

بیش بینی بیماری مولتیپل اسکلروزیس با استفاده از رویکردهای داده‌کاوی جنگل تصادفی و ماشین بردار پشتیبان بر اساس الگوریتم ژنتیک

چکیده

دریافت: ۱۳۹۷/۰۷/۲۹ ویرایش: ۱۳۹۷/۰۸/۰۶ پذیرش: ۱۳۹۷/۰۱/۲۰ آنلاین: ۱۳۹۸/۰۱/۳۰

امیرحسین هاشمیان^{۱،۲}، سارا منوچهری^{۳*}
داریوش افشاری^۴، زهره منوچهری^۵
نادر سالاری^۶، سوده شهسواری^۷

۱- مرکز تحقیقات عوامل محیطی مؤثر بر سلامت، دانشگاه علوم پزشکی کرمانشاه، کرمانشاه، ایران.
۲- گروه آمار زیستی، دانشکده بهداشت، دانشگاه علوم پزشکی کرمانشاه، کرمانشاه، ایران.
۳- گروه آمار زیستی، کمیته تحقیقات دانشجویی، دانشکده بهداشت، دانشگاه علوم پزشکی کرمانشاه، کرمانشاه، ایران.

۴- گروه نورولوژی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی کرمانشاه، کرمانشاه، ایران.
۵- گروه آمار زیستی، کمیته تحقیقات دانشجویی، دانشگاه علوم پزشکی همدان، همدان، ایران.
۶- گروه آمار زیستی، دانشکده بهداشت، دانشگاه علوم پزشکی کرمانشاه، کرمانشاه، ایران.
۷- گروه مدیریت اطلاعات سلامت، دانشکده پیراپزشکی، دانشگاه علوم پزشکی کرمانشاه، کرمانشاه، ایران.

* نویسنده مسئول: کرمانشاه، خیابان شهید باهنر، دانشگاه علوم پزشکی کرمانشاه، دانشکده بهداشت، کمیته تحقیقات دانشجویی.

تلفن: ۰۸۳-۳۸۳۹۸۰۶۹

E-mail: saramanochehri0098@gmail.com

زمینه و هدف: مولتیپل اسکلروزیس (MS) یک بیماری التهابی تخریب‌کننده است که روش مهم تشخیص آن استفاده از دستگاه Magnetic resonance imaging (MRI) است، اما از آنجاکه MRI از یک میدان مغناطیسی بسیار پر قدرت استفاده می‌کند، در صورت وجود اجسام فلزی در بدن بیماران باعث ایجاد اختلال در وضعیت سلامت بیمار، کارکرد دستگاه و نیز انحراف و تاری در تصاویر می‌شود. با توجه به چنین محدودیتی در استفاده از دستگاه MRI نیاز به روش کمک غربالگری احساس می‌شود. بنابراین این مطالعه با هدف مقایسه دو مدل ماشین‌بردار پشتیبان (Support vector machine, SVM) و جنگل تصادفی (Random forest, RF) انجام شد.

روش بررسی: پژوهش کنونی تحلیلی و از نوع مدل‌سازی بود که از اردیبهشت ۱۳۹۶ تا شهریور ۱۳۹۷ در دانشکده بهداشت دانشگاه علوم پزشکی کرمانشاه انجام شد. روش پیشنهادی پژوهش بر روی مجموعه داده‌های بیماری MS که مشخصات آن‌ها در سیستم ثبت سلامت دانشگاه علوم پزشکی کرمانشاه ثبت گردیده، پیاده‌سازی شد. تعداد افراد مورد مطالعه ۳۱۷ نفر بودند (۱۸۸ نفر مبتلا به بیماری MS و ۱۲۸ نفر فاقد آن). به منظور برآزش مدل SVM، از تابع کرنل شعاع مبنا (Radial basis function, RBF) که پارامترهای آن با الگوریتم ژنتیک (Genetic algorithm, GA) بهینه‌سازی شده‌اند، استفاده شد. سپس مدل SVM با استفاده از معیارهای صحت، حساسیت و ویژگی با مدل RF مقایسه گردید. **یافته‌ها:** بر اساس نتایج، صحت، حساسیت و ویژگی مدل SVM به ترتیب ۰/۷۹، ۰/۸۰، ۰/۷۸ و برای مدل RF به ترتیب ۰/۷۶، ۰/۸۱، ۰/۷۰ به دست آمد.

نتیجه‌گیری: دو مدل عملکرد مناسبی داشتند، اما با توجه به صحت به‌عنوان یک معیار مهم برای مقایسه عملکرد مدل‌ها در این حوزه، می‌توان گفت مدل SVM کارایی بهتری نسبت به RF در تشخیص بیماری MS داشت.

کلمات کلیدی: الگوریتم ژنتیک، مولتیپل اسکلروزیس، جنگل تصادفی، ماشین‌بردار پشتیبان.

مقدمه

چربی (غلاف میلین) در انتقال سیگنال‌های الکتریکی به نورون‌ها کمک می‌کند. MS شایع‌ترین بیماری دمی‌لینه‌کننده سیستم عصبی مرکزی و سومین علت اصلی ناتوانی پس از بیماری‌های تروما و روماتیسم است. این بیماری در زنان شایع‌تر از مردان است و به‌طور عمده افراد بین سنین ۴۰-۲۰ سال را تحت تأثیر قرار می‌دهد.^۱ در سال ۲۰۱۳ تعداد بیماران مبتلا به MS ۲/۳ میلیون نفر در سراسر جهان گزارش شده که نسبت به پنج سال پیش از آن ۰/۲ میلیون نفر افزایش یافته است، که از

مولتیپل اسکلروزیس (Multiple sclerosis, MS) یک بیماری التهابی تخریب‌کننده است که با آسیب رساندن به پوشش عایق سلول‌های عصبی، دارای اثرات مخرب روی مغز و نخاع انسان است. در بیماری MS سلول‌هایی که مسئولیت ایجاد و حفظ لایه چربی موسوم به غلاف میلین در مغز را بر عهده دارند از بین می‌رود. لایه

آموزش ماشین صورت گیرد.

روش بررسی

پژوهش کنونی تحلیلی و از نوع مدل‌سازی می‌باشد که از اردیبهشت ۱۳۹۶ تا شهریور ۱۳۹۷ در دانشکده بهداشت دانشگاه علوم پزشکی کرمانشاه انجام شد. تعداد کل افراد مورد مطالعه ۳۱۷ نفر بودند (۱۸۸ نفر (۵۹/۵٪) مبتلا به بیماری MS و ۱۲۸ نفر (۴۰/۵٪) فاقد آن) که مشخصات مربوط به آن‌ها در سیستم ثبت بیماری مولتیپل اسکلروزیس (MS registry) دانشگاه علوم پزشکی کرمانشاه ثبت گردیده بود. در مسایل مربوط به مدل‌سازی حجم نمونه مورد نیاز در محدوده $5M < n < 15M$ قرار می‌گیرد که در آن M تعداد متغیرهای مورد بررسی و n حجم نمونه می‌باشد.^۸ از آنجاکه تعداد متغیرهای مورد مطالعه در این پژوهش، ۲۹ متغیر می‌باشد، بنابراین برای پژوهش کنونی بین ۱۴۵ تا ۴۳۵ نمونه لازم است.

از مدل‌های پیش‌بینی به‌منظور بررسی کیفیت مدیریت مراقبت‌های بهداشتی به‌طور گسترده‌ای استفاده می‌شود. همچنین این مدل‌ها توسط مسئولان به‌منظور تصمیم‌گیری‌های بالینی به‌کار برده می‌شود.^۹ طبقه‌بندی دو حالت (باینری)، ساده‌ترین نوع یک مسئله پیش‌بینی است^{۱۰} که در میان مجموعه‌ای از اعضا برای پیدا کردن ویژگی‌های مشترک و ایجاد تمایز بین آن‌ها به جستجو می‌پردازد.^{۱۱} تشخیص بیماری MS یک مسئله طبقه‌بندی دوحالتی است، یعنی تلاش در جهت پیدا کردن یک طبقه‌بندی‌کننده بهینه برای متمایز کردن افراد دارای MS از افراد فاقد این بیماری. مسئله طبقه‌بندی یک وظیفه اصلی در داده‌کاوی می‌باشد.^{۱۲} روش‌های طبقه‌بندی مختلفی در حوزه داده‌کاوی و یادگیری ماشین مانند شبکه‌های عصبی، درختان تصمیم‌گیری، بیز ساده، نزدیک‌ترین همسایگی، RF و SVM وجود دارند که به‌منظور طبقه‌بندی داده‌ها مورد استفاده قرار می‌گیرند. SVM یکی از این روش‌ها است که با توجه به این‌که در سال‌های اخیر توانایی‌های بهتر و عملکرد بالایی در تشخیص انواع بیماری‌ها از خود نشان داده، مورد توجه قرار گرفته است.^{۱۳} SVM برای اولین بار به‌منظور الگوی شناسایی توسط Vapnik در سال ۱۹۸۲ ارائه شد. سپس توسط Lei برای شناسایی مکان بهینه برای حفاری زمین‌های نفت و گاز در چین، مورد استفاده قرار گرفت. این روش همچنین ابزار محاسباتی قدرتمندی برای الگوی طبقه‌بندی و رگرسیون می‌باشد.^{۱۴} هدف SVM پیدا

این تعداد کمابیش ۴۰۰,۰۰۰ نفر مربوط به ایالت متحده امریکا بوده است.^۲ ایران از نظر شیوع بیماری MS، جزو کشورهای با میزان شیوع متوسط به بالا طبقه‌بندی می‌شود که شیوع این بیماری در کشور ایران ۵۴/۵۱ و بروز آن ۵/۸۷ در هر صد هزار نفر برآورد شده است.^۳ میزان شیوع بیماری در استان کرمانشاه ۴۳/۳ در هر ۱۰۰,۰۰۰ نفر گزارش شده است که برای زنان ۶۵/۶ نفر و در مردان ۲۱/۹ در هر ۱۰۰,۰۰۰ نفر می‌باشد.^۴ علت اصلی بیماری MS به‌طور کامل قابل درک نیست اما این بیماری در افراد مستعد ژنتیکی که در معرض عوامل محیطی و در عین حال تعریف‌نشده قرار گیرند گسترش پیدا می‌کند.^۵ پزشکان به‌منظور تشخیص بیماری MS از روش‌های مختلفی استفاده می‌کنند از جمله معاینه عصب، معاینه چشم، کشیدن مایع مغزی-نخاعی و استفاده از دستگاه Magnetic resonance imaging (MRI). با وجود آزمون‌های تشخیصی اشاره‌شده، مهم‌ترین روش برای تشخیص بیماری MS استفاده از دستگاه MRI می‌باشد.^۶ اما از آنجاکه دستگاه MRI از یک میدان مغناطیسی بسیار پر قدرت استفاده می‌کند، در صورت وجود اجسام فلزی در بدن بیماران باعث ایجاد اختلال در وضعیت سلامت بیمار، کارکرد دستگاه و نیز انحراف در تصاویر می‌شود. برخی از این اجسام عبارتند از پیمیکر یا ضربان‌ساز مصنوعی قلب، دفیبریلاتور یا دستگاه تنظیم‌کننده ضربان قلب، پروتزهایی که در ناحیه سر و گردن قرار دارند، پیچ و پلاک یا دیگر اجسام فلزی که برای درمان شکستگی استخوان به‌کار می‌روند، وسایل تزریق خودکار دارو مانند تزریق‌کننده خودکار انسولین، اجسام فلزی خارجی که پیش‌تر در بدن وارد شده‌اند به‌ویژه در چشم، تیر یا ترکش در بدن، تاتو، برخی از انواع آی‌یودی، پیچ‌های دارویی حاوی فلز.^۷ با توجه به محدودیت بیان‌شده در استفاده از دستگاه MRI هدف از انجام این مطالعه مقایسه کارایی ۲ مدل ماشین‌بردار پشتیبان (Support vector machine, SVM) و جنگل تصادفی (Random forest, RF)، به‌منظور دستیابی به مدلی با پیچیدگی کمتر و عملکرد تشخیصی مناسب جهت تشخیص بیماران مبتلا به MS می‌باشد. در واقع مدل پیشنهادی می‌تواند به‌عنوان روش کمک‌غریبالگری دستگاه MRI، در شرایط حساس مدرسان پزشکان قرار گیرد. لازم به یادآوری است که برخلاف مطالعاتی که تاکنون در این زمینه انجام شده و از تصاویر MRI به‌عنوان ورودی ماشین استفاده شده است، در این مطالعه سعی شد که بدون استفاده از تصاویر MRI و بر اساس متغیرهایی که به‌عنوان عوامل خطر بیماری MS شناخته شده است،

متعلق به خانواده‌ی روش‌های یادگیری گروهی است که شامل گروهی از درختان طبقه‌بندی و رگرسیون می‌باشد. RF متشکل از n درخت $\{T_1(X), T_2(X), \dots, T_n(X)\}$ است که $X = \{x_1, x_2, \dots, x_M\}$ یک بردار M بعدی از متغیرها می‌باشد. مجموعه n درخت، تعداد n خروجی به صورت $\{\hat{y}_1 = T_1(X), \hat{y}_2 = T_2(X), \dots, \hat{y}_n = T_n(X)\}$ تولید می‌کند که $\hat{y}_b, b=1, 2, \dots, n$ مشخص‌کننده کلاس مربوط به هر فرد می‌باشد.

الگوریتم ساخت جنگل به صورت زیر انجام می‌شود:

- ۱- پس از تقسیم کل حجم نمونه به دو گروه آموزش (کمابیش ۷۰٪/مجموعه داده‌ها) و آزمون (کمابیش ۳۰٪/مجموعه داده‌ها).
- ۲- از مجموعه داده‌های آموزش به حجم N یک نمونه بوت استرپ به حجم n انتخاب می‌کنیم (به صورت تصادفی و با جایگذاری).
- ۳- تعداد m متغیر به تصادف از بین M متغیر توضیحی انتخاب می‌گردد ($m < M$). به طور معمول تعداد متغیرها با $mtry$ نشان داده می‌شود که باید توسط کاربر انتخاب گردد. پیشنهاد شده است که در مدل رگرسیونی $m = \frac{M}{3}$ و در مدل رده‌بندی $m = \lfloor \sqrt{M} \rfloor$ انتخاب شود.
- ۴- برای هر نمونه بوت استرپ انتخاب شده یک درخت به گونه‌ای ساخته می‌شود که در هر گره، بهترین متغیر انتخاب شود. درخت تا زمانی رشد می‌کند که به بیش‌ترین اندازه خود برسد و اشباع بیشتر امکان‌پذیر نباشد. به عبارتی قابل هرس کردن نباشد. گام‌های ۱ تا ۴ را تا زمانی که n (ntree) درخت رشد کند ادامه می‌دهیم. انتخاب رایج برای ntree، ۵۰۰ درخت می‌باشد. از آنجا که بوت استرپ، نمونه‌گیری با جایگذاری از داده‌های آموزش می‌باشد، برخی از نمونه‌ها در فرآیند نمونه‌گیری مورد استفاده قرار نمی‌گیرند، نمونه‌های کنار گذاشته شده، نمونه‌های خارج از کیسه (Out of bag, OOB)، نامیده می‌شوند، که از آن‌ها به منظور برآورد خطا و برآورد متغیر بااهمیت استفاده می‌گردد. در این روش، مقدار بهینه برای دو پارامتر، تعداد درخت و تعداد متغیرهایی که در ساخت درخت به کار می‌روند، مورد بررسی قرار می‌گیرد. به عبارت دیگر، کمینه کردن خطا در هر درخت معادل با مقدار بهینه برای ntree و mtry است. به طور معمول تعداد درخت‌های مورد نیاز برای نیل به نارایی، ۵۰۰ درخت توصیه شده است. از طرفی به صورت پیش‌فرض تعداد متغیرهایی (mtry) که در هر گره وارد الگوریتم درخت تصمیم می‌شود، بزرگ‌ترین عدد صحیح نزدیک به ریشه دوم تعداد کل متغیرها است. طی ساخت درخت‌های RF برای تعیین اینکه گره بر اساس کدام متغیر

کردن بهترین تابع برای طبقه‌بندی است، به گونه‌ای که بتوان اعضای دو کلاس را در مجموعه داده‌ها از هم تشخیص داد.^{۱۹} با فرض این‌که کلاس‌ها به صورت خطی جداپذیر باشند، ابر صفحه‌ای با بیشینه‌ی حاشیه ایجاد می‌شود که کلاس‌ها را تفکیک کند، اما در مسایلی که مجموعه داده‌های ورودی به صورت خطی تفکیک‌پذیر نباشند، داده‌ها با استفاده از تابع کرنل (Kernel function) به فضای ویژگی با بُعد بالا نگاشت پیدا می‌کنند تا بتوان آن‌ها را در این فضای جدید به صورت خطی جدا نمود.^{۱۶، ۱۷} متداول‌ترین توابع کرنل مورد استفاده در SVM عبارتند از تابع کرنل خطی، چندجمله‌ای، شعاع مبنا (Radial basis function, RBF)، سیگموئید و غیره. در این مطالعه تابع کرنل RBF به کار گرفته شده است، زیرا دارای قدرت تعمیم‌پذیری بالاتر با پیچیدگی کمتر نسبت به تابع کرنل چندجمله‌ای می‌باشد.^{۱۸} هنگام به کارگیری هر یک از این توابع کرنل در مدل SVM، لازم است به منظور افزایش عملکرد در طبقه‌بندی اشیاء پارامترهای آن‌ها را به درستی تنظیم کنیم. الگوریتم‌های بهینه‌سازی متعدد از جمله روش جستجوی شبکه، الگوریتم بهینه‌سازی ذرات و الگوریتم ژنتیک (Genetic algorithm, GA)، در این زمینه پیشنهاد شده‌اند.^{۱۹} در پژوهش کنونی از GA به عنوان روش بهینه‌سازی استفاده شد.

GA توسط Holland در سال ۱۹۷۵ معرفی شد. GA روش جستجوی تصادفی در هوش مصنوعی می‌باشد که به منظور بهینه‌سازی جهت توابع تعریف شده روی دامنه محدود، معرفی شده است. GA بر اساس نظریه تکامل با انتخاب طبیعی است. این روش از فرآیندهای بیولوژیک وراثتی مانند جهش، انتخاب طبیعی و مقاطع ژنتیکی الهام گرفته شده است.^{۲۰} GA از تعدادی راه‌حل ممکن، به نام جمعیت، به طور هم‌زمان برای حل یک مشکل استفاده می‌کند. هر عضو این جمعیت، رشته‌های کروموزوم نامیده می‌شود. سه مفهوم مهم در GA عبارتند از جمعیت اولیه، تابع هدف و عملگرها. در GA ابتدا چندین راه‌حل ممکن که به عنوان کروموزوم کدگذاری شده‌اند، به صورت تصادفی از میان جمعیت اولیه انتخاب شده و توسط تابع هدف ارزیابی می‌شوند. پس از آن، این کروموزوم‌ها برای تولید نسل بعدی توسط عملگر انتخاب، جهش و متقارن استفاده می‌شود. این روند از یک نسل به دیگری ادامه می‌یابد تا الگوریتم متوقف شود.^{۲۱}

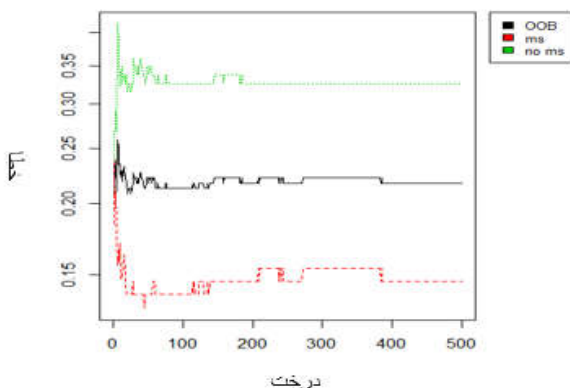
مدل بعدی مورد استفاده در این مطالعه الگوریتم جنگل تصادفی است که روشی مبتنی بر یادگیری ماشین می‌باشد و نخستین بار در سال ۲۰۰۱ توسط Breiman معرفی شد. RF یک روش ناپارامتری و

می‌کند زیرا همان‌طور که مشاهده می‌شود از حدود ۴۰۰ درخت به بعد خطاهای OOB مقداری ثابت را نشان می‌دهد. پس از انتخاب بهینه پارامترها، ادامه تحلیل‌های مدل RF با استفاده از $n_{tree}=500$ و $m_{try}=5$ انجام شد.

یکی از ویژگی‌های جنگل تصادفی، انتخاب متغیرهای مهم بر اساس شاخص اهمیت جینی می‌باشد. همان‌طور که در نمودار ۲ دیده می‌شود، با به‌کارگیری شاخص کاهش میانگین جینی، در روش RF، سن با بیشترین کاهش میانگین در ناخالصی گره (و نه کاهش میانگین در صحت) به‌عنوان مهم‌ترین متغیر (۲۲/۳۰)، پس از آن متغیرهای استرس (۲۱/۹۰)، سرگیجه (۱۷/۱۰)، خستگی (۱۶/۲۰) و جنسیت (۸/۶۰) به‌عنوان دیگر متغیرهای اثرگذار مرتب شده‌اند.

جدول ۱: نتایج مربوط به انتخاب بهینه پارامترهای مدل جنگل تصادفی بر اساس مقدار خطای خارج از کیسه

خطای خارج از کیسه		تعداد درخت
تعداد متغیرها= ۵	تعداد متغیرها= ۶	
٪۲۲/۲	٪۲۷	۱۰۰
٪۲۲/۶	٪۲۷	۲۰۰
٪۲۲/۵	٪۲۸	۳۰۰
٪۲۲/۵	٪۲۶	۴۰۰
٪۲۲/۲	٪۲۶	۵۰۰



نمودار ۱: خطای OOB بر اساس تعداد درختان جنگل

افراز شود، از شاخص اهمیت جینی استفاده می‌شود. این مقیاس احتمال هم‌کلاس (هم‌طبقه) بودن دو آیتمی را بیان می‌کند که به‌طور تصادفی از جمعیت مشابه انتخاب می‌شوند.^{۲۲} متغیرهای مورد استفاده عبارت بودند از جنسیت، سن، سابقه MS در خانواده، سابقه تروما، بیماری التهابی روده، روماتیسم، بیماری عفونی، استرس، نور اپتیک، دوبینی، لرز، مونوپارزی، پاراپارزی، همی پارزی، اسپاسم، سندروم پا، رفلکس هوفمن، پارستزی، بی‌حسی، آتاکسی، لرزش، سرگیجه، افسردگی، اضطراب، اختلال حافظه، خستگی، تکرر ادرار، یبوست و بیماری MS (تمامی متغیرها غیر از سن و جنسیت به‌صورت دو‌حالتی (دارد، ندارد) در نظر گرفته شدند). تجزیه و تحلیل مربوط به روش RF با استفاده از R package random Forest (Liaw and Wiener, 2002) و تجزیه و تحلیل مربوط به روش SVM با استفاده از بسته نرم‌افزاری 'e1071' package (https://cran.r-project.org/web/packages/e1071/index.html) and caret R packages (https://cran.r-project.org/web/packages/caret/index.html) و ga مربوط به GA در محیط نرم‌افزار R 3.3.3 (R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria) انجام گردید.

یافته‌ها

در شروع فرآیند تحلیل، ابتدا فرایند انتخاب ۷۰٪ داده‌ها به‌عنوان مجموعه آموزش و ۳۰٪ به‌عنوان مجموعه آزمون انجام شد. به‌منظور انتخاب بهینه پارامترهای مربوط به RF (m_{try} و n_{tree})، الگوریتم با تعداد متغیرها (ویژگی) و تعداد درختان مختلف اجرا و ترکیبی انتخاب شد که نسبت به سایر حالت‌ها دارای OOB کمتری می‌باشد.

بر اساس نتایج جدول ۱ ستون OOB، $m_{try}=5$ برای $n_{tree}=100$ و $n_{tree}=500$ کاندید پارامترهای بهینه هستند زیرا این دو ترکیب دارای کمترین مقدار خطا می‌باشند، اما از آنجاکه Breiman در مقاله خود در سال ۲۰۰۱ با استفاده از قانون اعداد بزرگ ثابت کرده است که در تعداد دفعات زیاد اجرای درخت، یعنی جنگل تصادفی با تعداد درخت‌های زیاد، برآورد خطا به‌طور چشمگیری کاهش پیدا خواهد کرد بنابراین $n_{tree}=500$ انتخاب شد.

نمودار ۱ نیز بیانگر این مطلب می‌باشد که افزایش تعداد درخت‌ها، خطاهای OOB را کاهش داده است. با مشاهده نمودار می‌بینیم که اجرای ۵۰۰ درخت در جنگل تصادفی برای داده‌ها کفایت

الگوریتم ژنتیک بهینه‌سازی شدند پس از برقراری شرط توقف الگوریتم ژنتیک، پارامترهای به‌دست‌آمده را که عبارتند از $c=0.516/372$ و $\gamma=133/91$ به‌عنوان ورودی به SVM اعمال نمودیم و سپس معیارهای برازش برای این مدل به‌دست آمدند.

به‌منظور ارزیابی و مقایسه عملکرد دو مدل معرفی‌شده برای طبقه‌بندی افراد سالم از افراد بیمار، مدل‌ها بر روی داده‌های آزمون ($n=99$) اجرا شدند و نتایج در ماتریس اغتشاش (جدول ۲) گنجانده شد. با استفاده از نتایج این ماتریس، معیارهای ارزیابی عملکرد مدل‌ها شامل صحت، حساسیت و ویژگی محاسبه گردید (جدول ۳).

بحث

در عرصه‌های پزشکی، همواره ابزاری برای پیش‌بینی وضعیت افراد در ابتلا به بیماری‌ها بر اساس عوامل خطر هر بیماری لازم است تا بتوان امکان پیشگیری به‌موقع و شناخت هرچه بهتر عوامل خطر را فراهم کرد. از سویی در بیشتر بیماری‌ها، شاهد تعداد زیادی از عوامل خطر هستیم که افزون‌بر داشتن اثرات متقابل با یکدیگر، دارای اثرات غیرخطی نیز هستند.^{۳۳} به‌منظور شناسایی، تحلیل و بررسی این‌گونه اثرات و یافتن روابط غیرخطی میان آن‌ها، باید از ابزارهایی ویژه بهره برد. ابزاری که بتواند از انبوه داده‌های موجود الگوهای قابل‌توجه را



نمودار ۲: تعیین اهمیت متغیرها بر اساس میانگین کاهش جینی

در شروع فرآیند تحلیل SVM، ابتدا فرآیند انتخاب ۷۰٪ داده‌ها به‌عنوان مجموعه آموزش و ۳۰٪ به‌عنوان مجموعه آزمون انجام شد. دو پارامتر c و γ مربوط به مدل SVM با تابع کرنل RBF با استفاده از

جدول ۲: ماتریس اغتشاش توأم برای RF و SVM بر روی داده آزمون ($n=99$)

کلاس واقعی افراد		کلاس پیش‌بینی‌شده در مدل RF		کلاس پیش‌بینی‌شده در مدل SVM	
مثبت	منفی	مثبت	منفی	مثبت	منفی
۴۵	۱۰	۴۵	۱۰	۴۵	۱۱
۱۳	۳۱	۱۳	۳۱	۸	۲۹

جدول ۳: نتایج حاصل از ارزیابی دو مدل طبقه‌بندی‌کننده RF و SVM

مدل	صحت	حساسیت	ویژگی	ارزش اخباری مثبت	ارزش اخباری منفی
RF	۰/۷۶	۰/۸۱	۰/۷۰	۰/۷۷	۰/۷۵
SVM	۰/۷۹	۰/۸۰	۰/۷۸	۰/۸۴	۰/۷۲

که به منظور تشخیص اختلالات مفصل زانو به کمک روش‌های داده‌کاوی RF و SVM انجام شد، نتایج بیانگر برتری روش SVM بود. همچنین SVM دارای صحتی برابر با ۰/۹۸ و RF دارای صحت ۰/۹۳ بود.^{۲۷} شاید بتوان مناسب بودن صحت حاصل از این مطالعه را به خوش تعریف بودن داده‌ها نسبت داد. با وجود اینکه مدل SVM در بیشتر مطالعات و از جمله در مطالعه کنونی دارای توان تشخیصی بیشتری نسبت به RF بوده است، اما مواردی وجود دارد که در آن RF نه تنها دقت کمی نداشته بلکه به مدل SVM نیز ترجیح داده شده است، از جمله در مطالعه‌ای که توسط Shirwaikar به منظور پیش‌بینی آپنه در نوزادان انجام شد، عملکرد سه روش SVM، RF و درخت تصمیم مورد مقایسه قرار گرفت. نتایج بیانگر آن است که مدل جنگل تصادفی با صحت ۰/۸۸ نسبت به دو مدل دیگر کارایی بهتری داشته است.^{۲۸}

بر اساس نتایج حاصل از مطالعه کنونی می‌توان چنین نتیجه گرفت که SVM نسبت به RF عملکرد بهتری در تشخیص بیماری MS از خود به نمایش گذاشته است. همچنین برآیند بالینی مطالعه کنونی این است که به پزشکان متخصص این حوزه پیشنهاد می‌شود از مدل SVM به عنوان یک روش کمک غربالگری MRI در شرایط حساس جهت تشخیص افراد مبتلا به MS استفاده شود. از طرفی با توجه به مطالعات انجام شده در حوزه بالینی، مشخص شد شناسه‌های انتخاب شده با استفاده از روش RF شامل سن، استرس، سرگیجه، خستگی و جنسیت، جزو شناسه‌های تأثیرگذار در تشخیص بیماری MS می‌باشند. در پایان پیشنهاد می‌شود مدل SVM را بر روی حجم بیشتری از نمونه‌ها به منظور کسب صحت بیشتر اعمال نمود.

سپاسگزاری: این مقاله حاصل پایان‌نامه تحت عنوان "بررسی مقایسه‌ای میزان کارایی مدل‌های مبتنی بر ۲ روش داده‌کاوی جنگل‌های تصادفی و ماشین‌بردار پشتیبان در پیش‌بینی بیماری مولتیپل اسکلروزیس" در مقطع کارشناسی ارشد در سال ۱۳۹۷ و کد ۹۶۴۱۶ می‌باشد که با حمایت دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی کرمانشاه اجرا شده است.

کشف و از آن‌ها دانش استخراج کند. در بسیاری از علوم، از جمله علم پزشکی به دلیل ماهیت داده‌ها که مجموعه داده‌های با بعد بالا را شامل می‌شوند، اغلب امکان استفاده از روش‌های کلاسیک آماری در انجام تحلیل‌ها وجود ندارد. داده‌کاوی که همان علم اکتشاف دانش از داده است، به خوبی می‌تواند پاسخگوی این نیاز باشد. به وسیله داده‌کاوی، داده‌های موجود مورد تحلیل قرار می‌گیرند تا روندهای احتمالی، ارتباطات غیر محسوس و الگوهای مخفی از بین انبوه داده‌ها شناسایی شوند. داده‌کاوی از الگوریتم‌های مختلفی مانند روش جنگل تصادفی، درخت‌های تصمیم، ماشین‌های بردار پشتیبان، شبکه‌های عصبی مصنوعی و غیره بهره می‌گیرد.^{۲۹}

با در نظر گرفتن مزایای الگوریتم‌های داده‌کاوی، از جمله امکان وارد کردن تعداد بسیار زیادی متغیر به مدل، عدم نیاز به فرضیاتی مانند نرمال بودن و توانایی یافتن پارامترها حتی با وجود داده‌های گم شده، می‌توان این روش‌ها را ابزاری مناسب برای تحلیل داده‌هایی با حجم بالا در نظر گرفت.^{۳۰} در این پژوهش به بررسی و مقایسه معیارهای ارزیابی دو مدل جنگل تصادفی و ماشین بردار پشتیبان به منظور دستیابی به مدلی با پیچیدگی کم‌تر و عملکرد تشخیصی مناسب جهت تشخیص بیماران مبتلا به MS پرداخته شد. بر اساس نتایج حاصل از این مطالعه از بین دو مدل مورد بررسی، مدل SVM با در نظر گرفتن معیارهای صحت (۰/۷۹)، حساسیت (۰/۸۱) و ویژگی (۰/۷۸) نسبت به RF که دارای صحت (۰/۷۶)، حساسیت (۰/۸۰) و ویژگی (۰/۷۰) بود در پیش‌بینی بیماری MS (متغیر وابسته) توان تشخیصی بهتری داشته است که به برتری این مدل در برخی از مطالعات نیز اشاره شده است. از جمله در مطالعه‌ای که توسط Maroco و همکاران به منظور پیش‌بینی بیماری زوال عقل صورت گرفت، عملکرد روش‌های داده‌کاوی تحلیل ممیزی خطی، رگرسیون لجستیک، شبکه عصبی، درخت طبقه‌بندی، SVM و RF مورد مقایسه قرار گرفتند. در بین این روش‌ها مدل SVM دارای بهترین عملکرد با صحت ۰/۷۶ بود.^{۳۱} همچنین در مطالعه Nalband و همکارانش

References

1. Ion-Mărgineanu A, Kocevar G, Stamile C, Sima DM, Durand-Dubief F, Van Huffel S, et al. Machine learning approach for classifying multiple sclerosis courses by combining clinical data with lesion loads and magnetic resonance metabolic features. *Front Neurosci* 2017;11:398.
2. Browne P, Chandraratna D, Angood C, Tremlett H, Baker C, Taylor BV, et al. Atlas of Multiple Sclerosis 2013: A growing global problem with widespread inequity. *Neurology* 2014;83(11):1022-4.
3. Etemadifar M, Izadi S, Nikseresht A, Sharifian M, Sahraian MA, Nasr Z. Estimated prevalence and incidence of multiple sclerosis in Iran. *Eur Neurol* 2014;72(5-6):370-4.

4. Saman-Nezhad B, Rezaee T, Bostani A, Najafi F, Aghaei A. Epidemiological characteristics of patients with multiple sclerosis in Kermanshah, Iran in 2012. *J Mazandaran Univ Med Sci* 2013;23(104):97-101.
5. Beer A, Biberacher V, Schmidt P, Righart R, Buck D, Berthele A, et al. Tissue damage within normal appearing white matter in early multiple sclerosis: assessment by the ratio of T1- and T2-weighted MR image intensity. *J Neurol* 2016;263(8):1495-502.
6. Dempsey MF, Condon B, Hadley DM. MRI safety review. *Semin Ultrasound CT MR* 2002;23:392-401.
7. von Smekal A, Seelos KC, Küper CR, Reiser M. Patient monitoring and safety during MRI examinations. *Eur Radiol* 1995;5(3):302-5.
8. Hooman HA. Structural Equation Modeling Using LISREL Software. Tehran: SAMT Publication; 2005.
9. Stylianou N, Akbarov A, Kontopantelis E, Buchan I, Dunn KW. Mortality risk prediction in burn injury: Comparison of logistic regression with machine learning approaches. *Burns* 2015;41(5):925-34.
10. Ben-Hur A, Ong CS, Sonnenburg S, Schölkopf B, Rätsch G. Support vector machines and kernels for computational biology. *PLoS Comput Biol* 2008;4(10):e1000173.
11. Chen M-S, Han J, Yu PS. Data mining: an overview from a database perspective. Knowledge and data engineering. *IEEE Trans Knowl Data Eng* 1996;8(6):866-83.
12. Zheng B, Yoon SW, Lam SS. Breast cancer diagnosis based on feature extraction using a hybrid of K-means and support vector machine algorithms. *Expert Syst Appl* 2014;41(4):1476-82.
13. Tomar D, Agarwal S. A survey on data mining approaches for healthcare. *Int J Bio-Sci Bio-Technol* 2013;5(5):241-66.
14. Savu-Krohn C, Rantitsch G, Auer P, Melcher F, Graupner T. Geochemical fingerprinting of coltan ores by machine learning on uneven datasets. *Nat Resour Res* 2011;20(3):177-91.
15. Tamura H, Tanno K. Midpoint validation method for support vector machines with margin adjustment technique. *Int J Innov Comput Inf Control* 2009;5:4025-32.
16. Lin CF, Wang SD. Fuzzy support vector machines. *IEEE Trans Neural Netw* 2002;13(2):464-71.
17. Javed I, Ayyaz MN, Mehmood W. Efficient Training Data Reduction for SVM Based Handwritten Digits Recognition. International Conference on Electrical Engineering. Lahore: Pakistan; 2007.
18. Kapp MN, Sabourin R, Maupin P. A dynamic model selection strategy for support vector machine classifiers. *Appl Soft Comput* 2012;12(8):2550-65.
19. Hsu CW, Chang CC, Lin CJ. A Practical Guide to Support Vector Classification. Technical Report, Department of Computer Science and Information Engineering, University of National Taiwan: Taipei; 2003.
20. Michalewicz Z. Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs. 2nd ed. New York, NY: AI Series, Springer-Verlag; 1994.
21. Huang J, Hu X, Yang F. Support vector machine with genetic algorithm for machinery fault diagnosis of high voltage circuit breaker. *Measurement* 2011;44(6):1018-27.
22. Breiman L. Random forests. *Mach Learn* 2001;45(1):5-32.
23. Mazurowski MA, Habas PA, Zurada JM, Lo JY, Baker JA, Tourassi GD. Training neural network classifiers for medical decision making: the effects of imbalanced datasets on classification performance. *Neural Netw* 2008;21(2-3):427-36.
24. Guleria P, Sood M. Data mining in education: a review on the knowledge discovery perspective. *Int J Data Min Knowl Manag Process* 2014;4(5):47.
25. Basheer IA, Hajmeer M. Artificial neural networks: fundamentals, computing, design, and application. *J Microbiol Methods* 2000;43(1):3-31.
26. Maroco J, Silva D, Rodrigues A, Guerreiro M, Santana I, de Mendonça A. Data mining methods in the prediction of Dementia: A real-data comparison of the accuracy, sensitivity and specificity of linear discriminant analysis, logistic regression, neural networks, support vector machines, classification trees and random forests. *BMC Res Notes* 2011;4:299.
27. Nalband S, Sundar A, Prince AA, Agarwal A. Feature selection and classification methodology for the detection of knee-joint disorders. *Comput Methods Programs Biomed* 2016;127:94-104.
28. Shirwaikar RD, Acharya DU, Makkithaya K, Surulivelrajan M, Lewis LES. Machine learning techniques for neonatal apnea prediction. *J Artif Intell* 2016;9(1-3):33-8.

Prognosis of multiple sclerosis disease using data mining approaches random forest and support vector machine based on genetic algorithm

Amir Hossein Hashemian
Ph.D.^{1,2}

Sara Manochehri M.Sc.^{3*}

Daryoush Afshari M.D.⁴

Zohreh Manochehri Ph.D.⁵

Nader Salari Ph.D.⁶

Soodeh Shahsavari Ph.D.⁷

1- Research Center for Environmental Determinants of Health (RCEDH), Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran.

2- Department of Biostatistics, School of Health, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran.

3- Department of Biostatistics, Students Research Committee, School of Health, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran.

4- Department of Neurology, Faculty of Medicine, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran.

5- Department of Biostatistics, Student Research Committee, Hamadan University of Medical Sciences, Hamadan, Iran.

6- Department of Biostatistics, School of Health, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran.

7- Department of Health Information Management, School of Paramedical, Kermanshah University of Medical Sciences, Kermanshah, Iran.

* Corresponding author: Student Research Committee, School of Health, Kermanshah University of Medical Sciences, Shahid Bahonar St., Kermanshah, Iran.
Tel: +98 83 38398069
E-mail: saramanochehri0098@gmail.com

Abstract

Received: 21 Oct. 2018 Revised: 28 Oct. 2018 Accepted: 09 Apr. 2019 Available online: 19 Apr. 2019

Background: Multiple sclerosis (MS) is a degenerative inflammatory disease which is most commonly diagnosed by magnetic resonance imaging (MRI). But, since the MRI device uses of a magnetic field, if there are metal objects in the patient's body, it can disrupt the health of the patient, the functioning of the MRI, and distortion in the images. Due to limitations of using MRI device, screening seems necessary for those patients who have metal objects in their bodies. Therefore, this study is carried out to compare two models: support vector machine and random forest.

Methods: This analytical-modelling research was implemented on MS data collection, the specifications of which are recorded in health registry system in School of Public Health, Kermanshah University of Medical Sciences, Iran, from May 2017 to August 2018. For the purpose of this study, a total of 317 subjects were selected as a sample; 188 subjects were diagnosed with MS and 128 subjects showed no symptoms of MS. In order to fit the support vector machine (SVM) model, radial basis kernel function was used. The parameters of this machine were optimized with genetic algorithm. After this step, the support vector machine and random forest (RF) were compared with respect to three factors: accuracy, sensitivity, and specificity.

Results: Based upon the obtained results of study, accuracy, sensitivity, and specificity of SVM were 0.79, 0.80, and 0.78, respectively. In comparison, accuracy, sensitivity, and specificity of RF were found to be 0.76, 0.81, and 0.70, respectively.

Conclusion: In general, both models which were compared in current study showed desirable performance; however, in term of accuracy, as an important criteria for performance comparison in this area of research, it can be argued that support vector machine can do better than random forest in diagnosing multiple sclerosis.

Keywords: genetic algorithm, multiple sclerosis, random forest, support vector machine.