion: Liver disease is one of the most common diseases in population. Early diagnosis of disease while reducing costs can increase the chance of treatment success. According to the obtained results, the proposed model can identify people with liver disease with a fairly high degree of accuracy.

Keywords: Liver Disease Detection, Fuzzy Logic, Fuzzy Inference System, Genetic Algorithm

• **Citation:** Rezaei Farokhzad M, Soleimanian Gharehchopogh F**.** Determining Fuzzy Logic Parameters by using Genetic Algorithm for the Diagnosis of Liver Disease. Journal of Health and Biomedical Informatics 2018; 5(3): 384-397.

1. M.Sc. in Computer Engineering, Computer Engineering Dept., Urmia Branch, Islamic Azad University, Urmia, Iran
2. Ph.D., in Computer Engineering, Assistant Professor, Computer Engineering Dept., Urmia Branch, Islamic Azad University, Urmia, Iran

*__Correspondence__: Urmia, 2km Airport, Islamic Azad University, Urmia, Faculty of Engineering
• **Tel:** 09141764427 • **Email:** bonab.farhad@gmail.com

[Downloaded from jhbmi.com on 2024-10-12]