



انتخاب ویژگی‌های مؤثر در ناهنجاری‌های دریچه‌ای قلب با استفاده از الگوریتم ژنتیک بر اساس ارزیابی همبستگی پیرسون

امید مخلصی^{۱*}، سید جواد سید مهدوی چابک^۲ و آیدا علیرضایی^۳

^۱دانشکده مهندسی برق، دانشگاه آزاد اسلامی، مشهد، ایران

^۲دانشکده مهندسی، دانشگاه آزاد اسلامی، مشهد، ایران

^۳دانشگاه علوم پزشکی مشهد، مشهد، ایران

چکیده

امروزه اختلالات دریچه‌های قلبی یکی از اصلی‌ترین عوامل مرگ و میر در جهان هستند. این اختلالات عبارت است از بروز عوارضی در دریچه‌های قلبی به نحوی که موجب تغییر شکل و یا تخریب دریچه‌ها شده و به تبع آن صداهای ناشی از باز و بسته شدن آنها نسبت به قلب سالم، دچار تغییر شوند. بدیهی است با توجه به پیچیدگی‌های سیگنال‌های صوتی قلبی و ثبت آنها، طراحی سامانه‌ای عاری از خطا و در عین حال دقیق از نظر میزان صحت تشخیص به سختی دست‌یافتنی باشد. با این وجود در این پژوهش تلاش شده است، سامانه‌ای هوشمند برای تشخیص نارسایی‌های دریچه‌ای قلب با استفاده از سیگنال‌های صوتی فونوکاردیوگرافی ارائه شود تا بیشینه قدرت تشخیصی را داشته باشد. هدف اصلی در روش پیشنهادی انتخاب بردارهای ویژگی مؤثر با استفاده از روش بهینه‌سازی ژنتیک و نیز بر اساس تابع ارزیابی مبتنی بر ضرایب همبستگی پیرسون است. پیش از انتخاب ویژگی با توجه به ماهیت سیگنال‌های صوتی قلب، مراحل پیش‌پردازشی شامل ثبت داده‌ها، نرمال‌سازی، تقسیم‌بندی و فیلترکردن مورد استفاده قرار گرفته تا صحت عملکرد سامانه را افزایش دهد. در گام بعدی سه دسته ویژگی‌های مختلف زمانی، موجک و انرژی سیگنال (هر یک پانزده ویژگی) از روی سیگنال عاری از نوفه استخراج شده که با توجه به تراکم و ناهمبستگی این ویژگی‌ها، به کمک روش‌های ادغام، همبسته‌سازی و نیز کاهش فضای مسئله شامل تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های اصلی، تحلیل جداکننده‌های خطی و تحلیل جداکننده‌های خطی ناهمبسته بردارهای ویژگی در فضای جدیدی استخراج می‌شوند. این بردارها شامل هجده بردار جدید (هر یک شش بردار) بوده که در نهایت از شبکه پرسپترون چندلایه و المن برای طبقه‌بندی آنها استفاده می‌شود. نتایج مدل‌سازی فرآیند انتخاب ویژگی‌های مؤثر و تشخیص بیماری نشان از کارایی روش پیشنهادی دارد.

واژگان کلیدی: فونوکاردیوگرافی، بیماری‌های دریچه‌ای قلبی، ادغام ویژگی، روش بهینه‌سازی ژنتیک، ضرایب همبستگی پیرسون

Selecting effective features from Phonocardiography by Genetic Algorithm based on Pearson's Coefficients Correlation

Omid Mokhlessi^{1*}, Seyed Javad mahdavi Chabok² & Aida Alirezaee³

¹Faculty of Electrical Engineering, Islamic Azad University, Mashhad, Iran

²Faculty of Engineering, Islamic Azad University, Mashhad, Iran

³Internist, Mashhad School of Medical Sciences, Mashhad, Iran

Abstract

The heart is one of the most important organs in the body, which is responsible for pumping blood into the valvular systems. Beside, heart valve disorders are one of the leading causes of death in the world. These disorders are complications in the heart valves that cause the valves to deform or damage, and as a result, the sounds caused by their opening and closing compared to a healthy heart.

* Corresponding author

*نویسنده عهده‌دار مکاتبات

سال ۱۳۹۹ شماره ۳ پیاپی ۴۵

• تاریخ ارسال مقاله: ۱۳۹۵/۰۲/۰۶ • تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۰۵/۲۲ • تاریخ انتشار: ۱۳۹۹/۰۹/۱۵ • نوع مطالعه: پژوهشی

فصل ۱



۱۵۷

Obviously, due to the complexities of cardiac audio signals and their recording, designing an accurate diagnosis system free of noise and fast enough is difficult to achieve. One of the most important issues in designing an intelligent heart disease diagnosis system is the use of appropriate primary data. This means that these data must not only be recorded according to the patient's equipment and clinical condition, but also must be labeled according to the correct diagnosis of the physician.

However, in this study, an attempt has been made to provide an intelligent system for diagnosing valvular heart failure using phonocardiographic sound signals to have maximum diagnostic power. For this purpose, the signals are labeled and used under the supervision of a specialist doctor.

The main goal is to select the effective feature vectors using the genetic optimization method and also based on the evaluation function by Pearson correlation coefficients.

Before extraction feature step, preprocessing from data recording, normalization, segmentation, and filtering were used to increase system performance accuracy. For better result, Signal temporal, wavelet and signal energy components are extracted from the prepared signal as feature extraction step.

Whereas extracted problem space were not correlated enough, in next step principal component analysis, linear separator analysis, and uncorrelated linear separator analysis methods were used to make feature vectors in a final correlated space.

In selecting step, an efficient and simple method is used in order to estimate the number of optimal features. In general, correlation is a criterion for determining the relationship between variables. The difference between the correlations of all feature subsets is calculated (for both in-class and out-of-class subsets) and then categorized in descending order according to the evaluation function.

As a result, in the feature selection step the evaluation function is based on the Pearson statistical method, which is evaluated by a genetic algorithm with the aim of identifying more effective and correlated features in the final vectors.

Eventually In this paper, two widely used neural networks with dynamic and static structure including perceptron and Elman neural networks have been used to evaluate the accuracy of the proposed vectors. The results of modeling the process of selecting effective features and diagnosing the disease show the efficiency of the proposed method.

Keywords: phonocardiography, cardiac valvular disease, integration features, genetic optimization algorithm, Pearson correlation coefficients

[20]. پس در بررسی عملکرد دریچه‌ای قلب دو مقوله مدنظر است. نخست زمان باز و بسته شدن دریچه‌ها و دوم نشتی نداشتن دریچه‌ها در زمان بسته بودن آنها است.

برای تشخیص نارسایی دریچه‌ای در صدای قلب در طی معاینه، پزشک ابتدا تلاش می‌کند تا تمایز معناداری مابین صدای مربوط به نارسایی قلبی و نیز سایر صداهای شنیده شده از درون قفسه سینه مثل صدای ریه‌ها در حین تنفس برقرار کند؛ سپس سعی می‌کند به منظور برآورد نوع نارسایی، ابتدا صدا را از نظر نوع، بررسی کرده و مابین بی‌ضرر و پاتولوژیک بودن صدای قلب و تشخیص نارسایی، تمایز ایجاد کند و در نهایت نوع نارسایی را تشخیص دهد [13].

به عبارت ساده، یک سامانه هوشمند تشخیص بیماری به مانند پزشک باید به ترتیب شامل مرحله نخست یعنی پیش‌پردازش و حذف المان‌های غیر ضروری و به دست آوردن ایده‌آل‌ترین بخش سیگنال حاوی تمام اطلاعات باشد. در مرحله بعد استخراج ویژگی و انتخاب ویژگی‌های معنادارتر صورت گرفته تا در انتها تشخیصی درست و دقیق نتیجه شود.

۱- مقدمه

قلب یکی از مهم‌ترین اعضای بدن است که وظیفه پمپ کردن خون را در دستگاه عروقی و دریچه‌ای به عهده دارد. این عملکرد قلب به طور کلی به وسیله دو دسته سیگنال حیاتی با ماهیتی متفاوت قابل شناسایی است. این دو دسته عبارتند از سیگنال‌های قلبی ناشی از فعالیت‌های الکتریکی یا الکتروکاردیوگرافی^۱ (ECG) و سیگنال‌های ناشی از صداهای قلبی یا فونوکاردیوگرافی (PCG)^۲.

در نتیجه پزشکان به صورت سمعی و بصری سیگنال قلب را بررسی کرده و با تخمین پارامترهای مهم و مشخصه‌های آن وضعیت بیمار را تشخیص می‌دهند [20].

قلب انسان، یک پمپ چهارحفره‌ای با دو دهلیز برای جمع‌آوری خون از رگ‌ها و دو بطن برای پمپاژ خون به رگ‌ها است. پمپاژ خون از طریق قلب تنها باید در یک جهت صورت گیرد؛ در نتیجه دریچه‌های قلب نقش کلیدی در ایجاد این جریان یک‌طرفه خون دارند [13]. از طرفی این مسیر یک طرفه باید با توجه به فشار خون، پشت دریچه‌ای در طی یک ضربان به موقع باز و به موقع بسته شود

¹ Electrocardiography

² Phonocardiography

ذرات^{۱۲} (PSO) [51]، بهینه‌سازی جمعیت مورچگان^{۱۳} (ACO) [47] و [32] و غیره اشاره کرد. الگوریتم ژنتیک (GA) نیز یکی از معروف‌ترین الگوریتم‌های تکاملی است که به‌طور گسترده‌ای در کاربردهای بی‌شماری اعم از حل مسائل بهینه‌سازی مورد استفاده قرار گرفته است [14]، [25] و [17]. روش GA نیز با استفاده از دو عملگر مؤثر یعنی عمل‌گرهای تقاطع^{۱۴} و جهش^{۱۵} به‌طور هم‌زمان برای انتخاب یک زیرمجموعه بهینه از کل بردارهای ویژگی در این دو مرجع استفاده شده است [26] و [43]. در مرحله طبقه‌بندی بیماری‌های قلبی، از شبکه‌های عصبی مصنوعی^{۱۶} (ANN) به‌عنوان ابزارهای برای تشخیص بالینی و بیماری استفاده می‌شود. از این جمله می‌توان به مراجعی مانند [20]، [3]، [52]، [24] و [49] اشاره کرد. از جمله روش‌های دیگر تشخیص نارسایی‌های قلبی می‌توان به ماشین بردار پشتیبان^{۱۷} [32] (SVM) و [8]، مدل پنهان مارکوف^{۱۸} (HMM) [19] اشاره کرد.

این مقاله در هشت بخش به‌شرح زیر سازماندهی شده است: بخش ۲ مقدمه‌ای در مورد ساختار قلب و نیز به مراحل ثبت PCG و ساختار مورفولوژیک آن و در بخش ۳ به مرحله پیش‌پردازش و جوانب مختلف این مرحله اعم از ثبت سیگنال، فیلترکردن، قطعه‌بندی و نرمال‌سازی پرداخته شده است. در بخش ۴ به معرفی سه روش متفاوت از روش‌های استخراج ویژگی برای رسیدن به بیشینه بردارهای ویژگی موجود در درون سیگنال شامل استخراج ویژگی‌های موجک، انرژی و زمان-دامنه پرداخته می‌شود. در بخش ۵ سه مقوله کاهش ابعاد مسأله و ادغام ویژگی بیان شده است. بخش ۶ به شرح و تفصیل روش پیشنهادی یعنی GAPCC (الگوریتم ژنتیک با تابع ارزیابی مبتنی بر ضریب همبستگی پیرسون) با رویکرد انتخاب زیرمجموعه‌هایی از بردارهای ویژگی تبدیلی اختصاص دارد. در بخش ۷ با استفاده از دو ابزار طبقه‌بندی مبتنی بر شبکه‌های عصبی مصنوعی هم از نوع پویا و هم از نوع ایستا طبقه‌بندی نهایی صورت می‌پذیرد. در نهایت، در بخش ۸ بحث و نتیجه‌گیری و خلاصه دستاورد اصلی این مقاله بیان شده است.

- ¹² particle swarm optimization
¹³ Ant colony optimization
¹⁴ crossover
¹⁵ mutation
¹⁶ Artificial neural networks
¹⁷ Support vector machine
¹⁸ Hidden Markov Model

تاکنون سامانه‌های تشخیصی بی‌شماری برای بیماری‌های درجه‌ای قلب گزارش شده‌اند که هریک بر روی مرحله‌ای از یک سامانه هوشمند تشخیص بیماری تکیه دارند. به‌عنوان مثال به‌کارگیری روش‌های بی‌شماری در مرحله استخراج ویژگی می‌توان به تجزیه و تحلیل فرکانسی^۱ [2]، تطبیق الگو^۲ [31] و [4]، تبدیل موجک^۳ [32] و [55]، تبدیل فوریه زمان کوتاه^۴ [15]، و دیگر روش‌های استخراج داده اشاره کرد؛ همچنین برخی از روش‌ها به مطالعه روش‌هایی بر اساس تخمین همبستگی بین صداهای طبیعی و غیر طبیعی قلب پرداخته‌اند [31]، [58] و [24].

پس از مرحله استخراج ویژگی، مرحله‌ی تبدیل بردارهای ویژگی است. این مرحله مهم درواقع تعیین مجموعه‌هایی مناسب از ویژگی‌هاست؛ به‌نحوی که بیشینه تشخیص در مرحله طبقه‌بندی نتیجه‌گیری شود [10] و [21]. از جمله کارهایی که برای این مرحله و نیز کاهش ابعاد ویژگی گزارش شده‌اند می‌توان به آنالیز مؤلفه‌های اصلی (PCA) [9] و [37] تحلیل جداکننده‌های خطی (LDA) [17]، تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های مستقل^۵ (ICA) [32] اشاره کرد.

مرحله بعدی مرحله انتخاب ویژگی است؛ این مرحله درواقع به‌کارگیری روش‌هایی به جهت انتخاب بهینه بردارهای ویژگی با هدف کاهش پیچیدگی‌های مرحله طبقه‌بندی است [26].

از جمله کارهایی که در این مرحله و بدون استفاده از روش‌های بهینه‌سازی صورت گرفته است، می‌توان به روش‌های جستجوی شناور^۶ [21]، الگوریتم انتخاب ویژگی فازی^۷ [10]، درخت تصمیم^۸ و K-میانگین^۹ [46]، برنامه‌ریزی صفر و یک^{۱۰} [34]، به‌کارگیری روش فیلترهای احتمالی^{۱۱} [6] و غیره اشاره کرد. از جمله دیگر روش‌هایی که در مرحله استراتژی جستجو برای انتخاب بردارهای ویژگی بهینه‌تر مورد استفاده قرار گرفته است، می‌توان به روش‌های مبتنی بر هوش جمعی مانند الگوریتم جستجوی

- ¹ frequency analysis
² template matching
³ wavelet transforms
⁴ short-time Fourier transform
⁵ Independent Component Analysis
⁶ Floating search
⁷ fuzzy selection algorithm
⁸ decision tree
⁹ K-means
¹⁰ zero-one programming
¹¹ probabilistic filter solution

۲- فازهای قلبی

گردش خون دارای دو مرحله اصلی است. نخست فاز انقباض بطن‌ها که سیستول^۱ نامیده می‌شود. همچنین قلب، فاز دوم، یعنی یک فاز استراحت یا پرشدن بطن نیز دارد که به آن دیاستول^۲ گویند [7]. هر فرایند سیستولی درواقع خود شامل چند زیرمجموعه مانند سیستول دهلیزی^۳، انقباض ایزوولومیک^۴ و دوره تخلیه^۵ است [3] توالی هر سیستول و دیاستول را دوره قلبی می‌نامند. هر دوره قلبی حدود هشت ثانیه طول می‌کشد.

۲-۱- فونوکار دیوگرافی

سوفل قلبی، صدایی است که خون در حین جریان یافتن در قلب ایجاد می‌کند. به‌طور کلی چهار دریچه قلبی شامل میترال^۶، تریکوسپید^۷، آئورت^۸ و پولمونری^۹ هستند که سبب می‌شوند جریان خون تنها در یک جهت در دستگاه گردش خون جریان پیدا کند. قلب دارای ضربان‌های موزون و نابرابری است که فشار را برای در حال حرکت نگه‌داشتن خون ایجاد می‌کند [3].

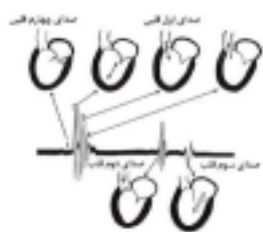
همان‌طور که در شکل (۱) نشان داده شده است، صدای نخست قلب یا S_۱ در اثر بسته‌شدن دریچه میترال به‌وجود می‌آید و در ادامه آن بسته‌شدن دریچه تریکوسپید به‌طور دقیق به‌دنبال بسته‌شدن این دریچه اتفاق می‌افتد. در ادامه دریچه آئورت باز می‌شود و به‌طور دقیق پس از آن، بازشدن دریچه پولمونری رخ می‌دهد. صدای بازشدن این دو دریچه در شرایط طبیعی شنیده نمی‌شود.

صدای دوم قلبی یا S_۲ از بسته‌شدن دریچه آئورت ناشی می‌شود که بلافاصله پس از آن بسته‌شدن دریچه پولمونری رخ می‌دهد. این دو دریچه زمانی بسته می‌شوند که تخلیه سریع سیستولی به داخل آئورت و شریان ریوی کاهش می‌یابد و فشار بالارونده درون این عروق بزرگ از فشار بطن‌های متناظر آن‌ها فزونی می‌گیرد.

صدای سوم قلب یا S_۳ از پرشدن سریع بطن چپ به‌دنبال بازشدن دریچه میترال ناشی می‌شود.

- ¹ systole
- ² diastole
- ³ atrial systole
- ⁴ isovolumic
- ⁵ ejection period
- ⁶ Mitral
- ⁷ Tricuspid
- ⁸ Aorta
- ⁹ Pulmonary

صدای چهارم قلب و یا S_۴ به‌دنبال ورود سریع خون به داخل بطن چپ عضلانی و همچنین به‌دلیل انقباض دهلیزی رخ می‌دهد. این امر یک رخداد پایان دیاستولی است که باید بدون صدا باشد [20]، [13]، [7]، [3] و [45].



(شکل-۱): فازهای تولید صداهای قلبی
(Figure-1): Phases of cardiac sound production

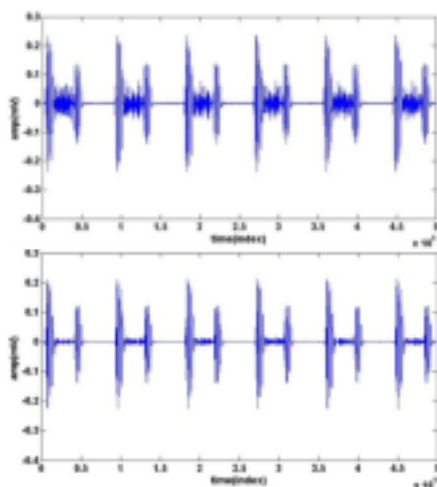
۲-۲- اکتساب داده

نخستین قدم در سامانه‌های بازشناسی الگو اکتساب داده‌های معتبر است. در این مطالعه دو مجموعه از سیگنال‌های صوتی قلب مورد استفاده قرار گرفته‌اند. دسته نخست، ۴۴ سیگنال برچسب‌خورده صوتی که از تارنماهای معتبر پزشکی (نشانی این تارنماها در بخش مراجع آمده است)، [57]، [54] و [53] تهیه و مورد استفاده قرار گرفته‌اند. دسته دوم، استفاده از چهارده سیگنال صوتی قلب است که از چند بیمار مختلف تحت نظارت پزشکی در بیمارستان ولی‌عصر بیرجند (سن ۲۳-۴۹ سال، ده مرد و چهار زن) به‌وسیله گوشی طبی الکترونیکی^{۱۰} ثبت شده‌اند. هر یک از این سیگنال‌های صوتی قلب در شرایط یکسان و با اندازه‌گیری کمینه‌ای فشار تنفسی ثبت شده‌اند که در نهایت ۵۸ نمونه برای این چرخه مهیا شده است. پس از ثبت اطلاعات، در برخی از موارد سیگنال‌ها آلوده به نوفه محیطی و نوفه تنفسی بوده‌اند؛ لذا جهت حصول بهترین نتایج نیاز به دیگر مراحل پیش‌پردازش است.

۳- پیش‌پردازش

به‌طور کلی برای داشتن بهترین نتیجه در یک سامانه بازشناسی الگو، نمونه‌های مورد استفاده باید کمترین اثر نوفه‌ای را داشته باشند. در این راه پارامترهای مرتبط با متدهای ثبت وقایع باید در شرایط یکسان اعم از تجهیزات، محیط و وضعیت یکسان بیماران صورت گیرد [32] و [11]. نمونه‌های مورد مطالعه در این پژوهش بیشتر در صداهای نخست و دوم قلبی دارای نوفه و اغتشاش محسوسی

¹⁰ electronic stethoscope



(شکل-۲): نمونه سیکل ضربانی قبل و بعد از اعمال فیلترینگ
(Figure-2): Example of pulsed cycle before and after filtering

۳-۳- قطعه‌بندی

منظور از قطعه‌بندی درواقع مهیاکردن بخش‌هایی از سیگنال است که بیشتر حاوی اطلاعات ضروری باشد. تاکنون کارهای بی‌شماری با در نظر گرفتن این مرحله پیش از استخراج ویژگی گزارش شده‌اند [39] و [18] و [32]. از آنجا که چند بیماری دریچه‌ای قلب می‌توانست در درون یک ثبت وجود داشته باشد، ناگزیر باید قطعاتی شامل تنها یک سیکل ضربانی قلب ساخته تا دقت استخراج ویژگی و تشخیص افزایش یابد. آنچه که به‌عنوان قطعه سیکل قلبی در این مقاله تعریف شده درواقع شامل فاز سیستول S1 و فاز سیستول S2 و فاز دیاستول هر دو یعنی S3 و S4 است. در این مقاله مجموعه‌های سیکل‌های ضربانی مختلفی مربوط به بیماری‌های دریچه‌ای قلبی در چهار دسته:

- ۱- تنگی مجرای آئورتی (AS)
- ۲- برگشت خون آئورتی (AR)
- ۳- تنگی مجرای میترالی (MS)
- ۴- برگشت خون میترالی (MR)

به‌همراه دسته طبیعی قلب جهت بازشناسی انتخاب شده که در شکل (۳) نشان داده شده است. به‌طور کلی ۳۱۶ قطعه شامل یک سیکل ضربانی تهیه شده است که از این تعداد ۸۳ سیکل آن مربوط به دسته نرمال و سایر دسته‌ها به‌ترتیب شامل ۵۵، ۷۱، ۳۲ و ۵۷ قطعه بوده‌اند.

بوده‌اند. این صداهای قلبی بیشتر از هر چیزی تحت تأثیر صداهای ناشی از تنفس ریه‌ها و نیز صداهای محیطی و نرخ ضربان قرار می‌گیرد و باید طی فرایند فیلترسازی حذف شوند. در این مقاله با توجه به کار انجام‌شده برای کاهش اثر نوفه در [39] از دو گام زیر استفاده شده است:

- ۱- فیلترسازی اولیه
- ۲- به‌کارگیری تبدیل موجک گسسته (DWT)^۱

۱-۳- فیلترسازی اولیه

فیلترها مطابق با توابع مورد استفاده و نیز محدوده فرکانسی مسأله به‌کار گرفته می‌شوند [21]. در این مقاله از یک فیلتر باترورث پنج قطب با ساختار میان‌گذر و فرکانس قطع پایین و بالای به‌ترتیب برابر با ۲۰-۴۰۰ هرتز نرمالیزه‌شده، استفاده شده است که با این فیلتر، فرکانس‌های نوفه‌ای با منشأ محیطی به‌طور کامل حذف می‌شوند.

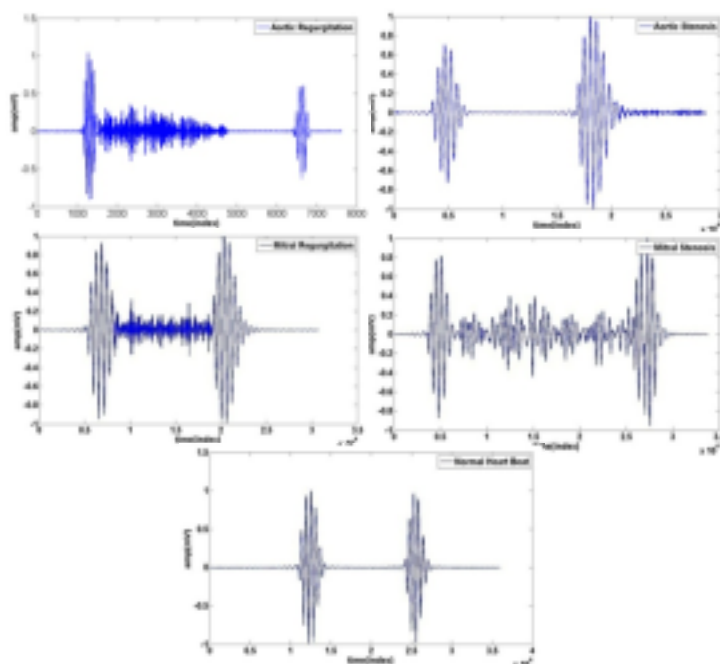
۲-۳- به‌کارگیری تبدیل موجک گسسته (DWT)

در بسیاری از پژوهش‌ها از تبدیل موجک به‌عنوان ابزاری برای آنالیز چند رزولوشنی مورد استفاده قرار می‌گیرد. این رویکرد به‌ویژه در کاربردهایی که سیگنال مورد تحلیل دارای مؤلفه‌های فرکانس بالا در مدت‌زمان کوتاه بوده و مؤلفه‌های فرکانس پایین آن‌ها برای بازه‌های بلند زمانی باقی می‌ماند، مفید است. تاکنون در کارهای مشابهی مربوط به بازشناسی الگوهای بیماری قلبی از این روش برای بازسازی سیگنال‌های بدون نوفه تنفسی استفاده شده است [52] و [39].

در این مقاله مشابه کار انجام‌شده در [39] برای بازسازی سیگنال صوتی بدون نوفه تنفسی، با استفاده از DWT و تجزیه سیگنال PCG تا ۵ سطح تجزیه در خانواده دو بیشی^۲ و با توجه به اینکه بازه فرکانسی نوفه دارای کمترین مقدار فرکانس نسبت به مؤلفه‌های فرکانسی PCG است، به‌کمک بازسازی سیگنال سطح تقریب که نشان‌دهنده سیگنال نوفه تنفسی است و همچنین در تجزیه تا سطح پنج و حذف سیگنال تقریب Ca₅ و بازسازی مجدد سیگنال با استفاده از زیرسیگنال‌های جزئیات {d} سیگنال کم‌نوفه‌ای بازیابی می‌شود. (شکل (۲) را ببینید).

¹ Discrete Wavelet Transform

² Daubechies



(شکل -۳): سیگنال‌های PCG مورد نظر طی اعمال مرحله قطعه‌بندی
(Figure -3): The desired PCG signals during the segmentation step application

۴-۳- نرمال‌سازی

با توجه به کار انجام‌شده در [52] اطلاعات باید پیش از استخراج ویژگی نرمالیزه شوند. با توجه به این‌که در این پژوهش از چندین مرجع مختلف جهت ثبت داده استفاده شده است و چون هریک از داده‌ها با رزولیشن خاصی ثبت شده‌اند، نیازمند نرمال‌سازی بوده تا در صورتی‌که داده‌ای یکسان و در چند دسته رزولیشن ثبت شده باشد، دقت سامانه هوشمند مورد نظر را تحت تأثیر قرار ندهد. نرمال‌سازی در این پژوهش و برای هریک از قطعات با رابطه زیر انجام شده است:

$$data = \frac{(A_0 : A_n)}{\text{Max}(\text{abs}(A_0 : A_n))} \quad (1)$$

۴- استخراج ویژگی

ویژگی‌های مؤثر (خصیصه‌ها)، به روشی از روی داده‌های اولیه با در نظر داشتن تمامی جوانب و مشخصه‌های داده‌های اولیه به دست می‌آیند؛ به بیان دیگر نه تنها این ویژگی‌ها باید به روشی خطی یا غیرخطی بیان‌گر خصایص مهم داده‌های اولیه باشند، بلکه باید در ابعادی به مراتب کوچک‌تر از بردارهای اصلی ایجاد می‌شوند. پس در مرحله استخراج ویژگی هدف جایگزینی داده‌های اولیه با متغیرهایی با همان مشخصات و ابعاد کوچک‌تر است [51] و

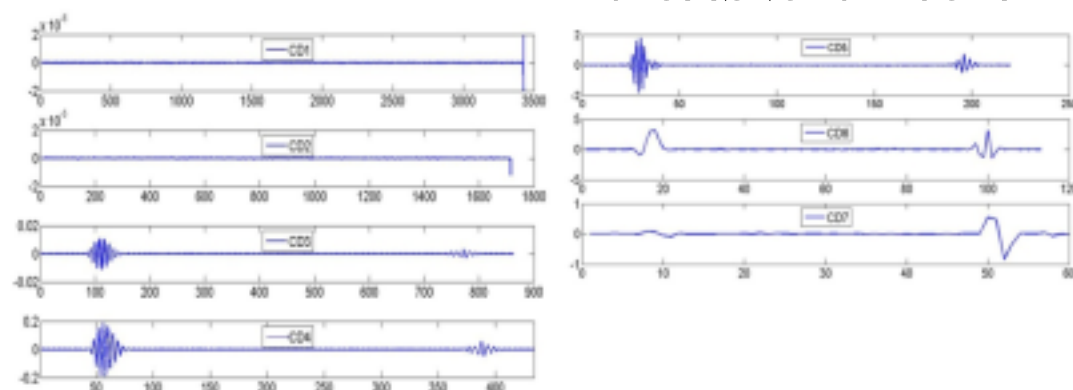
[29]. سامانه تشخیص هوشمند بیماری نیاز دارد، بداند که در چه موقعیت مکانی از یک قطعه سیگنال، چه تغییری اعم از مؤلفه‌های فرکانسی، زمانی و انرژی در سیگنال فونوکاردیوگرافی موجود است؛ بنابراین، برای تفکیک و تشخیص نارسایی‌های دریچه‌ای قلبی لازم است بردار ویژگی انتخاب‌شده شامل تمامی مؤلفه‌های فرکانسی، زمانی و انرژی سیگنال باشد [39].

در این مقاله به‌ازای هریک از دسته بیماری‌های مورد مطالعه ۲۵ نمونه پس از مراحل پیش‌پردازش تهیه و مجموعاً ۱۲۵ نمونه در اختیار مرحله استخراج ویژگی قرار می‌گیرد که از هریک نمونه، سه دسته ویژگی‌های مختلف زمانی، موجک و انرژی سیگنال هر یک شامل پانزده بردار ویژگی و در جمع ۴۵ (W1-W45) بردار استخراج شده که به تفصیل بدان پرداخته می‌شود.

۴-۱- ویژگی‌های موجک

تاکنون روش‌های بی‌شماری جهت استخراج ویژگی از سیگنال‌های قلبی مورد استفاده قرار گرفته‌اند؛ اما در این میان استفاده از تبدیل موجک، پرکاربردترین این روش‌هاست [32] همچنین نتایج پژوهش‌های قبلی نشان داده است که برای استخراج ویژگی از سیگنال‌های فونوکاردیوگرافی خانواده دایپچز به علت مشابهت ساختاری

سطوح اولیه تجزیه موجک (CD_1 و CD_2)، حاوی نوفه فرکانس پایین بوده و نادیده گرفتن این ضرایب باعث می‌شود که اطلاعات ناچیزی از سیگنال از دست برود. همچنین ضرایب برخی از سطوح میانی تجزیه موجک (CD_3 و CD_4) نیز شامل اطلاعات هم‌پوشانی شده‌ای هستند که باعث می‌شود سیگنال بازسازی شده با در نظر گرفتن این سطوح تجزیه میانی و نیز سطوح تجزیه اولیه، یک سیگنال هموار نباشد. نمونه‌ای از سیگنال PCG به همراه ضرایب تبدیل موجک آن تا هفت سطح تجزیه با استفاده از موجک db4 در شکل (4) نشان داده شده است.



(شکل-4): استخراج ویژگی از دسته AR به همراه ضرایب جزئیات تا هفت سطح تجزیه
(Figure-4): Feature extraction from AR category with detail coefficients up to 7 levels of analysis

بازه‌های زمانی کوچک قابل تمایز می‌سازند و از جهت دیگر نماینده سایر طیف‌های انرژی موجود در کل سیگنال هستند [40] و [35]؛ همچنین به دلیل پایین بودن وضوح در برخی تغییرات سیگنال به خاطر یکسان نبودن مقیاس، نیاز به ضرایبی با درجه وضوح بالاتر برای نشان دادن تغییرات جزئی در ویژگی‌ها است که در نتیجه آن استفاده از روش‌های آماری برای رسیدن به این هدف اجتناب‌ناپذیر است. از طرف دیگر به نظر می‌آید مقیاس لگاریتمی از فرکانس بتواند عملکرد بهتری داشته باشد؛ بدین معنا که اگر در حوزه فرکانسی از مقیاس لگاریتمی استفاده شود به این ترتیب فاصله بین بخش‌های صوتی در درون سیگنال‌های قلبی با وضوح بیشتری قابل مشاهده است [35]؛ در نتیجه در این مقاله با در نظر گرفتن موارد یادشده و با استفاده از روابط زیر، ویژگی‌های ترکیبی انرژی متمایزتری به دست آمده است.

$$E(data) = \sum_{n=1}^N |data|^2 \quad (2)$$

$$AV.E(data) = 20 \log_{10} \frac{\sqrt{E(data)}}{\sqrt{\text{length}(data)}} \quad (3)$$

با سیگنال‌های حیاتی در مقایسه با سایر موجک‌ها بسیار مناسب‌تر هستند [20] و [17].

در یک شخص سالم، طیف فرکانسی صوتی S1 محتوی فرکانس پایین در محدوده (۵۰-۱۰) هرتز و این مقدار در باند میانی فرکانسی در حدود (۵۰-۱۴۰) هرتز دارد [40] و [1]. S2 محدوده فرکانس پایین در حدود (۱۰-۸۰) هرتز، باند میانی در حدود (۸۰-۲۲۰) هرتز و فرکانس بالایی در حدود (۲۲۰-۴۰۰) هرتز دارد [4] و [1]؛ پس می‌توان نتیجه گرفت که سیگنال فونوکاردیوگرافی در فرکانس (۰-۴۰۰) هرتز دارای مؤلفه‌های معناداری است. از طرف دیگر همان‌گونه که در بخش پیش‌پردازش اشاره شد،

با در نظر گرفتن موارد یادشده و نیز کار انجام‌شده در [39] در مرحله استخراج ویژگی، از ضرایب موجک در سه سطح ۵، ۶ و ۷ برای استخراج ویژگی استفاده شده و با استفاده از آنها پانزده ویژگی آماری فهرست‌شده در جدول (۱) استخراج شده است.

(جدول-۱): ویژگی‌های موجک استخراج‌شده

(Table-1): Extracted wavelet properties

تعریف ویژگی	ویژگی‌های موجک CD_5, CD_6, CD_7
$Mean()$	$\mu_1 W$
$Var()$	$\sigma_1^2 W$
$Max()$	$+v W$
$Median()$	$13.10 W$
$Sum(abs())$	$15.13 W$

۴-۲- ویژگی‌های انرژی ترکیبی

ویژگی‌های مبتنی بر انرژی در حوزه طبقه‌بندی سیگنال‌های صوتی بسیار مؤثر هستند. این ویژگی‌های طیف انرژی سیگنال، ویژگی‌هایی هستند که از جهتی یک طیف را در

فونوکاردیوگرافی بهره گرفته‌ایم که جزئیات دقیق محاسبه آن‌ها در جدول (۲) بیان شده است [39]، [55]، [30]، [31] و [1].

(جدول-۳): ویژگی‌های زمانی برای تشخیص مؤلفه‌های PCG
(Table-3): Temporal specificity for PCG components detection

ویژگی‌های زمانی	تعریف ویژگی
W_{r1}	$S_{\max} = \max(data)$
W_{rr}	$S_{\min} = \min(data)$
W_{rr}	$t_{s_{\max}} = \{t S_{\max}\}$
W_{rf}	$t_{s_{\max}} / S_{\max}$
W_{rd}	$A_p = \sum 0.5(data + data)$
W_{re}	$A_n = \sum 0.5(data - data)$
W_{rv}	$ A_n $
W_{ra}	$A_{pn} = A_n + A_p$
W_{re}	$ A_{pn} $
W_{fe}	$A_{p n} = A_p + A_n $
W_{f1}	$PP = S_{\max} + S_{\min}$
W_{fr}	$t_{pp} = t_{s_{\max}} / t_{s_{\min}}$
W_{fr}	$S_{pp} = PP / t_{pp}$
W_{ff}	$n_z = \sum \partial_z$
W_{fd}	$d_{zc} = n_{zc} / t_{pp}$

۵- ادغام و کاهش ابعاد

ویژگی‌های با ابعاد بالا در طی طراحی سامانه‌های هوشمند و در بسیاری از کاربردها نظیر داده‌کاوی، یادگیری ماشین، و بیوانفورماتیک و غیره به‌دست می‌آیند [29]. وجود داده‌های زیاد در بردارهای ویژگی به‌خودی‌خود معضلی ندارد، ولی مشکل اصلی در این زمینه یافتن ویژگی‌های مؤثری است که به روند طبقه‌بندی سرعت و دقت بالاتری ببخشند [27]. با توجه به نوع ویژگی‌های استخراج‌شده، به‌روشنی واضح است که هر یک از نمونه‌ها دارای ویژگی‌های نامنظم، و زائد بی‌شماری است که نمی‌توان از آنها به‌صورت مستقیم برای مرحله طبقه‌بندی استفاده کرد؛ از طرفی با توجه به رویکرد این مقاله در جهت انتخاب ویژگی‌های بهینه مبتنی بر همبستگی پیرسون، و نیز با توجه به پراکندگی ویژگی‌ها و نیاز مسأله پیش روی به استفاده از روش‌های کاهش ابعاد ویژگی، از هر سه روش متداول و معتبر PCA¹، LDA² و

¹ Principal Components Analysis

² Linear Discriminant Analysis

علاوه‌براین در این مقاله روشی برای استخراج ویژگی مبتنی بر بازنمایی سیگنال صوتی قلب نیز ارائه شده است. در این روش همان‌طور که پیش از این اشاره شد با استفاده از روش پنجره‌کردن موجک و تجزیه در سطوح مورد نظر و نیز محاسبه انرژی هر یک از این سطوح می‌توان نه تنها ویژگی‌های موجک را استخراج کرده بلکه ویژگی‌های انرژی هریک از سطوح تجزیه را بصورت میانگین توان تعریف کرد؛ درنتیجه با توجه به شکل (۴) به جز دو سطح نخست یعنی CD_1 و CD_2 تمامی سطوح تجزیه در طی این فرایند می‌توانند حاوی اطلاعات باشند. طبق تعریف در این مقاله، انرژی هر سیگنال گسسته جزئیات $X(n)$ در درون بردار V با طول N در روابط زیر قابل تعریف است؛ همچنین جدول (۲) کلیه ویژگی‌های انرژی ترکیبی را به‌صورت یک جا نشان می‌دهد:

$$E(CD) = \sum_{n=N} |CD_k|^2 \quad (4)$$

$$V = [CD_1, \dots, CD_k] \quad (5)$$

(جدول-۲): ویژگی‌های انرژی ترکیبی استخراج‌شده

(Table-2): Properties of the extracted combined energy

ویژگی‌های انرژی	تعریف ویژگی
$r_{-1p} W$	$E(CD_k), k = 3, 4, 5, 6, 7$
$r_1 W$	$Std(V)$
$r_r W$	$\frac{Max(V)}{Mean(V)}$
$r_r W$	$\frac{Min(V)}{Median(V)}$
$r_{re} W$	$\frac{Std^2(V)}{Mean^2(V)}$
$r_d W$	$\frac{Median(V)}{Mean(V)}$
$r_{fe} W$	$AV.E$
$r_v W$	$AV.E - abs(W_{21})$
$r_d W$	$AV.E / abs(W_{22})$
$r_1 W$	$AV.E + abs(0.5 \times (W_{21} - W_{22}))$
$r_{re} W$	$AV.E - abs(0.5 \times (W_{21} + W_{22} + W_{23} + W_{24}))$

۳-۴- ویژگی‌های زمانی

به‌طور کلی پزشک جهت دقیق‌ترین تشخیص نیاز به شناسایی مؤلفه‌های شناختی شامل اطلاعات زمانی و مورفولوژیک درون سیگنال‌های حیاتی دارد [39]. در مقالات مرتبط با کارهای انجام‌شده در این زمینه، از پانزده ویژگی زمانی برای تشخیص مؤلفه‌های شناختی از سیگنال

ULDA¹ جهت ادغام بردارهای ویژگی نگاشت‌یافته استفاده شده است که به تفصیل در ادامه بدان‌ها پرداخته می‌شود.

۵-۱- روش PCA

روش PCA از جمله پرکاربردترین روش‌های کاهش ابعاد داده یا حذف ضرایب کم‌اهمیت به صورت خطی است [51] و [6]. در این روش محورهای مختصات جدیدی برای ویژگی‌ها تعیین شده و داده‌ها براساس این محورهای جدید، مختصات جدیدی پیدا می‌کنند. در این روش هدف تولید بردارهای ویژگی جدیدی است؛ به نحوی که که واریانس داده‌ها در این بردارهای ویژگی بیشینه شوند [39] و [42]. در ادامه روند، انتخاب بردارهای بعدی به شرط عمودبودن بر بردارهای قبلی صورت می‌پذیرد و این انتخاب‌ها تا زمانی ادامه می‌یابد که دو شرط بیشینه‌شدن واریانس داده‌ها و نیز تعریف بردار عمود بعدی به محقق شود [42].

الگوریتم PCA به علت تشابه با روش LDA در ادامه اشاره شده است. (مشابه مراحل ۵-۱ در LDA)

۵-۲- روش LDA

روش تحلیل جداکننده خطی (LDA) نیز مشابه دیگر روش‌های کاهش ابعاد به دنبال یافتن نگاشتی با ابعاد کمتر از درون بردارهای ویژگی اولیه است [10]. در این روش که در زمره روش‌های آماری طبقه‌بندی می‌شود، هدف پیدا کردن ترکیب خطی ویژگی‌هایی است که به بهترین نحو نسبت به دیگر ویژگی‌ها قابل تفکیک باشند [36] و [5]. روش LDA را با ساختار دو مرحله‌ای که دارد، می‌توان از جهتی تکمیل‌کننده روش PCA دانست [44]. به بیان دیگر در مرحله نخست مشابه عملکرد روش PCA، بردارهایی جدید با شرط ایجاد بیشترین واریانس داده و عمود بر هم استخراج می‌شوند [42] و سپس بردارهای ویژگی تفکیک‌یافته‌ی نهایی بر اساس بردارهای ویژه استخراج‌شده طبقه‌بندی و مطابق با الگوریتم زیر محاسبه می‌شوند [17].

الگوریتم LDA و PCA در این پژوهش مشابه کار انجام‌شده در [17] به شرح زیر پیاده‌سازی می‌شود:

- ۱- مرتب کردن ویژگی‌های استخراج‌شده در درون بردار A_i به قسمی که $i = [1, 2, \dots, 15]$
- ۲- تفریق μ از A_i به صورت زیر:

$$Y_i = A_i - \mu, \quad i = 1, 2, \dots, 25 \quad (6)$$

- ۳- محاسبه ماتریس کواریانس S به صورت زیر:

$$S = \sum_{i=1}^n Y_i Y_i^T \quad (7)$$

- ۴- محاسبه بردارهای ویژه $\{V_1, V_2, \dots, V_k\}$ مربوط به بزرگ‌ترین k مقادیر ویژه از S .

- ۵- مرتب کردن ستونی بردارهای ویژه به صورت ماتریس $V = \{V_1, V_2, \dots, V_k\}$

- ۶- به دست آوردن بردارهای ویژگی جدید به صورت:

$$Z_i = V^T \cdot Y_i, \quad i = 1, 2, \dots, 25 \quad (8)$$

- ۷- محاسبه فاصله درون رده نمونه‌ها به صورت μ_z و فاصله برون‌رده‌ای آنها به صورت μ_{zi} .

- ۸- محاسبه ماتریس پراکندگی مابین رده‌ای S_b و ماتریس پراکندگی درون‌رده‌ای S_w به صورت:

$$S_w = \sum_{i=1}^c \sum_{k \in \text{class } k} (Z_k - \mu_{zi})(Z_k - \mu_{zi})^T \quad (9)$$

$$S_b = \sum_{i=1}^c n_i (\mu_{zi} - \mu_z)(\mu_{zi} - \mu_z)^T \quad (10)$$

$$S_t = S_w + S_b \quad (11)$$

- ۹- حل معادله $S_b w = \lambda S_w w$ و به دست آوردن مقدار ویژه λ

- ۱۰- انتخاب w ها به صورت زیر به شرطی که λ بیشینه شود (C مرکز رده‌های اولیه است):

$$[w_1, \dots, w_{c-1}] = \text{eigenvectors}(S_w^{-1} S_b) \quad (12)$$

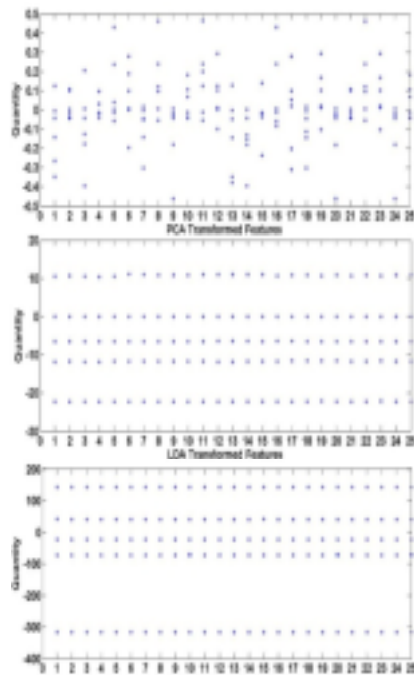
۵-۳- روش ULDA

روش تحلیل جداکننده خطی ناهمبسته (ULDA) از جمله روش‌های ریاضیاتی پیشرفته‌ای در کاهش ابعاد مسئله است که در برخی از کاربردهای یادگیری ماشین از قبیل بازشناسی الگو و طبقه‌بندی داده‌ها و غیره مورد استفاده قرار می‌گیرد [39] و [29]. در این روش هدف، یافتن راه حلی بهینه مبتنی بر تنظیم پارامترها است که منجر به پیدا کردن ویژگی‌های تفکیک‌شده‌ای با کمینه هم‌پوشانی نسبت به هم شود [29]. در این روش، نگاشت بردارهای ویژگی‌های استخراج‌شده با ابعاد بالا به فضاها با ابعاد کمتر، با استفاده از روش تجزیه مقدار منفرد² (SVD) صورت می‌پذیرد [29].

² Singular Value Decomposition

¹ Uncorrelated Linear Discriminant Analysis

ویژگی را کاهش می‌دهد، بلکه می‌تواند پراکندگی ویژگی‌ها را تا حد قابل ملاحظه‌ای بهبود بخشد.



(شکل-۵): مقایسه پراکندگی پس از اعمال روش‌های ادغام

ویژگی برای دسته AR

(Figure-5): Comparison of scattering after applying feature integration methods for the AR category

(جدول-۴): جدول ویژگی‌های تبدیل شده

(Table-4): Converted properties table

روش ادغام	ویژگی‌های تبدیل شده
PCA	۱ DW
LDA	۱۳ DW
ULDA	۱۸-۱۳ DW

۶- انتخاب ویژگی

مرحله انتخاب ویژگی درواقع جستجو برای پیدا کردن بهترین زیرمجموعه شامل ویژگی‌های مؤثر است. تاکنون روش‌های بی‌شماری شامل روش‌های مستقل از بهینه‌یابی و روش‌های ترکیبی مبتنی بر بهینه‌یابی مورد استفاده قرار گرفته‌اند [21].

به‌طور کلی یک الگوریتم انتخاب ویژگی باید از چهار عنصر اساسی زیر تشکیل شده باشد [22] و [33]:

- ۱- نقطه شروع: انتخاب یک نقطه اولیه در فضای ویژگی‌های مسأله و در نظر گرفتن آن به‌عنوان مؤثرترین زیرمجموعه مسأله و شروع جستجو تازمانی که در فضای جستجو زیرمجموعه‌ای مؤثرتر به‌دست نیاید.

الگوریتم ULDA در این پژوهش مشابه کار انجام‌شده در [29] به‌شرح زیر پیاده‌سازی می‌شود (الگوریتم ULDA تا ۱۲ گام نخست مشابه الگوریتم LDA پیکربندی می‌شود):

- ۱- به‌دست‌آوردن S_w ، S_b و S_t مشابه گام‌های (۸-۷)

(۱) روش LDA

- ۲- به‌دست‌آوردن H_w ، H_b و H_t با استفاده از روابط:

$$S_w = H_w H_w^T \quad (۱۳)$$

$$S_b = H_b H_b^T \quad (۱۴)$$

$$S_t = H_t H_t^T \quad (۱۵)$$

- ۳- به‌دست‌آوردن L و S با استفاده از روابط:

$$L \leftarrow \text{rank}(H_b) \quad (۱۶)$$

$$S \leftarrow \text{rank}(H_t) \quad (۱۷)$$

- ۴- محاسبه ماتریس SVD برای H_t :

$$H_t = U * D_t * V^T \quad (۱۸)$$

- ۵- به‌روزرسانی U و D_t با توجه به S

- ۶- به‌دست‌آوردن B به‌صورت زیر:

$$B \leftarrow D_t^{-1} * U_s * H_b \quad (۱۹)$$

- ۷- محاسبه ماتریس SVD برای B :

$$B = P * D_t * Q^T \quad (۲۰)$$

$$(۲۱)$$

$$X \leftarrow D_t^{-1} * U_s * P$$

- ۸- به‌روزرسانی X به‌صورت X_L با توجه به L

- ۹- محاسبه مقادیر بهینه تبدیل‌یافته نهایی

$$G \leftarrow X_L \quad (۲۲)$$

همان‌گونه که اشاره شد، در این مقاله از هر سه روش یادشده جهت ادغام بردارهای ویژگی و به تبع آن کاهش قابل ملاحظه ابعاد ویژگی استفاده شده است. هر سه روش به‌صورت جداگانه بر روی هر یک از ماتریس‌های ویژگی استخراج‌شده (۱۵×۲۵ ویژگی) شامل ویژگی‌های موجک، انرژی و زمانی از مجموع (۴۵×۲۵ ویژگی) اعمال و در هر یک از این ماتریس‌ها، نخستین شش ردیف ماتریس تبدیل شامل بیشترین پراکندگی (۶×۲۵ ویژگی تبدیل‌یافته) را از هر سه استخراج کرده و به‌عنوان ماتریس تبدیل‌یافته نهایی (۱۸×۲۵ ویژگی تبدیل‌یافته) به مرحله انتخاب ویژگی اعمال می‌کنیم. همان‌گونه که در شکل (۵) و جدول (۴) مشاهده می‌شود، این ماتریس تبدیل‌یافته نهایی نه تنها ابعاد بردارهای

۶-۱-۱- تابع ارزیابی بر اساس ضریب همبستگی پیرسون (PCC)

به‌طور کلی همبستگی معیاری برای تعیین میزان ارتباط بین متغیرها است و به‌طور معمول با تحلیل رگرسیون همراه است. همچنین ضریب همبستگی بهترین معیار تشخیص وجود همبستگی یا عدم همبستگی مابین متغیرها بوده و حتی نوع، جهت و میزان همبستگی خطی آنها را مشخص می‌کند. به‌منظور همبستگی خطی متغیرها می‌توان از ضریب‌های همبستگی پیرسون (برای توزیع‌های نرمال) استفاده کرد [33].

در این مقاله و در مرحله انتخاب ویژگی از روشی آماری مبتنی بر همبستگی پیرسون استفاده شده است. هدف، انتخاب زیرمجموعه‌ای از ویژگی‌هاست که نه تنها به‌درستی انتخاب شده‌اند، بلکه دارای بیشترین همبستگی با سایر زیرمجموعه‌های مسئله از نظر برون‌دهی بوده و در عین حال که دارای ویژگی‌های درون‌دهی ناهمبسته بیشتری باشند [16].

در این راه کافی است، تمایز بین همبستگی‌های کلیه زیرمجموعه‌های ویژگی و نیز همبستگی درونی هر زیرمجموعه محاسبه شده و سپس به‌صورت نزولی، متناسب با تابع ارزیابی دسته‌بندی شوند. در این شرایط نخستین مقدار به‌یقین بهینه‌ترین پاسخ خواهد بود [33].

تابع ارزیابی استفاده‌شده در این مقاله مبتنی بر روش آماری پیرسون، تعریف شده است که به‌وسیله الگوریتم ژنتیک و با هدف تشخیص ویژگی‌های مؤثرتر و همبسته‌تر با پاسخ نهایی مورد ارزیابی قرار می‌گیرد. تابع ارزیابی زیر در *sub* زیرمجموعه و شامل k ویژگی تعریف شده و $\bar{F}_{zi}$ میانگین همبستگی ویژگی-طبقه و $\bar{F}_{ii}$ میانگین همبستگی ویژگی-ویژگی است. این رابطه درواقع معرف همبستگی پیرسون است که متغیرها در آن نرمالیزه شده‌اند. صورت کسر میزان تخمین گروهی ویژگی‌ها را ارزیابی می‌کند و در مخرج کسر میزان هم‌پوشانی ویژگی‌ها را ارزیابی قرار می‌دهد.

$$Fit_{sub} = \frac{k\bar{F}_{zi}}{\sqrt{k + k(k-1)\bar{F}_{ii}}} \quad (23)$$

۶-۲- الگوریتم انتخاب ویژگی پیشنهادی

در الگوریتم انتخاب ویژگی پیشنهادی این پژوهش، ابتدا یک جمعیت اولیه شامل N رشته، که هر رشته شامل m بیت

۲- استراتژی جستجو: پی‌گیری روشی بر اساس ایجاد یک طرح کلی در جهت ایجاد روندی برای جستجوی نامزد بعدی.

۳- ارزیابی زیرمجموعه: استفاده از تابع ارزیابی برای یافتن زیرمجموعه‌های مؤثر.

۴- معیار توقف: نوع قاعده برای محدود کردن فرایند جستجو در فضای مسئله.

۶-۱- انتخاب ویژگی به کمک الگوریتم ژنتیک^۱

الگوریتم‌های تکاملی در زمره روش‌های بهینه‌سازی تصادفی هستند. تصادفی‌بودن این روش‌ها، به‌خاطر استفاده از سازوکارهایی مانند تولید مجدد، جهش^۲، ترکیب مجدد^۳ (ادغام)، انتخاب طبیعی (فرایندی که توسط آن افرادی دارای مشخصه‌های مطلوب‌تر با احتمال بیشتری برای تولید افراد بعدی به‌کار می‌روند) شکل می‌گیرد [21]. الگوریتم ژنتیک که به‌عنوان یکی از روش‌های تصادفی بهینه‌یابی شناخته می‌شود که توسط جان هالند در سال ۱۹۶۷ ابداع شده است [22]. در این روش، ابتدا برای تعدادی ثابت که جمعیت نامیده می‌شود، مجموعه‌ای از پارامترهای هدف به‌صورت اتفاقی تولید می‌شود و پس از ارزیابی وضعیت جمعیت اولیه، هر یک از اعضای جمعیت را توسط معیاری معین مورد اعتبارسنجی قرار می‌دهد. این عمل را برای تک تک اعضای ایجادشده تکرار کرده، سپس با فراخوانی عملگرهای الگوریتم ژنتیک از جمله جهش، ترکیب مجدد، انتخاب نسل بعد را شکل می‌یابد و این روال تا مهیاشدن معیار هم‌گرایی ادامه داده می‌شود [21] و [22]. به‌صورت متداول سه معیار به‌عنوان معیارهای توقف برای این روش در نظر گرفته شده است: الف) زمان اجرای الگوریتم ب) تعداد نسل‌هایی که ایجاد می‌شوند ج) هم‌گرایی به‌کمک تابع معیار [21]. در این مقاله معیار توقف از نوع سوم و به‌کمک روش ارزیابی آماری پرکاربرد مبتنی بر همبستگی ضرایب پیرسون (PCC) جهت اعتبارسنجی زیرمجموعه‌های مؤثر انتخابی استفاده شده است که در ادامه بدان پرداخته می‌شود.

¹ Genetic Algorithm

² Mutation

³ Crossover

⁴ Pearson Correlation Coefficient

(جدول ۵-): پارامترهای استفاده شده در الگوریتم ژنتیک
(Table-5): Parameters used in genetic algorithm

پارامترها	شرایط ۱	شرایط ۲
اندازه جمعیت	۱۰۰	۳۰۰
طول رشته جمعیت	۴۵ و ۱۸	۴۵ و ۱۸
تولید جمعیت	۳۰	۱۰۰
نرخ تقاطع	۰/۴	۰/۴
نرخ جهش	۰/۰۱۴	۰/۰۱۴

در این مقاله برای تخمین تعداد ویژگی‌های بهینه از روشی کارآمد و ساده استفاده شده و آن را برای هر دو دسته ویژگی‌ها یعنی GAPCC-W و GAPCC-WD و تحت شرایط یکسان برای تابع برازندگی مورد ارزیابی قرار داده شده است. تعداد مطلوب ویژگی‌های انتخاب شده از $k=1$ شروع به افزایش می‌کند (معادله (۲۳)) و به تبع آن مقدار برازندگی به تدریج شروع به افزایش کرده تا دوباره کاهش می‌یابد. مقداری از k که مرز بین افزایش و کاهش است، تعداد ویژگی‌های بهینه مورد نظر است (به جدول (۶) و (۷) توجه کنید). بنابراین با توجه به استدلال اشاره شده، می‌توان گفت که تابع ارزیابی، بیشینه تعداد ویژگی‌های مؤثر را مشخص می‌کند؛ اما برای پیدا کردن مؤثرترین دسته از ویژگی‌ها با توجه به جدول (۶) و (۷) باید اشاره کرد که نه تنها تعداد ویژگی‌های مؤثر در دسته GAPCC-W نسبت به GAPCC-WD کمتر است (ده عدد از بین ۴۵ ویژگی در مقابل شش عدد از بین هجده ویژگی) بلکه ویژگی‌های تکراری در هر k بیشتر شده (ویژگی‌های مشخص شده به رنگ قرمز) و در نتیجه با افزایش هر k ، ویژگی‌های تکراری مؤثرتری انتخاب شده‌اند. مقایسه هم‌گرایی به سمت هدف برای هریک از دسته‌های GAPCC-W و GAPCC-WD به‌ازای هر یک از شرایط موجود در جدول (۵)، در شکل (۷) و (۸) نشان داده می‌شود.

۷- ابزارهای طبقه‌بندی

در این مقاله برای ارزیابی دقت سامانه پیشنهادی تشخیص نارسایی‌های دریچه‌ای قلب، دو شبکه عصبی پرکاربرد، با ساختار پویا و ایستا مورد استفاده قرار گرفته است. نخستین شبکه عصبی مورد استفاده شبکه عصبی المان است. شبکه عصبی المان از نوع شبکه‌های خودبازگشتی^۱ و پویا است. در شبکه‌های عصبی خودبازگشتی اتصالات در جهتی هستند که لایه‌های بعدی را به لایه‌های قبلی متصل می‌سازند [38]. دومین شبکه مورد نظر این مقاله، شبکه پرسپترون چندلایه است. شبکه پرسپترون چندلایه دارای ساختار ساده‌ای است که توانایی ارائه نگاشتی دقیق از سامانه‌های غیرخطی را دارد.

¹ recurrent

است، (هر بیت نشان‌دهنده وجود و یا عدم وجود ویژگی مورد نظر است) به صورت تصادفی با توزیع یک‌نواخت بین تمام ویژگی‌ها انتخاب می‌شوند؛ سپس میزان برازندگی با ترکیب ویژگی‌های انتخاب شده و تابع برازندگی اشاره شده، مورد ارزیابی قرار گرفته و در مرحله بعد با استفاده از مقادیر اشاره شده در جدول (۵) و ارزیابی به دست آمده است. عملگر تقاطع به روش تقاطع نقطه‌ای مورد استفاده قرار گرفته است. نرخ تقاطع همان‌گونه که در جدول (۵) ملاحظه می‌شود، مقداری معادل ۰/۴ در نظر گرفته شده است؛ این عدد معرف درصدی از جمعیت فعال حاضر است که باید در عمل تقاطع شرکت کنند. اگر این مقدار خیلی زیاد باشد، باعث خواهد شد تا فرصت تطابق در کروموزم از دست برود و همچنین اگر این مقدار خیلی کم در نظر گرفته شود، تعداد فرزندان تولید شده کافی نخواهد بود.

در این مقاله عملگر جهش به عنوان اصلی‌ترین مسئول تولید مجدد ژن‌های گم شده و عامل جلوگیری از کوچک شدن فضای جستجوی الگوریتم ژنتیک با نرخ جهش ۰/۰۱۴ استفاده شده، این نرخ جهش به معنای تغییر مقدار یکی از ژن‌های کروموزم از صفر به یک و یا بالعکس می‌باشد. گفتنی است با توجه به این که احتمال تأثیر عملگر جهش بر روی بخشی از جمعیت که عملگر تقاطع بر روی آن تأثیر نداشته، بیشتر است، لذا مقدار نرخ تقاطع در این مقاله کوچک‌تر از ۰/۵ انتخاب شده است.

پس از اعمال عملگرهای تقاطع و جهش در الگوریتم پیشنهادی، جمعیت بعدی محاسبه شده و دوباره میزان همبستگی ضرایب با جمعیت جدید مورد ارزیابی قرار می‌گیرد و این کار مرتب تکرار می‌شود. جهت مشخص شدن عملکرد الگوریتم‌های پیشنهادی در دو شرایط پارامتری، ساختار الگوریتم ژنتیک در دو شرایط زیر مورد ارزیابی قرار گرفته شده است (جدول (۵) را مشاهده کنید).

جهت ارزیابی روش پیشنهادی انتخاب ویژگی، هر دو دسته ویژگی‌ها استخراج شده (GAPCC-W) و تبدیل یافته (GAPCC-WD) یعنی هم ویژگی‌های استخراج شده بدون استفاده از فرایند ادغام (برداری شامل ۴۵ ویژگی استخراج شده) و نیز بردارهای ویژگی بعد از مرحله ادغام ویژگی (هر سه بردار شش مؤلفه‌ای تبدیل یافته حاصل از سه روش به صورت هجده مؤلفه‌ای) را به مرحله انتخاب ویژگی انتقال و با هم مقایسه شده است.

هر لایه از نورون‌ها^۱ به واسطه وزن^۲های مشخصی به یکدیگر مرتبط شده و در هر نورون، یک عملکرد خاص ریاضی به نام تابع فعال‌ساز^۳، ارتباط مابین لایه‌های ورودی، خروجی و میانی را معین می‌کند [48].

۷-۱- نتایج پیاده‌سازی مرحله طبقه‌بندی

جهت رسیدن به بهترین نتایج، مرحله طبقه‌بندی با توجه به آزمایش‌های متعدد به‌دست آمده است که تا مشخصات مربوط به شبکه‌ها اعم از تعداد نورون‌های لایه پنهان، وزن‌های شبکه و تابع فعال‌سازی متناسب با شرایط مسأله به‌درستی مهیا شوند. این شرایط برای هر دو شبکه دارای یک لایه پنهان، شامل دوازده نورون با تابع tansig و پنج نورون خروجی (با توجه به دسته‌های بیماری به خروجی سامانه تشخیص) به‌دست آمده و همچنین به‌ترتیب تابع tansig برای MLP و تابع purelin برای ENN به توابع فعال‌سازی لایه خروجی انتخاب شده است. تعداد اپوک‌ها^۴ برابر پانصد و میزان خطا برای توقف آموزش برابر با ۰.۰۰۱ در نظر گرفته شده است. برای آموزش^۵ و آزمایش^۶ شبکه‌های پیشنهادی در این مقاله، به سه روش داده‌ها (۱۰۰٪، ۸۰٪ و ۶۰٪ از داده‌های کل به‌صورت تصادفی)، در اختیار هر دو شبکه عصبی قرار گرفته و میانگین دقت تشخیص داده‌های آموزشی (ACC) و مجموع میانگین مربع خطا^۷ (MSE) به‌ازای ده مرتبه اجرای مرحله آموزش، به‌دست آمده و پس از تکمیل مراحل آموزش، وزن‌های هر دو شبکه را نگه داشته و این بار به‌ازای داده‌های آزمایشی (۲۰٪ و ۴۰٪ از داده‌های کل به‌صورت تصادفی)، مورد آزمایش قرار گرفته شده و میانگین دقت تشخیص داده‌های آزمایشی (ACC) و مجموع میانگین مربع خطا (MSE) به‌ازای هر ده مرتبه آموزشی را مورد آزمایش قرار داده و درنهایت نتایج در جداول (۸-۱۳) قرار داده شده است؛ همچنین مقایسه نتایج این جداول نشان از این دارد که روش انتخاب ویژگی GAPCC-WD و نیز طبقه‌بندی‌کننده عصبی ENN نسبت به روش دیگر نتایج بهتری در هر دو مرحله آموزش و آزمایش دارد؛ اما با توجه به نزدیکی نتایج به یکدیگر به‌خصوص در معیار میانگین نرخ تشخیص صحیح، شاید به‌اشتباه به نظر برسد تفاوت چندانی میان روش‌های انتخاب ویژگی به کار رفته نیست. با توجه به

معیار واریانس در جداول اشاره‌شده، فاصله پراکندگی تشخیص داده‌های صحیح کمتر بوده که درمجموع پایداری پاسخ بالاتری را به‌دنبال دارد. از طرفی دیگر معیار مجموع میانگین مربع خطا، نشان از وزن‌دهی مناسب‌تر شبکه‌های عصبی داشته است. همچنین بالارفتن متوسط نرخ بازشناسی داده‌های آموزشی و آزمایشی در نتایج ساختار پیشنهادی، نشان از قابلیت تعمیم بهتر این ساختار برای مرحله طبقه‌بندی دارد. از نظر مقایسه زمان و حجم محاسباتی به‌یقین روش GAPCC-WD به‌علت ساختار پیچیده‌تر، هزینه محاسباتی را افزایش داده اما با توجه به معیار متوسط نرخ بازشناسی در جداول، این هزینه محاسباتی خرج افزایش دقت بازشناسی الگوهای بیماری شده است.

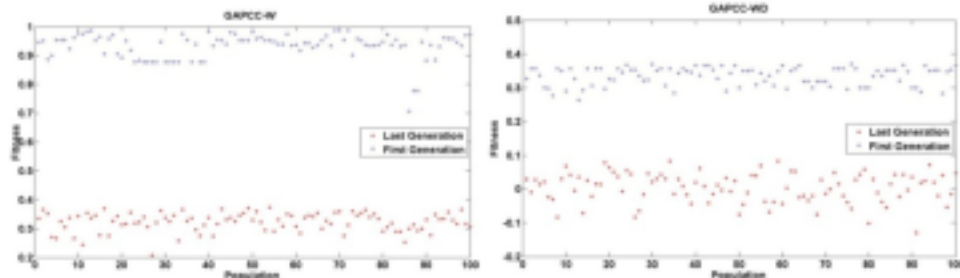
۸- نتیجه‌گیری

در این مطالعه، سامانه‌ای هوشمند بر اساس تشخیص صداهای قلب با استفاده از گوشی پزشکی الکترونیکی معرفی شده است. مهم‌ترین مسأله در یک سامانه هوشمند تشخیص بیماری قلبی، استفاده از داده‌های اولیه مناسب است؛ بدین معنا که این داده‌ها نه تنها باید با توجه به تجهیزات و شرایط بالینی بیمار ثبت شده باشند، بلکه باید مطابق با تشخیص درست پزشک برچسب‌گذاری شده باشند. بدین منظور در این مقاله، هم از داده‌های تحت نظارت مستقیم پزشک و هم داده‌های برچسب‌خورده معتبر در وب‌سایت‌های معتبر استفاده شد. در مرحله پیش‌پردازش به‌منظور افزایش دقت مرحله استخراج ویژگی، سیگنال‌های پایه را در بازه‌های مناسبی قطع‌بندی کرده و جهت کاهش نوفه‌های محیطی و تنفسی بیمار در حین ثبت، در دو مرحله تحت فیلترینگ قرار گرفته است. در مرحله استخراج ویژگی سعی بر این بوده است تا حد امکان از تمام شاخصه‌های سیگنال صوتی پیش‌پردازشی استخراج ویژگی صورت گیرد. پانزده ویژگی موجدک از سه سطح ۵، ۶ و ۷ سیگنال‌های جزئیات، پانزده ویژگی شناختی از مؤلفه‌های زمانی این سیگنال‌ها قلبی و پانزده ویژگی آماری از انرژی زیر سیگنال‌های موجدک و سیگنال‌های قلبی استخراج شده است. سه روش ترکیب و ادغام ویژگی‌ها PCA، LDA و LDAU جهت تأمین ساختارهای ترکیبی مناسب‌تر و در عین حال با ابعاد کمتر مورد استفاده قرار گرفته و جهت مقایسه بهتر روش پیشنهادی، در هر دو شرایط یعنی استفاده از این ویژگی‌های ترکیبی و بدون استفاده از آنها، مراحل انتخاب ویژگی و طبقه‌بندی پیاده‌سازی شده است؛ درواقع وجه تمایز سامانه

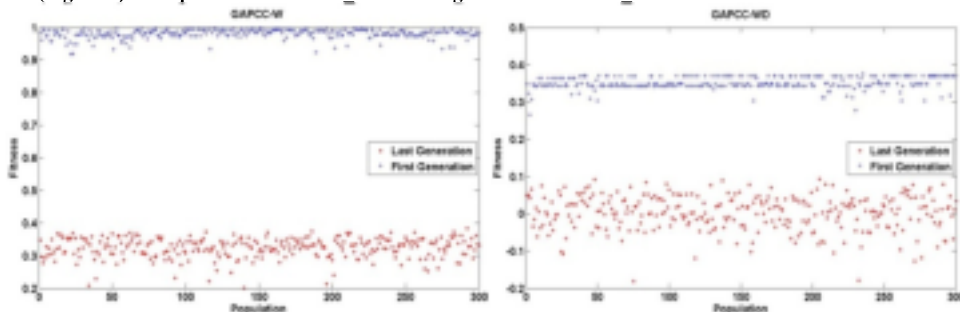
¹ neurons
² weights
³ activation function
⁴ epoch
⁵ Training
⁶ Testing
⁷ Mean Square Error

مجزا طبقه‌بندی شده است. مقایسه نتایج در جداول این پژوهش نشان می‌دهد که مدل‌سازی فرآیند تشخیص بیماری در چپه‌ای قلب بر اساس شیوه نوین ادغام و کاهش ابعاد ویژگی و در نهایت انتخاب ویژگی‌های بهینه با استفاده از الگوریتم ژنتیک بر مبنای همبستگی داده‌های تبدیل‌شده، صحت و دقت طبقه‌بندی را تا حد قابل ملاحظه‌ای افزایش داده است.

هوشمند طراحی‌شده در این پژوهش نسبت به دیگر کارهای انجام‌شده در این زمینه، به مرحله انتخاب ویژگی‌های بهینه در آن مربوط می‌شود. روش پیشنهادی بر اساس انتخاب بردارهای ویژگی مؤثر با استفاده از روش بهینه‌سازی ژنتیک و نیز تابع ارزیابی مبتنی بر ضرایب همبستگی پیرسون شکل می‌گیرد که در نهایت به وسیله شبکه‌های عصبی، مؤثرترین ویژگی‌های انتخابی شامل ویژگی‌های استخراجی اولیه و نیز ویژگی‌های به‌دست‌آمده از روش‌های ترکیب ویژگی به‌صورت



(شکل-۷): مقایسه هم‌گرایی GAPCC_WD با GAPCC_W برای دسته AR تحت شرایط ۱-
(Figure-7): Comparison of GAPCC_WD convergence with GAPCC_W for AR class under conditions -1



(شکل-۸): مقایسه هم‌گرایی GAPCC_WD با GAPCC_W برای دسته AR تحت شرایط ۲-
(Figure-8): Comparison of GAPCC_WD convergence with GAPCC_W for AR class under conditions -21

(جدول-۶): جدول انتخاب ویژگی از GAPCC-WD برای دسته AR (شرایط ۲)

(Table-6): Feature selection table from GAPCC-WD for AR category (Condition 2)

ویژگی انتخاب شده	بیشترین مقدار برازندگی	k
WD_{17}	۰,۱۵۶۶	۱
WD_{17}, WD_{17}	۰,۲۱۰۹	۲
$WD_{17}, WD_{17}, WD_{16}$	۰,۲۳۰۶	۳
$WD_{17}, WD_{17}, WD_{17}, WD_{17}$	۰,۲۵۴۰	۴
$WD_{17}, WD_{17}, WD_{17}, WD_{17}, WD_{17}$	۰,۳۶۸۸	۵
$WD_{17}, WD_{17}, WD_{17}, WD_{17}, WD_{17}, WD_{17}$	۰,۳۶۵۹	۶
$WD_{17}, WD_{17}, WD_{17}, WD_{17}, WD_{17}, WD_{17}, WD_{17}$	۰,۳۳۸۸	۷

(جدول-۷): جدول انتخاب ویژگی از GAPCC-W برای دسته AR (شرایط ۲)

(Table-7): Feature selection table from GAPCC-W for AR category (Condition 2)

ویژگی انتخاب شده	بیشترین مقدار برازندگی	k
W_{17}	۰,۲۱۳۳	۱
W_{17}, W_{17}	۰,۳۱۸۰	۲
W_{17}, W_{17}, W_{17}	۰,۳۳۶۶	۳
$W_{17}, W_{17}, W_{17}, W_{17}$	۰,۳۴۲۸	۴
$W_{17}, W_{17}, W_{17}, W_{17}, W_{17}$	۰,۳۶۲۲	۵
$W_{17}, W_{17}, W_{17}, W_{17}, W_{17}, W_{17}$	۰,۳۶۸۵	۶
$W_{17}, W_{17}, W_{17}, W_{17}, W_{17}, W_{17}, W_{17}$	۰,۳۷۲۱	۷
$W_{17}, W_{17}, W_{17}, W_{17}, W_{17}, W_{17}, W_{17}, W_{17}$	۰,۴۰۶۴	۸

$W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}$	۰,۴۰۸۵	۹
$W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}$	۰,۴۲۷۶	۱۰
$W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}, W_{f3}$	۰,۳۷۶۴	۱۱

(جدول-۸): جدول مقادیر ACC و MSE از GAPCC-W (۱۰۰٪ داده‌های آموزشی)

(Table-8): Table of ACC and MSE values from GAPCC-W (100% educational data)

GAPCC-W	(ACC),(MSE)	MLP (شرایط ۱)	ENN (شرایط ۱)	MLP (شرایط ۲)	ENN (شرایط ۲)
مرحله آموزش به ازای ۱۰۰٪ داده‌ها	Min (Acc)	٪۷۴,۴	٪۷۵,۲	٪۷۶,۸	٪۷۸,۶
	Max (Acc)	٪۱۰۰	٪۱۰۰	٪۹۹,۲	٪۱۰۰
	Average (Acc)	۰,۹۴	۰,۹۱,۶۰	۰,۸۸,۶۴	۰,۹۵,۳۸
	Variance (Acc)	٪۰,۸۵	٪۰,۸۳	٪۰,۹۵	٪۰,۷۳
	Min (MSE)	۰,۰۲۰۱	۰,۰۱۱۰	۰,۰۴۹۹	۰,۰۱۲۸
	Max (MSE)	۰,۰۹۳۶	۰,۰۹۱۱	۰,۰۲۶۵	۰,۰۹۸۹
	Average (MSE)	۰,۰۵۹۷	۰,۰۶۳۸	۰,۰۹۷۸	۰,۰۴۸۱
	Variance (MSE)	$۶,۱۴ \times ۱۰^{-۴}$	$۹,۷۷ \times ۱۰^{-۴}$	$۳,۹۰ \times ۱۰^{-۴}$	$۸,۸۶ \times ۱۰^{-۴}$

(جدول-۹): جدول مقادیر ACC و MSE از GAPCC-WD (۱۰۰٪ داده‌های آموزشی)

(Table-9): Table of ACC and MSE values from GAPCC-WD (100% educational data)

GAPCC-WD	(ACC),(MSE)	MLP (شرایط ۱)	ENN (شرایط ۱)	MLP (شرایط ۲)	ENN (شرایط ۲)
مرحله آموزش به ازای ۱۰۰٪ داده‌ها	Min (Acc)	٪۶۲,۵	٪۷۸,۴	٪۸۶,۱	٪۸۰
	Max (Acc)	٪۱۰۰	٪۱۰۰	٪۱۰۰	٪۱۰۰
	Average (Acc)	٪۸۹,۵۳	٪۹۳,۸۴	٪۹۸,۳۱	٪۹۳,۹۲
	Variance (Acc)	٪۱,۶۷	٪۰,۹۹	٪۰,۲۰	٪۰,۹۲
	Min (MSE)	۰,۰۴۳۸	۰,۰۲۰۱	۰,۰۱۲۳	۰,۰۱۶۳
	Max (MSE)	۰,۰۹۶۴	۰,۰۷۸۸	۰,۰۶۹۹	۰,۰۹۵۰
	Average (MSE)	۰,۰۵۶۸	۰,۰۶۰۳	۰,۰۳۷۴	۰,۰۵۷۹
	Variance (MSE)	$۳,۳۷ \times ۱۰^{-۴}$	$۳,۲۸ \times ۱۰^{-۴}$	$۵,۵۹ \times ۱۰^{-۴}$	$۷,۸۱ \times ۱۰^{-۴}$

(جدول-۱۰): جدول مقادیر ACC و MSE از GAPCC-W (۶۰٪ داده‌های آموزشی و ۴۰٪ داده‌های آزمایشی)

(Table-10): Table of ACC and MSE values from GAPCC-W (60% educational data and 40% experimental data)

GAPCC-W	(ACC),(MSE)	MLP (شرایط ۱)	ENN (شرایط ۱)	MLP (شرایط ۲)	ENN (شرایط ۲)
مرحله آموزش به ازای ۶۰٪ داده‌ها	Min (Acc)	٪۶۱,۳	٪۷۶	٪۷۳	٪۷۷,۵
	Max (Acc)	٪۱۰۰	٪۱۰۰	٪۱۰۰	٪۱۰۰
	Average (Acc)	٪۹۲,۱۳	٪۹۵,۰۶	٪۸۹,۳۰	٪۹۰,۹۵
	Variance (Acc)	٪۱,۷۲	٪۰,۸۶	٪۱,۳۲	٪۱,۸۹
	Min (MSE)	۰,۰۱۹۷	۰,۰۱۷۸	۰,۰۱۹۵	۰,۰۲۶۳
	Max (MSE)	۰,۰۱۰۵	۰,۰۱۱۴	۰,۰۹۱۱	۰,۰۹۴۵
	Average (MSE)	۰,۰۶۳۰	۰,۰۵۸۱	۰,۰۵۶۳	۰,۰۵۸۳
	Variance (MSE)	$۶,۰۶ \times ۱۰^{-۴}$	$۸,۵۰ \times ۱۰^{-۴}$	$۶,۰۷ \times ۱۰^{-۴}$	$۶,۸۹ \times ۱۰^{-۴}$
مرحله آزمایش به ازای ۴۰٪ داده‌ها	Min (Acc)	٪۵۴	٪۴۲	٪۶۱	٪۵۲
	Max (Acc)	٪۷۸	٪۹۶	٪۱۰۰	٪۹۶
	Average (Acc)	٪۷۰,۲۰	٪۷۵,۶۰	٪۶۹,۱	٪۶۹
	Variance (Acc)	٪۱,۳۹	٪۳,۹۳	٪۱,۶۹	٪۱,۷۸

(جدول-۱۱): جدول مقادیر ACC و MSE از GAPCC-WD (۶۰٪ داده‌های آموزشی و ۴۰٪ داده‌های آزمایشی)

(Table-11): Table of ACC and MSE values from GAPCC-WD (60% educational data and 40% experimental data)

GAPCC-WD	(ACC),(MSE)	MLP (شرایط ۱)	ENN (شرایط ۱)	MLP (شرایط ۲)	ENN (شرایط ۲)
مرحله آموزش به ازای ۶۰٪ داده‌ها	Min (Acc)	٪۸۰	٪۷۲	٪۸۰	٪۸۱
	Max (Acc)	٪۱۰۰	٪۱۰۰	٪۱۰۰	٪۱۰۰
	Average (Acc)	٪۹۲,۸۵	٪۹۲,۸۰	٪۹۶,۸۰	٪۹۵,۹۱
	Variance (Acc)	٪۰,۶۱	٪۱,۳۸	٪۰,۴۵	٪۰,۶۶
	Min (MSE)	۰,۰۱۰۶	۰,۰۱۴۹	۰,۰۱	$۸,۲۵ \times ۱۰^{-۴}$
	Max (MSE)	۰,۰۸۵۳	۰,۰۹۷۹	۰,۰۵۹۵	۰,۰۸۷۳
	Average (MSE)	۰,۰۴۶۷	۰,۰۶۷۰	۰,۰۳۷۶	۰,۰۴۴۴
	Variance (MSE)	$۴,۳۲ \times ۱۰^{-۴}$	$۱,۱۰ \times ۱۰^{-۴}$	$۲,۸۷ \times ۱۰^{-۴}$	$۷,۵۳ \times ۱۰^{-۴}$
	Min (Acc)	٪۴۴	٪۴۸	٪۶۰	٪۶۶

	Max (Acc)	٪۹۶	٪۱۰۰	٪۱۰۰	٪۱۰۰
	Average (Acc)	٪۷۲٫۶۰	٪۶۸٫۸۰	٪۸۳٫۶۰	٪۸۷٫۴۰
	Variance (Acc)	٪۲٫۹۷	٪۳٫۵۰	٪۱٫۶۴	٪۱٫۹۵

(جدول-۱۲): جدول مقادیر ACC و MSE از GAPCC-W (۸۰٪ داده‌های آموزشی و ۲۰٪ داده‌های آزمایشی)

(Table-12): Table of ACC and MSE values from GAPCC-W (80% educational data and 20% experimental data)

GAPCC-W	(ACC),(MSE)	MLP (شرایط ۱)	ENN (شرایط ۱)	MLP (شرایط ۲)	ENN (شرایط ۲)
مرحله آموزش به ازای داده‌ها ۸۰٪	Min (Acc)	٪۶۷٫۱	٪۷۲	٪۷۹٫۸	٪۸۰
	Max (Acc)	٪۱۰۰	٪۱۰۰	٪۱۰۰	٪۱۰۰
	Average (Acc)	٪۹۱٫۵۱	٪۹۰٫۱۰	٪۸۹٫۵۸	٪۹۵٫۸۰
	Variance (Acc)	٪۱٫۳۲	٪۱٫۳۸	٪۰٫۸۵	٪۰٫۷۰
	Min (MSE)	۰٫۰۳۵۶	۰٫۰۳۷۵	۰٫۰۲۰۹	$۶٫۴۸ \times ۱۰^{-۳}$
	Max (MSE)	۰٫۳۵۲	۰٫۰۹۴۴	۰٫۱۲۱	۰٫۰۹۲۴
	Average (MSE)	۰٫۰۹۹۳	۰٫۰۷۱۷	۰٫۰۷۶۰	۰٫۰۵۴۳
	Variance (MSE)	$۸٫۳۰ \times ۱۰^{-۲}$	$۳٫۴۳ \times ۱۰^{-۲}$	$۱٫۱۰ \times ۱۰^{-۲}$	$۷٫۹۳ \times ۱۰^{-۲}$
مرحله آزمایش به ازای داده‌ها ۲۰٪	Min (Acc)	٪۴۰	٪۶۳	٪۵۶	٪۶۸
	Max (Acc)	٪۸۸	٪۱۰۰	٪۱۰۰	٪۱۰۰
	Average (Acc)	٪۶۳٫۹۰	٪۷۴	٪۶۹٫۲	٪۸۲٫۷
	Variance (Acc)	٪۲٫۷۴	٪۱٫۵۶	٪۲٫۴۶	٪۱٫۲۴

(جدول-۱۳): جدول مقادیر ACC و MSE از GAPCC-WD (۸۰٪ داده‌های آموزشی و ۲۰٪ داده‌های آزمایشی)

(Table-13): Table of ACC and MSE values from GAPCC-WD (80% educational data and 20% experimental data)

GAPCC-WD	(ACC),(MSE)	MLP (شرایط ۱)	ENN (شرایط ۱)	MLP (شرایط ۲)	ENN (شرایط ۲)
مرحله آموزش به ازای داده‌ها ۸۰٪	Min (Acc)	٪۷۶	٪۷۶	٪۸۰	٪۸۶
	Max (Acc)	٪۱۰۰	٪۱۰۰	٪۱۰۰	٪۱۰۰
	Average (Acc)	٪۹۰	٪۹۱٫۴۰	٪۹۷٫۴	٪۹۸٫۶۰
	Variance (Acc)	٪۰٫۹۳	٪۰٫۹۶	٪۰٫۲۳	٪۰٫۲۰
	Min (MSE)	۰٫۰۱۵۱	۰٫۰۲۸۰	۰٫۰۱۹۶	$۹٫۵۶ \times ۱۰^{-۳}$
	Max (MSE)	۰٫۰۹۷۰	۰٫۰۹۴۴	۰٫۰۸۹۳	۰٫۰۸۵۶
	Average (MSE)	۰٫۰۶۴۲	۰٫۰۶۷۵	۰٫۰۴۰۴	۰٫۰۵۱۳
	Variance (MSE)	$۷٫۳۷ \times ۱۰^{-۲}$	$۵٫۲۱ \times ۱۰^{-۲}$	$۵٫۷۵ \times ۱۰^{-۲}$	$۴٫۷۴ \times ۱۰^{-۲}$
مرحله آزمایش به ازای داده‌ها ۲۰٪	Min (Acc)	٪۵۲	٪۶۰	٪۷۶	٪۷۲
	Max (Acc)	٪۹۲	٪۱۰۰	٪۱۰۰	٪۱۰۰
	Average (Acc)	٪۷۱٫۲	٪۷۶	٪۸۴٫۸	٪۸۸٫۲
	Variance (Acc)	٪۱٫۹۸	٪۱٫۳۲	٪۰٫۸۱	٪۱٫۲۵

the fast fourier transform in the frequency analysis of the second heart sound in normal man,” *Med Biol Eng Comput*, No.14, pp.455–460, 1976.

- [3] A. Sepchri, A. Gharchbaghi, T. Dutoit, A. Kocharianc, A. Kiani, “A novel method for pediatric heart sound segmentation without using the ECG”, *computer methods and programs in biomedicine*, 2009.
- [4] C. Ahlstrom, “Nonlinear Phonocardiographic Signal Processing”, *Linköping studies in science and technology Dissertations*, No. 1168, 2008.
- [5] C. J. Liu, and H. Wechsler, “A Shape- and Texture-Based Enhanced Fisher Classifier for Face Recognition,” *IEEE Trans. Image Processing*, vol. 10, no. 4, pp. 598–608, 2001.
- [6] C. Yang, L. Wang, J. Feng, “On Feature Extraction via Kernels”, *IEEE Transaction on and systems*, vol. 38, no. 2, 2008.

سپاس‌گزاری

این پژوهش با حمایت و پشتیبانی گروه برق الکترونیک دانشکده مهندسی دانشگاه آزاد اسلامی مشهد و نیز همکاری بی‌شائبه بخش مراقبت‌های ویژه قلبی بیمارستان ولی عصر بیرجند صورت گرفته است.

9- References

۹- مراجع

- [1] A. P. Yoganathan, R. Gupta, F. E. Udwadia, J. W. Miller, W. H. Corcoran, R. Sarma, J. L. Johnson, and R. J. Bing. “Use of the fast Fourier transform in the frequency analysis of the first heart sound in normal man”, *Med Biol Eng Compute*, No. 14, pp.69–73, 1976.
- [2] A. P. Yoganathan, R. Gupta, F. E. Udwadia, W. H. Corcoran, R. Sarma, and R. J. Bing. “Use of

Trans. Pattern Anal. Mach. Intel., vol. 26, no. 11, pp. 1424–1437, 2004.

- [22] J. H. Holland, "Adaptation in natural and artificial systems", Ann Arbor, MI, Univ of Michigan, 1975
- [23] J. Krajewski, M. Golz, D. Sommer, & R. Wicland, "Genetic Algorithm Based Feature Selection Applied on Predicting Micro sleep from Speech", *4th European Congress of the International Federation for Medical and Biological Engineering (MBEC)*, Antwerpen, Belgium, 2008.
- [24] J. M. Alajarm, R. R. Merino, "Efficient method for events detection in phonocardiographic signals", in *Proceedings of SPIE*, Vol. 5839. pp. 398–409, 2005.
- [25] J. Tian, R.W. Dai, "Fingerprint classification system with feedback mechanism based on genetic algorithm", *IEEE Trans. Syst*, 1998.
- [26] J. Yang, 1998, V. Honavar, "Feature Subset Selection Using a Genetic Algorithm", *Intelligent Systems, IEEE computers Society*, pp. 44–49.
- [27] J. Yu, Q.i Tian, T. Rui, T. S. Huang, "Integrating Discriminant and Descriptive Information for Dimension Reduction and Classification", *IEEE Transaction on circuits and systems for video technology*, vol. 17, no. 3, 2007.
- [28] J. Ye, 2005, "Characterization of a Family of Algorithms for Generalized Discriminant Analysis on Undersampled Problems", *Journal of Machine Learning Research*, No.6, pp.483–502.
- [29] Y. Jieping, R. Janardan, Q. Li, H. Park, "Feature Reduction via Generalized Uncorrelated Linear Discriminant Analysis", *IEEE Transaction on knowledge and data engineering*, 2006.
- [30] K. Abbas, Abbas, R.M. Kasim, "Mitral Regurgitation PCG-Signal Classification based on Adaptive Db-Wavelet", *4th Kuala Lumpur International Conference on Biomedical Engineering*, 2008.
- [31] K. Patil, "An efficient retrieval technique for heart sounds using psychoacoustic similarity", *International Journal of Engineering Science and Technology* Vol. 2, No. 12, pp.7324–7328, 2010.
- [32] L. Oliveira, R. Sabourin, F. Bortolozzi, and C. Suen, "A methodology for feature selection using multi-objective genetic algorithms for handwritten digit string recognition", *International Journal of Pattern Recognition*, 2003.
- [33] M. Dash, H. Liu, "Consistency-based search in feature selection," *Artificial Intelligence*, No.151, pp. 155–176, Elsevier Pub, 2003.
- [34] M. Ichino, J. Sklansky, "Optimum feature selection by zero-one programming," *IEEE*
- [7] C. Guyton, and J.E. Hall, *Textbook of Medical Physiology*, 2006.
- [8] E. Comak, A. Arslan, I. Turkoglu, "A decision support system based on support vector machines for diagnosis of the heart valve diseases", *Computers in Biology and Medicine*, No.37, pp. 21–27, 2007.
- [9] F. Pattarin, S. Paterlini, T. Minerva, "Clustering financial time series: An application to mutual funds style analysis", *Computational Statistics and Data Analysis*, 2004.
- [10] F. Ye, Z. Shi, Z. Shi, "A Comparative Study of PCA, LDA and Kernel LDA for Image Classification", *International Symposium on Ubiquitous Virtual Reality*, 2009.
- [11] F. Rushmer, C. Morgan, "Meaning of murmurs", *American Journal of Cardiology*, pp. 722–730, 1968.
- [12] *Frontiers in bioscience*, <http://www.bioscience.org/atlas/heart/sound/sound.htm>
- [13] G. Amit, N. Gavriely, N. Intrator, "Cluster analysis and classification of heart sounds", *Biomedical Signal Processing and Control* 4, pp. 26–36, 2009.
- [14] G. Smith, T.C. Fogarty and I.R. Johnson, "Genetic selection of feature for clustering and classification", 1994.
- [15] G. Guraksin, U. Ergun and O. Deperlioglu, "The Analysis of Heart Sounds and a Pocket Computer Application via Discrete Fourier Transform, Fourier Transforms", *New Analytical Approaches and FTIR Strategies*, 2008.
- [16] Hall, M.A. "Correlation-based Feature selection for Machine Learning," Ph.D. Thesis, Department of Computer Science. Hamilton, New Zealand: The University of Waikato, 1999.
- [17] I. Dagher, "Incremental PCA-LDA Algorithm", *International Journal of Biometrics and Bioinformatics (IJBB)*, Vol. 4: Issue (2), 2008.
- [18] I. Maglogiannisa, E. Loukisb, E. Zafiropoulosb, A. Stasisb, "Support Vectors Machine-based identification of heart valve diseases using heart sounds", *computer methods and programs in biomedicine*. Vol.9, No.5, pp. 47–61, 2009.
- [19] I. Turkoglu, A. Arslan, E. Ilkay, "An expert system for diagnosis of the heart valve diseases", *Expert Systems with Applications*, 2002.
- [20] I. Turkoglu, A. Arslan, E. Ilkay, "An intelligent system for diagnosis of the heart valve diseases with wavelet packet neural networks", *Computers in Biology and Medicine*, pp.319–331, 2003.
- [21] I.-S. Oh, J.-S. Lee and B.-R. Moon, "Hybrid genetic algorithms for feature selection," *IEEE*

- [48] S. Areerachakul, S. Sanguansintukul, "Classification and Regression Trees and MLP Neural Network to Classify Water Quality of Canals in Bangkok", Thailand, *International Journal of Intelligent Computing Research (IJICR)*, 2010.
- [49] S.R. Bhatikar, C. DeGroff, R.L. Mahajan, "A classifier based on the artificial neural network approach for cardiologic auscultation in pediatrics", *Artificial Intelligence in Medicine*. Vol.33, No.3, pp. 251–260, 2005.
- [50] T. Jolliffe, "Principal Component Analysis". New York: Springer Verlag, 1986.
- [51] T. Jolliffe, "Principal Component Analysis", Statistical Theory and Methods, Springer, 2002.
- [52] T. Olmez, Z. Dokur, "Classification of heart sounds using an artificial neural network", *Pattern Recognition Letters* 24 617–629, 2003.
- [53] <http://feeds.texasheart.org/HeartSoundsPodcastSeries>
- [54] <https://www.wilkes.mcd.ucla.edu/incx.html>
- [55] X. S. Zhang, Y. S. Zhu, N. V. Thakor, Z. Wang, "Detecting ventricular tachycardia and fibrillation by complexity measure", *IEEE Trans. Biomed. Eng.*, No.46, pp. 548–555, 1999.
- [56] Y.C. Yeh, W.J. Wang, C.W. Chiou, "Feature selection algorithm for ECG signals using Range-Overlaps Method", *Expert Systems with Applications*, 2009.
- [57] Z. Dokur, T. Olmez, "Feature determination for heart sounds based on divergence analysis", *Digital Signal Process*, pp 521-531, 2008.
- [58] Z. Jiang, S. Choi, "A cardiac sound characteristic waveform method for in-home heart disorder monitoring with electric stethoscope", *Expert Systems with Applications*, Vol. 3, No, 2, pp. 286–298, 2006.
- Trans. on Systems, Man and Cybernetics, SMC, Vol.14, No.5, pp.737–746, 1984.
- [35] M. T. Pourazad, Z. Moussavi, and G. Thomas, "Heart sound cancellation from lung sound recordings using time-frequency filtering", *Med Biol Eng Comput*, Vol.44, No.3, pp.216–25, 2006.
- [36] N. Belhumeur, J. Hespanha, and D. Kriegman, "Eigenfaces vs. Fisherfaces: Recognition Using Class Specific Linear Projection," *Proc. ECCV*, pp. 45–58, 1996.
- [37] N. Kwak C.H, Choi, "Input Feature Selection for Classification Problems", *IEEE Transactions on Neural Networks*, vol. 13, no.1, 2002.
- [38] O. Mokhlessi; H.M. Rad, N. Mehrshad, "Utilization of 4 types of Artificial Neural Network on the diagnosis of valve-physiological heart disease from heart sounds", *17th Iranian Conference of Biomedical Engineering (ICBME) IEEE Conferences*, 2010.
- [39] O. Mokhlessi, N. Mehrshad, S. Razavi. "Using Mixture Structures of Neural Networks in Order to Detect Cardiac Arrhythmias Using Fusion of Temporal and Wavelet Features", 2011.
- [40] P. P. Chunrong, 2007, P. Zhang, P. Jianhuan, "A Dynamic Feature Extraction Based on Wavelet Transforms for Speaker Recognition", *IEEE Transaction*.
- [41] Q. Hu, W. Pedrycz, D. Yu, J. Lang "Selecting Discrete and Continuous Features Based on Neighbourhood Decision Error Minimization", *IEEE Transactions on System*, 2009.
- [42] R. Duda, P.E. Hart, D.G. Stork, "Pattern Classification", second ed., Wiley Publishing, New York, 2007.
- [43] R. Jensen, Q. Shen, "Finding Rough Set Reducts with Ant Colony Optimization", *Proceedings of the UK Workshop on Computational Intelligence*, pp 15-22, 2003.
- [44] R.A. Fisher, "The Use of Multiple Measures in Taxonomic Problems," *Ann. Eugenics*, vol. 7, pp. 179-188, 1936.
- [45] R.F. Rushmer, *Cardiovascular Dynamics*, 4th ed. W.B. Saunders, Philadelphia, 1976.
- [46] Richeldi, M., Lanzi, P. Performing "Effective Feature Selection by Investigating the Deep Structure of the Data", pp. 379-383 of: *Proceedings of the Second International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining*. AAAI Press, 1996.
- [47] S.A. Subbotin, A.A. Oleynik, V.K. Yatzenko, "Feature Selection Based on the Modification of Ant Colony Optimization Method" // *Radioelectronics and Informatics*, 2006.



امید مخلصي مدرک کارشناسی ارشد خود را در رشته مهندسی برق الکترونیک از دانشگاه بیرجند در سال ۱۳۸۹ اخذ کرده و از سال ۱۳۹۶ در مقطع دکترا در دانشگاه آزاد اسلامی واحد مشهد در حال

تحصیل است. در حال حاضر به عنوان مدرس در چند دانشگاه و مؤسسه آموزش عالی در حال فعالیت است. زمینه های پژوهشی مورد علاقه ایشان عبارتند از: پردازش سیگنال های حیاتی، پردازش تصویر، تحلیل داده ها، طراحی سامانه های هوشمند و شبکه های عصبی است. همچنین در

زمینه طراحی سامانه‌های نوین انرژی مبتنی بر انرژی‌های تجدیدپذیر در حال فعالیت است.
نشانی رایانامه ایشان عبارت است از:
Omidmokhlessi@yahoo.com



سیدجواد سید مهدوی چابک دانش

آموخته دکترا مهندسی برق الکترونیک از دانشگاه علم صنعت ایران بوده و ایشان در حال حاضر به‌عنوان عضو هیئت علمی و استادیار تمام وقت در دانشگاه آزاد

اسلامی مشهد و در دانشکده مهندسی در حال فعالیت هستند. زمینه‌های پژوهشی مورد علاقه ایشان عبارتند از: سامانه‌های تحمل خطا، طراحی مدار مدرن دیجیتال، محاسبات نرم و کاربردهای آن در طراحی تکاملی مدارات دیجیتال، الکترونیک دیجیتال، سامانه‌های چندپردازنده‌ای.
نشانی رایانامه ایشان عبارت است از:

Mahdavi@mshdiau.ac.ir



آیدا علیرضائی دکترای حرفه‌ای خود را

در رشته پزشکی عمومی از دانشگاه علوم پزشکی بیرجند در سال ۱۳۸۹ و نیز دکترای تخصصی خود را در زمینه تخصص بیماری‌های داخلی از دانشگاه علوم پزشکی

مشهد در سال ۱۳۹۷ اخذ کرده‌اند. ایشان در حال حاضر به‌عنوان متخصص در دانشگاه علوم پزشکی نیشابور در حال فعالیت هستند. زمینه‌های پژوهشی مورد علاقه ایشان عبارتند از: کاردیولوژی و پزشکی قلب و عروق، بیماری‌های درجه‌ای قلب و الکتروفیزیولوژی، بیماری‌های زمینه‌ای و اتوایمیون، بیماری‌های رماتیسمی.
نشانی رایانامه ایشان عبارت است از:

Aidaalirezadee@gmail.com

