

پیش‌بینی درجات تومور مغزی گلیوما با استفاده

از یادگیری ماشین گروهی



حجت امامی^{۱*}، بابک آذر نوید^۲، محسن عبدالحسین زاده^۳

دانشیار دانشکده فنی و مهندسی، گروه مهندسی کامپیوتر، دانشگاه بناب، بناب، ایران*

استادیار دانشکده علوم پایه، گروه ریاضی و علوم کامپیوتر، دانشگاه بناب، بناب، ایران

استادیار دانشکده علوم پایه، گروه ریاضی و علوم کامپیوتر، دانشگاه بناب، بناب، ایران

چکیده

گلیوماها شایع‌ترین تومورهای اولیه دستگاه عصبی‌اند که انواع مختلفی از تومورها با درجات مختلف بدخیمی را شامل می‌شوند. تشخیص و درجه‌بندی دقیق این تومورها به دلیل ماهیت تهاجمی و پیش‌رونده برخی از انواع آن، به یک چالش اساسی در حوزه پزشکی تبدیل و این پژوهش بر روی یک مجموعه داده عمومی شامل ۸۳۹ نمونه از پایگاه داده TCGA (اطلس ژنوم سرطان) انجام شده است؛ داده‌ها شامل بیست ویژگی ژنتیکی (وضعیت جهش در ژن‌هایی همانند IDH1، TP53 و ATRX) و سه ویژگی بالینی (نژاد، جنسیت و سن) هستند که هدف، دسته‌بندی تومورها به دو گروه گلیوما درجه پایین و گلیوبلاستوما است؛ تاکنون چندین مدل یادگیری ماشین برای حل مسئله تشخیص و درجه‌بندی گلیوما ارائه شده است که به نتایج قابل قبولی دسته یافته‌اند؛ با این حال، تلاش در این زمینه جهت توسعه مدلی با بیشترین کارایی در دسته‌بندی و درجه‌بندی تومورها نیاز است؛ زیرا کارایی مدل‌های موجود با حالت ایده‌آل فاصله زیادی دارد. نوآوری این پژوهش، ارائه یک چهارچوب یادگیری ماشین گروهی دولایه (EML) است که برای نخستین بار از ترکیب چهار مدل یادگیر پایه شامل یادگیری ماشین بردار پشتیبان (SVM)، تقویت دسته‌بندی (CatBoost)، درخت‌های به شدت تصادفی (ERT) و جنگل تصادفی (RF) جهت تنوع بخشی و افزایش دقت دسته‌بندی و همچنین یک متامدل شامل رگرسیون لجستیک (LR) استفاده می‌کند؛ همچنین، از یک رویکرد ترکیبی خلاقانه متشکل از الگوریتم‌های Boruta و SHAP برای انتخاب زیرمجموعه بهینه ویژگی‌ها بهره گرفته شده است. این رویکرد با هدف کاهش واریانس، جلوگیری از بیش‌برازش و افزایش دقت پیش‌بینی طراحی شده است. نتایج آزمایش‌ها روی مجموعه داده آزمون حاکی از آن است که مدل پیشنهادی ELM با کسب مقدار صحت ۸۹.۲۹ درصد روی مجموعه داده آزمون بهترین رتبه را در بین سایر مدل‌های هم‌تا کسب کرده است؛ همچنین الگوریتم‌های RF و LR به ترتیب با کسب مقدار صحت ۸۷.۲۷ درصد و ۸۶.۸۸ درصد روی داده‌های آزمون در جایگاه دوم و سوم قرار گرفتند.

واژگان کلیدی: تومور مغزی گلیوما، تشخیص گلیوما، داده کاوی، یادگیری گروهی، بهینه‌سازی پارامتر.

Predicting glioma brain tumor grades using ensemble machine learning

Hojjat Emami^{1*}, Babak Azarnavid², Mohsen Abdolhosseinzadeh³

Associate Professor, Department of Computer Engineering, Faculty of Engineering, University of Bonab, Bonab, Iran^{1*}

Assistant Professor, Department of Mathematics and computer science, Basic Science Faculty, University of Bonab, Bonab, Iran²

Assistant Professor, Department of Mathematics and computer science, Basic Science Faculty, University of Bonab, Bonab, Iran³

Abstract

Gliomas, or in other words, aggressive and progressive brain tumors, lead to great complexity in the diagnosis and treatment of patients. While recent machine learning models provided encouraging results in glioma diagnosis and grading, the topic is open, and more efforts are needed. Existing models, despite encouraging results, often fall short of the ideal diagnostic state, highlighting the need for further research to develop robust and high-performing predictive models.

This study introduces an optimized ensemble machine learning (EML) model designed to maximize classification (grading) performance and mitigate the pervasive issue of overfitting in glioma grading. Our approach employs a two-layer architecture that synergistically combines diverse weak and base learners. In the first layer, a diverse set of learners, including support vector machine (SVM),

* Corresponding author

* نویسنده عهده‌دار مکاتبات

categorical boosting (CatBoost), extremely randomized trees (ERT), and random forest (RF), is integrated. This initial ensemble aims to capture a broad spectrum of grading patterns and enhance the overall accuracy by leveraging the complementary strengths of each base model. The outputs from this first layer, representing diversified classification probabilities, are then fed into a second-layer logistic regression (LR) model. This layer refines the predictions, performing the ultimate classification while explicitly addressing and eliminating the overfitting problem, thereby promoting better generalization to unseen data.

To rigorously evaluate the performance of the proposed ELM model, a comprehensive comparison was conducted against its constituent base learners and counterpart machine learning models. All models were assessed using a standard, publicly available glioma dataset. To prevent overfitting, examine the robustness of models, and evaluate models fairly, a 5-fold cross-validation strategy is used in experiments. The effectiveness of models was measured using four performance metrics, including accuracy, recall, precision, and F1-score.

The experimental results demonstrate the superior performance of the proposed EML model. Across all evaluated metrics, our model consistently outperformed the individual base learners and other benchmarked algorithms, securing the top rank in terms of accuracy. Specifically, the LR model operating on the first-layer ensemble predictions proved highly effective in both enhancing accuracy and preventing overfitting. Following our proposed model, the standalone LR and RF models demonstrated commendable performance, ranking second and third, respectively.

The findings of this study underscore the significant potential of an optimized EML model for advancing the field of glioma tumor grading. The proposed model generated promising results and mitigated overfitting through integrating diverse base learners and using an LR model as a meta-model. The results reveal that the proposed model is a reliable and robust tool that can aid Clinical specialists in effectively diagnosing and classifying gliomas, ultimately paving the way for improved patient satisfaction.

Keywords: Brain tumor, tumor detection, glioma, data mining, group learning, parameter optimization.

۱- مقدمه

تومورهای مغزی گلیوما، به عنوان شایع ترین تومورهای اولیه دستگاه عصبی مرکزی، از سلول های گلیال یا پیش سازهای آن ها سرچشمه می گیرند و به دلیل ماهیت تهاجمی و روند پیشرفت سریعی که دارند، با نرخ بالای مرگ و میر مواجه اند. تومورهای گلیوما به انواع مختلفی تقسیم می شوند که شامل آستروسیتوما^۱، اولیگودندروگلیوما^۲ و اپنڈیموما^۳ هستند [۱]. دسته بندی این تومورها بر اساس درجه خطر و ویژگی های بافت شناسی برای مدیریت صحیح بیماری، شامل برنامه ریزی و نظارت بر درمان و همچنین پیش بینی میزان بقای بیمار، از اهمیت بسیار بالایی برخوردار است [۲، ۳].

درمان رایج گلیوما بر اساس درجه تومور تعیین می شود و به طور کلی شامل بیشینه برداشت جراحی، به دنبال آن پرتودرمانی و شیمی درمانی است. شیمی درمانی بر حسب معمول هم زمان یا متوالی با پرتودرمانی تجویز می شود [۳، ۴]. روش های تشخیص سنتی برای تعیین درجه تومور به طور معمول شامل بیوپسی بافتی^۴ و تحلیل میکروسکوپی است؛ اما این روش ها دارای خطرات و محدودیت هایی هستند؛ به همین دلیل، تلاش های زیادی برای توسعه روش های غیرتهاجمی تصویربرداری مانند تصویربرداری تشدید مغناطیسی^۵ (MRI) و استخراج ویژگی های رادیومیک صورت گرفته است. این روش ها می توانند به

فراهم آوردن داده های ارزشمند در خصوص تمایز تومورها و پیش بینی احتمال وخامت آن ها کمک کنند [۵، ۶]. ارزیابی پیشرفت فعلی تومور به ارزیابی بالینی و تفسیر MRI با استفاده از معیارهای ارزیابی پاسخ در نوروانکولوژی^۶ (RANO) بستگی دارد؛ با این حال، این رویکرد نیز دارای موانعی از جمله مشکل در تفسیر یافته های MRI، ناهمگونی و عدم هم زمانی رادیوتراپی، ناهنجاری های تصویربرداری، پیگیری پراکنده و مدیریت مراقبت های بهداشتی است. تصاویر MRI بیماران مبتلا به گلیوما، هنگامی که برای تغییرات در طول زمان (در پایان، پیش و پس از رادیوتراپی) تجزیه و تحلیل می شوند، می توانند ویژگی های پیش بینی کننده شکست درمان را شناسایی و در هدایت مراقبت های بیمارستانی از بیمار، کمک کنند؛ همچنین، به منظور بررسی پاسخ به درمان و طبقه بندی غیرتهاجمی گلیوما، پژوهشگران به بررسی پروتئومیکس^۷ روی آورده اند تا نشان گرای زیستی پروتئینی مرتبط با مداخلات را شناسایی کنند.

به نظر می رسد ترکیبی از دو روش تصویربرداری و نشان گرای زیستی مبتنی بر آزمایش های زیستی ضروری است [۷]. با توجه به حجم وسیع اطلاعات تولید شده به وسیله هر دو روش، موفقیت در این زمینه به استفاده از روش های محاسباتی و الگوریتم های هوش مصنوعی برای حل پیچیدگی و ناهمگونی ذاتی در پیشرفت گلیوما بستگی دارد [۳].

⁶ Response Assessment in Neuro-Oncology

⁷ Proteomics

¹ Astrocytomas

² Oligodendrogliomas

³ Ependymomas

⁴ Tissue Biopsy

⁵ Magnetic Resonance Imaging (MRI)

روش‌های موجود به نتایج امیدبخشی در حل مسئله درجه‌بندی گلیوما دست یافته‌اند؛ اما کارایی کسب‌شده ایده‌آل نبوده و نیاز است تا روش‌های جدید ارائه شوند و یا روش‌های موجود بهبود یابند. این مقاله توانسته است با ترکیب رویکردهای مختلف یادگیری ماشین، به بهبود قابل توجهی در دقت تشخیص و درجه‌بندی گلیوما نسبت به کارهای مشابه پیشین دست یابد. روش ارائه‌شده نه تنها دقت تشخیص را افزایش می‌دهد، بلکه با شناسایی مهم‌ترین ویژگی‌های مرتبط با درجه‌بندی گلیوما، امکان تحلیل دقیق‌تر و مؤثرتر داده‌های پزشکی را فراهم می‌کند؛ لذا این رویکرد ترکیبی با بهره‌گیری از نقاط قوت روش‌های مختلف یادگیری، به بهینه‌سازی فرایند تشخیص و ارائه ابزارهای پیشرفته‌تر برای تمایز بین انواع گلیوما، به‌ویژه در راستای بهبود مدیریت بالینی و نتایج درمانی، کمک شایانی می‌کند؛ بنابراین، در پژوهش حاضر، روش یادگیری ماشین گروهی^۷ (EML) با هسته پشته‌ای ارائه شده که هدف آن بهبود شاخص‌های کارایی و حل مشکل بیش‌برازش و کم‌برازش از طریق ترکیب الگوریتم‌های یادگیری متنوع است. روش پیشنهادی ساختاری دولایه دارد که در لایه نخست از ترکیبی از مدل‌های تقویت دسته‌بندی (CatBoost)، جنگل تصادفی (RF)، درخت‌های به‌شدت تصادفی (ERT) و ماشین بردار پشتیبان (SVM) و در لایه دوم از مدل رگرسیون لجستیک (LR) جهت ترکیب نتایج مدل‌های لایه نخست و تولید پیش‌بینی نهایی استفاده می‌شود. مدل پیشنهادی تا حد زیادی مشکل بیش‌برازش^۸ را حل کرده و موجب بهبود کارایی مدل‌های موجود می‌شود.

به‌اختصار، نوآوری‌های این پژوهش شامل موارد زیر است:

- ارائه یک راه‌کار یادگیری ماشین گروهی برای حل مسئله درجه‌بندی گلیوما: فرمول‌بندی مسئله درجه‌بندی تومورهای مغزی گلیوما به‌صورت یک مسئله یادگیری ماشین نظارتی، موجب می‌شود به‌سهولت بتوان از طیف وسیعی از الگوریتم‌های داده‌کاوی و یادگیری ماشین برای حل مسئله استفاده کرد.
- ارائه مدل یادگیری ماشین گروهی: مدل پیشنهادی EML با رویکردی نوآورانه، کارایی درجه‌بندی گلیوما را به‌شکل قابل‌توجهی بهبود می‌دهد. این مدل از یک ساختار دولایه بهره می‌برد که در لایه نخست، چهار الگوریتم یادگیری پایه شامل SVM، ERT، RF و CatBoost به‌صورت هوشمندانه با هم ترکیب شده‌اند. در لایه دوم، الگوریتم LR برای ترکیب نتایج لایه نخست به‌کار گرفته شده‌است. این رویکرد دولایه باعث

براساس طبقه‌بندی سازمان بهداشت جهانی^۱ (WHO) در سال ۲۰۱۶، گلیوماها به دو دسته اصلی تقسیم می‌شوند [۸]: گلیوماهای درجه پایین (LGG) و گلیوماهای درجه بالا (HGG). گلیوماهای درجه پایین، ازجمله درجه I (آستروسیتوماهای پیلوسیتیک^۲) و درجه II (آستروسیتوماهای منتشره^۳)، به‌طور کلی خوش‌خیم‌اند و رشد کندی دارند؛ درصورت تشخیص زودهنگام قابل درمان‌اند و دارای پیش‌آگهی^۴ بهتری برای بیمار هستند؛ درمقابل، گلیوماهای درجه بالا، شامل درجه III (آنپلاستیک آستروسیتوما^۵) و درجه IV (گلیوبلاستوما مالتی‌فرم^۶)، تومورهای بدخیم و خطرناک‌تری هستند که نرخ بقای بسیار پایینی دارند و درمان آن‌ها چالش‌های زیادی را به‌همراه دارد. گلیوبلاستوما (GBM)، به‌عنوان برجسته‌ترین و مرگبارترین نوع گلیوما، به‌سرعت رشد می‌کند و احتمال بروز عوارض شدید را افزایش می‌دهد [۹، ۱۰].

گلیوماهای با ویژگی‌های سرطانی متفاوت، واکنش‌های مختلفی به درمان نشان می‌دهند و این امر نیاز به روش‌های تشخیصی دقیق و زودهنگام را برجسته می‌سازد تا بتوان درمان‌های مؤثرتر و هدفمندتری را برنامه‌ریزی کرد؛ برای مثال، برخی از زیرنوع‌های گلیوماهای درجه پایین می‌توانند به‌سرعت به GBM تبدیل شوند؛ لذا تمایز سریع بین گلیوماهای LGG و GBM اهمیت بالایی دارد. موفقیت درمان بستگی به تعریف صحیح این طبقه‌بندی‌ها و شناخت ویژگی‌های بالینی و پاتولوژیک هر نوع دارد.

با توجه به پیچیدگی و تنوع تومورهای مغزی، استفاده از الگوریتم‌های یادگیری ماشین می‌تواند به افزایش دقت در تشخیص و درجه‌بندی آن‌ها کمک کند؛ و درنهایت به طراحی برنامه‌های درمانی بهینه و کاهش عوارض جانبی ناشی از روش‌های تهاجمی منجر شود. این روش‌ها امکان بهبود نتایج بالینی برای بیماران مبتلا به گلیوما را فراهم می‌سازند. در این پژوهش، تمرکز بر طبقه‌بندی تومورهای گلیوما به دو دسته اصلی گلیوما درجه پایین/خوش‌خیم (LGG) و گلیوبلاستوما/بدخیم (GBM) است.

به‌تازگی، چندین روش داده‌کاوی و یادگیری ماشین برای درجه‌بندی گلیوما ارائه شده‌است. برخی از برجسته‌ترین روش‌های موجود عبارت‌اند از: SMOTE_SVM [۱۱]، SMOTE_CatBoost [۱۱]، XGBoost [۱۲]، AdaBoost [۷] و RUS_SVM [۱۱].

¹ World Health Organization (WHO)

² Pilocytic astrocytomas

³ Diffuse astrocytomas

⁴ Prognosis

⁵ Anaplastic astrocytomas

⁶ Glioblastoma Multiforme

⁷ Ensemble machine learnign

⁸ Overfitting

افزایش پایداری و بهبود کارایی مدل در مقایسه با مدل‌های پایه می‌شود.

- انتخاب ویژگی ترکیبی: برای انتخاب ویژگی‌های تأثیرگذار در مدل پیشنهادی از ترکیب هوشمندانه دو الگوریتم SHAP و Boruta استفاده شد. روش پیشنهادی با حذف داده‌های نامربوط و زائد، به ساخت مدل یادگیری ماشین کارآمد، دقیق، سریع و قابل تفسیر کمک می‌کند.

- بهبود کارایی درجه‌بندی گلیوما: آزمایش‌های متعددی جهت ارزیابی روش پیشنهادی و مقایسه آن با سایر مدل‌ها صورت گرفته‌است. تحلیل نتایج آزمایش‌ها تأیید می‌کند که مدل پیشنهادی EML بهبود قابل توجهی نسبت به سایر همتایان کسب کرده‌است. مدل EML بر روی مجموعه داده آزمون به ترتیب مقادیر ۰.۸۹۲۹، ۰.۸۲۰۵، ۰.۹۴۱۲ و ۰.۸۷۶۷ بر حسب معیارهای صحت، دقت، یادآوری و F1 کسب کرده‌است که از برتری قابل توجهی در قیاس با سایر همتایان برخوردار است؛ همچنین تأثیر ویژگی‌های متعدد در درجه‌بندی گلیوما بررسی و مهم‌ترین ویژگی‌ها به ترتیب اهمیت مشخص شد تا راهنمای خوبی در تشخیص و درجه‌بندی گلیوما برای پزشکان باشد.

پس از این مقدمه، در بخش دو، کارهای مرتبط در زمینه تشخیص و درجه‌بندی تومورهای مغزی گلیوما مطرح شد. جزئیات روش پیشنهادی به همراه مؤلفه‌های آن در بخش سه بررسی شده‌است. در بخش چهارم، به ارزیابی و بحث بر روی نتایج پرداخته شده‌است؛ در نهایت، در بخش پنج به نتیجه‌گیری و ارائه پیشنهادهایی برای کارهای آینده پرداخته شده‌است.

۲- کارهای مرتبط

دسته‌بندی گلیوما برای بهینه‌سازی راهبردهای درمانی و بهبود بیماران بسیار مهم است. پیشرفت‌های اخیر در یادگیری ماشینی به طور قابل توجهی دقت و قابلیت اعتماد این فرایند را فراتر از تحلیل هیستوپاتولوژیک سنتی افزایش داده‌اند. با به کارگیری روش‌های یادگیری ماشین تغییر قابل توجهی در نحوه ارزیابی گلیوما ارائه شده‌است که می‌تواند به تشخیص‌های دقیق‌تر و تصمیم‌گیری‌های درمانی بهتر منجر شود.

مطالعات مختلفی در زمینه استفاده از الگوریتم‌های داده‌کاوی و یادگیری ماشین برای پیش‌بینی و طبقه‌بندی انواع گلیوما براساس انواع مختلف داده‌ها از جمله ویژگی‌های

رادیولوژیکی، بالینی و مولکولی تمرکز داشته‌اند. پژوهش‌گران از ویژگی‌های رادیومیک استخراج‌شده از پوشش‌های MRI برای پیش‌بینی غیرتهاجمی جهش‌های مولکولی و درجات تومور استفاده کرده‌اند؛ برای مثال، دیپاک و امیر [۱۳] با استفاده از یادگیری عمیق و انتقال ویژگی‌ها از مدل پیش‌آموزش‌دیده GoogLeNet برای استخراج ویژگی‌ها از تصاویر MRI برای تمایز بین سه نوع تومور مغزی استفاده کرده‌اند؛ همچنین، الکساس و همکاران [۱۴] یک سامانه درجه‌بندی مبتنی بر تصویربرداری برای تشخیص دقیق درجات مختلف تومورهای گلیوما با بهره‌گیری از روش‌های تصویربرداری مغناطیسی غیرتهاجمی و استخراج ویژگی‌های متنوع شامل مورفولوژیکی، بافتی و عملکردی توسعه داده‌اند؛ این ویژگی‌ها با کمک الگوریتم‌های پیشرفته انتخاب ویژگی، بهینه‌سازی شده و در نهایت به یک مدل شبکه عصبی چندلایه جهت طبقه‌بندی و تشخیص نهایی درجه تومورهای گلیوما وارد می‌شوند.

در حوزه کاربرد یادگیری ماشین و یادگیری عمیق برای درجه‌بندی و تشخیص گلیوما پژوهش‌هایی انجام شده‌است، اما تفاوت‌های قابل توجهی در روش‌شناسی، داده‌ها و اهداف نشان می‌دهند. وانگ و همکاران [۱۵] مدل‌های یادگیری ماشین کلاسیک مانند SVM برای درجه‌بندی گلیوما (درجه II، III و IV) از تصاویر اسلاید کامل (WSI) و نشان‌گر Ki-67 استفاده می‌کند؛ به طوری که با تفسیر کمی نتایج و به کار بستن ویژگی‌های مورفولوژیکی به دقت نود درصد دست یافته‌اند، اما در هر صورت وابستگی به داده‌های آسیب‌شناسی محدود (۱۴۶ مورد) و ادغام‌نشدن تصاویر چندمدالی مانند MRI است، موجب کاهش تعمیم‌پذیری نتایج می‌شود. ون و همکاران [۱۶] بر چهارچوب یادگیری عمیق گروهی مبتنی بر D U-Net 3 برای طبقه‌بندی و درجه‌بندی هم‌زمان گلیوما با MRI چندمدالی تأکید دارد؛ با وجود دقت مناسب، پیچیدگی محاسباتی بالا و نیاز به داده‌های بزرگ برای آموزش در محیط‌های بالینی محدود چالش‌برانگیز است. ژیا و همکاران [۱۷] به تمایز گلیوبلاستوما از متاستاز مغزی منفرد با رادیومیکس و مدل‌های تفسیرپذیر مانند LGBM پرداخته‌اند، با وجود دقت بالا (AUC بیش از ۰.۹)، اما با تمرکز صرف بر تمایز دوگانه (نه درجه‌بندی چندگانه) و نمونه‌های به نسبت کوچک (۴۳۴ بیمار) امکان جهت‌گیری نتایج وجود دارد. جوشی و همکاران [۱۸] رویکرد گروهی یادگیری ماشین برای پیش‌بینی وجود گلیوما و درجه‌بندی چندگانه با استفاده از نشانگرهای زیستی مانند hTERT و YKL-40 مورد توجه قرار داده‌اند، استفاده از داده‌های غیرتصویری

(۱۳۵ مورد)، موجب سادگی و دقت بالا شده‌است؛ اگرچه نیاز به اعتبارسنجی بیشتر در جمعیت‌های بزرگ‌تر دارد.

گوتا و همکاران [۱۹] نشان دادند که استفاده از ویژگی‌های یادگرفته‌شده به‌وسیله یک شبکه عصبی کانولوشنی (CNN) برای پیش‌بینی درجه گلیوما از ویژگی‌های رادیومیک رایج بهتر عمل می‌کند. چنگ و همکاران [۲۰]، با بهره‌گیری از مجموعه‌ای شامل ۲۱۵۳ ویژگی رادیومیک داخل تومور و اطراف آن استخراج‌شده از تصاویر چندپارامتری MRI پیش‌از عمل ۲۸۵ بیمار و با استفاده از روش‌های یادگیری ماشین مانند LASSO و mRMR برای انتخاب بهترین ویژگی‌ها، توانستند مدلی کارآمد برای پیش‌بینی درجه گلیوما ارائه دهند.

تاسچی و همکاران [۷] روشی سلسله‌مراتبی مبتنی بر رأی‌گیری برای انتخاب ویژگی و یادگیری ترکیبی با هدف درجه‌بندی گلیوما ارائه داده‌اند. این پژوهش با بهره‌گیری از داده‌های بالینی و مولکولی از پایگاه‌های داده عمومی TCGA و CGGA، به بررسی اهمیت فزاینده نشان‌گرهای مولکولی در طبقه‌بندی تومورها پرداخته است. روش پیشنهادی آن‌ها شامل استفاده از چهار روش کاهش ابعاد برای انتخاب ویژگی و پنج مدل یادگیری تحت نظارت بود که در مجموع شانزده ترکیب مختلف را برای یافتن بهترین عملکرد مورد بررسی قرار دادند؛ آن‌ها همچنین عملکرد روش خود را با روش انتخاب ویژگی LASSO به‌صورت جداگانه مقایسه کردند و نشان دادند که رویکرد ترکیبی مبتنی بر رأی‌گیری آن‌ها نسبت به روش LASSO برتری دارد. نتایج محاسباتی این مطالعه نشان داد که روش پیشنهادی به‌ترتیب به صحت ۰.۸۷۶۶ و ۰.۷۹۶۶۸ در مجموعه داده‌ها دست یافت. داده‌های مورد بررسی **تاسچی و همکاران** شامل ۸۳۹ رکورد داده و ۲۳ ویژگی است، که در پژوهش حاضر نیز مورد توجه قرار گرفته است.

در مطالعه‌ای که توسط **نویاندی و همکاران [۲۱]** انجام شده‌است، یک مدل هوش مصنوعی برای درجه‌بندی گلیوما با استفاده از مدل LightGBM و رویکردهای هوش مصنوعی قابل توضیح (XAI) توسعه یافته است. هدف اصلی این پژوهش، افزایش دقت و قابلیت اعتماد در درجه‌بندی گلیوما با استفاده از داده‌های مولکولی و بالینی بیماران از پایگاه داده اطلس ژنوم سرطان (TCGA) است. مدل LightGBM بهینه‌سازی‌شده در این مطالعه توانست به عملکرد مطلوبی نسبت به سایر مدل‌های یادگیری ماشینی مانند RF، Naive Bayesian و SVM دست یابد. نکته قابل توجه در این پژوهش، استفاده از روش‌های XAI به‌ویژه

مقادیر SHAP است. این روش به پژوهش‌گران امکان داد تا فرایند تصمیم‌گیری مدل را تفسیر کرده و جهش ژن IDH1 را به‌عنوان یک عامل پیش‌بینی‌کننده مهم در درجه‌بندی گلیوما شناسایی کنند.

سانچز-مارکس و همکاران [۱۱]، در پژوهشی رویکرد داده‌محور در یادگیری ماشینی برای بهبود پیش‌بینی درجه‌بندی گلیوما را مورد بررسی قرار داده‌اند. این مطالعه بر این فرض استوار بود که به‌جای تمرکز صرف بر روی الگوریتم‌ها، بهبود کیفیت داده‌ها می‌تواند منجر به عملکرد بهتر مدل شود. پژوهش‌گران با استفاده از داده‌های بالینی و نشان‌گرهای مولکولی از پایگاه داده TCGA، به بررسی تأثیر استانداردسازی و روش بیش‌نمونه‌برداری^۱ برای طبقه با تعداد کم پرداختند. نتایج تجربی آن‌ها نشان داد که این اقدامات، عملکرد چهار مدل یادگیری ماشینی رایج و دو مدل ترکیبی (Ensemble) را افزایش قابل‌توجهی می‌دهد. مدل‌های ترکیبی RF و CatBoost بهترین امتیازات را در میان تمامی مدل‌ها کسب کرده‌اند؛ یکی از یافته‌های کلیدی این پژوهش، تأیید اهمیت نشان‌گرهای مولکولی در درجه‌بندی گلیوما بود که از طریق تحلیل‌های توصیفی و الگوریتم‌های رتبه‌بندی ویژگی‌ها به‌دست آمد؛ درنهایت، این مطالعه مقایسه‌ای بین رویکرد مدل‌محور و داده‌محور انجام و نشان داد که روش داده‌محور پیشنهادی آن‌ها با صحت ۸۸/۲ درصد (با استفاده از روش بیش‌نمونه‌برداری) نسبت به روش مدل‌محور پیشین با مقدار صحت ۸۷/۶ درصد، عملکرد بهتری دارد.

سامارا و هری [۱۲]، یک رویکرد یک‌پارچه برای درجه‌بندی گلیوما با استفاده از یادگیری ماشینی و روش‌های انتخاب ویژگی Boruta، LASSO و SHAP معرفی کردند. هدف این پژوهش، شناسایی مهم‌ترین نشان‌گرهای ژنتیکی و بالینی و ارائه یک مدل با قابلیت تفسیرپذیری بالینی بود. این پژوهش‌گران با استفاده از یک مجموعه داده از TCGA که شامل ۲۳ ویژگی بود، سیزده ویژگی کلیدی از جمله جهش‌های ژن‌های مهم مانند (IDH1, TP53, ATRX)، سن در زمان تشخیص و نژاد را شناسایی کردند؛ آن‌ها سپس از این ویژگی‌های انتخاب‌شده برای آموزش چهار مدل یادگیری ماشینی XGBoost، SVM، RF و LR استفاده کردند. نتایج نشان داد که مدل LR به بالاترین صحت ۸۸.۰۹ درصد در مجموعه داده‌های آزمون دست یافته است.

استفاده از روش‌های هوش محاسباتی، داده کاوی و یادگیری ماشین در زمینه تشخیص و دسته‌بندی سایر انواع بیماری‌ها نیز استفاده شده‌است؛ برای مثال، پژوهش‌گران

^۱ Oversampling

برای تشخیص تومورهای سینه، از مدل‌های محاسبات نرم مبتنی بر فازی، تکاملی و هوش جمعی استفاده کرده‌اند [۲۹]. در پژوهشی دیگر، از مدل یادگیری ماشین انباشته برای دسته‌بندی و پیش‌بینی بیماری‌های کبدی استفاده شده‌است [۳۰]. نتایج مدل‌های یادگیری ماشین کارایی مطلوب آن‌ها را در حل مسائل حوزه پزشکی عیان کرده است؛ بنابراین، در ادامه یک روش مبتنی بر یادگیری ماشین برای پیش‌بینی درجات تومور مغزی گلیوما ارائه می‌کنیم.

۳- روش پیشنهادی

شکل (۱) ساختار کلی رویکرد پیشنهادی را نشان می‌دهد که شامل هشت مؤلفه اصلی است که عبارت‌اند از: پیش‌پردازش، تقسیم داده، انتخاب ویژگی، مدل یادگیرنده، تنظیم پارامترهای کنترلی، اعتبارسنجی مدل، پیش‌بینی و ارزیابی کارایی. در ادامه به تفصیل به بررسی این مؤلفه‌ها می‌پردازیم.

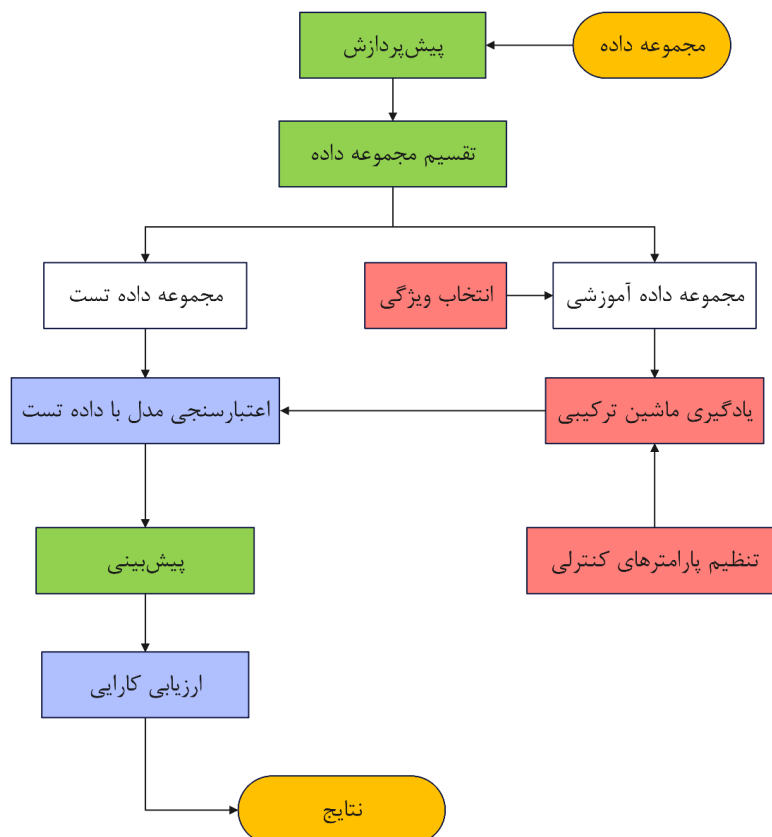
۳-۱- مجموعه داده‌ها و پیش‌پردازش

مجموعه داده مورد استفاده برای ارزیابی کارایی مدل‌ها از اطلس ژنوم سرطان و مقاله تاسچی و همکاران [۷] گرفته شده‌است. این مجموعه داده شامل ۸۳۹ رکورد داده و ۲۳ ویژگی است که افراد را در دو دسته گلیوماهای خوش‌خیم (LGG) و گلیوبلاستوما (GBM) طبقه‌بندی کرده‌است.

تعداد افراد در دسته LGG برابر ۴۸۷ و تعداد نمونه‌ها در دسته GBM برابر ۳۵۲ است. صفات در دو دسته ژنتیکی (بیست ویژگی) و بالینی (سه ویژگی) قرار دارند. مقادیر متغیرهای ژنتیکی بر حسب معمول به صورت جهش‌دار (=۱) و بدون جهش (=۰) نمایش داده می‌شوند. جدول (۱) مشخصات مجموعه داده مورد استفاده را نشان می‌دهد. مقادیر متغیرها که توصیفی هستند، به صورت نمایش دودویی یا عددی کدگذاری شده‌اند تا سازگاری مدل‌های یادگیری ماشین را تضمین کنند. توضیحات بیشتر در مورد مجموعه داده گلیوما در مرجع زیر آمده‌است:

<https://archive.ics.uci.edu/dataset/759/glioma+gradin+g+clinical+and+mutation+features+dataset>

شکل (۲) هم‌بستگی بین متغیرهای وابسته و متغیر هدف Grade را نشان می‌دهد. مقادیر هم‌بستگی پیرسون در شکل بیان‌کننده ارتباط خطی بین متغیرهای مختلف است. ضریب هم‌بستگی مقداری بین ۱- و ۱ است که در آن ۱- نشان‌دهنده هم‌بستگی خطی به طور کامل منفی بین دو متغیر، مقدار ۰ نشان‌دهنده نبود هم‌بستگی خطی بین دو متغیر و مقدار یک نشان‌دهنده هم‌بستگی خطی به طور کامل مثبت بین دو متغیر است؛ همان‌گونه که در شکل نشان داده شده‌است، متغیرهای Age و PTEN بیشترین هم‌بستگی را و در مقابل، متغیرهای IDH1 و ATRX کمترین هم‌بستگی را با متغیر هدف دارند.



(شکل-۱): ساختار روش پیشنهادی

(Figure-1): Structure of the proposed approach

(جدول ۱): مشخصات مجموعه داده تومور مغزی گلیوما
(Table-1): Characteristics of the glioma brain tumor dataset

شماره	ویژگی	توصیف	شماره	ویژگی	توصیف
۱	Gender	جنسیت (مرد=۰ و زن=۱)	۱۳	PIK3R1	زیر واحد تنظیمی یک کیناز فسفوانیزوتید-۳
۲	Age at diagnosis	سن (سال)	۱۴	FUBP1	پروتئینی که به عناصر خاص در ناحیه بالادستی ژن‌ها متصل می‌شود و در تنظیم بیان ژن نقش دارد
۳	Race	نژاد (سفید=۰، سیاه یا آفریقایی=۱، آسیایی=۲ و سرخ پوست آمریکایی یا بومی آلاسکا=۳)	۱۵	RB1	پروتئینی در تنظیم رونویسی ژن‌ها و مهار فعالیت‌های رونویسی ^۱
۴	IDH1	ژن ایزوسیترات دهیدروژناز ۱	۱۶	NOTCH1	گیرنده کلیدی در انتقال سیگنال‌های سلولی که در تنظیم فرایندهای بیولوژیکی حیاتی و توسعه بافت‌ها نقش دارد
۵	TP53	ژن سرکوبگر تومور مرتبط با پروتئین p53	۱۷	BCOR	پروتئینی که به BCL6 متصل می‌شود و فعالیت رونویسی آن را مهار کرده و در تنظیم بیان ژن‌ها، به‌ویژه در دستگاه ایمنی نقش دارد.
۶	ATRX	پروتئین بازسازی‌کننده کروماتین که نقش مهمی در تنظیم ژن و ثبات ژنوم ایفا می‌کند	۱۸	CSMD3	پروتئینی که در توسعه دستگاه عصبی و تنظیم فعالیت‌های سلولی نقش دارد و شامل چندین دامنه CUB و Sushi است
۷	PTEN	پروتئین سرکوبگر تومور و آنزیم فسفاتاز	۱۹	SMARCA4	پروتئینی که در تنظیم ساختار کروماتین و بیان ژن‌ها نقش دارد و به‌عنوان یک بخش کلیدی در کمپلکس‌های تنظیمی SWI/SNF شناخته می‌شود
۸	EGFR	گیرنده فاکتور رشد اپیدرمی	۲۰	GRIN2A	این ژن با تنظیم سیگنال‌دهی عصبی و تأثیر بر رشد و پاسخ به درمان نقش دارد
۹	CIC	پروتئین سرکوبگر رونویسی	۲۱	IDH2	ایزوسیترات دهیدروژناز ۲
۱۰	MUC16	ژن مرتبط با سطح سلول	۲۲	FAT4	ژن کدکننده پروتئینی که به‌عنوان عضوی از خانواده پروتئین‌های کاده‌رین شناخته می‌شود و در چسبندگی سلول‌ها به یکدیگر و تعیین قطبیت سلولی نقش دارد
۱۱	PIK3CA	زیر واحد کاتالیتیک آلفا فسفاتیدیل اینوزیتول	۲۳	PDGFRA	گیرنده فاکتور رشد مشتق از پلاکت آلفا
۱۲	NF1	نوروفیبرومین ۱			

استفاده شده است که در آن مقادیر گم‌شده هر ویژگی با میانۀ سایر مقادیر موجود در همان ویژگی جایگزین می‌شود. گفتنی است، روش‌های متعددی جهت مدیریت داده‌های گم‌شده وجود دارد. دلیل انتخاب روش میانه‌گیری از میان سایر روش‌های متعدد مدیریت داده‌های گم‌شده، مقاومت مطلوب آن در مقابل داده‌های پرت^۱ است.

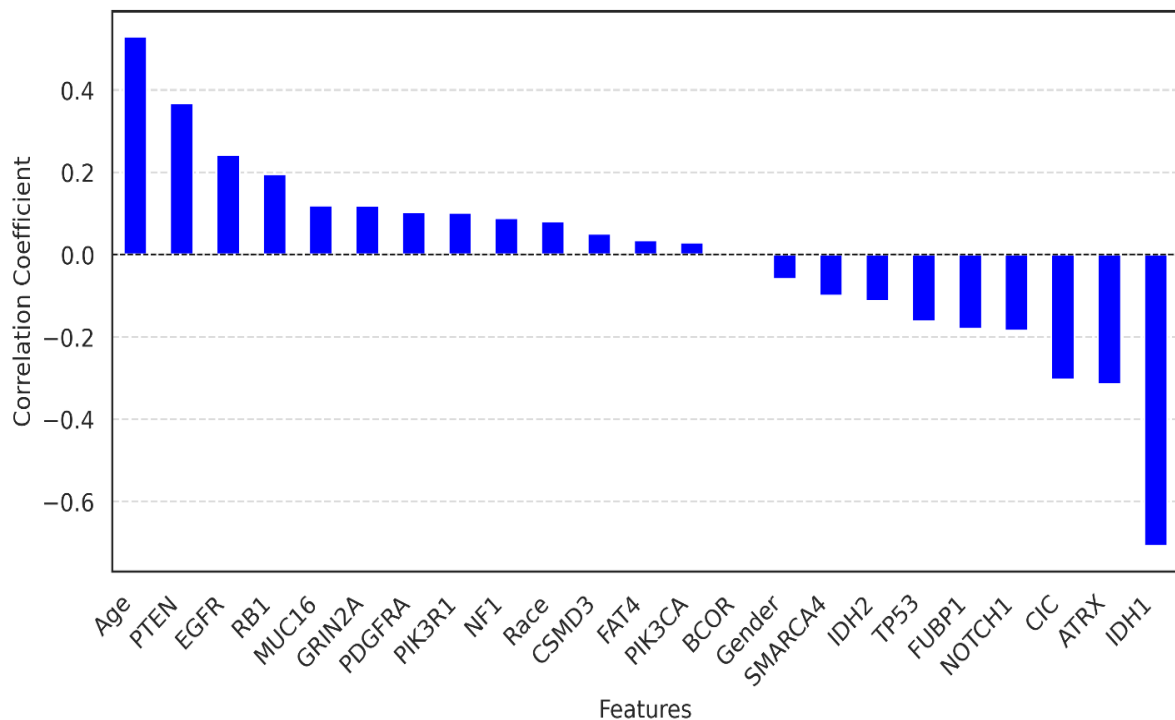
دیگر این‌که است که در برخی مجموعه داده‌ها ممکن است نیازی به انجام مراحل پیش‌پردازش نباشد، اما وجود مؤلفه پیش‌پردازش قابلیت استفاده از رویکرد پیشنهادی را تعمیم داده و برای مجموعه داده‌های مختلف آن را قابل استفاده می‌کند.

^۱ Outlier

مجموعه داده ورودی گلیوما در ابتدا پردازش شده است تا برای آموزش و آزمون مدل‌های یادگیری ماشین مناسب باشد. پیش‌پردازش شامل دو مرحله است:

- استانداردسازی مقادیر ویژگی‌های پیوسته برای یک‌دست کردن مقیاس آن‌ها: در این مرحله مقادیر ویژگی‌های پیوسته همانند ویژگی Age با استفاده از ماژول مقیاس‌بندی استاندارد در پایتون پردازش شده است تا مقادیر ویژگی‌های عددی در مقیاس قابل مقایسه قرار گیرند؛ دلیل این کار برقراری توازن در نقش ویژگی‌ها در فرایند آموزش مدل‌های یادگیری ماشین است.

- مدیریت داده‌های گم‌شده: در صورت وجود داده‌های گم‌شده، برای جایگزینی آن‌ها از روش میانه‌گیری



(شکل-۲): ضرایب هم‌بستگی بین ویژگی‌ها و متغیر هدف Grade در مجموعه داده گلیوما
(Figure-2): Correlation coefficient between features and target variable Grade in glioma dataset

۳-۳-۱- الگوریتم Boruta

این الگوریتم یک روش انتخاب ویژگی مبتنی بر پوشش است که برای تعیین تمام متغیرهای مرتبط با ارزیابی تکراری اهمیت آن‌ها با استفاده از یک دسته‌بند RF طراحی شده است؛ برخلاف روش‌های انتخاب ویژگی سنتی که ممکن است متغیرهای با اهمیت، اما با هم‌بستگی ضعیف را کنار بگذارند، Boruta ویژگی‌هایی را که در دسته‌بندی نقش معناداری دارند، حفظ می‌کند [۱۲]. در این روش، میزان اهمیت ویژگی I_i برای هر ویژگی i به صورت زیر محاسبه می‌شود:

$$I_i = \frac{1}{T} \sum_{t=1}^T G_i^t \quad (1)$$

در این رابطه، T تعداد کل درختان و G_i^t اهمیت جینی ویژگی i در درخت t در مدل یادگیری RF است. الگوریتم Boruta امتیاز هر ویژگی را با امتیاز ویژگی‌های سایه^۱ مقایسه می‌کند؛ در صورتی که رابطه زیر برای ویژگی I_i برقرار باشد، به عنوان ویژگی مرتبط انتخاب می‌شود.

$$I_i \geq \max(I_{shadow}) \quad (2)$$

در این رابطه، $\max(I_{shadow})$ بیان‌کننده بالاترین امتیاز در بین ویژگی‌های سایه است؛ ویژگی‌های سایه، نسخه‌های به هم ریخته از ویژگی‌های اصلی هستند که برای سنجش اهمیت واقعی آن‌ها در مدل یادگیری استفاده می‌شوند. اگر اهمیت یک ویژگی اصلی از نسخه تصادفی شده

^۱ Shadow

۳-۳-۲- تقسیم داده‌ها

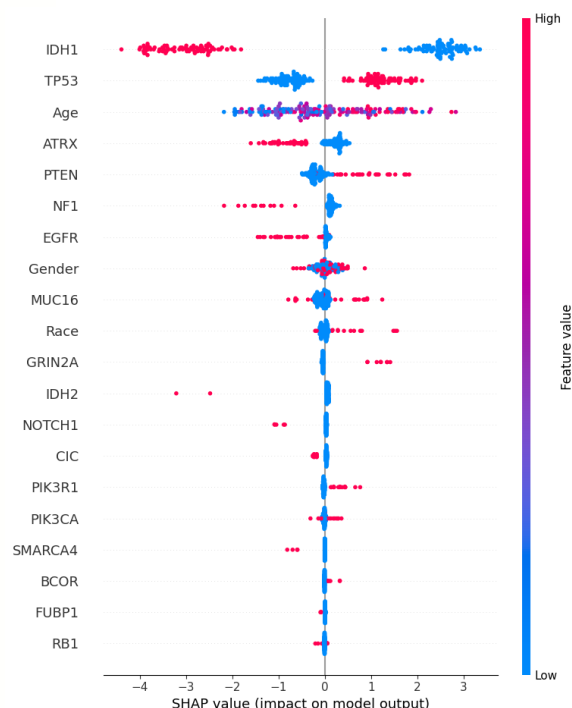
مجموعه داده ورودی به دو بخش داده‌های آزمایشی (هفتاد درصد) و آزمون (سی درصد) تقسیم شده است. مجموعه داده آموزشی برای آموزش مدل‌های یادگیری ماشین استفاده شده و مجموعه داده آزمون برای اعتبارسنجی مدل‌ها و ارزیابی کارایی آن‌ها استفاده می‌شود. در فرایند تقسیم راهبرد نمونه‌گیری طبقه‌بندی شده استفاده شد تا توزیع طبقه اصلی داده‌ها که شامل ۵۸.۰۵ درصد برای طبقه LGG و ۴۱.۹۵ درصد برای طبقه GBM است را حفظ کند. این روش تقسیم داده‌ها که با استفاده از شیوه Stratify کتابخانه train_test_split در پایتون انجام شده است، تعداد متوازن داده‌ها در هر دو دسته LGG و GBM را تضمین می‌کند.

۳-۳-۳- انتخاب ویژگی

برای انتخاب ویژگی‌ها، روش ترکیبی که شامل دو الگوریتم Boruta و SHAP است، پیشنهاد شد. در این روش که نسخه تغییر یافته رویکرد مطرح شده در مرجع [۱۲]، ابتدا الگوریتم‌های Boruta و SHAP به صورت مجزا بر روی مجموعه داده ورودی با تمامی ویژگی‌ها اعمال شده و هر کدام، زیرمجموعه‌ای از ویژگی‌ها را انتخاب می‌کنند؛ سپس از ویژگی‌های انتخاب شده هر کدام از الگوریتم‌ها، اشتراک گرفته می‌شود تا به عنوان ویژگی‌های نهایی استفاده شوند.

درنهایت، با اشتراک‌گیری از نتایج دو روش SHAP و Boruta، ویژگی‌های منتخب نهایی عبارت‌اند از: Age, Race, IDH1, TP53, ATRX, PTEN, EGFR, CIC, MUC16, NF1, PIK3R1, NOTCH1, IDH2

پس از اعمال عمل‌گر انتخاب ویژگی، مجموعه داده جدید با ویژگی‌های منتخب ایجاد می‌شود.



(شکل-۳): نمودار SHAP بر روی مجموعه داده آموزشی
(Figure-3): SHAP values on the training dataset

۳-۴- یادگیری ماشین گروهی

مدل یادگیری گروهی (EML) با ساختار پشته‌ای از طریق ترکیب الگوریتم‌های متنوع یادگیری ماشین برای کاهش بایاس و بهبود کارایی پیش‌بینی پیشنهاد شده است. شکل (۴) ساختار مدل یادگیری پیشنهادی را نشان می‌دهد. مدل یادگیری شامل دو لایه است که در لایه نخست چهار دسته‌بند قوی شامل SVM، CatBoost، ERT و RF مدل‌های پایه را تشکیل می‌دهند؛ سپس، در لایه دوم، مدل LR به عنوان متامدل استفاده شده است تا مقادیر پیش‌بینی شده از هر مدل پایه را ترکیب کرده و پیش‌بینی نهایی را به دست آورد. دلیل استفاده از LR در لایه دوم به عنوان یک متامدل ترکیب پیش‌بینی مدل‌های لایه نخست و جلوگیری از مشکل بیش‌برازش است. مجموعه داده آموزشی برای متامدل، مقادیر پیش‌بینی از مدل‌های پایه است که بر روی مجموعه داده آموزشی اصلی تولید شده است و مجموعه داده آزمون از میانگین مقادیر پیش‌بینی شده برای مجموعه آزمون اولیه تشکیل شده است؛ به منظور ایجاد مجموعه آزمون که به عنوان داده آموزشی لایه دوم استفاده خواهد شد، مدل‌های پایه بر روی مجموعه داده آموزشی

آن بیشتر نباشد، ممکن است آن ویژگی بی‌اهمیت باشد. الگوریتم Boruta به تعداد پانصد بار اجرا شده و مطابق روش ارائه شده در [۱۲] ویژگی‌هایی با امتیاز بالای ۸۵ درصد انتخاب شده‌اند. ویژگی‌های انتخاب شده به وسیله الگوریتم Boruta عبارت‌اند از:

Age, Race, IDH1, TP53, ATRX, PTEN, EGFR, CIC, MUC16, NF1, PIK3R1, FUBP1, RB1, NOTCH1, SMARCA4, IDH2

۳-۲- الگوریتم SHAP

الگوریتم توضیحات جمعی شیپلی^۱ (SHAP) یک رویکرد انتخاب ویژگی مبتنی بر قابلیت توضیح است که امتیاز هر متغیر را در پیش‌بینی‌های مدل کمی‌سازی می‌کند [۲۲]؛ برخلاف الگوریتم Boruta که بر اهمیت آماری تمرکز دارند، مقادیر SHAP از نظریه بازی‌ها استخراج می‌شوند و چگونگی تأثیر هر ویژگی بر تصمیمات دسته‌بندی را ارائه می‌دهند [۱۲]. برای محاسبه مقادیر SHAP، از الگوریتم یادگیری XGBoost و میانگین مطلق مقدار SHAP برای هر ویژگی محاسبه شد. در این روش، حد آستانه ۰.۰۲ برای پالایش متغیرهای کم‌اهمیت دنظر گرفته شد. مقدار SHAP برای ویژگی i در یک نمونه داده X به صورت زیر محاسبه می‌شود:

$$\omega_i = \sum_{S \subseteq F \setminus \{i\}} \frac{|S|!(|F|-|S|-1)!}{|F|!} [f(S \cup \{i\}) - f(S)] \quad (3)$$

در این رابطه، F نشان‌گر مجموعه کامل ویژگی‌ها و S زیرمجموعه‌ای از ویژگی‌ها به جز i است. عبارت $f(S \cup \{i\})$ پیش‌بینی مدل پس از افزودن ویژگی i است. عبارت $F(S)$ پیش‌بینی مدل است، در صورتی که تنها از زیرمجموعه S بهره ببرد.

شکل (۳) نمودار SHAP را نشان می‌دهد که اهمیت و اثرگذاری هر یک از ویژگی‌ها بر پیش‌بینی مدل را مشخص می‌کند. محور افقی نشان‌دهنده میانگین بزرگی SHAP است که نرخ تأثیر هر ویژگی بر خروجی مدل را نشان می‌دهد. محور عمودی رتبه ویژگی‌ها را بر اساس اهمیت آن‌ها، نشان می‌دهد. مقادیر مثبت و منفی SHAP نشان‌دهنده تأثیر افزایش و کاهش ویژگی‌ها بر پیش‌بینی مدل است؛ همان‌گونه که در شکل (۳) نشان داده شده است، ویژگی‌های انتخاب شده به وسیله SHAP عبارت‌اند از:

IDH1, TP53, Age, ATRX, PTEN, NF1, EGFR, Gender, MUC16, Race, GRIN2A, IDH2, NOTCH1, CIC, PIK3R1, PIK3CA

¹ SHapley Additive exPlanations

اولیه آموزش داده می‌شوند؛ به‌منظور جلوگیری از نشت داده‌ها^۱، در فرایند آموزش مدل از استراتژی اعتبارسنجی متقابل با $k=5$ استفاده شده‌است. در آموزش هرکدام از مدل‌ها، مجموعه داده آموزشی به‌طور تصادفی به پنج بخش تقسیم می‌شود که در هر مرحله، یکی از بخش‌ها به‌عنوان یک مجموعه اعتبارسنجی عمل کرده و هر بخش یک مقدار پیش‌بینی مربوط به داده‌های اعتبارسنجی را تولید می‌کند؛ درنهایت، برای تولید خروجی هرکدام از مدل‌ها، داده‌های اعتبارسنجی استفاده شده برای آموزش آن مدل تجمیع و میانگین مقادیر پیش‌بینی شده نیز محاسبه می‌شود تا رکورد متناظر مدل در لایه نخست تشکیل شود؛ هنگامی که خروجی تمام مدل‌ها تولید شد، رکوردهای حاصل تجمیع و در قالب یک مجموعه داده برای آموزش متامدل، به لایه دوم خوراند می‌شوند؛ متامدل در لایه دوم آموزش دیده و پیش‌بینی نهایی را برمی‌گرداند. قابل توجه است که (هفتاد درصد) داده‌ها برای آموزش مدل‌های پایه استفاده می‌شود و نتایج این مدل‌ها به‌عنوان ورودی برای آموزش مدل متا به‌کار می‌رود. در این مرحله، (سی درصد) داده‌های آزمون هیچ‌گونه نقشی ندارند و تنها برای ارزیابی و اعتبارسنجی کارایی مدل استفاده می‌شوند.

در شکل (۴) هر رنگ نماینده یک بخش کلیدی در این فرایند است. رنگ آبی نشان‌دهنده داده‌های اصلی آموزشی است که برای «آموزش» مدل‌های یادگیری ماشین به‌کار می‌روند. مدل‌های پایه با این داده‌های آبی رنگ آموزش می‌بینند. رنگ سبز بخش‌های داده‌ای اعتبارسنجی متقاطع (Cross-Validation) را نشان می‌دهد. در فرایند اعتبارسنجی متقاطع (k-fold Cross-Validation) که اینجا $k=5$ در نظر گرفته شده‌است، مجموعه داده آموزشی آبی رنگ به k بخش (fold) تقسیم شده‌است. در هر مرحله از آموزش، یکی از این قسمت‌ها (که با رنگ سبز مشخص شده‌است) به‌عنوان داده اعتبارسنجی کنار گذاشته شده و مدل روی $k-1$ قسمت باقی‌مانده (قطعه‌های آبی رنگ) آموزش می‌بیند. رنگ نارنجی نمایان‌کننده پیش‌بینی‌هایی است که مدل‌های پایه روی داده‌های اعتبارسنجی (سبز رنگ) انجام داده‌اند. قطعه‌های نارنجی رنگ «خروجی‌های میانی» مدل‌های یادگیر پایه هستند. خروجی‌های نارنجی رنگ جمع‌آوری شده و درنهایت به‌عنوان مجموعه داده آموزشی برای متامدل در لایه دوم استفاده می‌شوند؛ به عبارت دیگر، متامدل روی پیش‌بینی‌های مدل‌های پایه «آموزش» می‌بیند تا بتواند بهترین ترکیب از این پیش‌بینی‌ها رو برای تولید نتیجه نهایی ارائه دهد. دلایل انتخاب الگوریتم‌های یادگیری به‌عنوان مدل‌های پایه و متامدل به‌صورت زیر است:

- الگوریتم CatBoost [۲۳] مستقیم از ویژگی‌های دسته‌بندی می‌آموزد، دقت و تفسیر نتایج را بدون به‌خطرانداختن عملکرد، بهبود می‌دهد. روش یادشده از یک ساختار درختی متقارن استفاده می‌کند که کارایی فرایند آموزش را بهبود می‌دهد و روند پیش‌بینی را سرعت می‌بخشد؛ مدل CatBoost همچنین مقاومت به‌نسبت بالایی در برابر بیش‌برازش در مجموعه‌های داده با متغیرهای طبقه‌بندی زیاد را دارد. این الگوریتم از روش‌های منظم‌سازی مختلف در طول آموزش استفاده می‌کند که در مقایسه با روش‌های سنتی تقویت‌گرایان، حساسیت کمتری نسبت به نوفه و نقاط دورافتاده دارد.

- مدل RF [24] بر اساس اصل ترکیب درختان متنوع و مستقل عمل می‌کند تا طبقه‌بندی‌های قابل‌اعتمادتری به‌دست آورد. این مدل به‌ویژه برای مسائلی مؤثر است که هدف آن‌ها دسته‌بندی نتایج گسسته بر اساس مجموعه‌ای از ویژگی‌های ورودی است؛ همچنین، RF توانایی مطلوبی در شناسایی روابط پیچیده درون داده‌ها بدون نیاز به تغییرات در ویژگی‌ها را داراست که آن را به‌ویژه برای مجموعه‌های داده با ابعاد بالا و پیچیده مؤثر می‌سازد. رویکرد جمعی کمک می‌کند تا مشکل بیش‌برازش کاهش یابد و پیش‌بینی‌های قوی‌تری نسبت به آن‌هایی که به‌وسیله درختان تصمیم منفرد تولید می‌شوند، به‌دست آید.

- الگوریتم ERT [۲۵] یک روش یادگیری جمعی است که مجموعه‌ای از درختان تصمیم را ساخته و پیش‌بینی‌های آن‌ها را تجمیع می‌کند تا دقت مدل را بهبود بخشد. اصل اساسی ERT، تصادفی‌سازی شدید در فرایند ساخت درخت است که منجر به ایجاد درختان تصمیم متنوع‌تری می‌شود که به کاهش هم‌بستگی بین درختان کمک کرده و درنهایت، خطر بیش‌برازش را کاهش می‌دهد. مزیت اصلی ERT، کارایی محاسباتی آن‌ها است. این ویژگی آن را به ابزاری قوی و مقاوم برای طیف وسیعی از وظایف یادگیری تحت نظارت تبدیل می‌کند.

- ایده اصلی پشت SVM [۲۶] این است که یک ابرصفحه بهینه پیدا کند که به‌طور مؤثری طبقه‌های مختلف را در یک مجموعه داده جدا کند. ابرصفحه بهینه، نه‌تنها داده‌ها را جدا می‌کند، بلکه فاصله یا حاشیه بین ابرصفحه و نزدیک‌ترین نقاط داده از هر طبقه را نیز حداکثر می‌کند. این نقاط داده نزدیک، به‌عنوان بردارهای پشتیبان شناخته می‌شوند و نقش حیاتی در تعریف ابرصفحه دارند. با بهینه‌کردن این حاشیه، مدل می‌تواند تعمیم بهتری ارائه دهد و کمتر در معرض بیش‌برازش به داده‌های جدید و دیده‌نشده باشد. یکی از ویژگی‌های کلیدی SVM، توانایی آن در مدیریت مسائل طبقه‌بندی غیرخطی از طریق یک

^۱ Data leakage

استفاده شد که در هر تکرار، شبکه‌ای از مقادیر پارامترها را تعریف کرده و به‌صورت تصادفی، نمونه‌هایی از مقادیر این شبکه را انتخاب و مورد ارزیابی قرار می‌دهد.

۳-۶- اعتبارسنجی

در این مرحله، مدل آموزش‌دیده بر روی داده‌های آزمون و براساس معیارهای کارایی مختلف مورد ارزیابی قرار می‌گیرد.

۳-۷- پیش‌بینی

پیش‌بینی بر روی مجموعه داده آزمون صورت گرفته و سپس کارایی مدل‌ها بر اساس معیارهای مختلف سنجیده می‌شود. گفتنی است که روش‌های انتخاب ویژگی و تنظیم پارامترهای کنترلی تنها بر روی مجموعه داده آموزشی اعمال شده و مجموعه داده آزمون در کل فرایند توسعه مدل کامل دست‌نخورده باقی می‌ماند. مجموعه داده آزمون تنها برای ارزیابی عملکرد نهایی استفاده می‌شود.

۴- نتایج و بحث

در این بخش، ابتدا مجموعه داده مورد ارزیابی و معیارهای کارایی توضیف می‌شود؛ سپس نتایج آماری کسب‌شده به‌وسیله الگوریتم‌ها و تحلیل نتایج به‌همراه بحث در مورد آن‌ها پرداخته می‌شود.

۴-۱- معیارهای کارایی

برای ارزیابی مدل‌ها، از پنج معیار کارایی استفاده شده است که عبارت‌اند از: صحت (A)، دقت (P)، یادآوری (R)، معیار F1 و ناحیه زیر منحنی ROC (AUC). برای بررسی تعمیم‌پذیری^۲ مدل‌ها و جلوگیری از بیش‌برازش، از روش اعتبارسنجی متقابل استفاده شده است. توضیحات بیشتر در خصوص معیارهای کارایی در مرجع [۲۸] آمده است.

۵- نتایج عددی

جدول (۲) نتایج به‌دست‌آمده به‌وسیله مدل‌های پیش‌بینی‌کننده بر روی مجموعه داده آموزشی را نشان می‌دهد. برحسب معیار صحت، مدل‌های CatBoost و EML به‌صورت مشترک بهترین نتایج را در قیاس با سایر مدل‌ها بر روی مجموعه داده آموزشی کسب کرده‌اند. رتبه نخست برحسب معیارهای دقت و F1 به مدل EML و برحسب معیار یادآوری به مدل CatBoost تعلق دارد. رتبه دوم و سوم برحسب معیار دقت به الگوریتم‌های CatBoost و RF تعلق دارد. برحسب معیار یادآوری نیز رتبه دوم به مدل EML و رتبه سوم به مدل ERT اختصاص دارد.

² Generalization

روش‌دیرتمند به نام روش هسته است. توابع هسته به SVM اجازه می‌دهند که به‌طور ضمنی داده‌ها را به یک فضای ویژگی با ابعاد بالاتر نگاشت کنند؛ جایی که جداسازی خطی ممکن است، حتی اگر داده‌ها در بعد اصلی خود به‌طور خطی قابل جداسازی نباشند. مدل SVM به‌ویژه در فضاهای با ابعاد بالا مؤثر است و ابزاری مقاوم برای حل مسائل مختلف طبقه‌بندی به‌شمار می‌آیند.

• مدل LR [۲۷] یک الگوریتم پایه‌ای یادگیری ماشین نظارت‌شده است که بیشتر برای وظایف طبقه‌بندی استفاده می‌شود؛ باوجود نامش، هدف آن پیش‌بینی یک نتیجه دسته‌ای یا گسسته به‌جای یک مقدار پیوسته است. این روش به‌ویژه برای طبقه‌بندی دوکلاسه مؤثر است؛ جایی که هدف پیش‌بینی یکی از دو نتیجه ممکن است.

از مزایای مدل پیشنهادی ترکیبی می‌توان موارد زیر را برشمرد:

- بهبود دقت پیش‌بینی: از طریق ترکیب هوشمندانه پیش‌بینی‌های مدل‌های پایه که هر یک نقاط قوت متفاوتی دارند؛ برای مثال، الگوریتم CatBoost برای داده‌های طبقه‌بندی‌شده و الگوریتم SVM برای مرزهای غیرخطی مناسب است.

- کاهش بایاس و واریانس در پیش‌بینی‌ها: با استفاده از اعتبارسنجی متقاطع در لایه نخست و میانگین‌گیری از خروجی‌ها، بایاس و واریانس در خروجی مدل کاهش چشم‌گیری دارد.

- حل مشکل بیش‌برازش: با انتخاب یک متامدل خطی ساده همانند LR به‌جای مدل‌های پیچیده‌تر در لایه دوم، مدل پیشنهادی تا حد زیادی مشکل بیش‌برازش را حل می‌کند.

- انعطاف‌پذیری: به‌سادگی می‌توان انواع مختلفی از مدل‌های یادگیری ماشین را به‌عنوان مدل‌های پایه در لایه نخست و نیز به‌عنوان متامدل در لایه دوم به‌کار برد.

از معایب مدل پیشنهادی نیز می‌توان به پیچیدگی محاسباتی بیشتر (نسبت به مدل‌های تشکیل‌دهنده آن) به‌دلیل آموزش چندین الگوریتم پایه و وابستگی به کیفیت الگوریتم‌های تشکیل‌دهنده آن اشاره کرد.

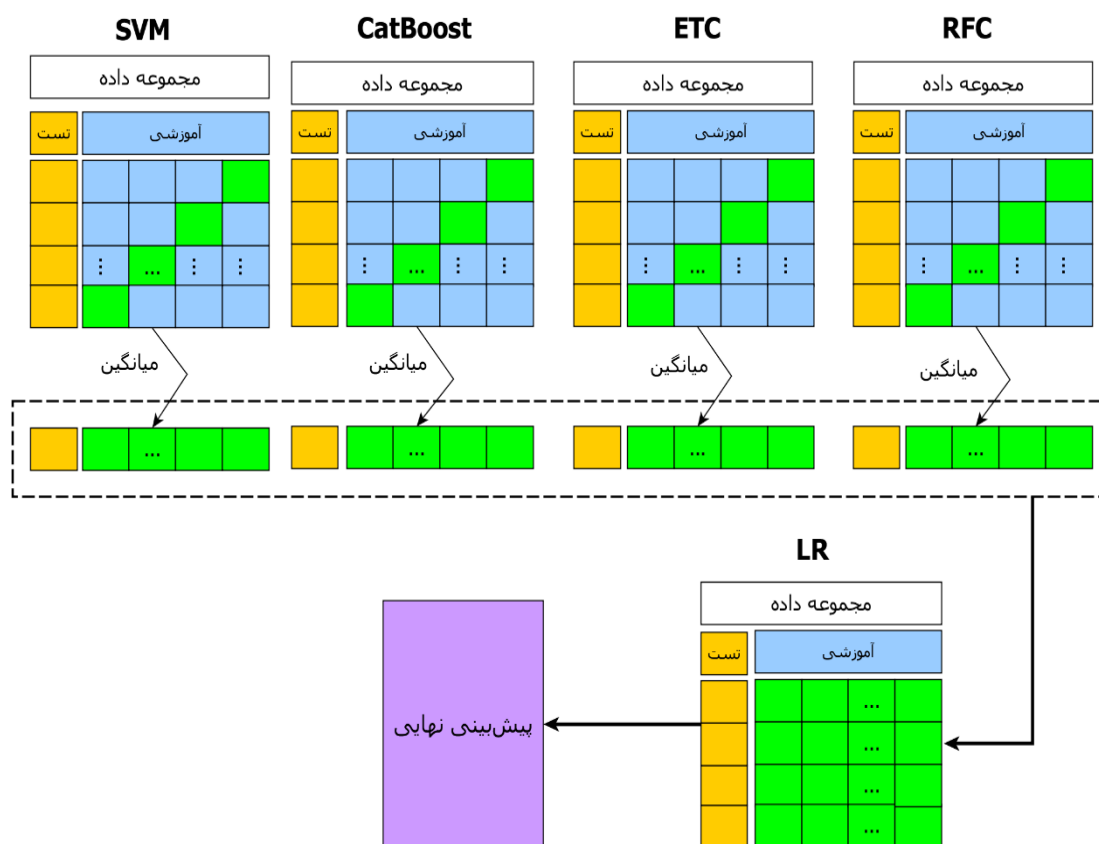
۳-۵- تنظیم پارامتر

ماژول تنظیم پارامتر به‌منظور تنظیم بهینه پارامترهای کنترلی الگوریتم‌های یادگیری درنظر گرفته شده است؛ زیرا کارایی مدل‌ها تا حد زیادی به تنظیم بهینه پارامترها وابسته است. بهینه‌سازی پارامترها با استفاده از الگوریتم جست‌وجوی شبکه‌ای تصادفی^۱ (RGS) و اعتبارسنجی متقاطع با $k=5$ در داده‌های آموزشی انجام شده است. برای پیاده‌سازی الگوریتم RGS از شیوه RandomizedSearchCV کتابخانه Scikit-Learn پایتون

¹ Randomized grid search

عملکرد کلی به مدل RF تعلق دارد؛ این روش، تعادل مناسبی بین معیارهای دقت و یادآوری از خود نشان داده است. مدل SVM در آموزش به مقدار صحت ۰.۸۸۲۲ رسیده است، اما در مجموعه داده آموزش این مقدار به ۰.۸۵۷۱ کاهش یافته است که قابلیت اعتماد مدل را کاهش می دهد. مدل ETR در کنار مدل های LR و CatBoost بر روی مجموعه داده های آموزشی و آزمون عملکرد قابل قبولی کسب کرده است و تعادل مناسبی بین دقت و یادآوری فراهم کرده که برای شناسایی گلیوما مؤثر است. مدل Catboost و LR عملکرد پایداری، هم در فاز آموزش و هم در مرحله آزمون نشان دادند؛ این مدل ها اگرچه بهترین کارایی را کسب نکرده اند، اما به طور مؤثر مقادیر دقت و یادآوری را متعادل کرده و برای درجه بندی گلیوما مناسب اند.

الگوریتم های R و SVM به عنوان مدل های دسته بند شناخته شده و مقدار دقت قابل قبولی کسب کرده اند، اما بر حسب معیار یادآوری، نتوانسته اند چندان موفق عمل کنند. این موضوع موجب شده است تا بر حسب معیار F1، کارایی متوسطی کسب کنند که در قیاس با الگوریتم های برتر، نتیجه مطلوبی محسوب نمی شود. اختلاف بین مدل پیشنهادی EML با مدل Catboost بر حسب معیارهای یادآوری و F1 بر روی مجموعه داده آموزشی ناچیز است، اما نتایج جدول (۳) نشان می دهد که مدل EML بر روی مجموعه داده آزمون، فاصله قابل توجهی با مدل CatBoost دارد و معیارهای کارایی را به نحو چشم گیری بهبود داده است. مدل RF عملکرد مطلوبی را از نظر معیارهای کارایی بر روی مجموعه داده آموزشی و آزمون کسب کرده است. بر روی مجموعه داده آزمون، رتبه دوم از نظر



(شکل-۴): ساختار مدل پیشنهادی EML
(Figure-4): The structure of the proposed EML model

منظر تشخیص پزشکی است؛ زیرا نرخ دقت، یادآوری و همچنین صحت بالایی دارد. در بررسی وضعیت تومور، اگر تومور تشخیص داده نشود خطر جانی و تبعات جبران ناپذیری دارد. معیار دقت نیز بسیار مهم است، اما اشتباه در تشخیص تومور در بیمار سالم (مثبت کاذب) در قیاس با تشخیص ندادن تومور، قابل تحمل است.

با تحلیل نتایج مدل ها در می یابیم که مدل پیشنهادی EML بر روی مجموعه داده آزمون، بهترین کارایی را بر حسب تمامی معیارهای کارایی کسب کرده است که منجر به توانایی بهتر در شناسایی صحیح تومورها (کاهش منفی های کاذب) و حفظ تعادل مناسب بین دقت و یادآوری می شود. در فاز آزمون، بر حسب معیار دقت مدل LR رتبه دوم را کسب کرده است. مدل پیشنهادی EML بهترین انتخاب از

مدل EML رخ داده‌است، در تشخیص و درجه‌بندی تومورها بسیار مفید است.

(جدول-۳): نتایج آماری به‌دست‌آمده به‌وسیله مدل‌های

پیش‌بینی‌کننده بر روی مجموعه‌داده آزمون

(Table-3): Results obtained by predictive models on testing dataset

مدل	صحت	دقت	یادآوری	F1
CatBoost	۸۸۱۰.۰	۸۰۵۱.۰	۹۳۱۴.۰	۸۶۳۶.۰
RF	۸۸۸۹.۰	۸۱۳۶.۰	۹۴۱۲.۰	۸۷۲۷.۰
ERT	۸۸۱۰.۰	۸۰۰۰.۰	۹۴۱۲.۰	۸۶۴۹.۰
SVM	۸۵۷۱.۰	۷۷۹۷.۰	۹۰۲۰.۰	۸۳۶۴.۰
LR	۸۸۴۹.۰	۸۰۶۷.۰	۹۴۱۲.۰	۸۶۸۸.۰
EML	۸۹۲۹.۰	۸۲۰۵.۰	۹۴۱۲.۰	۸۷۶۷.۰

شکل (۵) نمودار خطاهای پیش‌بینی طبقه‌ها برای مدل پیشنهادی را بر روی مجموعه‌داده آزمون نشان می‌دهد. محور افقی بیان‌کننده طبقه‌های واقعی است که در اینجا شامل طبقه‌های LGG و GBM می‌شود. محور عمودی تعداد پیش‌بینی‌های اشتباه (یا صحیح) برای هر طبقه را نشان می‌دهد. مدل در پیش‌بینی طبقه GBM به‌طور واضح درصد بالاتری از پیش‌بینی‌های درست را به‌خود اختصاص داده و این نشان‌دهنده عملکرد بهتر مدل در این طبقه است. در مورد طبقه LGG به‌نظر می‌رسد که مدل دقت کمتری داشته باشد و نیاز به بهبود عملکرد در شناسایی این طبقه وجود دارد.

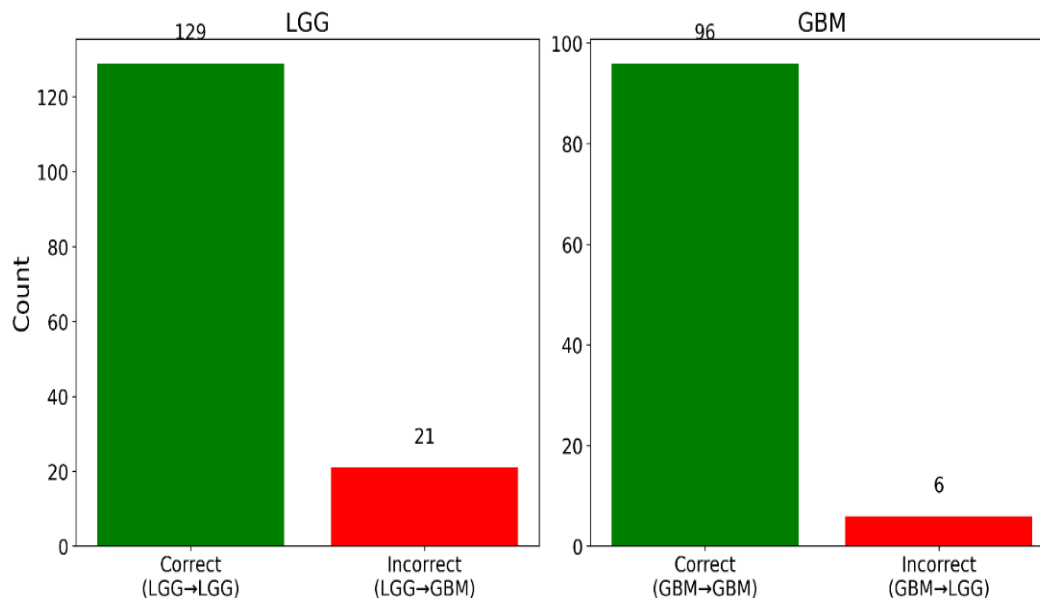
(جدول-۲): نتایج آماری به‌دست‌آمده به‌وسیله مدل‌های

پیش‌بینی‌کننده بر روی مجموعه‌داده آموزشی

(Table-2): Results obtained by predictive models on training dataset

مدل	صحت	دقت	یادآوری	F1
CatBoost	۹۵۲۳.۰	۹۲۹۱.۰	۹۵۹۳.۰	۹۴۴۰.۰
RF	۹۰۱۶.۰	۹۰۴۴.۰	۹۰۱۶.۰	۹۰۲۰.۰
ERT	۸۸۴۹.۰	۸۱۲۰.۰	۹۳۱۴.۰	۸۶۷۶.۰
SVM	۸۸۲۲.۰	۸۹۶۲.۰	۸۸۲۲.۰	۸۸۹۰.۰
LR	۸۷۹۲.۰	۸۸۶۳.۰	۸۸۰۹.۰	۸۸۱۶.۰
EML	۹۵۲۳.۰	۹۴۰۵.۰	۹۴۸۰.۰	۹۴۴۲.۰

از طرفی مدل LR نیز عملکرد مطلوبی دارد؛ یادآوری (۰.۹۴۱۲) و نرخ دقت مطلوبی (۰.۸۰۶۷) دارد که منجر به کاهش مثبت کاذب می‌شود و آن را به جایگزینی قوی برای محیط‌های بالینی که دقت مدل ارزشمند است، تبدیل می‌کند. مدل SVM باوجود یادآوری بالا (۰.۹۰۲۰)، به‌دلیل دقت پایین (۰.۷۷۹۷) نامناسب است؛ زیرا در تشخیص تومورها ضعیف عمل می‌کند. مدل‌های درختی شامل CatBoost، RF و ERT عملکرد قابل‌قبولی دارند، درحالی که RF کمی بهتر عمل کرده‌است. به‌اختصار، اگر شناسایی بیشینه تومورها (یادآوری بالا)، دقت و تفسیرپذیری اولویت باشد می‌توان با قاطعیت مدل EML را به‌عنوان بهترین مدل مطرح کرد؛ همچنین در جایگاه بعدی، مدل‌های درختی CatBoost، RF و ERT و همچنین مدل LR گزینه جایگزین خواهند بود. به‌نظر می‌رسد استفاده هم‌زمان از مدل‌ها و ترکیب هوشمندانه آن‌ها همانند آنچه در



(شکل-۵): خطای پیش‌بینی به‌وسیله مدل پیشنهادی بر حسب درجه تومور بر روی مجموعه‌داده آزمون

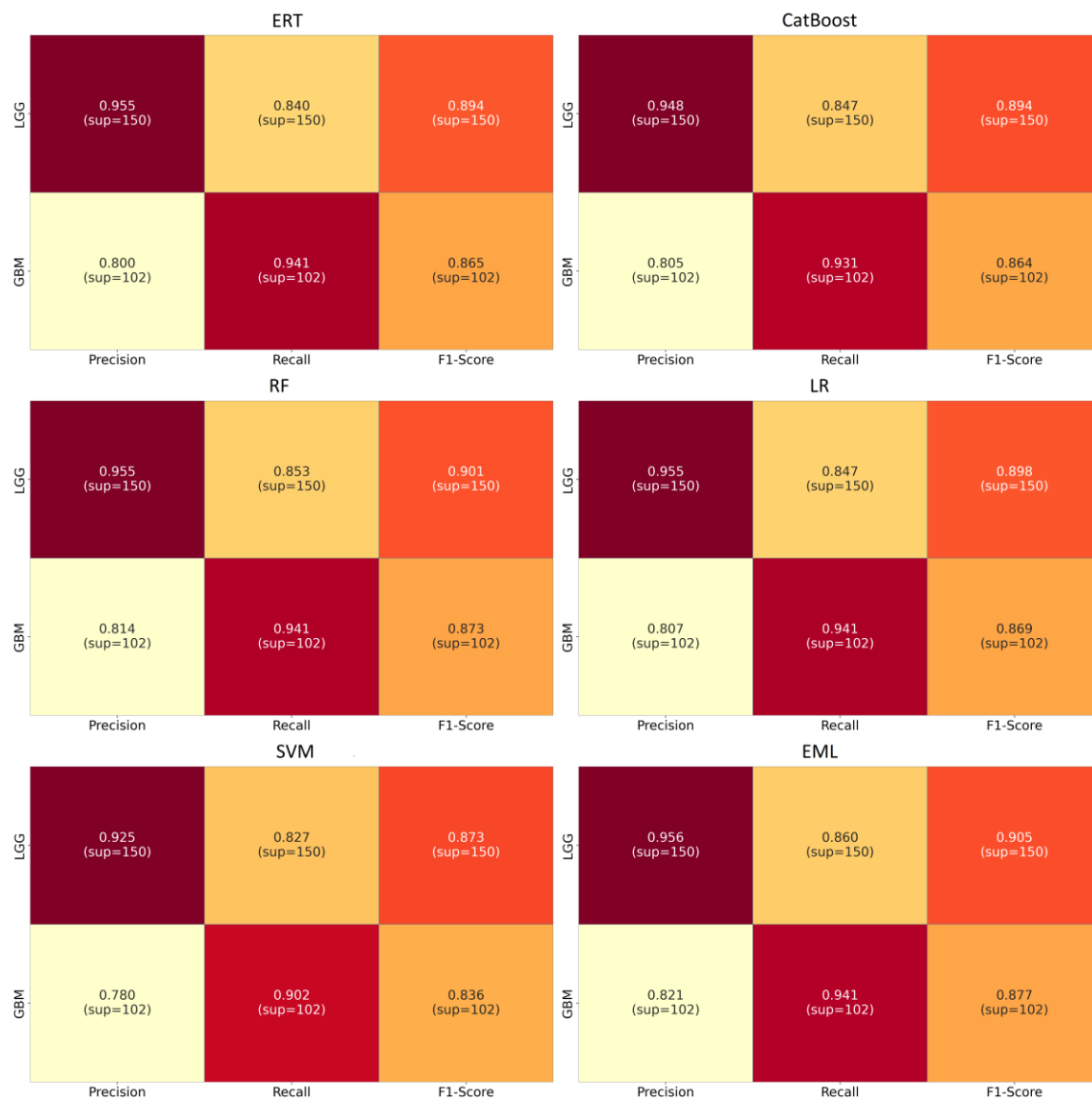
(Figure-5): Model prediction errors (by tumor grade) obtained by the proposed model on the testing dataset

می‌دهد. نتایج عملکرد مطلوب مدل را در تمایز بین دو طبقه LGG و GBM نشان می‌دهد. از نظر معیار دقت، مدل

شکل (۶) عملکرد مدل‌ها را در تفکیک طبقه‌ها برحسب معیارهای دقت، یادآوری، F1 و معیار پشتیبان (sup) نشان

کرده‌است (نتایج بهتر برای طبقه LGG) که نشان‌دهنده تعادل خوب بین دقت و یادآوری برای هر طبقه است. مقادیر پشتیبان نشان می‌دهد که یک نامتوازی در تعداد داده‌های هر طبقه وجود دارد (۱۰۲ نمونه از طبقه GBM در مقابل ۱۵۰ مورد از طبقه LGG). این موضوع می‌تواند بر عملکرد مدل‌ها تأثیر بگذارد، به‌ویژه بر دقت طبقه اکثریت (طبقه LGG). به‌منظور ارزیابی بهتر مدل پیشنهادی و مقابله با نامتوازن بودن طبقه‌ها، در کار آینده در نظر است از روش‌های باز نمونه‌گیری استفاده شود.

EML در طبقه‌بندی طبقه LGG در قیاس با طبقه GBM دقت بالاتری دارد؛ بنابراین امکان دارد در طبقه GBM موارد مثبت کاذب ایجاد شوند. مدل در تشخیص طبقه GBM یادآوری بالا، اما دقت پایینی کسب کرده‌است. این موضوع تأیید می‌کند که مدل در تشخیص موارد GBM بهتر عمل کرده، اما با دقت موارد تشخیص‌داده‌شده پایین‌تر که ناشی از نامتوازی داده‌ها است. از منظر معیار F1، مدل برای هر دو طبقه امتیازات قابل‌قبولی کسب



شکل (۶): کارایی درجه‌بندی مدل‌ها بر روی طبقه‌های LGG و GBM بر روی مجموعه داده آزمون

(Figure-6): Classification performance of models on LGG and GBM classes on the test dataset

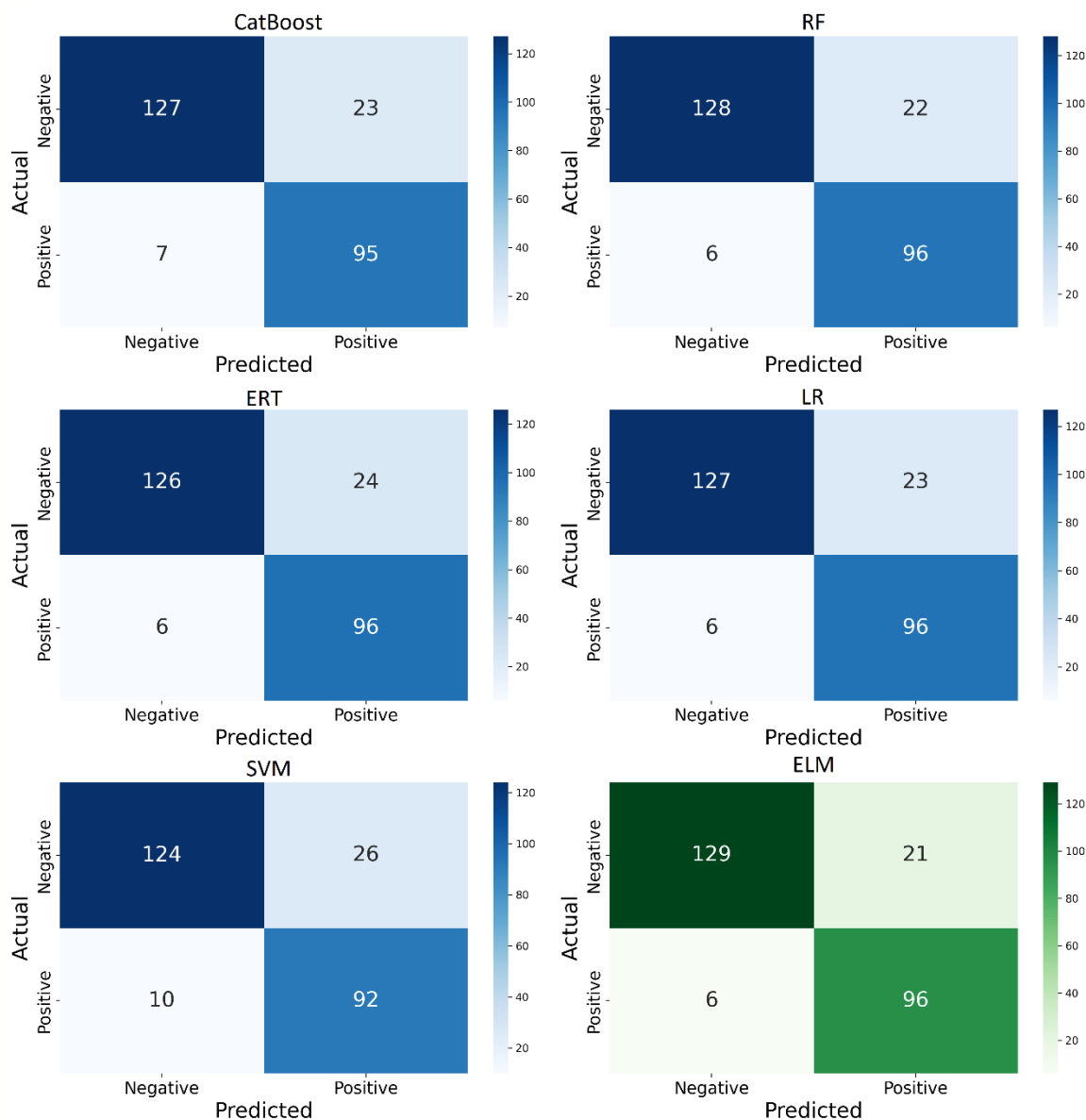
شناسایی صحیح نمونه‌های طبقه GBM به‌خوبی عمل کرده‌است. گفتنی است که در تشخیص گلیوما و سایر بیماری‌های حاد، بیشتر به دنبال مدلی هستیم که دارای حساسیت بسیار بالایی باشد؛ به عبارت دیگر، ترجیح داده می‌شود کمی تعداد مثبت کاذب (FP) پذیرفته تا اطمینان حاصل شود هیچ منفی کاذب (FN) و در نتیجه هیچ بیمار واقعی از دست نرود.

شکل (۷) ماتریس آشفتگی^۱ برچسب‌های پیش‌بینی‌شده را در برابر برچسب‌های واقعی نشان می‌دهد. ماتریس نشان می‌دهد که مدل‌های یادگیری تمایز بین دو طبقه را به‌خوبی انجام داده‌اند و توازن مطلوبی بین حساسیت^۲ (۰.۹۴۱۲) و صراحت^۳ (۰.۸۶) نشان می‌دهد، به‌ویژه در

¹ Confusion matrix

² Sensitivity

³ Specificity



(شکل-۷): ماتریس آشفتگی تولیدشده به وسیله مدل‌ها بر روی مجموعه داده آزمون

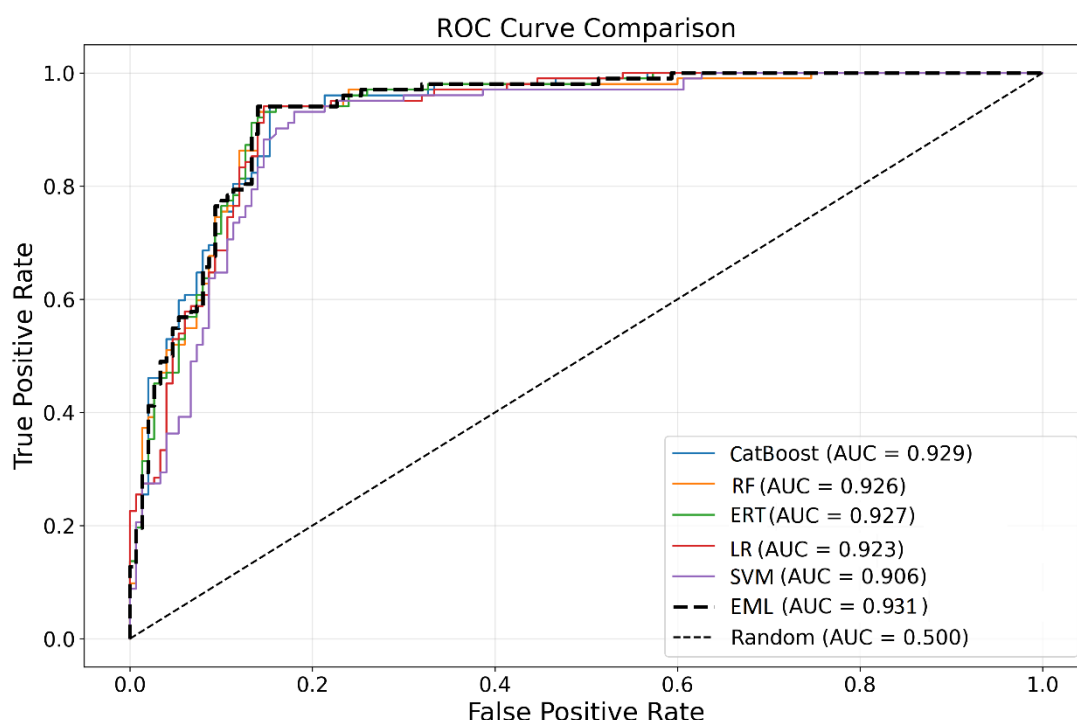
(Figure-7): The confusion matrix generated by the models on the testing dataset

ERT (۰.۹۲۷) نیز نتایج بسیار نزدیکی به مدل پیشنهادی ارائه کرده‌اند. مدل‌های LR (۰.۹۲۳) و SVM (۰.۹۰۶) عملکرد خوبی دارند، اما نسبت به مدل‌های برتر ضعیف‌ترند. تمام مدل‌ها (به جز مدل تصادفی با $AUC=0.5$) با مقدار AUC بالای ۰.۹، قدرت تشخیص عالی را نشان می‌دهند که بیان‌کننده توانایی بالای همه مدل‌ها در تمایز بین طبقه‌های مثبت و منفی است. تفاوت ناچیز بین مدل‌های برتر پیشنهاد می‌کند که عوامل دیگری مانند سرعت اجرا یا سادگی مدل نیز در انتخاب نهایی باید در نظر گرفته شوند. شکل (۹) منحنی دقت-یادآوری را برای مدل‌های یادگیری نشان می‌دهد. بیشتر مدل‌ها به‌ویژه مدل پیشنهادی عملکرد مطلوبی را نشان داده‌اند و توازن مناسبی بین دقت و یادآوری برقرار کردند. مدل پیشنهادی با کسب دقت متوسط (AP) ۰.۸۸۷ عملکرد خوبی را در پیش‌بینی

مقدار حساسیت کسب‌شده به وسیله مدل پیشنهادی مبین کاربردپذیری آن در محیط واقعی است؛ همچنین، مدل پیشنهادی در کاهش مثبت کاذب و منفی کاذب بسیار موفق بوده که موجب بهبود کارایی آن در مقایسه با سایر مدل‌ها شده و مدل SVM ضعیف‌ترین نتایج را تولید کرده‌است. سایر مدل‌ها نیز نتایج قابل‌قبولی کسب کرده‌اند. شکل (۸) منحنی مشخصه عملکرد (ROC) را برای مدل‌ها نشان می‌دهد. منحنی نشان می‌دهد که مدل پیشنهادی با کسب $AUC=0.931$ توانسته است بین دو طبقه تومور LGG و GBM، با نرخ مطلوب مثبت واقعی (TP) و نرخ پایین مثبت کاذب (FP)، تمایز مؤثر قائل شود. نتایج نشان می‌دهد برای کارهایی که نیاز به طبقه‌بندی دو طبقه دارند، مدل پیشنهادی انتخاب قابل اعتمادی است؛ همچنین مدل‌های CatBoost (۰.۹۲۹)، RF (۰.۹۲۶) و

دقت متوسط ۰.۸۷۸ به صورت مشترک در جایگاه سوم از نظر کارایی قرار می گیرند. مدل LR با دقت متوسط ۰.۸۷۳ عملکرد به نسبت خوبی دارد. مدل SVM با دقت ۰.۸۴۲ ضعیف ترین مدل است، به ویژه که در یادآوری بالاتر افت قابل توجهی در میزان دقت نشان می دهد.

طبقه های مثبت و حفظ نرخ یادآوری فراهم کرده است. منحنی نوسانات کمی را نشان می دهد، که نشان دهنده توانایی طبقه بند برای حفظ دقت است؛ زیرا مثبت واقعی (TP) بیشتری را ثبت می کند. مدل های ET و RF با کسب



(شکل-۸): منحنی ROC مدل ها بر روی مجموعه داده آزمون
(Figure-8): ROC curve of models on the testing dataset

پیش بینی های احتمالاتی یک مدل هستند که میزان تطابق احتمالات پیش بینی شده با مشاهدات را ارزیابی می کند که برای ارزیابی ریسک بالینی قابل اعتماد اهمیت زیادی دارد. در تحلیل کالبراسیون به این سؤال پاسخ می دهیم که وقتی یک مدل می گوید احتمال رخداد تومور GBM برابر ۸۰ درصد است، آیا درواقع ۸۰ درصد از دفعاتی که این پیش بینی را می کند، تومور از نوع GBM است یا خیر. نمودارها نشان می دهند که همه مدل ها، کالبراسیون مطلوبی با امتیاز Brier از بازه ۰.۸۳۴۲ تا ۰.۹۶۳۸ کسب کرده اند، که در آن امتیازهای پایین تر نشان دهنده کالبراسیون دقیق تر است.

با بررسی نمودارها می توان دریافت که مدل پیشنهادی EML با امتیاز ۰.۸۳۴۲، بهترین کالبراسیون را به دست آورده است و پس از آن با اختلاف کمی مدل های CatBoost (۰.۸۴۹۷) و RF (۰.۸۹۲۵) قرار گرفتند. ضعیف ترین نتایج نیز متعلق به مدل SVM با امتیاز ۰.۹۶۳۸ است.

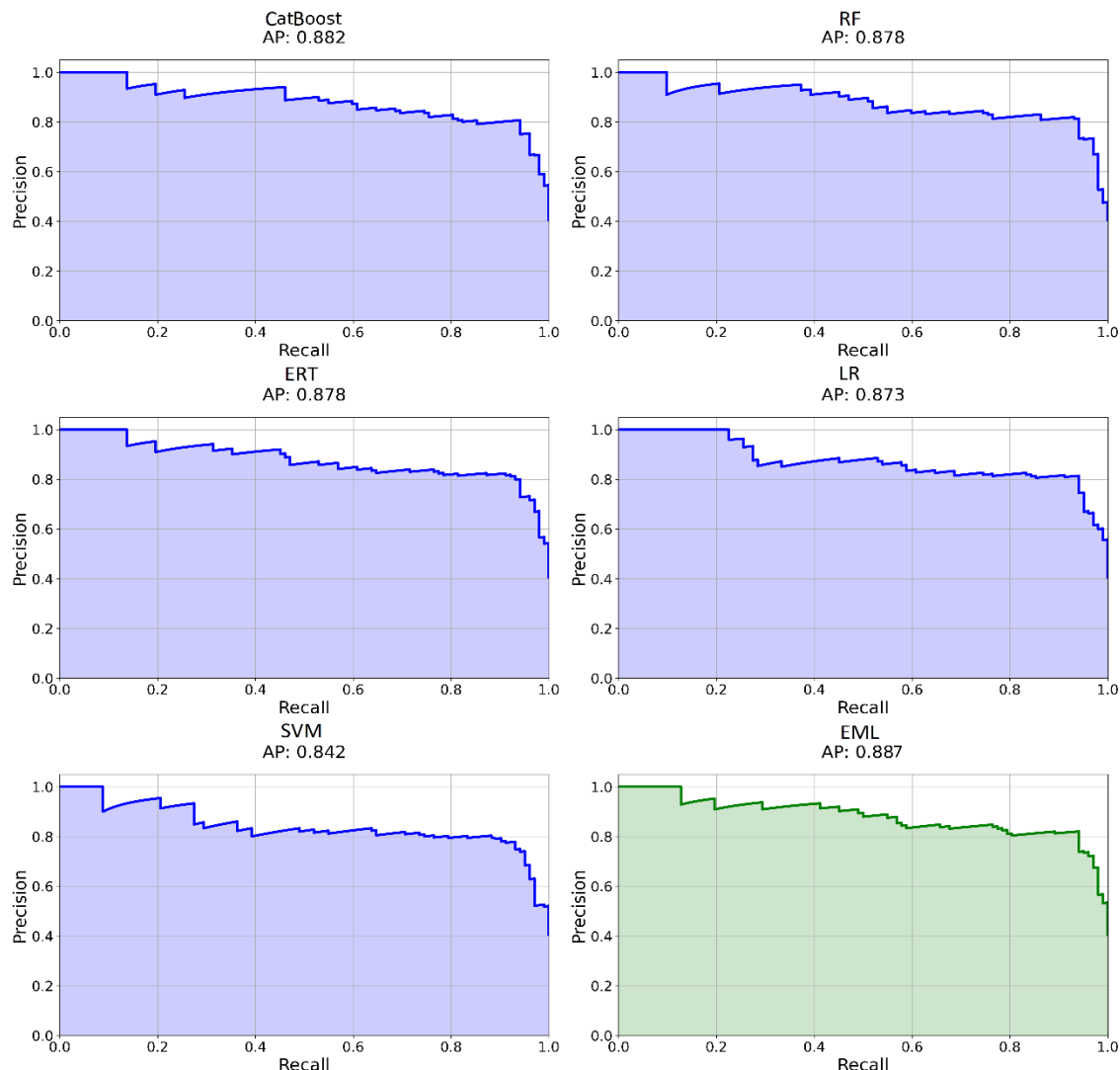
همان گونه که پیش تر در شکل (۳) نشان داده شد، نمودار SHAP نشان می دهد که ویژگی های IDH1، TP53،

شکل (۹) منحنی دقت-یادآوری را برای مدل های یادگیری نشان می دهد. بیشتر مدل ها به ویژه مدل پیشنهادی عملکرد مطلوبی را نشان داده اند و توازن مناسبی بین دقت و یادآوری برقرار کردند. مدل پیشنهادی با کسب دقت متوسط (AP) ۰.۸۸۷ عملکرد خوبی را در پیش بینی طبقه های مثبت و حفظ نرخ یادآوری فراهم کرده است. منحنی نوسانات کمی را نشان می دهد، که نشان دهنده توانایی طبقه بند برای حفظ دقت است؛ زیرا مثبت واقعی (TP) بیشتری را ثبت می کند. مدل های ET و RF با کسب دقت متوسط ۰.۸۷۸ به صورت مشترک در جایگاه سوم از نظر کارایی قرار می گیرند. مدل LR با دقت متوسط ۰.۸۷۳ عملکرد به نسبت خوبی دارد. مدل SVM با دقت ۰.۸۴۲ ضعیف ترین مدل است، به ویژه که در یادآوری بالاتر افت قابل توجهی در میزان دقت نشان می دهد.

شکل (۱۰) منحنی های کالبراسیون (Calibration Curves) برای شش مدل مختلف را نشان می دهد. این منحنی ها ابزاری مفید برای ارزیابی کالبره بودن

برای پیش‌بینی در اختیار پزشکان قرار می‌دهد. مقادیر مثبت و منفی SHAP برای هر ویژگی نشان‌دهنده افزایش یا کاهش احتمال تشخیص هستند. برای مورد LGG، پیش‌بینی مدل به میزان چشم‌گیری به ویژگی‌های IDH1 و سن کوچک‌تر وابسته است. سن بالا احتمال تشخیص LGG را کاهش می‌دهد. در مورد GBM، ویژگی‌های تأثیرگذار، مقادیر بزرگتر IDH1، PTEN، TP53 و سن بالاتر هستند.

Age و ATRX تأثیرگذارترین پارامترها در پیش‌بینی گلیوما در مجموعه داده مورد بررسی هستند. شکل (۱۱) (الف) نمودار SHAP برای بررسی تأثیر ویژگی‌ها در درجه‌بندی بیماران در دسته LGG و شکل (۱۱) (ب) تأثیر ویژگی‌ها در درجه‌بندی به عنوان GBM نشان می‌دهد. این شکل‌ها نشان می‌دهد که چگونه ترکیب ویژگی‌ها بر تصمیمات دسته‌بندی برای هر بیمار تأثیر می‌گذارند و تأثیر شفافی از هر ویژگی را



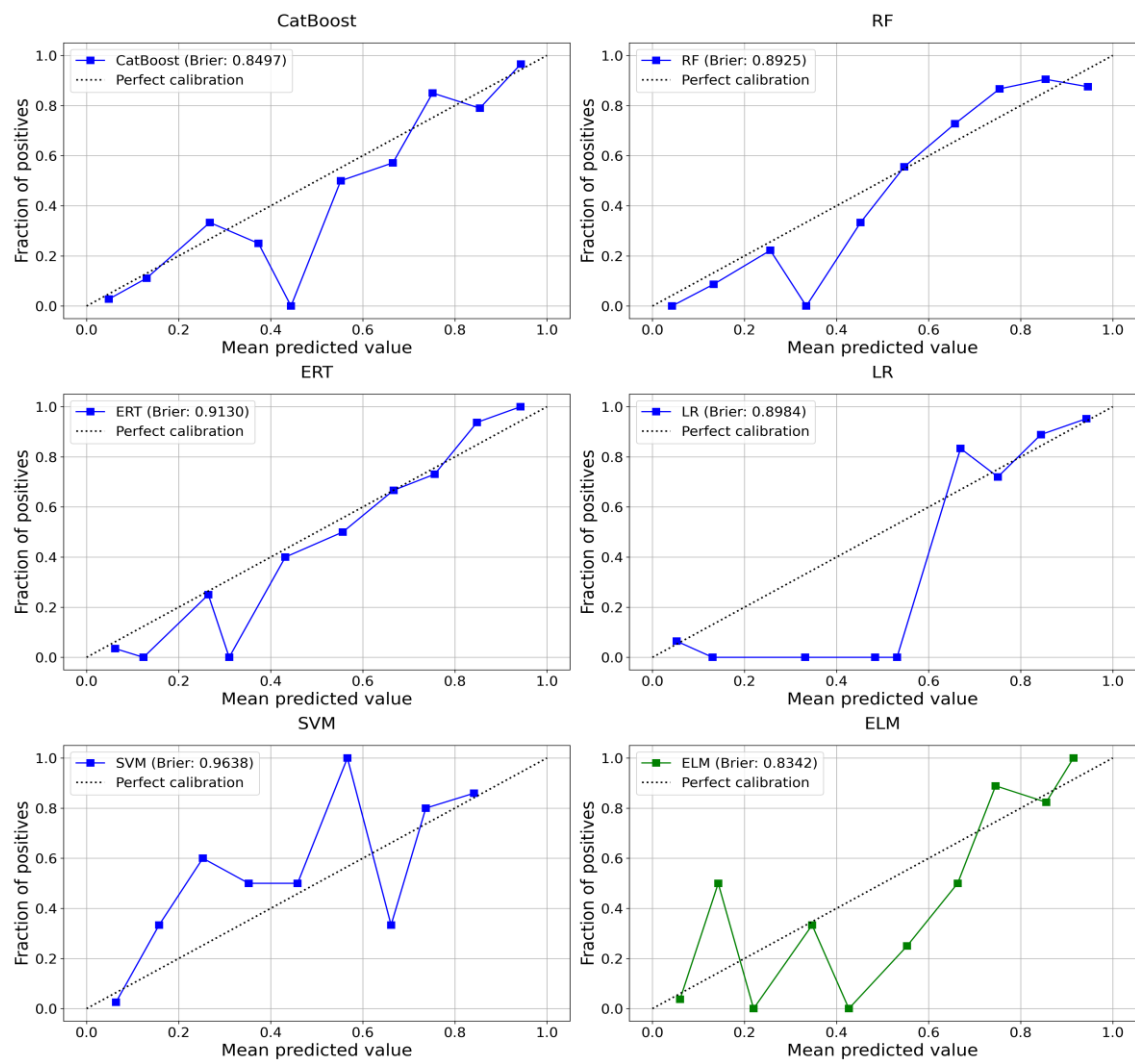
(شکل-۹): منحنی دقت-یادآوری تولیدشده به وسیله مدل‌ها بر روی مجموعه داده آموزش
(Figure-9): Precision-recall curve generated by predictive models on the test dataset

- nodes: تعداد کل گره‌های درختان
- n_sv: تعداد بردارهای پشتیبان
- log(n): عمق درخت

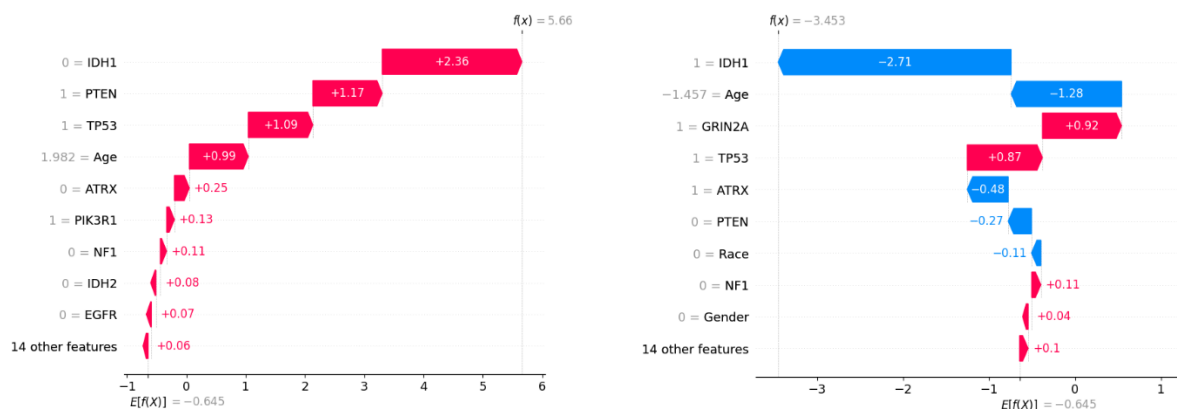
مدل EML پیچیدگی مکانی و زمانی بالاتری نسبت به سایر مدل‌های پایه دارد؛ اما در مقابل، دقت و پایداری بسیار بهتری کسب کرده است. برای یک مسئله حیاتی همانند درجه‌بندی تومور مغزی که دقت و قابلیت اطمینان از اولویت برخوردار است، استفاده از مدل EML به طور کامل توجیه‌پذیر است.

پیچیدگی محاسباتی مدل EML به طور تقریبی برابر مجموع پیچیدگی سایر مدل‌هاست؛ یعنی:
 $O(SVM + CatBoost + RF + ERT + LR) \approx O(EML)$
جدول (۴) پیچیدگی محاسباتی مدل پیشنهادی و اجزای تشکیل‌دهنده آن را نشان می‌دهد.
در جدول (۴) مفهوم متغیرها به شرح زیر است:

- n: تعداد نمونه‌ها
- d: تعداد ویژگی‌ها
- t: تعداد درختان
- i: تعداد تکرارها



(شکل-۱۰): منحنی‌های کالیبراسیون تولیدشده به‌وسیله مدل‌ها بر روی مجموعه داده آزمون
(Figure-10): Calibration curves generated by the predictive models on the test dataset



(ب) تأثیر ویژگی‌ها در درجه‌بندی بیماران در دسته GBM

(الف) تأثیر ویژگی‌ها در درجه‌بندی بیماران در دسته LGG

(شکل-۱۱): تأثیر ویژگی‌ها در درجه‌بندی گلیوما در تحلیل SHAP

(Figure-11): The feature importance score on glioma grading in the SHAP

در این پژوهش پیاده‌سازی و ارزیابی شدند، انجام گرفت. نتایج این آزمون که در جدول (۵) ارائه شده‌است، نشان می‌دهد که اختلاف عملکرد مدل EML با تمامی مدل‌های پایه از نظر آماری معنادار است (p -value < 0.05)

به‌منظور بررسی معناداری آماری برتری مدل پیشنهادی، آزمون فریدمن به‌همراه آزمون پس‌هولم (با سطح معناداری ۰/۰۵) بر روی نتایج حاصل از ۵-fold cross-validation برای مدل پیشنهادی EML و مدل‌های پایه (SVM, CatBoost, RF, ERT, LR) که

(جدول-۴): مقایسه پیچیدگی محاسباتی مدل پیشنهادی EML و سایر مدل‌ها

(Table-4): Comparison of computational complexity of the proposed EML model and its constituent models

پیچیدگی مکانی	پیچیدگی زمانی (استنتاج)	پیچیدگی زمانی (آموزش)	مدل
$O(s \times d)$	$O(s \times d)$	$O(n^3 \times d)$	SVM
$O(t \times \text{nodes})$	$O(t \times \log(n))$	$O(t \times n \times d \times \log(n))$	CatBoost
$O(t \times \text{nodes})$	$O(t \times \log(n))$	$O(t \times n \times d \times \log(n))$	RFR
$O(t \times \text{nodes})$	$O(t \times \log(n))$	$O(t \times n \times d \times \log(n))$	ERT
$O(d)$	$O(d)$	$O(i \times n \times d)$	LR
$\approx O(3 \times t \times \text{nodes} + s \times d)$	$\approx O(4 \times t \times \log(n) + d)$	$\approx O(t \times n \times d \times \log(n) + n^3 \times d)$	EML

گلیوما به صورت موفق عمل کرده است که منجر به کاهش تبعات تشخیص‌ندادن تومور می‌شود. مدل EML توانسته است نمونه‌های مثبت بیشتری را شناسایی کند و تعداد بسیار کمی از منفی‌های کاذب را گزارش دهد. مدل SMOTE_SVM در مرجع [۱۱] از نظر معیارهای دقت و F1 بهتر از سایرین عمل کرده است. گفتنی است که در مرجع [۱۱] از روش SMOTE برای ایجاد توازن بین تعداد رکوردها در دو طبقه LGG و GBM استفاده شده است. برای انجام این کار داده‌های مصنوعی تولید می‌شود که ممکن است ساختار طبیعی داده‌ها را از بین می‌برد. در روش SMOTE نمونه‌داده‌ها به صورت خطی بین دو نقطه تولید می‌شوند. این کار ساختار طبیعی و پیچیده داده‌ها را در طبقه اقلیت نادیده می‌گیرد؛ به خصوص اگر مرز تصمیم‌گیری غیرخطی باشد. در برخی موارد، این موضوع می‌تواند منجر به تولید نمونه‌هایی شود که در واقعیت منطقی نیستند و منجر به دقت کاذب شود. بدیهی است که معیار دقت بسیار مهم است، اما درباره مدل پیشنهادی EML می‌توان این‌گونه بیان کرد شناسایی بیشترین میزان بیماران (یادآوری بالا) مفید است؛ زیرا مدل حتی اگر به اشتباه در بیمار سالم تومور تشخیص دهد (مثبت کاذب) در قیاس با تشخیص‌ندادن تومور، قابل تحمل‌تر است.

به عنوان یکی از کارهای آینده در نظر است تا از نسخه‌های پیشرفته SMOTE و روش‌های بازنمونه‌گیری در رویکرد پیشنهادی استفاده شود تا کارایی مدل با حفظ ساختار داده‌های اصلی هرچه بیشتر بهبود یابد. گفتنی است که به دلیل در دسترس نبودن داده‌های خام و توزیع نتایج مدل‌های ارائه شده در مطالعات دیگر [۷، ۱۱، ۱۲]، امکان انجام آزمون آماری مستقیم با آن مدل‌ها میسر نیست و مقایسه با آن‌ها براساس مقادیر گزارش شده در مقالات یادشده صورت گرفته است.

(جدول-۵): مقایسه مدل پیشنهادی EML با سایر همتایان

مطرح بر روی مجموعه داده آزمون

(جدول-۵): نتیجه آزمون پس‌هولم بر اساس معیار Accuracy برای

مدل پیشنهادی و مدل‌های پایه بر روی مجموعه داده (Table-5):

جفت مدل‌های مقایسه شده	p-value	معناداری ($\alpha=0.05$)
EML vs. SVM	۰.۰۰۳	دارد
EML vs. LR	۰.۰۱۸	دارد
EML vs. RF	۰.۰۲۶	دارد
EML vs. CatBoost	۰.۰۱۱	دارد

نتایج آزمون Friedman که در جدول (۶) آمده است، نشان می‌دهد که مدل پیشنهادی EML تفاوت آماری بسیار معناداری با سایر مدل‌های تشکیل‌دهنده آن دارد.

(جدول-۶): نتایج آزمون Friedman برای مدل پیشنهادی و

مدل‌های پایه بر روی مجموعه داده (Table-6): Friedman test results for the proposed model and the baseline models on the dataset

رتبه میانگین	مدل
۱.۲	EML
۲.۶	CatBoost
۳.۰	RF
۳.۲	LR
۵.۰	SVM

۵-۱- مقایسه با روش‌های موجود

مدل پیشنهادی EML با چندین مدل مطرح و جدید بر اساس معیارهای کارایی مقایسه شده است. نتایج مقایسه برحسب معیارهای کارایی در جدول (۷) آمده است. تحلیل نتایج برتری مدل EML را در قیاس با سایر روش‌های هم‌تا نشان می‌دهد. باتوجه به نتایج، مدل پیشنهادی در معیار صحت نسبت به دیگر مدل‌ها برتری دارد که بیان‌کننده این است که درصد پیش‌بینی‌های صحیح این مدل به طور قابل توجهی بیشتر از سایر همتایان است. این مدل در قیاس با سایر مدل‌ها، بالاترین کارایی را از نظر یادآوری کسب کرده است. این موضوع نشان می‌دهد که مدل EML در شناسایی در بالاترین میزان تومورهای

Results of Holm's
Cont

(Table-5): Comparison of the proposed EML model with state-of-the-art models on the testing dataset

مدل	مرجع	صحت	دقت	یادآوری	F1
XGBoost	[12]	۰.۸۶۳	۰.۸۷۱	۰.۸۶۳۰	۰.۸۶۷
RF	[12]	۰.۸۴۵	۰.۸۵۲	۰.۸۴۵	۰.۸۴۸
LR+SVM+RF	[7]	۰.۸۷۴	۰.۸۰۸	۰.۹۱۴	۰.۸۵۵
LR+SVM+AdaBoost	[7]	۰.۸۷	۰.۸۰۲	۰.۹۱۵	۰.۸۵۲
SMOTE_SVM	[11]	۰.۸۸۲	۰.۸۸۶	۰.۸۸۲	۰.۸۸۲
SMOTE_CatBoost	[11]	۰.۸۸۱	۰.۸۸۵	۰.۸۸۱	۰.۸۸۱
RUS_CatBoost	[11]	۰.۸۸۱	۰.۸۴۷	۰.۹۲۹	۰.۸۸۶
RUS_SVM	[11]	۰.۸۷۹	۰.۸۴۵	۰.۹۲۹	۰.۸۸۵
EML	---	۰.۸۹۳	۰.۸۲۵	۰.۹۴۱	۰.۸۷۷

۶- نتیجه گیری

در این مقاله، روش یادگیری ماشین ترکیبی برای حل مسئله درجه بندی تومورهای مغزی گلیوما ارائه شد. مدل پیشنهادی برای بهبود معیارهای کارایی، از ترکیب هوشمندانه مدل های یادگیری ماشین در دو سطح بهره برده است. در سطح نخست، چهار مدل قوی یادگیری شامل جنگل تصادفی، ماشین بردار پشتیبان، درخت های به شدت تصادفی و دسته بندی تقویتی به صورت موازی بر روی مجموعه داده آموزشی اجرا شد و خروجی آن ها به مدل رگرسیون ترابری در دسته دوم خوراند می شود تا خروجی نهایی تولید شود. این ترکیب، تا حد زیادی مشکل بیش برآزش را حل کرده و کارایی درجه بندی گلیوما را بهبود داده است. نتایج ارزیابی بر روی مجموعه داده آزمون نشان داد که مدل پیشنهادی ترکیبی EML با کسب صحت ۰.۸۹۳ کارایی روش های لبه دانشی در ادبیات موضوع را بهبود داده است؛ همچنین این مدل، در فاز آموزش و آزمون، پایداری مطلوبی در عملکرد دارد که می تواند برای کاربردهای واقعی، درک زیست شناسی تومور و شناسایی اهداف دارویی مفید باشد. در آزمایش ها مشخص شد که توازن مناسبی بین تعداد اعضای تومورهای LGG و GBM وجود ندارد. ویژگی های IDH1، TP53، Age و ATRX تأثیرگذارترین پارامترها در پیش بینی گلیوما در مجموعه داده مورد بررسی تشخیص داده شدند. برای مورد LGG، پیش بینی مدل به میزان چشم گیری به ویژگی های IDH1 و سن کوچک تر وابسته است. سن بالا احتمال تشخیص LGG را کاهش می دهد. در مورد GBM ویژگی های تأثیرگذار، مقادیر بزرگ تر IDH1، PTEN و TP53 و سن بالاترند؛ به هر حال، باتوجه به نتایج حاصل، از جهت شناسایی بیش تر سن میزان تومورها (یادآوری بالا)، دقت و تفسیرپذیری، می توان با قاطعیت مدل EML را به عنوان بهترین مدل مطرح کرد. از

طرفی در میان مدل های موجود SVM عملکرد مطلوبی نشان نمی دهد.

مدل پیشنهادی، با وجود عملکرد بسیار مطلوب، دارای چندین محدودیت است؛ یکی از مهم ترین آن ها، بررسی تأثیر نامتوازن بودن طبقه ها بر عملکرد مدل ها است؛ پس از تحلیل مجموعه داده، مشخص شد که تعداد نمونه های طبقه GBM کمتر از LGG است. این موضوع باعث می شود مدل پیشنهادی با وجود کسب نرخ یادآوری بالا در تشخیص GBM دقت پایین تری کسب کند که منجر به افزایش احتمال خطای مثبت کاذب می شود که در مسائل پزشکی حائز اهمیت است؛ همچنین، انتخاب حد آستانه خاص برای الگوریتم های Boruta و SHAP در مرحله انتخاب ویژگی، باید به صورت بهینه تنظیم شود تا ریسک حذف ویژگی های مفید را کاهش دهد؛ در نهایت، پیچیدگی مدل پیشنهادی به دلیل ترکیب چندین مدل پایه و یک متامدل بیشتر از مدل های پایه است که چالش هایی را در پیاده سازی مدل ایجاد می کند.

به منظور انجام پژوهش بیشتر و بهبود مدل پیشنهادی موارد زیر به عنوان کارهای آینده در نظر گرفته شده است:

- استفاده از روش های باز نمونه گیری برای مقابله با نامتوازن بودن طبقه ها و بهبود عملکرد مدل در تشخیص هر دو نوع تومور
- بهینه سازی پارامترهای کنترلی الگوریتم های انتخاب ویژگی مانند Boruta و SHAP، می تواند منجر به انتخاب بهینه ویژگی ها و ارتقای هرچه بیشتر عملکرد مدل شود.
- ارزیابی مدل روی مجموعه داده های متنوع و بزرگ-مقیاس جهت بررسی قابلیت تعمیم پذیری، پایداری کاربردپذیری و همچنین نقاط قوت و ضعف مدل پیشنهادی در محیط های بالینی ضروری

7-References

۷-مراجع

- [1] D. N. Louis *et al.*, "The 2007 WHO classification of tumours of the central nervous system," *Acta Neuropathol*, vol. 114, no. 2, pp. 97-109, 2007, doi: 10.1007/s00401-007-0243-4.
- [2] M. A. Naser and M. J. Deen, "Brain tumor segmentation and grading of lower-grade glioma using deep learning in MRI images," *Comput Biol Med*, vol. 121, p. 103758, 2020, doi: 10.1016/j.compbiomed.2020.103758.
- [3] A. Krauze, "Using Artificial Intelligence and Magnetic Resonance Imaging to Address Limitations in Response Assessment in Glioma," *Oncology Insights*, vol. 1, pp. 1-14, 2022, doi: 10.55085/oi.2022.616.
- [4] S. Pereira, R. Meier, V. Alves, M. Reyes, and C. A. Silva, "Automatic brain tumor grading

- [18] R. C. Joshi, R. Mishra, P. Gandhi, V. K. Pathak, R. Burget, and M. K. Dutta, "Ensemble based machine learning approach for prediction of glioma and multi-grade classification," *Comput Biol Med*, vol. 137, p. 104829, Oct. 2021, doi: 10.1016/J.COMPBIOMED.2021.104829.
- [19] S. Gutta, J. Acharya, M. S. Shiroishi, D. Hwang, and K. S. Nayak, "Improved Glioma Grading Using Deep Convolutional Neural Networks," *American Journal of Neuroradiology*, vol. 42, no. 2, pp. 233–239, 2021.
- [20] J. Cheng, J. Liu, H. Yue, H. Bai, Y. Pan, and J. Wang, "Prediction of Glioma Grade Using Intratumoral and Peritumoral Radiomic Features From Multiparametric MRI Images," *IEEE/ACM Trans Comput Biol Bioinform*, vol. 19, no. 2, pp. 1084–1095, 2022, doi: 10.1109/TCBB.2020.3033538.
- [21] T. R. Noviandy, G. M. Idroes, and I. Hardi, "Integrating explainable artificial intelligence and light gradient boosting machine for glioma grading," *Informatics and Health*, vol. 2, no. 1, pp. 1–8, 2025, doi: 10.1016/j.infoh.2024.12.001.
- [22] S. M. Lundberg and S. Lee, "A Unified Approach to Interpreting Model Predictions," in *31st Conference on Neural Information Processing Systems (NIPS 2017)*, Long Beach, CA, USA, 2017, pp. 1–10.
- [23] J. T. Hancock and T. M. Khoshgoftaar, "CatBoost for big data: an interdisciplinary review," *J Big Data*, vol. 7, no. 94, 2020, doi: 10.1186/s40537-020-00369-8.
- [24] A. Verikas, A. Gelzinis, and M. Bacauskiene, "Mining data with random forests: A survey and results of new tests," *Pattern Recognit*, vol. 44, no. 2, pp. 330–349, 2011, doi: 10.1016/j.patcog.2010.08.011.
- [25] P. Geurts, D. Ernst, and L. Wehenkel, "Extremely randomized trees," *Mach Learn*, vol. 63, no. 1, pp. 3–42, 2006, doi: 10.1007/s10994-006-6226-1.
- [26] S. Lavanya, S. V. Annlin Jeba, P. Bhuvaneswari, and F. H. Shajin, "Support vector machine classifier optimized with seagull optimization algorithm for brain tumor classification," *Concurr Comput*, vol. 35, no. 1, pp. 1–13, 2023, doi: 10.1002/cpe.7396.
- [27] M. Maalouf, "Logistic regression in data analysis: An overview," *International Journal of Data Analysis Techniques and Strategies*, vol. 3, no. 3, pp. 281–299, 2011, doi: 10.1504/IJDATS.2011.041335.
- [28] I. M. De Diego, A. R. Redondo, R. R. Fernández, J. Navarro, and J. M. Moguerza, "General Performance Score for classification problems," *Applied Intelligence*, vol. 52, no. 10, pp. 12049–12063, 2022, doi: 10.1007/s10489-021-03041-7.
- [29] خدادای، الناز، حسینی، راحیل، مزینانی مهدی، «ارائه مدل‌های محاسبات نرم مبتنی بر فازی، تکاملی و هوش جمعی در تحلیل تصاویر ماموگرافی جهت تشخیص تومورهای سینه»، فصلنامه پردازش علائم و داده‌ها، دوره ۱۶، شماره ۲، صفحات ۱۶۵–۱۴۷، ۱۳۹۸.
- from MRI data using convolutional neural networks and quality assessment," in *International Workshop on Machine Learning in Clinical Neuroimaging*, Cham: Springer International Publishing, 2018, pp. 106–114.
- [5] K. O. Almansory and F. Fraioli, "Combined PET/MRI in brain glioma imaging," *Br J Hosp Med*, vol. 80, no. 7, pp. 380–386, 2019, doi: 10.12968/hmed.2019.80.7.380.
- [6] J. Tiefenbach *et al.*, "The use of advanced neuroimaging modalities in the evaluation of low-grade glioma in adults: a literature review," *Neurosurg Focus*, vol. 56, no. 2, 2024, doi: 10.3171/2023.11.FOCUS23649.
- [7] E. Tasci, Y. Zhuge, H. Kaur, K. Camphausen, and A. V. Krauze, "Hierarchical Voting-Based Feature Selection and Ensemble Learning Model Scheme for Glioma Grading with Clinical and Molecular Characteristics," *Int J Mol Sci*, vol. 23, no. 22, 2022, doi: 10.3390/ijms232214155.
- [8] P. Wesseling and D. Capper, "WHO 2016 Classification of gliomas," *Neuropathol Appl Neurobiol*, vol. 44, no. 2, pp. 139–150, 2018, doi: 10.1111/nan.12432.
- [9] M. Platten and D. A. Reardon, "Concepts for Immunotherapies in Gliomas," *Semin Neurol*, vol. 38, no. 1, pp. 62–72, 2018, doi: 10.1055/s-0037-1620274.
- [10] R. L. Soiza, A. I. C. Donaldson, and P. K. Myint, "Treatment of glioblastoma in adults," *Ther Adv Vaccines*, vol. 9, no. 6, pp. 259–261, 2018.
- [11] R. Sánchez-Marqués, V. García, and J. S. Sánchez, "A data-centric machine learning approach to improve prediction of glioma grades using low-imbalance TCGA data," *Sci Rep*, vol. 14, no. 1, pp. 1–16, 2024, doi: 10.1038/s41598-024-68291-0.
- [12] M. N. Samara and K. D. Harry, "Integrating Boruta, LASSO, and SHAP for Clinically Interpretable Glioma Classification Using Machine Learning," *BioMedInformatics*, vol. 5, no. 34, pp. 1–26, 2025.
- [13] S. Deepak and P. M. Ameer, "Brain tumor classification using deep CNN features via transfer learning," *Comput Biol Med*, vol. 111, p. 103345, 2019, doi: 10.1016/j.compbiomed.2019.103345.
- [14] A. Alksas *et al.*, "A Novel System for Precise Grading of Glioma," *Bioengineering*, vol. 9, no. 10, pp. 1–21, 2022, doi: 10.3390/bioengineering9100532.
- [15] X. Wang *et al.*, "Machine learning models for multiparametric glioma grading with quantitative result interpretations," *Front Neurosci*, vol. 13, no. JAN, p. 432416, Jan. 2019, doi: 10.3389/FNINS.2018.01046/BIBTEX.
- [16] L. Wen, H. Sun, G. Liang, and Y. Yu, "A deep ensemble learning framework for glioma segmentation and grading prediction," *Sci Rep*, vol. 15, no. 1, pp. 1–15, Dec. 2025, doi: 10.1038/S41598-025-87127-Z;SUBJMETA.
- [17] X. Xia, W. Wu, Q. Tan, and Q. Gou, "Interpretable Machine Learning Models for Differentiating Glioblastoma From Solitary Brain Metastasis Using Radiomics," *Acad Radiol*, vol. 32, no. 9, pp. 5388–5400, Sep. 2025, doi: 10.1016/J.ACRA.2025.05.016.

تصمیم‌گیری غیرقطعی، هوش مصنوعی و یادگیری ماشین است. هم‌اکنون او در زمینه استفاده از یادگیری ماشین در حوزه مسیریابی، تشخیص بیماری در حوزه پزشکی و الگوریتم‌های ترکیبی کار پژوهشی خود را ادامه می‌دهد. نشانی رایانامه ایشان عبارت است از: mohsen.ab@ubonab.ac.ir

[29] E. Khodadadi, R. Hosseini, M. Mazinani, "Soft Computing Methods based on Fuzzy, Evolutionary and Swarm Intelligence for Analysis of Digital Mammography Images for Diagnosis of Breast Tumors," Journal of Signal and Data Processing, vol. 16, no. 2, pp. 147-165, 2019, doi: 10.29252/jsdp.16.2.147.

[۳۰] آذرنوید، بابک، عبدالحسین زاده، محسن، امامی، حجت، «مدل یادگیری ماشین انباشته برای دسته‌بندی و پیش‌بینی بیماری‌های کبدی»، فصلنامه پردازش علائم و داده‌ها، دوره ۲۲، شماره ۲، صفحات ۷۹-۹۶، ۱۴۰۴.

[30] B. Azarnavid, M. Abdolhosseinzadeh, H. Emami, "Stacking machine learning model for classification and prediction of liver diseases," Journal of Signal and Data Processing, vol. 22, no. 2, pp. 79-96, 2025, doi: 10.61882/jsdp.22.2.79.



حجت امامی دانش‌آموخته رشته

مهندسی کامپیوتر گرایش هوش مصنوعی و دانشیار گروه مهندسی کامپیوتر دانشگاه بناب است. زمینه‌های پژوهشی وی شامل

داده‌کاوی، یادگیری ماشین، سامانه‌های چندعاملی، الگوریتم‌های اکتشافی و فرااکتشافی، هوش جمعی و کاربردهای آن است. هم‌اکنون او در زمینه استفاده از یادگیری ماشین در حوزه مدیریت ترافیک هوایی، تشخیص بیماری در حوزه پزشکی و جایابی گره‌ها در شبکه‌های نوری کار پژوهشی خود را ادامه می‌دهد.

نشانی رایانامه ایشان عبارت است از:

emami@ubonab.ac.ir



بابک آذرنوید دانش‌آموخته رشته

ریاضی کاربردی و هم‌اکنون استادیار گروه ریاضی و علوم کامپیوتر دانشگاه بناب است. زمینه‌های پژوهشی او شامل روش‌های عددی حل معادلات

دیفرانسیل، آنالیز عددی، یادگیری ماشین و کاربردهای آن‌ها است. در حال حاضر، وی در زمینه استفاده از یادگیری ماشین برای تشخیص بیماری در حوزه پزشکی و همچنین روش‌های عددی و فراابتکاری در حل معادلات دیفرانسیل به فعالیت‌های پژوهشی خود ادامه می‌دهد.

نشانی رایانامه ایشان عبارت است از:

babakazarnavid@ubonab.ac.ir



محسن عبدالحسین زاده دانش‌آموخته

رشته ریاضی کاربردی گرایش تحقیق در عملیات است. او استادیار گروه ریاضی و علوم کامپیوتر دانشگاه بناب است.

زمینه‌های پژوهشی وی شامل بهینه‌سازی شبکه، بهینه‌سازی ترکیبیاتی، الگوریتم‌های ابتکاری و فراابتکاری،