Journal of Health and Biomedical Informatics 2026; 13(1): 12-23
doi:10.34172/jhbmi.2026.09
Medical Informatics Research Center, Kerman University of Medical Sciences

Original article

An Intelligent Framework Based on Health Informatics for Diagnosing Liver Diseases Using Generative Adversarial Network-Based Data Augmentation and Ensemble Learning

Nazila Valizadeh jahatloo[1] ,Omid R. B. Speily[2]*, Parviz Ghorbanzadeh[3]

1. M.Sc. Student, Department of Information Technology, Faculty of Modern Science & Technology, Urmia University of Technology, Urmia, Iran
2. Ph.D in Information Technology Engineering, Assistant Proffessor, Department of Information Technology, Faculty of Modern Science & Technology, Urmia University of Technology, Urmia, Iran
3. Ph. D in Artificial Intelligence, Urmia University of Technology, Urmia, Iran

ARTICLE INFO:

Article History:

Received: 3 Aug 2025

Accepted: 30 Mar 2026

Published: 21 Jun 2026

Corresponding Author:

Omid R. B. Speily

Email: Speily@uut.ac.ir

Citation: Valizadeh jahatloo N, B. Speily OR, Ghorbanzadeh P. An Intelligent Framework Based on Health Informatics for Diagnosing Liver Diseases Using Generative Adversarial Network-Based Data Augmentation and Ensemble Learning. Journal of Health and Biomedical Informatics 2026; 13(1): 12-23. [In Persian]

Abstract

Introduction: Health is one of the fundamental aspects of human life, and chronic diseases pose a serious threat in this realm, entailing far-reaching consequences. With rapid advancements in artificial intelligence, intelligent medical diagnostic systems have seen significant development, facilitating early diagnosis, cost reduction, and more accurate clinical decision-making. Despite the application of various data mining techniques, the complexity and high dimensionality of medical data remain challenging. In this context, deep learning methods and generative models serve as powerful tools for analyzing such data.

Methods: This study proposes a novel method for improving the diagnosis of liver diseases, based on data preprocessing and augmentation using Generative Adversarial Networks (GANs) alongside a stacking ensemble learning approach. The Indian Liver Patient Dataset (ILPD) was used for evaluation. In the initial phase, the ensemble model achieved an accuracy of 77% using 10-fold cross-validation. Subsequently, the model was retrained using a GAN-based data augmentation technique, yielding an impressive accuracy of 99%.

Results: The results indicate that the appropriate application of preprocessing and data augmentation methods has a significant impact on improving model performance and enhancing the accuracy of early liver disease detection.

Conclusion: The proposed intelligent framework successfully overcomes the challenges of complexity and data imbalance in medical datasets, delivering a highly accurate and reliable model. This approach can serve as an efficient clinical decision-support system within the field of health informatics, offering significant assistance to healthcare professionals in the early diagnosis and improved management of liver diseases.

Keywords: Early Liver Disease Diagnosis, Deep learning, Adversarial Generating Network, Machine Learning

[DOI: 10.34172/jhbmi.2026.09]

مجله انفورماتیک سلامت و زیست پزشکی دوره سیزدهم، شماره اول، سال ۱۴۰۵، ص ۲۳-۱۲
doi: 10.34172/jhbmi.2026.09
مرکز تحقیقات انفورماتیک پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی کرمان

مقاله پژوهشی

یک چارچوب هوشمند مبتنی بر انفورماتیک سلامت برای تشخیص بیماری‌های کبدی با استفاده از افزایش داده مبتنی بر شبکه مولد تخاصمی و یادگیری تجمعی

نازیلا ولیزاده جهتلو [۱]، امیدرضا بلوکی اسپیلی [۲*]، پرویز قربانزاده [۳]

۱. دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه مهندسی فناوری اطلاعات، دانشکده علوم و فناوری های نوین، دانشگاه صنعتی ارومیه، ارومیه، ایران
۲. دکتری مهندسی فناوری اطلاعات، استادیار، گروه مهندسی فناوری اطلاعات، دانشکده علوم و فناوری های نوین، دانشگاه صنعتی ارومیه، ارومیه، ایران
۳. دکتری هوش مصنوعی، دانشگاه صنعتی ارومیه، ارومیه، ایران

اطلاعات مقاله

سابقه مقاله

دریافت: ۱۴۰۴/۵/۱۲
پذیرش: ۱۴۰۵/۱/۱۰
انتشار برخط: ۱۴۰۵/۳/۳۱

نویسنده مسئول:
امیدرضا بلوکی اسپیلی

ایمیل:
speily@uut.ac.ir

ارجاع: ولیزاده جهتلو نازیلا، بلوکی اسپیلی امیدرضا، قربانزاده پرویز. یک چارچوب هوشمند مبتنی بر انفورماتیک سلامت برای تشخیص بیماری‌های کبدی با استفاده از افزایش داده مبتنی بر شبکه مولد تخاصمی و یادگیری تجمعی. مجله انفورماتیک سلامت و زیست پزشکی ۱۴۰۵؛ ۱۳(۱): ۲۳-۱۲.

چکیده

مقدمه: سلامت، یکی از بنیادی‌ترین ابعاد زندگی انسان است و بیماری‌های مزمن تهدیدی جدی در این حوزه محسوب می‌شوند که عوارض گسترده‌ای به‌دنبال دارند. با پیشرفت‌های سریع هوش مصنوعی، سامانه‌های تشخیص پزشکی هوشمند در زمینه تشخیص زودهنگام، کاهش هزینه‌ها و کمک به تصمیم‌گیری دقیق‌تر پزشکان توسعه چشم‌گیری یافته‌اند. با وجود کاربرد روش‌های گوناگون داده‌کاوی، پیچیدگی و ابعاد بالای داده‌های پزشکی همچنان چالش‌برانگیز است. در این میان، روش‌های یادگیری عمیق و مدل‌های مولد ابزارهایی توانمند برای تحلیل این داده‌ها هستند.

روش‌کار: در این پژوهش، روشی نوین برای بهبود تشخیص بیماری‌های کبدی پیشنهاد شده است که بر پایه پیش‌پردازش و افزایش داده‌ها با استفاده از شبکه‌های مولد تخاصمی (GAN) و یادگیری تجمعی از نوع استکینگ (Stacking) قرار دارد. برای ارزیابی، از مجموعه‌داده استاندارد بیماران کبدی هند (ILPD) استفاده شد. در مرحله نخست، مدل تجمعی با اعتبارسنجی متقابل ۱۰-مرحله‌ای دقت ۷۷ درصد را به‌دست آورد. سپس، با استفاده از تکنیک افزایش داده مبتنی بر GAN، مجدداً مدل آموزش داده شد که این بار دقت چشمگیر ۹۹ درصد حاصل گردید.

یافته‌ها: نتایج نشان می‌دهد که به‌کارگیری مناسب روش‌های پیش‌پردازش و افزایش داده، تأثیر بسزایی در بهبود عملکرد مدل و ارتقای دقت تشخیص زودهنگام بیماری کبد دارد.

نتیجه‌گیری: چارچوب هوشمند پیشنهادی با غلبه بر چالش پیچیدگی و عدم توازن داده‌های پزشکی، مدلی بسیار دقیق و قابل‌اتکا ارائه می‌دهد. این رویکرد می‌تواند به‌عنوان یک سیستم پشتیبان تصمیم‌گیری بالینی کارآمد در حوزه انفورماتیک سلامت، به متخصصان در تشخیص زودهنگام و مدیریت بهتر بیماری‌های کبدی کمک شایانی نماید.

کلیدواژه‌ها: شبکه مولد متخاصم، بیماری کبد، یادگیری ماشین، یادگیری عمیق، هوش مصنوعی، تشخیص بیماری

مقدمه

هوش مصنوعی به‌عنوان یکی از فناوری‌های تحول‌آفرین و پیشرو در قرن بیست‌ویکم، نقش کلیدی در پیشرفت‌های علمی و صنعتی ایفا کرده است. در حوزه پزشکی و سلامت، کاربردهای این فناوری با سرعت چشمگیری در حال گسترش است و توانسته فرآیندهای تشخیصی و درمانی را به شکل قابل‌توجهی بهبود بخشد [۳-۱]. از مهم‌ترین کاربردهای هوش مصنوعی در این حوزه می‌توان به ثبت و تحلیل داده‌های بالینی، پیش‌بینی روند بیماری‌ها، تشخیص زودهنگام، پردازش تصاویر پزشکی از تصویربرداری تشدید مغناطیسی MRI(Magnetic Resonance Imaging) و توموگرافی کامپیوتری CT(Computerized Tomography)، پایش علائم حیاتی، و مدیریت درمان اشاره کرد [۶-۴]. همچنین، پزشکی از راه‌دور و ربات‌های جراحی از دیگر زمینه‌های مهم کاربرد این فناوری به‌شمار می‌روند. با وجود این پیشرفت‌ها، چالش‌هایی نظیر کمبود داده‌های باکیفیت، حفظ حریم خصوصی بیماران، و پیچیدگی ذاتی داده‌های پزشکی، توسعه مدل‌های دقیق را با محدودیت مواجه کرده‌اند [۷].

در زمینه تشخیص بیماری‌ها، هوش مصنوعی نقش برجسته‌ای ایفا می‌کند؛ به‌ویژه در مورد بیماری‌های کبدی که از جمله بیماری‌های مزمن و تهدیدکننده سلامت جهانی محسوب می‌شوند. بیماری‌هایی نظیر سیروز و هپاتیت مزمن، در صورت عدم تشخیص به‌موقع، می‌توانند به عوارض جدی و حتی مرگ‌ومیر منجر شوند. الگوریتم‌های یادگیری ماشین و یادگیری عمیق با تحلیل داده‌های بالینی و شناسایی الگوهای پنهان، امکان تشخیص سریع‌تر و دقیق‌تر این بیماری‌ها را فراهم ساخته‌اند [۸،۹].

مطالعات متعددی به بررسی عملکرد مدل‌های مبتنی بر هوش مصنوعی در تشخیص بیماری‌ها، به‌ویژه بیماری‌های کبدی، پرداخته‌اند. برای نمونه، در مطالعه‌ای [۲]، مدلی مبتنی بر شبکه عصبی کانولوشنی(Convolutional Neural Network) ارائه شده است که در مقایسه با الگوریتم‌های سنتی نظیر نایو بیز (Naïve Bayes)، ماشین بردار پشتیبانی (Support Vector Machine)، نزدیک‌ترین همسایه (K-Nearest Neighbor) و رگرسیون لجستیک (Logestic Regression)، عملکرد قابل‌قبولی در طبقه‌بندی بیماری‌های کبدی نشان داده و صحت ۷۵/۵۵٪ و ۷۲٪ را به‌ترتیب برای مجموعه‌داده‌های شرکت خدمات مالی و مراقبت سلامت بریتانیایی BUPA و مجموعه داده بیماران کبدی هندوستان ILPD (Indian Liver Patient Dataset) به‌دست آورده است. همچنین، در پژوهش دیگری [۳]، با استفاده از تکنیک‌های پیش‌پردازش پیشرفته و الگوریتم‌های یادگیری تجمعی، موفق به افزایش صحت تشخیص بیماری کبد به بیش از ۹۱٪ شده‌اند. در مطالعه‌ای دیگر [۱۰]، با بهره‌گیری از مدل ترکیبی شبکه عصبی مصنوعی و الگوریتم جنگل تصادفی، صحت طبقه‌بندی ۹۸/۲۹٪، صحت کلی ۹۷/۴۳٪، نرخ بازخوانی (Recall) ۱۰۰٪ و امتیاز F1 معادل ۹۸/۶۹٪ گزارش شده است.

با این وجود، چالش‌های قابل‌توجهی در توسعه و کاربرد عملی سیستم‌های هوش مصنوعی در حوزه پزشکی همچنان به قوت خود باقی است [۱۱]. از جمله مهم‌ترین این چالش‌ها می‌توان به حفظ حریم خصوصی بیماران و نگرانی‌های حقوقی و اخلاقی مرتبط با استفاده از داده‌های حساس اشاره کرد [۱۲]. همچنین، محدودیت در دسترسی به داده‌های باکیفیت و حجم کافی، یکی دیگر از موانع عمده در آموزش مدل‌های دقیق و قابل‌اعتماد محسوب می‌شود. داده‌های ناکامل یا با تنوع پایین ممکن است موجب کاهش صحت مدل یا تولید نتایج نادرست گردند [۱۵-۱۳].

از سوی دیگر، اهمیت تشخیص زودهنگام بیماری‌ها، به‌ویژه بیماری‌های کبدی، در بهبود روند درمان و کاهش هزینه‌های مرتبط، به‌طور گسترده مورد تأکید قرار گرفته است. با این حال، وجود خطا در تشخیص‌ها نه‌تنها موجب افزایش هزینه‌های درمانی می‌شود، بلکه به تأخیر در روند درمان نیز منجر می‌گردد؛ که نیازمند بهبود روش‌های تشخیص می‌باشد.

شکاف اصلی پژوهش حاضر به سه مؤلفه اساسی مرتبط می‌شود: نخست، نبود مطالعه‌ای جامع و نظام‌مند در خصوص به‌کارگیری شبکه‌های مولد تخاصمی(GAN) تخصصی برای تولید داده‌های جدولی پزشکی در حوزه بیماری‌های کبدی؛ دوم، فقدان ارزیابی از تأثیر داده‌های مصنوعی باکیفیت حاصل از این مدل‌ها بر بهبود عملکرد روش‌های یادگیری جمعی، به‌ویژه در شناسایی کلاس اقلیت؛ و سوم، نبود چارچوبی یکپارچه که بتواند هم‌زمان سه چالشِ کمبود داده، نقض حریم خصوصی بیماران، و عدم‌تعادل شدید میان کلاس‌ها را برطرف سازد.

[DOI: 10.34172/jhbmi.2026.09]

مجله انفورماتیک سلامت و زیست پزشکی دوره سیزدهم، شماره اول، سال ۱۴۰۵، ص ۲۳-۱۲
doi: 10.34172/jhbmi.2026.09
مرکز تحقیقات انفورماتیک پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی کرمان

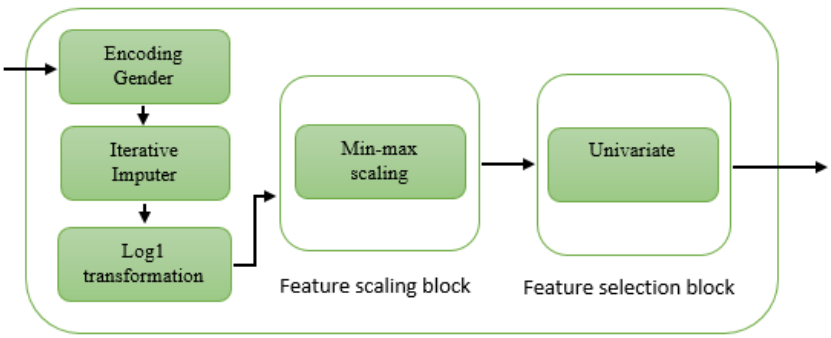
با وجود پیشرفت‌های قابل‌توجه در استفاده از یادگیری ماشین برای تشخیص بیماری‌ها، بسیاری از مدل‌های موجود به دلیل محدودیت حجم داده و ناتوانی در شناسایی دقیق الگوهای پیچیده، از دقت کافی برخوردار نیستند. همچنین، مسائل مرتبط با حفظ حریم خصوصی و حساسیت داده‌های بالینی، امکان استفاده گسترده از داده‌های واقعی را محدود کرده است [۱۶]. به همین دلیل، به‌کارگیری روش‌های افزایش داده نظیر شبکه‌های مولد تخاصمی (GAN) که قادر به تولید داده‌های مصنوعی مشابه نمونه‌های واقعی هستند، می‌تواند به بهبود صحت مدل‌ها و رفع محدودیت‌های داده‌ای کمک کند. با این حال، تاکنون مطالعات محدودی (مانند [۵،۶]) به بررسی کاربرد GAN در بهبود تشخیص بیماری‌های کبدی با داده‌های عددی پرداخته‌اند و این حوزه همچنان نیازمند تحقیقات بیشتر و توسعه مدل‌های پیشرفته‌تر است.

هدف پژوهش حاضر، توسعه مدلی است که با بهره‌گیری از تکنیک‌های پیش‌پردازش پیشرفته، افزایش داده مبتنی بر شبکه‌های مولد تخاصمی (GAN) و الگوریتم یادگیری تجمعی استکینگ، بتواند صحت تشخیص بیماری کبد را به‌طور قابل‌توجهی افزایش دهد. این مدل با تمرکز بر داده‌های عددی حاصل از آزمایش‌های خون، درصدد جبران کمبود داده‌های واقعی و فراهم‌آوردن امکان تصمیم‌گیری دقیق‌تر و بهینه‌تر برای پزشکان برآمده است.

روش کار

شکل ۱ نمای کلی چارچوب روش پیشنهادی را نمایش می‌دهد که فرآیند پژوهش را در چند مرحله مشخص و منظم سامان‌دهی می‌کند. این ساختار گام‌به‌گام، به‌منظور طراحی مدلی دقیق و قابل‌اعتماد برای تشخیص بیماری کبد تدوین شده است.

- **انتخاب مجموعه‌داده اولیه:** انتخاب مجموعه‌داده‌ای استاندارد شامل اطلاعات بیماران مبتلا به بیماری‌های کبدی و افراد سالم به‌عنوان پایه‌ای برای آموزش مدل‌ها
- **آماده‌سازی و پیش‌پردازش داده‌ها:** پاک‌سازی، نرمال‌سازی و مقیاس‌بندی داده‌ها و سپس تقسیم آن‌ها به سه بخش آموزش، اعتبارسنجی و آزمون جهت ارزیابی علمی
- **متعادل‌سازی داده‌ها با SMOTE:** استفاده از تکنیک Synthetic Minority Over-sampling Technique برای تولید نمونه‌های مصنوعی از کلاس اقلیت و رفع عدم تعادل
- **افزایش حجم داده با شبکه‌های مولد متخاصم (GAN):** تولید نمونه‌های مصنوعی مشابه داده‌های واقعی جهت کاهش خطر بیش‌برازش و ارتقای قابلیت تعمیم مدل
- **آموزش مدل با یادگیری جمعی (Ensemble Learning):** ارائه داده‌های غنی‌شده به الگوریتم‌های ترکیبی جهت افزایش دقت پیش‌بینی و پایداری [۱۷].



شکل ۱: نمای کلی چارچوب روش پیشنهادی

[DOI: 10.34172/jhbmi.2026.09]

۱۰ ویژگی کلیدی که در مدل پیشنهادی به‌عنوان ورودی اصلی مدل‌های یادگیری ماشین به کار گرفته شده‌اند عبارتند از:

- سن (Age): عددی (۴ تا ۹۰ سال)
- جنسیت (Gender): مرد یا زن
- بیلی‌روبین کل (Total Bilirubin): شاخص سطح بیلی‌روبین در خون
- بیلی‌روبین مستقیم (Direct Bilirubin): بخش محلول بیلی‌روبین
- پروتئین کل (Total Proteins): مجموع پروتئین‌های موجود در سرم
- آلبومین (Albumin): پروتئینی مرتبط با عملکرد کبد
- آلکالین فسفاتاز (Alkaline Phosphatase): آنزیمی مرتبط با اختلالات کبد و استخوان
- آلانین آمینوترانسفراز (ALT): شاخص آسیب سلولی کبد
- آسپارتات آمینوترانسفراز (AST): آنزیمی مکمل در ارزیابی عملکرد کبد
- نسبت آلبومین به گلوبولین (A/G Ratio): شاخص تعادل پروتئین‌های خون

آماده‌سازی و پیش‌پردازش داده

اقدامات اصلی در این مرحله به‌منظور سازگاری و بهبود کیفیت داده‌ها به‌شرح زیر انجام شد:

- **پاک‌سازی داده‌ها:** مشابه با مطالعه [۱۵]، مقادیر گمشده عمدتاً در ویژگی (A/G Ratio) با استفاده از میانگین یا میانه ستون مربوطه پر شدند (Imputation). مقادیر پرت(Outliers) با روش آماری(Interquartile Range) IQR شناسایی و مدیریت شدند تا نویز کاهش یابد.
- **تبدیل داده‌ها:** متغیرهای کیفی نظیر جنسیت با روش کدگذاری دودویی به مقادیر عددی تبدیل شدند (مرد = ۱، زن = ۰).
- **انتخاب ویژگی:** انتخاب ویژگی به‌صورت صریح انجام نشد و تمامی ۱۰ ویژگی به‌منظور جلوگیری از کاهش اطلاعات مفید بالینی حفظ شدند.
- **استانداردسازی و مقیاس‌بندی:** استانداردسازی با تبدیل ویژگی‌ها به توزیعی با میانگین صفر و انحراف معیار یک انجام شد. مقیاس‌بندی نیز با تکنیک Min-Max Scaler جهت انتقال مقادیر به بازه [۰،۱] یا [-۱،۱] صورت گرفت تا تفاوت‌های شدید مقیاس برطرف شود.
- **تبدیل لگاریتمی(log1p):** برای مقابله با توزیع بسیار نامتقارن متغیرهایی مانند آنزیم‌های کبدی، از تبدیل لگاریتمی استفاده شد تا توزیع به سمت نرمال نزدیک‌تر شود.

محیط پیاده‌سازی

تمامی مراحل پیاده‌سازی مدل‌ها و تحلیل داده‌ها با استفاده از زبان برنامه‌نویسی Python (نسخه ۳.۸ و بالاتر) انجام شد. برای پردازش و مدیریت داده‌ها از کتابخانه‌های Pandas و NumPy استفاده گردید. متعادل‌سازی داده‌ها با استفاده از کتابخانه imbalanced-learn و الگوریتم SMOTE انجام شد. آموزش و ارزیابی مدل‌های یادگیری ماشین با بهره‌گیری از کتابخانه scikit-learn صورت گرفت و پیاده‌سازی شبکه مولد متخاصم نیز با استفاده از چارچوب PyTorch انجام شد. تمامی آزمایش‌ها در محیط‌های Jupyter Notebook و Google Colab اجرا گردیدند.

افزایش داده با روش شبکه مولد متخاصم (GAN)

به‌منظور مواجهه با محدودیت‌های ذاتی داده‌های پزشکیِ جدولی، از جمله کمبود نمونه‌های واقعی، عدم‌توازن میان کلاس‌ها، و افزایش احتمال بیش‌برازش در مدل‌های یادگیری ماشین، در این پژوهش از از شبکه مولد متخاصم به‌عنوان یکی از راهبردهای افزایش داده استفاده شده است. شبکه‌های مولد تخاصمی از جمله روش‌های یادگیری عمیق هستند که با بهره‌گیری از چارچوبی رقابتی میان دو

[DOI: 10.34172/jhbmi.2026.09]

مجله انفورماتیک سلامت و زیست پزشکی دوره سیزدهم، شماره اول، سال ۱۴۰۵، ص ۲۳-۱۲
doi: 10.34172/jhbmi.2026.09
مرکز تحقیقات انفورماتیک پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی کرمان

شبکه، امکان تولید نمونه‌های مصنوعی واقع‌نما و آماری‌سازگار با داده‌های واقعی را فراهم می‌سازند. این ویژگی، GAN را به ابزاری مناسب برای کاربردهای پزشکی تبدیل می‌کند؛ زیرا در چنین داده‌هایی، دسترسی به حجم کافی از نمونه‌های متنوع و متوازن معمولاً دشوار است.

ساختار GAN از دو مؤلفه اصلی تشکیل می‌شود: مولد G و متمایزگر D. مولد با دریافت یک بردار نویز تصادفی z از یک توزیع ساده، نمونه‌ای مصنوعی $x^*=G(z)$ تولید می‌کند؛ در مقابل، متمایزگر می‌کوشد بین نمونه‌های واقعی x و نمونه‌های تولیدشده توسط مولد تمایز قائل شود. فرایند آموزش این دو شبکه به‌صورت هم‌زمان و خصمانه انجام می‌شود؛ به‌گونه‌ای که مولد تلاش می‌کند متمایزگر را فریب دهد، در حالی که متمایزگر می‌کوشد نمونه‌های جعلی را شناسایی کند. در نتیجه این رقابت، کیفیت داده‌های مصنوعی به‌تدریج افزایش می‌یابد و مولد قادر می‌شود توزیعی نزدیک‌تر به داده‌های واقعی را بازتولید کند. تابع هدف کلاسیک GAN به‌صورت رابطه ۱ بیان می‌شود:

$$\min_G \max_D V(D,G) = E_{x\sim pdata(x)}[logD(x)] + E_{z\sim pz(z)}[log(1-D(G(z)))] \quad \text{رابطه ۱}$$

در این معادله، $pdata(x)$ توزیع داده‌های واقعی، $p_z(z)$ توزیع نویز ورودی، $D(x)$ احتمال واقعی‌بودن نمونه ورودی از دید متمایزگر، و $G(z)$ خروجی مولد است. هدف متمایزگر بیشینه‌سازی توان تفکیک میان نمونه‌های واقعی و مصنوعی، و هدف مولد کمینه‌سازی این تابع و در نتیجه افزایش شباهت داده‌های تولیدی به داده‌های واقعی است.

در این مطالعه، از GAN برای افزایش حجم داده، بهبود تنوع نمونه‌ها، و تقویت قابلیت تعمیم مدل نهایی استفاده شد. پس از تکمیل چرخه آموزش، حدود ۳۰۰۰ نمونه مصنوعی توسط شبکه مولد تولید و با داده‌های واقعی ادغام شد تا مجموعه‌داده آموزشی غنی‌تر و متوازن‌تری حاصل شود. این راهبرد نه‌تنها به کاهش اثر کمبود داده کمک کرد، بلکه به‌ویژه در شناسایی کلاس اقلیت، منجر به بهبود عملکرد مدل شد. بر اساس نتایج گزارش‌شده، استفاده از این داده‌های مصنوعی همراه با سایر مراحل پیش‌پردازش و متعادل‌سازی، نقش مهمی در ارتقای دقت، حساسیت، و شاخص‌های کلی عملکرد ایفا کرد.

به‌طور کلی، به‌کارگیری GAN در این پژوهش به‌منزله یک سازوکار داده‌افزایی مبتنی بر یادگیری عمیق، امکان تولید نمونه‌های مصنوعی معتبر و مفید را فراهم ساخت و در نهایت به افزایش پایداری و کارایی سامانه طبقه‌بندی کمک کرد.

روش پشته‌سازی در الگوریتم یادگیری جمعی

در روش پشته‌سازی (Stacking Ensemble)، فرآیند آموزش در دو مرحله انجام می‌شود. ابتدا چندین مدل پایه (مانند درخت تصمیم، رگرسیون لجستیک، SVM و KNN) با داده‌ها آموزش می‌بینند. سپس خروجی این مدل‌ها به یک مدل نهایی (Meta-Learner) داده می‌شود. مدل نهایی یاد می‌گیرد که در چه شرایطی کدام مدل پایه عملکرد بهتری دارد و بر اساس آن، وزن‌های متفاوتی به پیش‌بینی‌ها اختصاص می‌دهد که این امر دقت و پایداری را به میزان قابل‌توجهی افزایش می‌دهد [۱۷، ۱۶].

ارزیابی مدل

در این بخش، چارچوب و محیط آزمایشگاهی مورد استفاده برای سنجش عملکرد مدل‌های پیشنهادی شرح داده می‌شود. این موارد شامل تشریح مجموعه داده‌های به کار رفته در فاز آزمون، معرفی تکنیک اعتبارسنجی (Cross-Validation) و همچنین تعریف دقیق معیارهای ارزیابی مدل (از جمله دقت، صحت، فراخوانی و امتیاز F1) می‌باشد.

معرفی مجموعه‌داده

در این پژوهش، از مجموعه‌داده ILPD استخراج‌شده از مخزن داده‌های یادگیری ماشین UCI Machine Learning Repository استفاده شده است. این مجموعه‌داده شامل اطلاعات ۵۸۳ نمونه (۴۱۶ بیمار و ۱۶۷ فرد سالم؛ ۴۴۱ مرد و ۱۴۲ زن) می‌باشد. انتخاب این مجموعه‌داده به‌صورت آگاهانه صورت گرفته است؛ چراکه این دیتاست، پرکاربردترین مجموعه‌داده عمومی در مطالعات تشخیص بیماری کبدی محسوب می‌شود (بیش از ۱۵۰ مقاله معتبر) و چالش‌های واقعی داده‌های بالینی نظیر حجم کم،

عدم‌تعادل شدید کلاس‌ها (۴/۷۱٪ بیمار در برابر ۶/۲۸٪ سالم)، مقادیر گمشده، و توزیع نامتقارن را به‌خوبی بازتاب می‌دهد. آمار توصیفی کلیدی ویژگی‌های بالینی بر اساس تحلیل استاندارد مجموعه‌داده UCI، در جدول ۱ ارائه شده است.

جدول ۱: آمار توصیفی کلیدی ویژگی‌های بالینی

ویژگی	میانگین(Mean)	انحراف معیار (Std)	حداقل (Min)	حداکثر (Max)
سن	۴۴/۷۵	۱۶/۱۶	۴	۹۰
جنسیت	۰.۷۵۶	۰/۴۲۹	۰	۱
بیلی‌روبین کل	۳.۳	۶/۲	۰/۴	۷۵
بیلی‌روبین مستقیم	۱/۵	۲/۸	۰/۱	۱۹/۱
آلکالین فسفاتاز	۲۹۰/۶	۲۴۲/۹	۶۳	۲۱۱۰
آلانین آمینوترانسفراز	۸۰/۸	۱۸۲/۶	۱۰	۲۰۰۰
آسپارتات آمینوترانسفراز	۱۰۹/۹	۲۸۸/۹	۱۰	۴۹۲۹
پروتئین کل	۶/۵	۱/۱	۲/۷	۹/۶
آلبومین	۳/۱	۰/۸	۰/۹	۵/۵
نسبت آلبومین به گلوبولین (A/G)	۰/۹۵	۰/۳۵	۰/۳	۲/۸

ارزیابی عملکرد مدل با استفاده از روش‌های تحلیلی

پس از اتمام فرایند آموزش مدل، ارزیابی دقیق عملکرد آن برای اطمینان از کارایی و قابلیت تعمیم‌پذیری، امری ضروری است. در این راستا، دو ابزار رایج و کاربردی مورد استفاده قرار می‌گیرند: ماتریس درهم‌ریختگی و اعتبارسنجی متقابل، ماتریس درهم‌ریختگی یکی از ابزارهای تحلیلی قدرتمند در حوزه یادگیری نظارت‌شده است که عملکرد مدل را با دقت بالایی مورد سنجش قرار می‌دهد. این ماتریس با نمایش تفکیکی تعداد پیش‌بینی‌های صحیح و نادرست، امکان بررسی دقیق نتایج مدل را فراهم می‌سازد. در ساختار این ماتریس، ردیف‌ها نشان‌دهنده برچسب‌های واقعی و ستون‌ها بیانگر خروجی‌های پیش‌بینی‌شده توسط مدل هستند. از دل این ماتریس، می‌توان معیارهای کلیدی ارزیابی مدل از جمله موارد زیر را استخراج نمود:

- **صحت (Accuracy):** همان طور که در رابطه ۲ مشاهده می‌نمایید صحت نسبت پیش‌بینی‌های صحیح به کل نمونه‌ها،
- **بازخوانی (Recall):** توانایی مدل در شناسایی درست نمونه‌های مثبت، یعنی چه کسری از کل موارد مثبت واقعی، توسط مدل به درستی شناسایی شده‌اند. (مطابق رابطه ۳)،
- **دقت (Precision):** توانایی مدل در پیش‌بینی صحیح موارد مثبت، یعنی چه کسری از مواردی که مدل به عنوان مثبت پیش‌بینی کرده، واقعاً مثبت بوده‌اند. (مطابق رابطه ۴)،
- **معیار F1 (F1-Score):** میانگین همسازِ دقت و بازخوانی (مطابق رابطه ۵)، را استخراج و تحلیل کرد. این شاخص‌ها تصویر روشنی از عملکرد مدل در شرایط مختلف ارائه می‌دهند و پایه‌ای برای بهینه‌سازی مدل در مراحل بعدی فراهم می‌سازند.

$$\text{Accuracy} = \frac{|\text{TN}| + |TP|}{|\text{TN}| + |TP| + |FN| + |FP|}$$ رابطه ۲

$$\text{Recall} = \frac{|\text{TN}|}{|\text{TN}| + |FP|}$$ رابطه ۳

$$\text{Precision} = \frac{|\text{TP}|}{|\text{TP}| + |\text{FP}|}$$ رابطه ۴

[DOI: 10.34172/jhbmi.2026.09]

مجله انفورماتیک سلامت و زیست پزشکی دوره سیزدهم، شماره اول، سال ۱۴۰۵، ص ۲۳-۱۲
doi: 10.34172/jhbmi.2026.09
مرکز تحقیقات انفورماتیک پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی کرمان

$$\text{F1-measure} = \frac{2 \times |\text{TP}|}{2 \times |\text{TP}| + |FN| + |FP|}$$ رابطه ۵

اعتبارسنجی متقابل؛ سنجشی دقیق در شرایط داده‌های محدود

در فرآیند ارزیابی مدل‌های یادگیری ماشین، اعتبارسنجی متقابل (Cross-Validation) به‌عنوان یکی از روش‌های مؤثر بازنمونه‌گیری، نقشی کلیدی ایفا می‌کند، به‌ویژه در شرایطی که حجم داده‌ها محدود یا تنوع آن‌ها کم است. در رویکرد سنتی، داده‌ها به دو بخش آموزش و آزمون تقسیم می‌شوند؛ مدلی بر پایه داده‌های آموزشی ساخته شده و سپس عملکرد آن با داده‌های آزمون ارزیابی می‌شود. با این حال، این روش ممکن است منجر به نتایجی سوگیرانه و غیرقابل تعمیم شود، چراکه ارزیابی تنها بر اساس یک بخش خاص از داده‌ها انجام می‌گیرد که ممکن است به‌طور کامل نماینده کل توزیع داده‌ها نباشد.

در مقابل، اعتبارسنجی متقابل با تقسیم مجموعه‌داده به چند زیرمجموعه (Fold) و اجرای چندباره فرآیند آموزش و ارزیابی روی بخش‌های مختلف داده، امکان برآورد دقیق‌تر و پایدارتر عملکرد مدل را فراهم می‌سازد. در هر تکرار، یکی از زیرمجموعه‌ها به‌عنوان داده آزمون در نظر گرفته می‌شود و باقی داده‌ها برای آموزش مورد استفاده قرار می‌گیرند. در پایان، میانگین نتایج حاصل از تکرارهای مختلف، شاخصی معتبر و قابل اتکا از عملکرد کلی مدل ارائه می‌دهد. این روش نه‌تنها به کاهش عدم قطعیت ناشی از انتخاب تصادفی داده‌های آزمون کمک می‌کند، بلکه در طراحی مدل‌هایی با قابلیت تعمیم بالا نیز نقش تعیین‌کننده‌ای دارد.

نتایج

نتایج حاصل از این ارزیابی بر روی داده‌های واقعی، در جدول‌های ۲ و ۳ ارائه شده است. بر اساس اطلاعات جدول ۲، مدل پیشنهادی در تشخیص بیماران کبدی عملکرد بسیار موفقی داشته است (Precision =۰/۷۸)، (Recall =۰/۹۵) با این حال، در شناسایی افراد سالم با ضعف مواجه است(Recall =۰/۲۳) که نشان‌دهنده نیاز به بهبود عملکرد در این کلاس می‌باشد. برای تحلیل دقیق‌تر، داده‌های جدول ۳ مورد بررسی قرار می‌گیرد. ماتریس درهم‌ریختگی عملکرد مدل را در تشخیص کلاس‌های ۰ (افراد سالم) و ۱ (بیماران کبدی) نمایش می‌دهد. این ماتریس اطلاعات دقیقی درباره تعداد پیش‌بینی‌های صحیح و اشتباه مدل ارائه می‌کند. بر اساس جدول مربوط به مدل پیشنهادی، نتایج به‌شرح زیر است:

هفت فرد سالم را به‌درستی سالم تشخیص داده است. بیست و سه فرد سالم را به‌اشتباه بیمار تشخیص داده است. چهار بیمار را به‌اشتباه سالم تشخیص داده است. ۸۳ مورد، یعنی مدل ۸۳ بیمار را به‌درستی شناسایی کرده است.

جدول ۲: عملکرد مدل با استفاده از صرفاً داده واقعی

معیار	کلاس صفر (منفی)	کلاس ۱ (مثبت)	کلی
دقت	۰/۶۴	۰/۷۸	-
بازخوانی	۰/۲۳	۰/۹۵	-
معیار F1	۰/۳۴	۰/۸۶	-
تعداد نمونه‌ها	۳۰	۸۷	۱۱۷
صحت	-	-	۰/۷۷
میانگین کلان	۰/۷۱	۰/۵۹	۰/۶

[DOI: 10.34172/jhbmi.2026.09]

جدول ۳: ماتریس در هم ریختگی داده‌های واقعی

واقعی/ پیش بینی شده	کلاس ۰	کلاس ۱
کلاس ۰ (واقعی)	۷	۲۳
کلاس ۱ (واقعی)	۴	۸۳

سپس به منظور بهبود مدل با اعمال تکنیک SMOTE برای متعادل‌سازی کلاس‌ها، صحت کلی به حدود ۸۴ درصد افزایش یافت و بازخوانی کلاس اقلیت (افراد سالم) بهبود قابل‌توجهی پیدا کرد، اما همچنان عملکرد مدل در داده‌های واقعی محدود بود. در مرحله نهایی، با تولید حدود ۳۰۰۰ نمونه مصنوعی توسط شبکه مولد تخاصمی (GAN) و افزودن آن‌ها به مجموعه آموزشی، همراه با یادگیری جمعی استکینگ، بهبود قابل توجهی در نتایج بدست آمده مطابق جدول ۴ و جدول ۵ ایجاد شد. همان طور که در جدول ۴ مشاهده می گردد در داده‌های مصنوعی تولیدشده توسط GAN به ۹۹ درصد افزایش یافت؛ در این مرحله، بازخوانی و ویژگی برای هر دو کلاس (بیمار و سالم) به‌طور چشمگیری بهبود یافت (به ترتیب نزدیک به ۹۸—۱۰۰ درصد) و AUC-ROC به حدود ۰/۹۹۹ رسید.

این نتایج نشان می‌دهند که هرچند مدل پیشنهادی در شناسایی بیماران صحت بالایی دارد، اما برای افزایش توان تفکیک افراد سالم، به بهبود داده‌های آموزشی، تکنیک‌های نمونه‌سازی یا تنظیم بهتر آستانه تصمیم نیاز است.

این یافته‌ها حاکی از آن است که شبکه مولد متخاصم توانسته است داده‌هایی با کیفیت بالا و ساختاری مشابه با توزیع داده‌های واقعی تولید کند.

- **Precision:** مقدار ۰/۹۷ برای کلاس «افراد سالم» و ۱/۰۰ برای کلاس «بیماران کبدی» بیانگر آن است که مدل تقریباً تمامی پیش‌بینی‌های مثبت خود را به‌درستی انجام داده و میزان خطای نوع اول بسیار پایین بوده است.
- **Recall:** مقدار ۱/۰۰ برای افراد سالم نشان‌دهنده شناسایی کامل این گروه توسط مدل است، به‌طوری‌که هیچ نمونه‌ای به اشتباه در گروه بیماران قرار نگرفته است. مقدار ۰/۹۸ برای بیماران کبدی نیز بیانگر عملکرد دقیق مدل در شناسایی این گروه بوده و تنها ۲٪ خطای نوع دوم گزارش شده است.
- **F1-Score:** مقدار ۰/۹۹ برای هر دو کلاس، تعادل مطلوب بین دقت (Precision) و بازخوانی (Recall) را تأیید می‌کند و نشان‌دهنده عملکرد بسیار پایدار مدل در هر دو کلاس است.
- **Accuracy:** نرخ صحت کلی مدل برابر با ۰/۹۹ (۹۹٪) است که عملکرد بسیار بالای مدل در داده‌های تولیدشده را نشان می‌دهد.

جدول ٤: عملکرد مدل با استفاده بعد از تولید داده مصنوعی

معیار	کلاس صفر (منفی)	کلاس ۱ (مثبت)	کلی
دقت	۰/۹۷	۱	۰/۹۹
بازیابی	۱	۰/۹۸	۰/۹۹
معیار F1	۰/۹۹	۰/۹۹	۰/۹۹
تعداد نمونه‌ها	۲۷۰	۳۳۰	۶۰۰
صحت	-	-	۰/۹۹

[DOI: 10.34172/jhbmi.2026.09]

جدول ۵: ماتریس در هم ریختگی بعد از تولید داده مصنوعی

واقعی/ پیش بینی شده	کلاس ۰	کلاس ۱
کلاس ۰ (واقعی)	۲۶۹	۱
کلاس ۱ (واقعی)	۷	۳۲۳

ماتریس درهم‌ریختگی روی داده‌های واقعی آزمون نشان داد که از ۸۷ نمونه بیمار، ۸۳ مورد به‌درستی شناسایی شدند و تنها ۴ مورد به اشتباه سالم تشخیص داده شدند، در حالی که در میان ۳۰ نمونه سالم، ۲۳ مورد به اشتباه بیمار تشخیص داده شدند که این مشکل مطابق جدول ۶ با داده‌های مصنوعی تقریباً به‌طور کامل برطرف شد. همان‌طور که در جدول ۶ مشاهده می‌شود، مدل پیشنهادی ۲۶۹ فرد سالم را به‌درستی سالم تشخیص داده است که نشان‌دهنده صحت بالای مدل در شناسایی افراد سالم است. ۳۲۳ بیمار کبدی را به‌درستی شناسایی کرده است که نشان‌دهنده عملکرد بسیار خوب در تشخیص بیماران است و تنها یک فرد بیمار را به اشتباه سالم تشخیص داده است که مقدار بسیار کمی محسوب می‌شود و عملکرد عالی مدل را در تشخیص بیماران نشان می‌دهد. در نهایت مدل ۷ فرد سالم را به اشتباه بیمار تشخیص داده است که نسبت به تعداد کل نمونه‌ها مقدار کمی است و تأثیر زیادی بر عملکرد کلی ندارد.

بحث و نتیجه‌گیری

هدف این پژوهش، ارائه چارچوبی کارآمد برای تشخیص زودهنگام بیماری‌های کبدی بر پایه داده‌های آزمایشگاهی بود. با توجه به محدودیت حجم داده‌ها در مجموعه‌داده ILPD، عدم‌تعادل شدید کلاس‌ها، و نامتوازن بودن توزیع ویژگی‌ها، به‌کارگیری پیش‌پردازش مناسب، متعادل‌سازی داده‌ها با SMOTE، و به‌ویژه افزایش داده‌ها با شبکه مولد تخاصمی (GAN) توانست عملکرد مدل را به‌طور چشمگیری بهبود بخشد. در این مطالعه، مدل استکینگ متشکل از رگرسیون لجستیک، ماشین بردار پشتیبان (SVM) و AdaBoost، پس از غنی‌سازی داده‌ها، به دقتی معادل ۹۹٪ دست یافت، در حالی که این مقدار بر روی داده‌های واقعی حدود ۷۷٪ بود. همچنین، بهبود قابل‌توجهی در شناسایی کلاس اقلیت مشاهده شد؛ به‌طوری‌که نرخ بازخوانی (Recall) از ۰/۲۳ به ۱/۰۰ و امتیاز F1-Score به ۰/۹۹ افزایش یافت. این نتایج نشان می‌دهد که تولید نمونه‌های مصنوعی باکیفیت می‌تواند نقش مؤثری در ارتقای عملکرد مدل‌های تشخیصی، به‌ویژه در مجموعه‌داده‌های پزشکی نامتعادل، ایفا کند.

یافته‌های این پژوهش با مطالعات پیشین همسو می‌باشد. برای نمونه، در مطالعه [۱۸] نیز استفاده از GAN برای افزایش داده‌های حاصل از تصاویر CT ضایعات کبدی، موجب بهبود نرخ بازخوانی و ویژگی طبقه‌بندی شد. به‌طور کلی، نتایج پژوهش‌های پیشین نشان می‌دهند که افزایش داده، به‌ویژه در داده‌های پزشکی محدود و نامتعادل، می‌تواند تعمیم‌پذیری مدل را افزایش داده و خطر بیش‌برازش را کاهش دهد [۲۱-۱۹]. با این حال، استفاده از GAN در داده‌های جدولی همچنان با چالش‌هایی نظیر وابستگی به کیفیت داده‌های ورودی، نیاز به تنظیم دقیق فراپارامترها و احتمال محدود بودن تنوع داده‌های تولیدشده همراه است. این محدودیت‌ها نشان می‌دهد که توسعه روش‌های تخصصی‌تر برای تولید داده‌های ساختاریافته، به‌ویژه در کاربردهای بالینی، همچنان ضروری می‌باشد.

از منظر کاربردی، نتایج این مطالعه ظرفیت بالای ترکیب یادگیری جمعی و افزایش داده مبتنی بر GAN را برای استفاده در سامانه‌های پشتیبان تصمیم‌گیری بالینی نشان می‌دهد. با این حال، به‌منظور افزایش اعتبار و تعمیم‌پذیری نتایج، پیشنهاد می‌شود در پژوهش‌های آتی از مجموعه‌داده‌های بزرگ‌تر و چندمرکزی استفاده شود، الگوریتم‌های GAN پیشرفته‌تر نظیر Conditional GAN مورد ارزیابی قرار گیرند، و رویکردهای چندوجهی مبتنی بر داده‌های آزمایشگاهی و تصویری مانند CT و MRI نیز بررسی شوند. همچنین، گسترش حجم داده‌های مصنوعی و مقایسه ترکیب‌های مختلف الگوریتم‌های یادگیری ماشین می‌تواند به شناسایی پیکربندی‌های بهینه‌تر برای تشخیص بیماری‌های کبدی کمک کند.

در مجموع، این پژوهش نشان داد که بهره‌گیری از داده‌های مصنوعی تولیدشده با GAN در کنار یادگیری جمعی می‌تواند عملکرد تشخیص زودهنگام بیماری کبد را به‌طور معناداری بهبود دهد و ظرفیت مناسبی برای توسعه‌ی ابزارهای هوشمند در انفورماتیک پزشکی فراهم آورد.

[DOI: 10.34172/jhbmi.2026.09]

تعارض منافع

نویسندگان مقاله تأیید می‌نمایند که در این مقاله تعارض منافع وجود ندارد.

حمایت مالی

این مقاله در قالب مقاله مستخرج از پایان‌نامه کارشناسی ارشد در دانشکده علوم و فناوری‌های نوین تهیه شده است و فاقد حمایت مـالی می‌باشد.

اعلام استفاده از هوش مصنوعی (AI)

در فرآیند آماده‌سازی مقاله از ابزار هوش مصنوعی Gemini Pro صرفاً به منظور بهبود نگارش، روان‌سازی بخش‌هایی از مقاله اسـتفاده شده است. خروجی این ابزار توسط گروه نویسندگان به دقت بررسی شده است. طراحی پژوهشی، کد نویسی، آموزش و مدل پیشنهادی و مراحل مربوط به نگارش و تفسیر نتایج توسط گروه نویسندگان صورت گرفته است.

کد اخلاق

این مطالعه دارای مجوز کد اخلاق دانشگاه علوم پزشکی کرمان با کد IR.KMU.REC.1405.139 می‌باشد.

سهم مشارکت نویسندگان

تمامی نویسندگان در بخش‌های مختلف مقاله مشارکت داشته‌اند و از سهم مساوری برخوردار می‌باشند.

References

[1]. Md AQ, Kulkarni S, Joshua CJ, Vaichole T, Mohan S, Iwendi C. Enhanced preprocessing approach using ensemble machine learning algorithms for detecting liver disease. Biomedicines 2023;11(2):581. https://doi.org/10.3390/biomedicines11020581

[2]. Anuradha C, Swapna D, Thati B, Sree VN, Praveen SP. Diagnosing for liver disease prediction in patients using combined machine learning models. In2022 4th International Conference on Smart Systems and Inventive Technology (ICSSIT); 2022 Jan 20; IEEE; 2022. p. 889-96.

[3]. Dhiraj D, Patle G, Meshram E. Designing Disease Prediction Model Using Machine Learning Approach. International Conference on Computing Methodologies and Communication ; 2022 Jan 20-22; Tirunelveli, India: IEEE; 2019. doi: 10.1109/ICSSIT53264.2022.9716312

[4]. AlAmir M, AlGhamdi M. The role of generative adversarial network in medical image analysis: An in-depth survey. ACM Computing Surveys 2022;55(5):1-36.

[5]. Shorten C, Khoshgoftaar TM. A survey on image data augmentation for deep learning. Journal of big data. 2019;6(1):1-48.

[6]. Chlap P, Min H, Vandenberg N, Dowling J, Holloway L, Haworth A. A review of medical image data augmentation techniques for deep learning applications. Journal of Medical Imaging and Radiation Oncology 2021;65(5):545-63. https://doi.org/10.1111/1754-9485.13261

[7]. Abdollahi J, Nouri-Moghaddam B, Ghazanfari M. Deep Neural Network Based Ensemble learning Algorithms for the healthcare system (diagnosis of chronic diseases). arXiv preprint arXiv:2103.08182.

[8]. Ghorbani R, Ghousi R. Predictive data mining approaches in medical diagnosis: A review of some diseases prediction. International Journal of Data and Network Science 2019;3(2):47-70.

[9]. Alauthman M, Aldweesh A, Al-qerem A, Aburub F, Al-Smadi Y, Abaker AM, et al. Tabular data generation to improve classification of liver disease diagnosis. Appl Sci 2023;13(4):2678. https://doi.org/10.3390/app13042678

[10]. Mutlu EN, Devim A, Hameed AA, Jamil A. Deep learning for liver disease prediction. Inmediterranean conference on pattern recognition and artificial intelligence. Cham: Springer International Publishing; 2021. p. 95-107.

[11]. Nazari Nezhad S, Zahedi MH, Farahani E. Detecting diseases in medical prescriptions using data mining methods. BioData Mining 2022;15(1):29.

[DOI: 10.34172/jhbmi.2026.09]

[12]. Mahajan P, Uddin S, Hajati F, Moni MA. Ensemble learning for disease prediction: a review. Healthcare (Basel) 2023;11(12):1808. doi: 10.3390/healthcare11121808
[13]. Choudhary R, Gopalakrishnan T, Ruby D, Gayathri A, Murthy VS, Shekhar R. An efficient model for predicting liver disease using machine learning. Data analytics in bioinformatics: A Machine Learning Perspective 2021:443-57. **https://doi.org/10.1002/9781119785620.ch18**
[14]. Bhusnurmath RA, Betageri S. Deep Ensemble Stacked Technique for the Classification of Liver Disease Using Artificial Neural Networks at the Base Level and Random Forest at the Meta Level. International Journal of Computer Applications 2023;975:8887.
[15]. Rahman AS, Shamrat FJ, Tasnim Z, Roy J, Hossain SA. A comparative study on liver disease prediction using supervised machine learning algorithms. International Journal of Scientific & Technology Research 2019;8(11):419-22.
[16]. Assegie TA, Subhashni R, Kumar NK, Manivannan JP, Duraisamy P, Engidaye MF. Random forest and support vector machine based hybrid liver disease detection. Bulletin of Electrical Engineering and Informatics 2022;11(3):1650-6. doi: https://doi.org/10.11591/eei.v11i3.3787
[17]. Yousefpour H, Ghasemi J. Ensemble-based detection and Classification of liver diseases Caused by hepatitis C. Contributions of Science and Technology for Engineering 2024;1(1):32-42. doi: 10.22080/cste.2024.5012
[18]. Frid-Adar M, Klang E, Amitai M, Goldberger J, Greenspan H. Synthetic data augmentation using GAN for improved liver lesion classification. 15th International Symposium on Biomedical Imaging; 2018 Apr 4; IEEE; 2018. p. 289-93
[19]. Althnian A, AlSaeed D, Al-Baity H, Samha A, Dris AB, Alzakari N, et al. Impact of dataset size on classification performance: an empirical evaluation in the medical domain. Applied Sciences 2021;11(2):796.
[20]. Tahmasbi H, Besharati R, Alishahi M. A Model For Diagnosing Liver Diseases Using "Machine Learning" Techniques. Studies in Medical Sciences 2022;33(11):814-22. [In Persian] doi:10.52547/umj.33.11.814
[21]. Javadzadeh S, Shayanfar H, Soleimanian QF. A hybrid model based on ant lion optimization algorithm and K-Nearest neighbors Algorithm to Diagnose Liver Disease. Journal of Ilam University of Medical Sciences 2021; 28(5): 76-89. [In Persian]