

تشخیص هوشمند بیماری کوید ۱۹ با استفاده از ترکیب ویژگی‌های عمیق و تحلیل مولفه اصلی

ایمان ذباح^۱، مربی، علی ماروسی^۲، استادیار، رضا ابراهیم پور^۳، استاد

۱- دانشکده کامپیوتر- دانشگاه آزاد اسلامی واحد تربت حیدریه - تربت حیدریه - ایران- imanzabbah@gmail.com

۲- دانشکده کامپیوتر- دانشگاه تربت حیدریه - تربت حیدریه - ایران- ali.marooosi@torbath.ac.ir

۳- دانشکده کامپیوتر- دانشگاه شهید رجایی - تهران- ایران- ebrahimpour@ipm.ir

چکیده: بیماری کوید ۱۹ به سرعت در حال گسترش است و در مدت کوتاهی منجر به مرگ میلیون‌ها انسان شده است. تشخیص زود هنگام این بیماری می‌تواند در تسریع فرایند درمان و جلوگیری از مرگ بیماران نقش بسزایی داشته باشد. استفاده از یادگیرهای عمیق یکی از متدهای هوشمند تشخیص بیماری کوید ۱۹ است. هدف از این پژوهش ارائه مدلی مبتنی بر ترکیب ویژگی‌های عمیق و انتخاب بهترین ویژگی‌ها به منظور تشخیص خودکار این بیماری می‌باشد. باوجود آنکه شبکه‌های عمیق می‌توانند ویژگی‌های تصویر را استخراج کنند، اما استفاده از چندین یادگیر به طور موازی منجر به کشف ویژگی‌های خاص توسط هر یادگیر خواهد شد. در این پژوهش از ۳ شبکه عمیق، به منظور استخراج ویژگی‌های تصاویر بیماری کوید ۱۹ استفاده شده و سپس کاهش ابعاد ویژگی‌های مستخرج، توسط الگوریتم تحلیل مولفه اصلی (PCA) صورت گرفته است. کلاس بندی توسط شبکه عصبی پرسپترون انجام شده است. پایگاه داده مورد مطالعه، تصاویر X-ray برگرفته از مرجع داده Github و شامل ۱۱۲۷ نمونه در ۳ کلاس نرمال، مبتلا به کوید ۱۹ و ذات الریه می‌باشد. به منظور اطمینان از دقت حاصله، در فرایند آموزش، از روش K-fold بهره گرفته شده است. پس از مدل سازی و ثبت نتایج، دقت تشخیص بیماری کوید ۱۹ در زمان استخراج ویژگی‌ها و استفاده مستقل از یادگیرها در بهترین حالت ۹۶/۱٪ و پس از ترکیب ویژگی‌های عمیق ۹۷/۷٪ حاصل گردید. استفاده از تکنیک‌های هوشمند مبتنی بر یادگیری ماشین می‌تواند منجر به تشخیص به موقع بیماری کوید ۱۹ شده و به تسریع فرایند درمان کمک کند.

واژه‌های کلیدی: کوید ۱۹، شبکه‌های عمیق، داده کاوی، یادگیری ماشین، ترکیب خبره‌ها.

Intelligent diagnosing COVID- 19 Disease Using a Combination of Deep Features and Analyzing Original Component

Iman Zabbah ,Lecturer ^a, Ali Marooosi ,Assistant Profesor^b, Reza Ebrahimpour, Profesor^c^a Faculty of Electrical and Computer, Islamic Azad University of Torbat-e-Heydaiyeh, Torbat-e-Heydaiyeh, Iran^b Faculty of Electrical and Computer, University of Torbat Heydarieh, Torbat Heydarieh, Iran^c Faculty of Electrical and Computer, Shahid Rajaei Teacher Training University, Lavizan, Tehran, Iran

Abstract : COVID- 19 disease is spreading worldwide and has killed millions of people in a short period of time. Early diagnosis of the disease can accelerate treatment process and prevent the death of patients. The deep learning approaches are used frequently for diagnosing COVID- 19 disease. This study presents a model based on best features extracted from different deep learning approaches. Although deep networks can extract the features of images, but using several learners in parallel will result in detecting the specific features by each learner. In this study, 3 deep convolution networks have been used to extract the features of COVID- 19 disease images. The dimensions of the extracted features have been reduced using the PCA algorithm. Furthermore, classification has conducted by the Perceptron neural network. The study dataset consisted of X-ray images adapted from Github data repository containing 1127 samples in 3 Normal, COVID- 19 and Pneumonia classes. The K-fold method was used to ensure the accuracy of the training process. The results show that the highest accuracy of learners was 96.1% when they are used independently. After combining deep features of learners the accuracy is 97.7%. The use of machine learning-based techniques can lead to the early diagnosis of COVID- 19 disease and contribute to treatment process. This study introduces a combination of deep learning approach to enhance detection accuracy of COVID- 19 disease.

Keywords: COVID-19, Deep learning, Datamining, mixture of Experts.

تاریخ ارسال مقاله: ۱۴۰۰/۸/۰۳ تاریخ اصلاح مقاله: ۱۴۰۱/۱۰/۱۶ تاریخ پذیرش مقاله: ۱۴۰۱/۰۲/۰۲ نام نویسنده مسئول: علی ماروسی

نشانی نویسنده مسئول: دانشکده کامپیوتر- دانشگاه تربت حیدریه - تربت حیدریه- ایران



۱- مقدمه

گسترش ویروس همه گیر کرونا معروف به کوید ۱۹ منجر به تغییرات بسیاری در دنیای امروز شده است. این ویروس اولین بار در دسامبر ۲۰۱۹ در وهان چین مشاهده گردید. ساختار جهش یافته کوید ۱۹ پیداکردن یک راه حل موثر برای درمان بیماری را مشکل کرده است و این مساله موجب مرگ و میر عده زیادی از افراد در کشورهای مختلف از جمله آمریکا، چین، ایتالیا، ایران و غیره شده است [۱].

تشخیص زود هنگام کوید ۱۹، نقش مهمی در کاهش مرگ و میر این بیماری دارد. آزمون (RT-PCR) Reverse Transcriptase- Polymerase Chain Reaction یکی از روش های تشخیص کوید ۱۹ است لیکن این فرایند زمانبر و پیچیده است، ضمن این که کیت های تشخیصی هنوز به صورت فراگیر در دسترس عموم نیست [۲]. علاوه بر آزمایش RT-PCR، تصویر برداری رادیولوژی (Chest Radiological Imaging) و تصاویر سی تی اسکن (Computed Treatment) یکی از مهمترین روشهای تشخیص بیماری کوید ۱۹ می باشند [۳]. اگرچه استفاده از تصاویر سی تی اسکن، دقیق تر است و می تواند عفونت های ریوی، ذات الریه و تومورها را تشخیص دهد و تصاویر واضح تری از بافتها و اندام ها تولید کند، ولیکن استفاده از تصاویر اشعه X سریع تر، آسان تر، در دسترس تر، ارزان تر و کم ضرر تر است. لذا تشخیص کوید ۱۹ از روی این تصاویر می تواند به سرعت عمل درمان به موقع این بیماری کمک کند [۴]. اخیرا استفاده از متدهای هوش مصنوعی با رویکرد یادگیری عمیق در حوزه های مختلف پزشکی مانند: تشخیص، طبقه بندی و بخش بندی مورد توجه محققین قرار گرفته و منجر به حصول نتایج ارزشمندی شده است [۵]. از آن جمله می توان به: تشخیص بیماری کرونا قلبی با استفاده از یادگیر عمیق [۶]، بخش بندی تومور و حجم آن در ریه ها و پستان [۷] تشخیص سرطان ریه [۸]، تشخیص ذات الریه [۹] و تشخیص گره های ریوی [۱۰] اشاره کرد. در بکارگیری یادگیرهای عمیق از روی تصاویر اشعه X دو روش به طراحی شبکه ای بنام Covid-net که عمل گسترش و فشرده سازی لایه ها را در یادگیر عمیق انجام می دهد اشاره کرد. پایه اصلی این شبکه پیش نهادی شبکه عمیق کانولوشنی است که نهایتا منجر به افزایش دقت تشخیص بیماری کوید ۱۹ گردیده است [۱۷].

وجود دارد: ۱- استفاده از مدل های از پیش آموزش داده شده (pretrained) ۲- مدل های قابل آموزش [۱۱].

به عنوان نمونه در یک مطالعه از یادگیر عمیق Resnet، برای تشخیص بیماری کوید ۱۹ از روی تصاویر اشعه X استفاده شده است. تعداد نمونه های این مطالعه ۱۰۷۸ نمونه تصویر اشعه X در دو کلاس مبتلابه کوید و سالم بوده اند. که در نهایت توانستند به مقادیر ۹۶٪، ۷۰٪ و ۹۵٪ به ترتیب برای حساسایت (sensitivity)، اختصاصیت (specificity) و دقت (Accuracy) دست یابند [۱۲].

استفاده از یک شبکه تو سعه یافته کانولوشنی در مطالعه دیگری بر روی تصاویر اشعه X که در دو کلاس نرمال و ذات الریه بوده است دقت ۹۲٫۶٪ حاصل شده است [۱۳]. در برخی از مطالعات نیز تعداد بیشتری از شبکه های عمیق به منظور تشخیص بیماری کوید ۱۹ مورد بررسی قرار گرفته است که از آن جمله می توان به بررسی ۳ شبکه InceptionResNetV2, ResNet50, InceptionV3، اشاره کرد. نتایج مطالعه نشان داده است که شبکه ResNet50 از دقت بالاتری نسبت به شبکه های دیگر برخوردار است. پایگاه داده مورد مطالعه نیز از نوع اشعه X بوده است [۱۴]. در پژوهشی دیگر پنج شبکه عمیق مختلف: Inception, MobileNetV2, VGG19, Xception, InceptionResNetV2 به منظور تشخیص بیماری کوید ۱۹ مورد بررسی قرار گرفته است. تعداد نمونه های پایگاه داد ۱۴۲۷ تصویر اشعه X بوده که این تعداد ۲۲۴ تصویر مربوط به مبتلایان به کوید ۱۹، ۷۰۰ تصویر ذات الریه و ۵۰۴ تصویر سالم بوده است [۱۵]. در مطالعه ای دیگر با بکارگیری مدل های VGG-16 و inceptionV3 به تشخیص بیماری ذات الریه پرداخته شده است. در این تحقیق مجموعه دیتاست به سه کلاس ذات الریه طبیعی (Partial Pneumonia)، ذات الریه ویروسی (Viral Pneumonia) و نرمال (Normal) تقسیم شده و کلاسیفایر مورد استفاده SVM بوده است [۱۶]. از دیگر تلاشها در این زمینه می توان

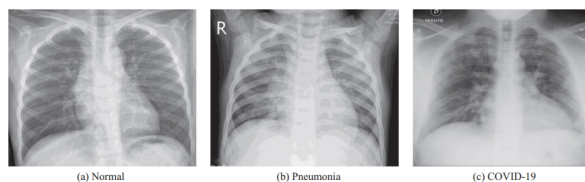
در تمامی متدهای یادگیری عمیق به منظور تشخیص بیماری کوید ۱۹ سه بخش عمده وجود دارد: استخراج ویژگی تصاویر، بیان معنایی از تصویر و کلاس بندی آن [۱۸]. با توجه به تعدد ویژگی های استخراج شده از تصویر، کاهش ابعاد، به عنوان یک راهکار در فضای ورودی مساله انجام می شود تا حجم محاسبات کاهش یابد. اما از

۲٪) شده است لیکن آنجایی که مساله جان انسان مطرح باشد بهبود نتیجه تشخیص حتی به اندازه ۱٪ نیز ارزشمند خواهد بود. در این مطالعه ابتدا پایگاه داده، مدل ها و روش کار در بخش ۲ معرفی و سپس در بخش ۳ روش پیشنهادی توضیح داده شده است. در بخش ۴ نتایج و در بخش ۵ بحث و نتیجه ذکر شده است.

۲- پایگاه داده، مواد و روشها

۲-۱- پایگاه داده

مجموعه داده گان مورد استفاده در این مطالعه از طریق مرجع Github قابل دسترس است [۲۰]. این پایگاه داده شامل تصاویر X-ray می باشد که از پایگاه داده های متن باز (Open Source) مختلف جمع آوری شده و در اختیار محققین قرار گرفته است. در این مجموعه داده ۱۲۷ تصویر اشعه X مربوط به افرادی است که مبتلا به بیماری کوید ۱۹ و ۵۰۰ تصویر مربوط به افراد سالم و ۵۰۰ تصویر مربوط به افرادی است که مبتلا به ذات الریه هستند. از این بین ۴۳ نفر زن و ۸۴ نفر مرد مبتلا به کرونا بوده اند و متوسط سن افراد ۵۵ سال می باشد. شکل ۱ نمونه هایی از تصاویر ۳ کلاس را نشان می دهد.



شکل ۱: نمونه ای از تصاویر اشعه x مفروض در پایگاه داده (a) نرمال، (b) ذات الریه و (c) کوید ۱۹

۲-۲- متد کلاس بندی

ابزار کلاس بندی دیگری می تواند مورد استفاده قرار گیرد. در این پژوهش پس از استخراج ویژگی ها، از شبکه عصبی پرسپترون دو لایه به منظور کلاس بندی استفاده شده است. در تمامی شبکه های عمیق این پژوهش از ۷۰٪ داده ها جهت آموزش و ۳۰٪ جهت آزمون و همچنین، به منظور افزایش دقت، از روش K-fold cross validation استفاده شده است.

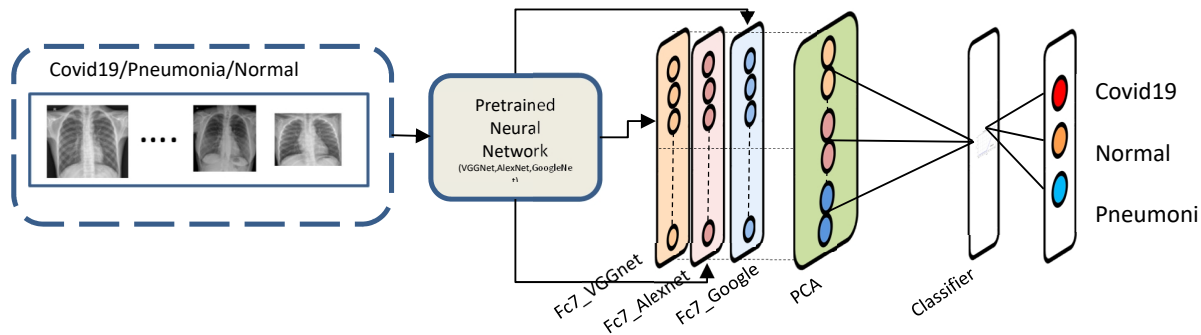
آنجایی که یکی از مهمترین چالشها در تشخیص بیماری کوید ۱۹ افزایش دقت یادگیرها است [۱۹] بجای استفاده از کاهش ابعاد در فضای ورودی می توان از کاهش ابعاد در فضای ویژگی استفاده نمود و بجای آن تعداد یادگیرها را افزایش داد.

در این پژوهش تلاش شده است تا با استفاده از ۳ شبکه عمیق کانولوشنی مختلف که طبق تحقیقات سایر پژوهشگران توانایی مناسبی در کلاس بندی بیماری کوید ۱۹ دارند، استخراج ویژگی از تصاویر اشعه X انجام شود، چرا که هر یک از شبکه ها با توجه به معماری منحصر به فرد خود، نوع خاصی از ویژگی های مساله را استخراج می کنند. بدین منظور از آخرین لایه fully contented این شبکه ها استخراج ویژگی انجام می شود. از آنجایی که ترکیب ویژگی های مستخرج از یادگیرهای مختلف جهت کلاس بندی بیماری منجر به افزایش ابعاد ویژگی ها می شود، لذا ابتدا به کمک روش PCA بهترین ویژگی ها انتخاب شده و سپس توسط کلاسی بند، عمل کلاس بندی انجام می شود. مدل ارایه شده در این پژوهش با استفاده از ترکیب شبکه های AlexNet, Vgg19, GoogleNet اقدام به ارائه فریم ورکی بنام ترکیب ویژگی های عمیق می کند تا بتواند عملکرد بهتری در تشخیص بیماری کوید ۱۹ داشته باشد. اگرچه الگوریتم ارائه شده منجر به بهبود کم قدرت تشخیص (حدود

به طور کلی با یک تعادل بین دقت (Accuracy) و قابلیت تعمیم (generalizability) در سیستم یادگیر وجود داشته باشد. در صورت وجود داده های اعتبار سنجی (Validation) در این سیستم یادگیر و گزینش صحیح ویژگی ها، کلاس بندی انجام می شود [۲۱]. مثلاً شبکه عصبی پرسپترون چند لایه (Malty Layer SVM (Support Vector Machine), Perceptron), بردار ماشین پشتیبان (Decision Tree) و یا هر

۳- روش پیشنهادی

این مطالعه در دو فاز، به ارائه یک مدل به منظور ترکیب ویژگی های عمیق می پردازد. در فاز اول، استخراج ویژگی ها توسط ۳ یادگیر عمیق AlexNet و Vgg19 و GoogleNet، از پیش آموزش داده شده انجام می شود. فاز دوم کشف بهترین ویژگی های مستخرج



شکل ۲: الگوریتم ارائه شده در یک نگاه

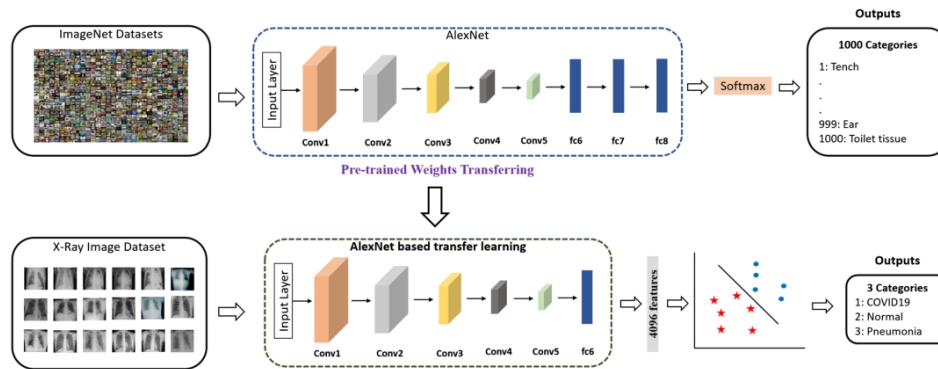
۳-۱- فاز اول : آموزش یادگیرها و استخراج ویژگی ها

آموزش یک شبکه عصبی کانولوشن به دلیل تعداد کم تصاویر خصوصا در حوزه پزشکی کاری دشوار و بعضا غیر ممکن است. چراکه در داده کاوی پزشکی معمولا با مشکل کمبود داده مواجه هستیم [۲۳]. به عنوان مثال برای آموزش یک شبکه عصبی کانولوشن مانند الکس نت به حدود ۶۰ میلیون تصویر نیازمندیم. علاوه بر این آموزش شبکه مستلزم استفاده از سیستم های سخت افزاری قوی می باشد. در مورد دیتاست مفروض کمبود نمونه های آموزشی کاملا محسوس است. به گونه ای که از نمونه های کوید ۱۹ فقط ۱۲۷ مورد و از نمونه های ذات الریه و سالم هریک ۵۰۰ تصویر موجود است. این مسئله سیستم یادگیر را به سمت کلاس اکثریت متمایل می کند. یکی از متدهای شناخته شده در برخورد با این مشکل استفاده از شبکه های باز تنظیم شده (finetuned) است که یادگیری انتقالی (Transfer Learning) نام دارد و در این پژوهش از آن استفاده شده است. بنابراین، علاوه بر صرفه جویی در وقت، مشکل کمبود نمونه داده های جدید نیز تا حدی مرتفع می شود. فرآیند یادگیری انتقالی شامل دو مرحله است.

همانطور که در شکل ۲ نشان داده شده است آخرین لایه شبکه عمیق کانولوشنی در معماری های مختلف شبکه های عمیق، یک لایه کاملا متصل است و مشابه شبکه عصبی معمولی اتصالات کاملی به خروجی لایه قبلی برقرار می کند. خروجی، برداری با N مولفه است. N تعداد کلاس هایی است که شبکه آن را طبقه بندی می کند. در تشخیص کوید ۱۹ با دیتاست مفروض، ۳ کلاس نرمال، ذات الریه و کوید ۱۹ وجود دارد. هدف از شبکه های کانولوشن تولید یک بردار خروجی با N مولفه است که هر عدد درصد احتمال تعلق به کلاس مورد نظر را نشان می دهد. بالاترین درصد بیانگر نتیجه نهایی است. هدف نهایی شبکه عمیق کاهش فاصله بین کلاس واقعی نمونه (Target) و کلاس مفروض بدست آمده (Output) است که از این رابطه به عنوان تابع هزینه (Cost Function) نام برده می شود [۲۲]. روش های متعددی برای بهینه سازی تابع هزینه وجود دارد مانند گرادینان نزولی، گرادینان نزولی دسته ای، گرادینان نزولی تصادفی و غیره. در این پژوهش از الگوریتم گرادینان نزولی تصادفی در شبکه های عمیق به منظور بهینه سازی تابع هزینه در تشخیص بیماری کوید ۱۹ استفاده شده است.

۳ نحوه است استفاده از تکنیک TL در این پژوهش را نشان می دهد.

ابتدا انتخاب یک مدل DL (Deep Learning) از قبل آموزش دیده شده و سپس باز تنظیم مدل طراحی شده بر اساس اندازه مجموعه دیتاست مفروض و ویژگی های آن. شکل



شکل ۳: استفاده از تکنیک لایه انتقال (Transfer Learning) به منظور انتقال وزن ها به شبکه عمیق

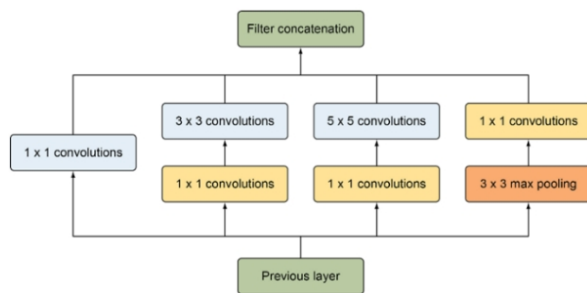
لایه تمام متصل (Fully connected) به لایه کلاسیفایر نهایی از سال می گردند. در لایه کانولوشن فیلترهای پنجره ای (Kernel) به ابعاد 11×11 بر روی تصویر اولیه اعمال می شود و ابعاد جدید $55 \times 55 \times 96$ شکل می گیرد. پس از اعمال لایه پولینگ با کرنل های 3×3 و لایه کانوالو با کرنل های 5×5 ، ابعاد $13 \times 13 \times 256$ بوجود می آید. این عملیات طبق جدول ۱ ادامه پیدا می کند. در انتها ویژگی های استخراج شده در لایه FC7 که شامل ۴۰۹۶ ویژگی است، برای تمامی نمونه ها استخراج می شود. جدول ۱ پارامتر های مورد استفاده در این پژوهش در شبکه الکس را نشان می دهد.

اولین شبکه عمیقی که در این پژوهش مورد استفاده قرار گرفته است الکس نت می باشد. این شبکه برتری خود را در کلاس بندی تصاویر در داده های ImageNet2 که شامل $1/2$ میلیون تصویر رنگی در ۱۰۰۰ کلاس مختلف است، به اثبات رسانده است [۲۴]. در این فاز، تصاویر x-ray به منظور استخراج ویژگی به شبکه عمیق الکس نت ازپیش آموزش داده شده، ارسال می شوند. سائز اولیه تصاویر پس از تغییر سائز در لایه اول به $227 \times 227 \times 3$ تبدیل می شود. در شبکه الکس نت ۵ لایه کانولوشن وجود دارد که هر یک توسط لایه پولینگ (Pooling) به لایه های بعدی متصل و در نهایت توسط ۲

جدول ۱: ساختار و پارامترهای شبکه AlexNet

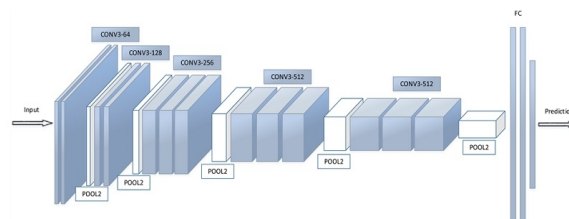
LAYER	STRIDE	FILTER SIZE	KERNEL
Convolution	۴	$55 \times 55 \times 96$	11×11
Max Pooling	۲	$27 \times 27 \times 96$	3×3
Convolution	۱	$27 \times 27 \times 256$	5×5
Max Pooling	۲	$13 \times 13 \times 256$	3×3
Convolution	۱	$13 \times 13 \times 384$	3×3
Convolution	۱	$13 \times 13 \times 384$	3×3
Convolution	۱	$13 \times 13 \times 256$	3×3
Max Pooling	۲	$6 \times 6 \times 256$	3×3
FC	-	۹۲۱۶	-
FC	-	۴۰۹۶	-
FC	-	۴۰۹۶	-
FC	-	۱۰۰۰	-

نام دارد و در سال ۲۰۱۵ توسط Szegedy و همکاران معرفی گردید. در این مدل کرنل هایی با ابعاد 1×1 و 3×3 و 5×5 بر روی ورودی اعمال می شوند. خروجی تمام این لایه ها با یکدیگر الحاق می شوند تا به عنوان ورودی لایه بعدی در نظر گرفته شود. در آخرین لایه شبکه ویژگی های تصاویر که شامل ۱۰۲۴ ویژگی است، استخراج می شود تا همراه با سایر ویژگی های مستخرج از شبکه های عمیق به فاز بعدی ارسال گردد.



شکل ۴: ماژول Inception در معماری گوگل نت

پشت سر هم قرار گرفته اند. سپس، یک لایه ماکس پولینگ 2×2 با گام پرش (Stride) به اندازه ۲ قرار گرفته است. لایه ماکس پولینگ علاوه بر نمونه برداری، وظیفه کاهش بعد ویژگی ها را هم دارد. در ادامه، دو لایه کانولوشنی دیگر با فیلتر 3×3 و یک لایه ماکس پولینگ 2×2 قرار گرفته اند. به طور مشابه، سه لایه کانولوشنی با فیلتر $256 \times 3 \times 3$ و یک لایه ماکس پولینگ 2×2 با گام پرش ۲ قرار دارند. ۳ لایه کانولوشنی با فیلتر $512 \times 3 \times 3$ و یک لایه ماکس پولینگ ادامه این شبکه است. در نهایت، لایه های FC یا تمام متصل (Fully Connected) در نظر گرفته شده است. که استخراج ویژگی های تصاویر اشعه X بیماری کوید از این لایه صورت گرفته است.



شکل ۵: معماری شبکه عمیق VGG16 مورد استفاده در این مطالعه

دومین شبکه مورد استفاده در این مطالعه که از خانواده شبکه های CNN است، شبکه گوگل نت می باشد. وجه تمایز این شبکه نسبت به سایر مدل ها استفاده از ماژول های Inception است. به طور کلی یک شبکه با ساختار گوگل نت دارای دو لایه کانولوشن و دو لایه پولینک و ۹ لایه Inception است و هر لایه Inception در درون خود ۶ لایه کانولوشن مجزا و یک لایه پولینگ دارد (۲۵). شکل ۴ بخشی از مدل گوگل نت را نشان می دهد که Inception-v3

جدول ۴: ساختار و پارامترهای شبکه GoogleNet

LAYER	STRIDE	FILTER SIZE	OUTPUT SIZE
Convolution1	۴	$3 \times 224 \times 224$	
Max Pooling1	۲	$64 \times 112 \times 112$	
Convolution2	۱	$64 \times 56 \times 56$	
Max Pooling2	۲	$192 \times 28 \times 28$	
Inception3a	۱	$192 \times 28 \times 28$	
Inception3b	۱	$256 \times 28 \times 28$	
Max Pooling3	۱	$48 \times 28 \times 28$	
Inception4a	۲	$48 \times 14 \times 14$	
Inception4b	-	$512 \times 14 \times 14$	
Inception4c	-	$512 \times 14 \times 14$	
Inception4d	-	$512 \times 14 \times 14$	
Inception4e	-	$528 \times 14 \times 14$	
Max Pooling4		$832 \times 14 \times 14$	
Inception5a		$832 \times 7 \times 7$	
Inception5b		$832 \times 7 \times 7$	
Max Pooling5		$1024 \times 7 \times 7$	
FC		$1024 \times 1 \times 1$	

سومین شبکه عمیق مورد استفاده در این پژوهش به منظور استخراج ویژگی های تصاویر بیماری کوید ۱۹ شبکه VGG Deep (Neural Network) یا به اختصار VGG است. این شبکه از نوع کانولوشنی است که توسط K. Simonyan و همکارش اولین بار در سال ۲۰۱۴ معرفی گردید [۲۵] و شامل دو معماری مختلف با عناوین VGG 16 و VGG 19 می باشد که در این مطالعه از شبکه VGG 16 استفاده شده است (شکل ۵). این شبکه شامل ۱۶ لایه کانولوشنی و دو لایه کانولوشنی با فیلتر $64 \times 3 \times 3$ است که

۳-۲- انتخاب بهترین ویژگی ها به روش PCA

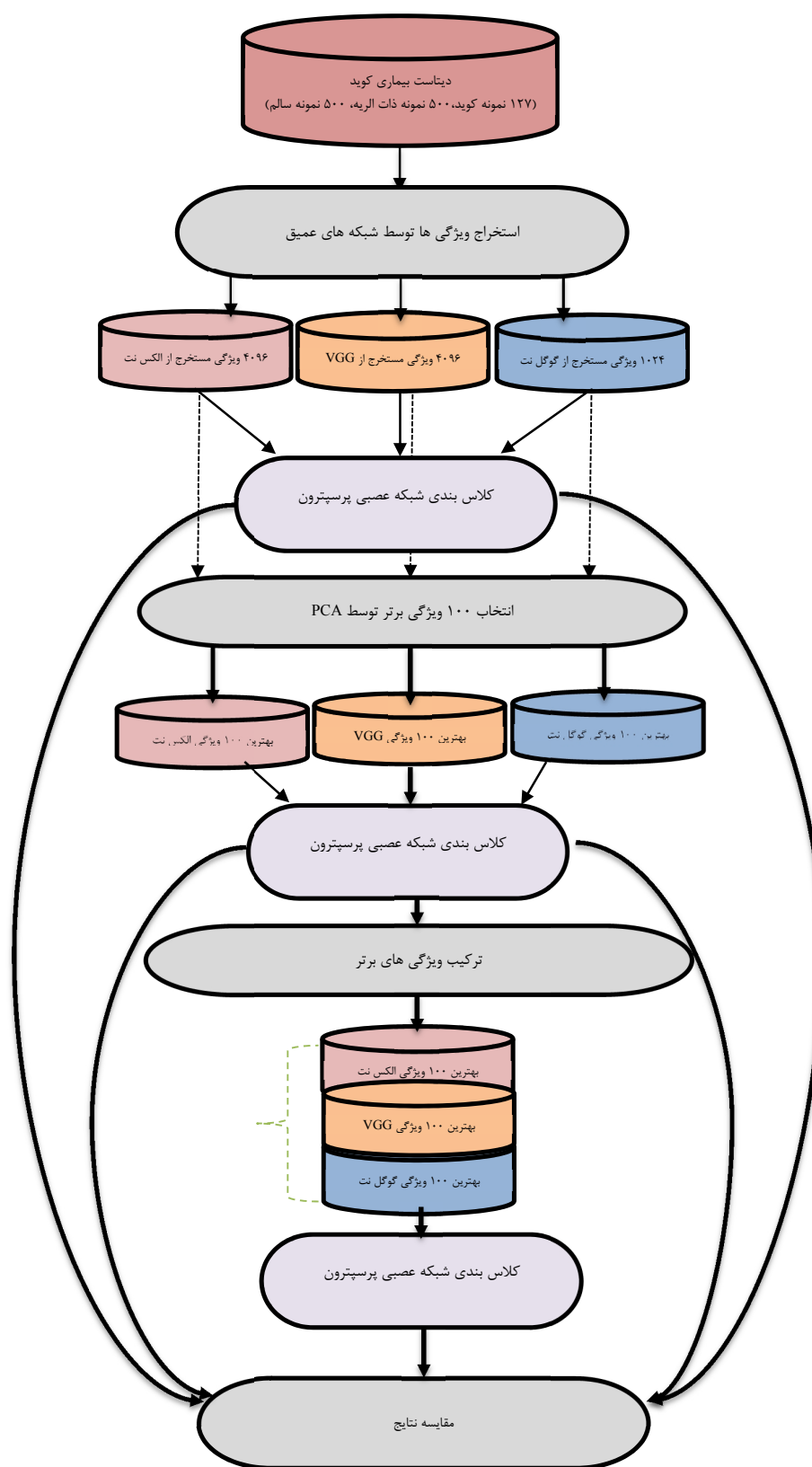
یک شبکه عصبی کانولوشن به دلیل قابلیت پردازش موازی، بسیار مقاوم است و به شرط تنظیم درست پارامترها، توانایی تشخیص بالایی دارد. اما هر شبکه عمیق با توجه به ساختار معماریش، توانایی استخراج ویژگی های خاصی از نمونه ورودی را دارد. ترکیب نظرات شبکه های عمیق یکی از روش های افزایش دقت طبقه بندی ها است [۲۸]. ایده ای که در این مطالعه به منظور افزایش دقت تشخیص کوید ۱۹ ارائه شده است، انتخاب بهترین ویژگی های مستخرج توسط ۳ یادگیر عمیق مرحله قبل می باشد. این مکانیزم را ترکیب ویژگی های عمیق می نامیم. تعداد ویژگی های مستخرج از شبکه عمیق الکس نت و گوگل نت و vgg16 به ترتیب عبارتست از ۴۰۹۶،

۱۰۲۴ و ۴۰۹۶. اما از آنجایی که تجمیع ویژگی های فوق منجر به افزایش ابعاد در مساله کلاس بندی می شود، لذا ابتدا توسط الگوریتم PCA (Principal Component Analysis) اقدام به انتخاب بهترین ویژگی ها و کاهش ابعاد شده است. به این ترتیب بیشترین واریانس موجود در فضای ویژگی ها مشخص می گردد. اطلاعات موجود در اولین مولفه اصلی حاوی بیشترین اطلاعات و به همین ترتیب دومین مولفه اصلی حاوی اطلاعات کمتر و به همین ترتیب است. در این پژوهش ۱۰۰ مولفه اول که توسط PCA انتخاب شده اند از هر یک از یادگیرها استخراج شده است. سپس طبق شکل ۶ عملیات کلاس بندی انجام شده است. پارامترهای آموزش در هر شبکه در جدول ۳ نشان داده شده است.

جدول ۳: ساختار و پارامترهای شبکه GoogleNet

LEARNING PARAMETERS	Google Net	Alex Net	VGG Net
Learning rate	3e-4	3e-4	3e-4
Batch size	۱۰	۱۰	۱۰
optimizer	NG*	NG*	SGD**
Loss Function	C	C	C
Epochs per each Training Phase	۱۰۰	۱۰۰	۱۰۰
Horizontal/Vertical flipping	yes	yes	yes
Zoom Range	%۵	%۵	%۵
Rotation Range	۰	۰	۰
Width/Height shifting	%۵	%۵	%۵
Shift Range	%۵	%۵	%۵
Re-scaling	۱/۲۵	۱/۲۵	۱/۲۵

SGD: Stochastic Gradient Descent NG: Nadam Categorical C: Crossentropy



شکل ۶: متد ارائه شده در این مطالعه

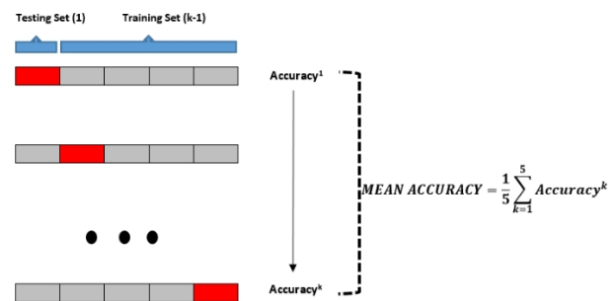
۴- یافته ها

افراد سالم به کل افراد و $F1_score$ نیز محاسبه شده است که از طریق روابط ۲، ۳ و ۴ به دست می آید [۲۶، ۲۷]:

$(Sensitivity) = \frac{TP}{TP + FN}$	(۱)
$(Specificity) = \frac{TN}{TN + FP}$	(۲)
$(F1_{score}) = \frac{Sensitivity \times Precision}{Sensitivity + Precision} \times 2$	(۳)

به طوری که:

TP: کل افراد مبتلا به کوید ۱۹ که به درستی تشخیص داده شده اند. FP: کل افراد عدم مبتلا به کوید که اشتباهاً مبتلا به بیماری دسته بندی شده اند. TN: کل افرادی که مبتلا به بیماری کوید ۱۹ نبوده اند و درست کلاس بندی شده اند. FN: کل افراد مبتلا به کوید ۱۹ که اشتباهاً نرمال یا مبتلا به ذات الریه تشخیص شده اند. همانطور که ذکر شد به منظور اطمینان از پاسخ شبکه ها از روش K-fold cross validation با مقدار $k=5$ استفاده شده است. درواقع دیتاست مفروض به ۵ فولد تقسیم و در هر بار از ۴ فولد به منظور آموزش و یک فولد به منظور آزمون استفاده می شود. در پایان ۵ تکرار میانگین دقت محاسبه می شود. شکل ۷ نحوه استفاده از متد K-fold پنج کلاسه را نشان می دهد



شکل ۷: بکارگیری روش K-fold cross validation در این پژوهش ($k=5$)

نرم افزار مورد استفاده در این مطالعه به منظور ایجاد و بررسی شبکه های عمیق، MATLAB2019 بوده و مشخصات سیستم مورد استفاده عبارت است از ویندوز ۱۰ نسخه ۶۴ بیتی، ۸ گیگ حافظه گرافیکی، ۸ گیگ حافظه رم و پردازنده اینتل ۳۶۸۷ @i7. به منظور آنالیز پاسخ های هریک از شبکه ها و محاسبه دقت مدل ها از پارامترهای مختلفی استفاده شده است که عبارتند از: دقت (Accuracy) که از رابطه ۱ محاسبه می شود:

$$Accuracy = \frac{\sum True\ positive + True\ negative}{\sum Total\ population} \quad (۱)$$

در رابطه ۱ دو پارامتر True Positive (TP) و True Negative (TN) به ترتیب عبارتند از "کل افراد سالمی که سالم تشخیص داده شده اند" و "کل افراد مبتلا به بیماری کوید ۱۹ که بیمار تشخیص داده شده اند." و مخرج کسر نیز کل افراد اعم از سالم و بیمار را تشکیل میدهد. علاوه بر محاسبه دقت شبکه سه شاخص Sensitivity به معنی نسبت تعداد افراد بیمار به کل افراد و Specificity به معنی نسبت تعداد

پس از استخراج ویژگی ها توسط هر سه شبکه و انتخاب بهترین آن ها توسط PCA نتایج در جدول ۴ نشان ثبت گردید.

جدول ۴: گزارش تعداد درست و تعداد خطا در هر کلاس در شبکه های مختلف

	تعداد ویژگی	Covid19 Correct detected	Covid19 Not detected	Covid19 Wrong detected	Pneumonia Correct detected	Pneumonia Not detected	Pneumonia Wrong detected	Normal Correct detected	Normal Not detected	Normal Wrong detected	Accuracy %
AlexNet+PCA (AP)	۱۰۰	۸۷	۰	۱	۳۳۷	۱۳	۱۷	۳۳۴	۱۶	۱۳	۹۶/۱
Vgg+ PCA(VP)	۱۰۰	۸۷	۱	۱	۳۳۰	۲۰	۱۸	۳۳۳	۱۷	۱۹	۹۵/۱
Google+PCA(GP)	۱۰۰	۷۷	۱۱	۳	۳۳۲	۱۸	۶۹	۲۸۰	۷۰	۲۷	۸۷/۴
AP+VP	۵۰+۵۰	۸۸	۰	۵	۳۳۴	۱۶	۹	۳۳۷	۱۳	۱۵	۹۶/۳
AP+GP	۵۰+۵۰	۸۵	۳	۱	۳۳۷	۱۳	۲۰	۳۲۹	۲۱	۱۶	۹۵/۳
VP+GP	۵۰+۵۰	۸۷	۱	۰	۳۴۰	۱۰	۱۰	۳۴۱	۹	۱۰	۹۶/۴
AP+GP+VP	۳۴+۳۳+۳۳	۸۷	۱	۰	۳۴۳	۷	۱۱	۳۴۰	۱۰	۷	۹۷/۷

گزارش تخمین متریک هریک از کلاس ها بر اساس روابط ۳ و ۲

و ۴ در جدول ۵ نشان داده شده است.

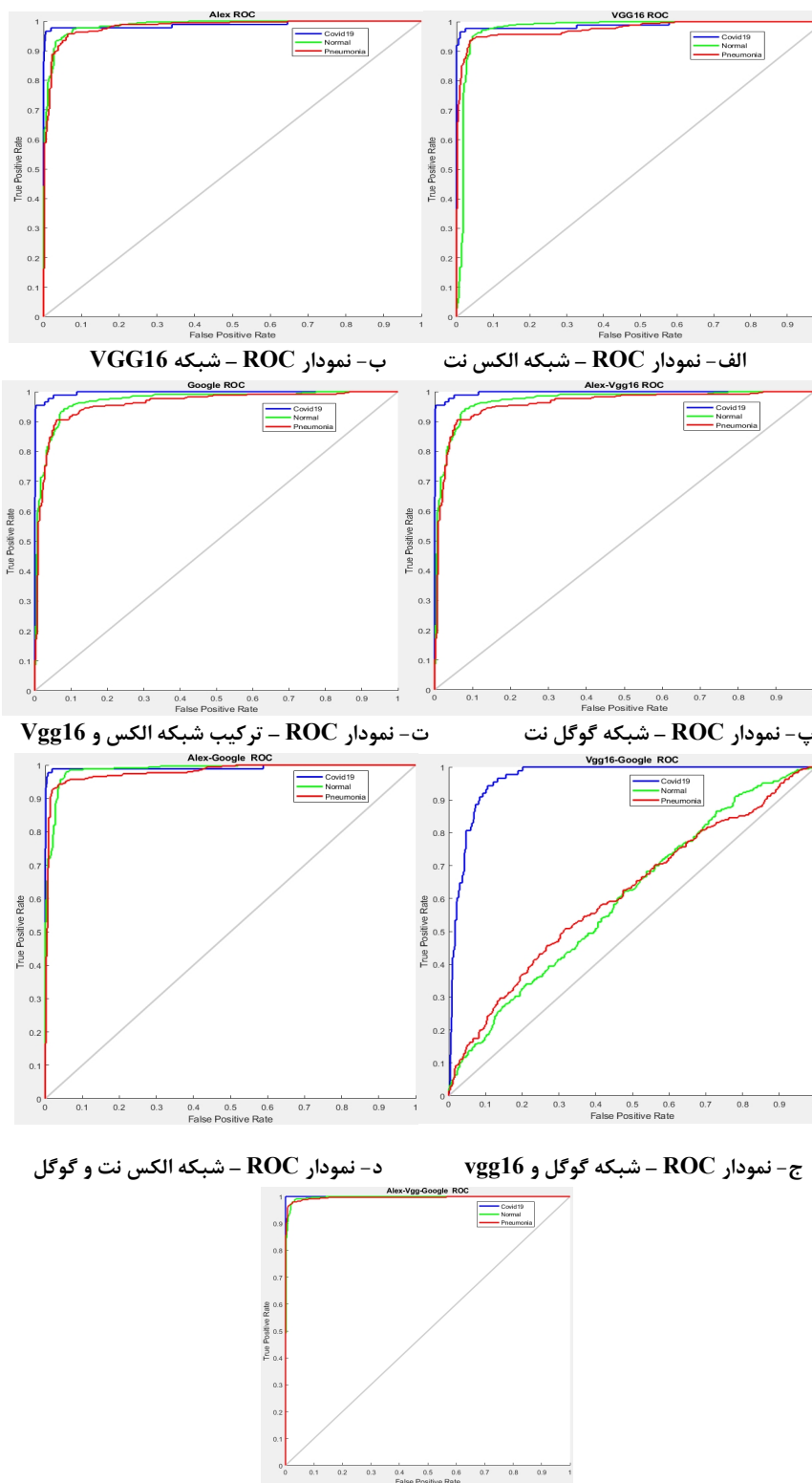
جدول ۵: تخمین متریک هر از شبکه ها

		Sensitivity	Specificity	F1-Score	Final Accuracy	elapsed Training Time(Min:Sec)	elapsed Testing Time(Min:Sec)
AlexNet + PCA(AP)	Covid19	۰/۹۸	۱	۰/۹۹	۹۶/۴	۱۴:۵۳	۰۰:۲۹
	Normal	۰/۹۶	۰/۹۶	۰/۹۵			
	Pneumonia	۰/۹۵	۰/۹۷	۰/۹۵			
Vgg + PCA(VP)	Covid19	۰/۹۸	۰/۹۹	۰/۹۸	۹۶/۶	۱۵:۴۸	۰۰:۲۶
	Normal	۰/۹۴	۰/۹۵	۰/۹۴			
	Pneumonia	۰/۹۵	۰/۹۵	۰/۹۴			
Google + PCA(GP)	Covid19	۰/۸۷	۰/۹۹	۰/۹۱	۸۸%	۱۸:۳۰	۰۰:۳۱
	Normal	۰/۹۴	۰/۸۴	۰/۸۸			
	Pneumonia	۰/۸۰	۰/۹۳	۰/۸۵			
AP+VP	Covid19	۱	۰/۹۹	۰/۹۷	۹۶/۷	۱۹:۲۱	۰۰:۳۳
	Normal	۰/۹۵	۰/۹۸	۰/۹۶			
	Pneumonia	۰/۹۶	۰/۹۶	۰/۹۶			
VP+GP	Covid19	۰/۹۸	۰/۹۹	۰/۹۸	۹۶/۴	۱۸:۳۳	۰۰:۳۷
	Normal	۰/۹۷	۰/۹۷	۰/۹۶			
	Pneumonia	۰/۹۶	۰/۹۵	۰/۹۵			
AP+GP	Covid19	۰/۹۶	۰/۹۹	۰/۹۸	۹۶%	۱۷:۳۵	۰۰:۳۵
	Normal	۰/۹۶	۰/۹۵	۰/۹۵			
	Pneumonia	۰/۹۴	۰/۹۶	۰/۹۴			
AP+GP+VP	Covid19	۰/۹۹	۱	۰/۹۹	۹۷/۶	۲۱:۳۱	۰۰:۳۹
	Normal	۰/۹۸	۰/۹۷	۰/۹۷			
	Pneumonia	۰/۹۷	۰/۹۸	۰/۹۷			

لایه با دو لایه مخفی بوده است. دقت های ثبت شده همگی مربوط به نمونه های داده آزمون (Test) می باشد. نتایج در هر دو جدول حاکی از آن است که وقتی ویژگی ها توسط شبکه های عمیق مختلف استخراج و بعد عمل کلاس بندی انجام می شود، دقت کلاس بندی افزایش می یابد. حتی زمانی که بجای ۱۰۰ ویژگی در یک شبکه از ۲۰۰ ویژگی مستخرج از دو شبکه عمیق استفاده شده، نتیجه کلاس

از آنجایی که تعداد نمونه های تصاویر کوید ۱۹ نسبت به سایر کلاس ها کمتر است، در اعمال تصاویر ورودی به یادگیر عمیق روشهای ساده داده افزایی مانند چرخش، تغییر اندازه، برش و... مورد استفاده قرار گرفته است تا به نحوی داده افزایی انجام شده و شبکه در استخراج ویژگی خطای کمتری داشته باشد. در تمامی موارد شبکه تفکیک کننده (Classifier) از نوع شبکه عصبی پرسپترون چند

بندی بهبود می یابد. شکل ۸ نمودار ROC هریک از شبکه های عمیق را نشان می دهد.



ه- نمودار ROC - شبکه الکس نت و گوگل نت و Vgg16
 شکل ۸: نمودار ROC شبکه های مورد استفاده در این پژوهش

جدول ۶: مقایسه نتایج این مطالعه با برخی از پژوهش‌های مشابه که بر روی تصاویر اشعه X انجام شده را نشان می‌دهد. ضمن اینکه برخی از پردازش‌ها فقط بر روی دوکلاس کوید ۱۹ و نرمال و برخی بر روی سه کلاس کوید ۱۹، نرمال و ذات‌الریه انجام شده است.

جدول ۶: مقایسه روش پیشنهادی در تشخیص بیماری کوید ۱۹ با سایر پژوهش‌های مشابه

شماره مرجع	بهترین دقت	تعداد کلاس و نمونه موارد	مدل شبکه
۲۶	۹۳/۴۸	Covid19: ۲۲۴ Normal: ۷۰۰ Pneumonia: ۵۰۴	VGG19
۱۴	۹۲/۴	Covid19: ۵۳ NotCovid19: ۵۵۲۶ Normal: ۸۰۶۶	CovidNet
۲۷	۹۵/۳۸	Covid19: ۲۵ NotCovid19: ۲۵	ResNet + SVM
۲۸	۹۰/۱	Covid19: ۲۵ NotCovid19: ۲۵	COVIDX-Net
۲۹	۹۸/۱	Covid19: ۵۰ NotCovid19: ۵۰	Deep CNN ResNet-50
۳۰	۸۶	Covid19: ۷۷۷ NotCovid19: ۷۰۸	DRE-Net
۳۱	۸۲/۹	Covid19: ۱۹۵ NotCovid19: ۲۵۸	M-Inception
۳۲	۹۰/۸	Covid19: ۳۱۳ NotCovid19: ۲۲۹	UNet + 3D Deep Network
۳۳	۸۶/۷	Covid19: ۲۱۹ Normal: ۱۷۵ Pneumonia: ۲۲۴	ResNet + Location Attention
۳۴	۹۸/۸	Covid19: ۱۲۵ Normal: ۵۰۰	DarkCovidNet
۳۵	۸۷/۰۲	Covid19: ۱۲۵ Normal: ۵۰۰ Pneumonia: ۵۰۰	DenseNet
-	۹۷/۷	Covid19: ۱۲۵ Normal: ۵۰۰ Pneumonia: ۵۰۰	روش پیش‌نهادی

همانطور که جدول ۶ نشان می‌دهد در پژوهش‌های مشابهی که طبقه‌بندی را روی ۳ کلاس انجام داده‌اند دقت روش پیش‌نهادی می‌تواند قابل توجه باشد.

۴- بحث و نتیجه‌گیری

دقیق‌تر است، اما تصاویر اشعه X در دسترس‌تر و ارزانتر و بی‌ضررتر است و با توجه به سرعت توسعه و فراگیر شدن این بیماری، تشخیص بیماری کوید ۱۹ از روی تصاویر اشعه X با اهمیت‌تر است. در این پژوهش، یک روش جدید بنام "ترکیب ویژگی‌های عمیق"، از روی

مطالعات متعددی در خصوص تشخیص بیماری کوید ۱۹ بر روی پایگاه داده‌های مختلف صورت گرفته است. به طور کلی این پایگاه داده‌ها به دو دسته تصاویر اشعه X (X-ray) و تصاویر سی‌تی اسکن (CT_Scan) تقسیم‌بندی می‌شود. تصاویر سی‌تی اسکن

تصویر متفاوت خواهد بود و لذا از توانایی هر شبکه به طور مستقل استفاده می شود تا دقت تشخیص افزایش یابد. اگرچه این دقت ممکن است ناچیز به نظر برسد، (حدود ۳٪) لیکن از آنجایی که مساله جان انسان ها و بیماران مبتلا به کوید ۱۹ مطرح است، بهبود تشخیص حتی به اندازه ۱٪ نیز اهمیت پیدا می کند.

تضاد منافع

نویسندگان اعلام می دارند که هیچ تعارض منافی در پژوهش حاضر وجود ندارد.

تقدیر و تشکر

نویسندگان بر خود لازم می دانند که از واحد پژوهش دانشگاه تربت حیدریه به واسطه حمایت از طرح پژوهشی به شماره ۱۲۵۴۶۳۸A کمال تشکر را داشته باشند.

مراجع

- [1] M.S. Razai, K. Doerholt, S. Ladhani, P. Oakeshott, *Coronavirus Disease 2019 (Covid-19): a Guide for UK GPs*, vol. 800, 2020, pp. 1–5, <https://doi.org/10.1136/bmj.m800>.
- [2] H., Chen, X., Jiang Y., Xiao, Y., Ding, H., Ren, Y., Chen, W., Chen, et al. "Clinical features of 2019 novel coronavirus pneumonia presented gastrointestinal symptoms but without fever onset". 2020 [arxiv].
- [3] C., Rachna *Difference between X-ray and CTScan*. BioDifferences: <https://biodifferences.com/difference-between-x-ray-and-ct-scan.html>, 2017.
- [4] Litjens G, Kooi T, Bejnordi BE, Setio AAA, Ciompi F, Ghafoorian M, Van Der Laak JA, Van Ginneken B, Sanchez CI. *A survey on deep learning in medical image analysis*. *Med Image Anal* 2017;42:60–88.
- [5] M., Zreik, N., Lessmann, W., JM., Wolterink, M., Voskuil, et al. "Deep learning analysis of the myocardium in coronary ct angiography for identification of patients with functionally significant coronary artery stenosis". *Med Image Anal* 2018; 44:72–85.
- [6] J., Cheng, Y.-H., Chou, J., Qin, C., Tiu, Chang Y.-C., Huang C.-S., Shen D, Chen CM. "Computer-aided diagnosis with deep learning architecture: applications to breast lesions in us images and pulmonary nodules in ct scans". *Sci Rep* 2016;6(1):1–13.
- [7] Lakshmananprabu S, Mohanty SN, Shankar K, Arunkumar N, Ramirez G. "Optimal deep learning model for classification of lung cancer on ct images". *Future Generat Comput Syst* 2019;92:374–82.
- [8] A.K. Jaiswal, P. Tiwari, S. Kumar, D. Gupta, A. Khanna, J.J.P.C. Rodrigues, "Identifying pneumonia in chest X-rays: a deep learning approach", *Measurement* 145 (2019) 511–518, <https://doi.org/10.1016/j.measurement.2019.05.076>.
- [9] J. H. Austin, B. M. Romney, and L. S. Goldsmith, "Missed bronchogenic carcinoma: radiographic findings in 27 patients with a potentially resectable lesion evident in retrospect.", *Radiology*, vol. 182, no. 1, pp. 115–122, Jan. 1992.
- [10] H., Chen, X., Jiang J., Su, Y., Xiao, Y., Ding, H., Ren, et al. *Clinical features of 2019 novel coronavirus pneumonia presented gastrointestinal symptoms but without fever onset*. 2020 [arxiv].
- [11] I.M. Baltruschat, H. Nickisch, M. Grass, T. Knopp, A. Saalbach, "Comparison of deep learning approaches for multi-label chest X-ray classification", *Sci. Rep.* 9 (2019) 6381, <https://doi.org/10.1038/s41598-019-42294-8>.
- [12] J., Zhang, Y., Xie, Y., Li, C., Shen, Y., Xia. (2020). *Covid-19 screening on chest x-ray images using deep learning based anomaly detection*. arXiv preprint arXiv:2003.12338.
- [13] L., Wang, ZQ. Lin, A. Wong. (2020) COVID-net: "a tailored deep convolutional neural network design for detection of COVID-19 cases from chest radiography images". arXiv preprint arXiv: 2003.09871.
- [14] A., Narin, C., Kaya, Z., Pamuk Z. (2020). "Automatic detection of coronavirus disease (covid-19) using x-ray images and deep convolutional neural networks". arXiv preprint arXiv:2003.10849.
- [15] B., Ghoshal B., A., Tucker. (2020). "Estimating uncertainty and interpretability in deep learning for coronavirus (COVID-19) detection", arXiv preprint arXiv:2003.10769.
- [16] S.S. Yadav, S.M. Jadhav, "Deep convolutional neural network based medical image classification for disease diagnosis", *J. Big Data*, 6 (2019) 113, <https://doi.org/10.1186/s40537-019-0276-2>.

- [17] X., Mingliang, Li., Mingyuan, XU. Weiwei, Y. Zhigang, K., "Interactive mechanism modeling from multi-view images, *ACM Trans.* Graph. 35 (6) (2016).
- [18] M. Farooq, A. Hafeez, Covid-resnet: "A deep learning framework for screening of covid19 from radiographs", arXiv preprint arXiv:2003.14395 (2020)
- [19] J.P. Cohen, "COVID-19 Image Data Collection", 2020. <https://github.com/ieee8023/COVID-chestxray-dataset>.
- [20] M. Sandler, A. Howard, M. Zhu, A. Zhmoginov, L.C. Chen, MobileNetV2: "inverted residuals and linear bottlenecks, *IEEE Comput. Soc. Conf. Comput. Vis. Pattern Recogn.* (2018) 4510-4520, <https://doi.org/10.1109/cvpr.2018.00474>.
- [21] M., Sandler, A., Howard, M., Zhu, A., Zhmoginov, L.C., Chen, 2018. *Mobilenetv2: The next generation of on-device computer vision networks*. In CVPR.
- [22] O., Yildirim, M., Talo, B., Ay, U., Baloglu, G., Aydin, U., Acharya. "Automated detection of diabetic subject using pre-trained 2D-CNN models with frequency spectrum images extracted from heart rate signals". *Computers in Biology and Medicine*, 113: 103387, 2019.
- [23] K., Simonyan, A., Zisserman, 2014. "Very deep convolutional networks for large-scale image recognition", arXiv preprint arXiv:1409.1556.
- [24] Y. Song, S. Zheng, L. Li, X. Zhang, X. Zhang, Z. Huang, Y. Chong, *Deep learning enables accurate diagnosis of novel coronavirus (COVID-19) with CT images*, medRxiv (2020)
- [25] N., Srivastava, H., Geoffrey, A., Alex, I. Sutskever, R., Salakhutdinov. "Dropout: a simple way to prevent neural networks from overfitting", *The journal of machine learning research* 15, no. 1 (2014): 1929-1958.
- [26] P.K. Sethy, S.K. Behera, *Detection of Coronavirus Disease (COVID-19) Based on Deep Features*, 2020.
- [27] E.E.D. Hemdan, M.A. Shouman, M.E. Karar, *COVIDX-Net: A Framework of Deep Learning Classifiers to Diagnose COVID-19 in X-Ray Images*, 2020 arXiv preprint arXiv:2003.11055
- [28] S., Masoudnia, R., Ebrahimpour, 2014. "Mixture of experts: a literature survey", *Artificial Intelligence Review*, 42(2), pp.275-293.
- [29] C. Zheng, X. Deng, Q. Fu, Q. Zhou, J. Feng, H. Ma, X. Wang, "Deep learning-based detection for COVID-19 from chest CT using weak label", medRxiv (2020), <https://doi.org/10.1101/2020.03.12.20027185>
- [30] C., Szegedy, W., Liu, Y., Jia, P., Sermanet, S., Reed, D., Anguelov, D., Erhan, V., Vanhoucke, A., Rabinovich, 2015. "Going deeper with convolutions." In *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition* (pp. 1-9)
- [31] D., Ioannis, B., Tzani, COVID-19: *Automatic Detection from X-Ray Images Utilizing Transfer Learning with Convolutional Neural Networks*, arXiv:2003.11617.
- [32] X. Xu, X. Jiang, C. Ma, P. Du, X. Li, S. Lv, et al., *Deep Learning System to Screen Coronavirus Disease 2019 Pneumonia*, 2020 arXiv preprint arXiv:200209334
- [33] M. Barstugan, U. Ozkaya, S. Ozturk, "Coronavirus (COVID-19) Classification Using CT Images by Machine Learning Methods", 2020 arXiv preprint arXiv:2003.09424.
- [34] T., Ozturk, M., Talo, EA., Yildirim, UB., Baloglu, O., Yildirim, UR., Acharya. "Automated detection of COVID-19 cases using deep neural networks with X-ray images", *Computers in Biology and Medicine*. 2020 Apr 28:103792.
- [35] S., Wang, B., Kang, J., Ma, X., Zeng, M., Xiao, J., Guo, J., et al. *A deep learning algorithm using CT images to screen for Corona Virus Disease (COVID-19)*. medRxiv 2020.02.14.20023028, 2020.