

**selected feature:** [ 4 14 15]

**w:** [8.93343696e-06 1.59015178e-03 1.48741725e-02]

**FR:** [0.0005360062176, 0.09540910679999999, 0.8924503500000001]

本文的主要贡献在于介绍了一种新的混合诊断策略(HDS)。事实上，本文提出的HDS可以解决分类问题，方法是给每个特征分配一个权重，使分类模型能够做出准确的决策，从而提高诊断的准确性。它可以识别来自患者实验室发现的几个输入特征。HDS有识别有效特征的新技术，并为每个特征分配一个等级。HDS的实施经过三个循序渐进的阶段：

### 1. 预处理阶段。

预处理阶段的主要目标是从离群项和无关特征中过滤患者数据。异常值拒绝过程的目的是检测和拒绝与其他数据相比具有异常行为的匆忙数据。应该从患者实验室的发现中剔除不相关的特征，只选择特征的最佳子集，以使特征排序阶段工作良好。然后，根据每个特征对分类精度的影响对其分配权重。然后使用特征提取器丢弃无效的特征。

### 2. 特征排序阶段。

在第二阶段(例如，特征排序)，选择的特征被排序。特征秩的计算基于两个因素，即(i)特征权重，(ii)特征收敛到其他特征的特征量，通过将特征投影到患者空间(PS)来计算。通过特征连通性图(Feature Connectivity Graph, FCG)可以完成特征的排序。FCG是一个部分连通的无向图，可以用来表示每个特征的权重，以及每个特征与其友元之间的连接强度。由于特征等级是最终诊断决策中对特征效果的衡量，因此计算出的有效特征等级将用于下一个分类阶段。

### 3. 分类阶段(CP)

另一方面，在分类阶段(如CP)，作为本文提出的HDS的第三和最后阶段，两个分类器被称为模糊推理引擎和深度神经网络，以并行的方式进行最终决策。因此，通过计算所使用分类器输出的平均值来做出最终决定。模糊推理机的应用分为五个步骤：(i)模糊化，(ii)归一化，(iii)模糊规则归纳，(iv)去模糊化，(v)决策。深度神经网络(DNN)是一种功能强大的模型，有着广泛的应用。它有助于模糊推理机做出正确的最终决策。提出的HDS与最新的COVID-19检测策略进行了比较，这些策略包括:DarkCovidNet模型[21]、数据处理分组方法(GMDH)模型[22]、KNN变异(KNNV)算法[23]、自动检测和患者监测(ADPM)算法[24]、提出的卷积神经网络(CNN)模型[25]、冠状病毒患者检测策略(CPDS)。

预处理阶段的主要任务是利用数据挖掘技术对患者数据进行过滤。为了实现这一目标，需要执行两个主要过程，它们是：异常值拒绝和特征选择。这两个过程都依赖于数据挖掘技术来给出有意义的模式。首先，从输入的训练集中提取患者的特征。可以考虑用于诊断COVID-19病例的几个特征，如表4所示。虽然特征选择过程可以提高医疗系统的性能，但训练数据集可能有很多罕见的数据相比另一个大的组，可能会降低分类方法的效率。因此，异常值剔除过程是使分类器能够正确学习并提供准确结果的重要过程。有大量的异常值拒绝方法分为两类，它们是：(i)经典离群值方法和(ii)空间离群值方法[44-47]。另一方面，特征选择方法可以分为过滤方法和包装方法。本文利用遗传算法(GA)技术[48]对异常值进行了剔除。

此外，选择COVID-19诊断最有效的特征也很重要。因此，预处理阶段的核心是特征提取模块。但是为了节省分类时间，最好只选择那些有效的特征。特征选择是选择那些对预测问题贡献最大的特征的过程。忽略那些对输出影响较小的输入特征是合理的，这样可以保持预测模型较小的规模。存在不相关特征会降低模型的准确性，使模型基于不相关特征进行学习[44-47]。在开发预测模型时，特征选择过程减少了输入变量的数量，从而最小化了建模的计算成本，降低了模型的复杂性，在许多情况下，它提高了模型的性能。另一方面，一个不相关的输入特征可能会导致过拟合问题，特别是在医学诊断领域，其目的是推断症状与相应诊断之间的关系。如果加上不相关的特征 $f_x$ ，经过调优的机器学习过程可能会得出疾病是由 $f_x$ 决定的结论，导致模型测试时分类精度下降。

一般来说，特征选择算法主要有两种类型，即：过滤器和包装器[44-47]。在前者中，特征的选择独立于机器学习技术。相反，特征是根据它们在几次统计检验中的得分来选择，以确定它们与结果变量的相关性。另一方面，包装器方法使用分类器的分类性能(如准确性)来评估特征。包装器方法有利于提供更好的性能，但代价昂贵。另一方面，过滤器方法计算[49]的精度较低，但速度较快。

在疾病诊断系统中，效率是至关重要的，因此在预处理阶段，所使用的特征蒸馏器依赖于基于包装的算法来计算特征权值[50,51]。在基于包装器的方法中，相对较长的加权时间对系统性能没有影响，因为它只发生一次。特征 $f_x$ 的权重，记为 $w(f_x)$ 表示特征影响，定义为从输入特征集中丢弃 $f_x$ 后模型精度的退化百分比。表5给出了一个估计特征影响的示例，以及所使用的特征蒸馏器将采取的相应行动。可以使用几个分类器来实现底层模型，例如：Naïve贝叶斯(NB)，k近邻(KNN)，和支持向量机(SVM)。只有那些对模型有影响的特征(例如，当被从输入特征集中移除时，会导致所使用的分类器精度下降)才被考虑。另一方面，对分类精度没有或有+ve影响的特征将被丢弃。特征权重可由(4)计算。

$$W(f_x) = \text{精度}(+f_x) - \text{精度}(-f_x)$$

其中 $w(f_x)$ 为特征 $f_x$ 的权重(影响)， $\text{accuracy}(+f_x)$ 为特征集包含特征 $f_x$ 时模型的精度， $\text{accuracy}(-f_x)$ 为去除特征 $f_x$ 时模型的精度。

如表5所示， $f_x$ 应该保留在输入特征中，因为去掉它会降低模型的准确性。另一方面，特征 $f_y$ 和 $f_z$ 分别对模型精度没有影响或降低了模型精度，因此需要去除。有时，添加一个新特性会降低模型的准确性，这是令人惊奇的。例如，如果错误地将患者ID号作为一个输入特征，由于模型被错误地训练，可能会得出疾病是由ID号决定的结论，这势必会在测试阶段降低模型的准确性。在应用预处理阶段之后，将包括四个不同的特征，它们是：白细胞(WBC)，淋巴细胞(LYM)，单核细胞(MON)，定位脱氢酶(LDH)。

## 5.2. 特征排序

选中的特征将被排序。特征秩的计算基于两个因素，分别是：

- (i)特征权重，
- (ii)特征对其友元的收敛量。

通过特征连通性图(Feature Connectivity Graph, FCG)可以完成特征的排序。FCG是一个部分连通的无向图，可以用来表示每个特征的权重，以及每个特征与其友元之间的连接强度。与所有图一样，FCG可以表示为 $FCG = (V, E)$ ，其中节点 $V = \{1, \dots, n\}$ 表示选中的特征，边 $E$ 表示它们之间的关系。这些关系是权重矩阵，由权重矩阵 $W$ ：IFW( $f_i, f_j$ )给出，其中IFW( $f_i, f_j$ )是 $f_i$ 和 $f_j$ 之间的InterFeature权重。如果 $f_i$ 和 $f_j$ 是“友元”，即边 $(i, j)$ 在 $E$  (IFW( $f_i, f_j$ )加权)中，IFW( $f_i, f_j$ )是非零的。在FCG中，该功能只与好友连接。考虑到特征集 $F = \{f_1, f_2, f_3, f_4, f_5, f_6\}$ ，FCG的示例如图4所示。

应该更详细地讨论两个重要问题，它们是：(i) 如何识别特征朋友，以及 (ii) 如何计算特征间权重，该权重可被视为每对所选特征之间收敛量的指示。识别每个特征的朋友可以通过考虑患者空间 (PS) 来完成，其中训练集中的每个患者代表 PS 中的一个维度。不同的考虑特征在 PS 中被投影为点。为了识别特征 $f_i$ 的朋友，表示为 $\text{friends}(f_i)$ ，选择了K个最近的特征。计算 $f_i$ 与K个相邻特征的平均距离，记为：达夫格。然后识别出  $f_i$  周围的邻域，表示为

NBR(fi), 其半径设置为 Davg(fi)。最后, 位于 NBR(fi) 内的所有特征都被视为朋友(fi)。图 5 给出了如何在二维患者空间中识别特征 f1 的朋友的说明, 假设 K = 5, 10 个特征的特征集表示为;  $F = \{f1, f2, f3, \dots, f9, f10\}$ 。

定义1(朋友特性)。事实上, 朋友特征代表的是相互关系最密切的特征的最近邻居。通过识别最近的特征, 只考虑合格的特征进行分类。这保证了最大的分类精度和最小的分类时间。在识别出每个特征的友元之后, 现在的任务是计算每个特征与其每个友元之间的特征间权重, 从而构建底层问题的FCG。一对特征( $f_x, f_y$ )之间的特征间权重, 记为 IFW ( $f_x, f_y$ ), 表示 $f_x$ 和 $f_y$ 之间的弯曲强度, 由(5)计算。

$$IFW(f_x, f_y) = \text{accuracy}(+f_x, +f_y) - \text{accuracy}(-f_x, -f_y)$$

其中 $IFW(f_x, f_y)$ 是对( $f_x, f_y$ )之间的特征间权重, 准确度( $+f_x, +f_y$ )是当特征 $f_x$ 和 $f_y$ 包含在输入特征集中时所采用的基分类器的准确度, 准确率( $-f_x, -f_y$ )是在输入特征集中去除特征 $f_x$ 和 $f_y$ 时所采用的基分类器的准确度。然后通过(6)计算每对朋友特征之间的归一化 $IFW$ ( $NIFW$ )。

$$NIFW(f_x, f_y) = \frac{IFW(f_x, f_y)}{\max_{\forall f_i, f_j \in F} IFW(f_i, f_j)}$$

其中 $NIFW(f_x, f_y)$ 是对( $f_x, f_y$ )之间的归一化特征间权重,  $IFW(f_x, f_y)$ 对( $f_x, f_y$ )之间的特征间权重,  $IFW(f_i, f_j)$ 之间的特征间权重对( $f_i, f_j$ ), ( $f_i, f_j$ )属于选定的输入特征集 F。最后, 特征秩可以通过(7)计算:

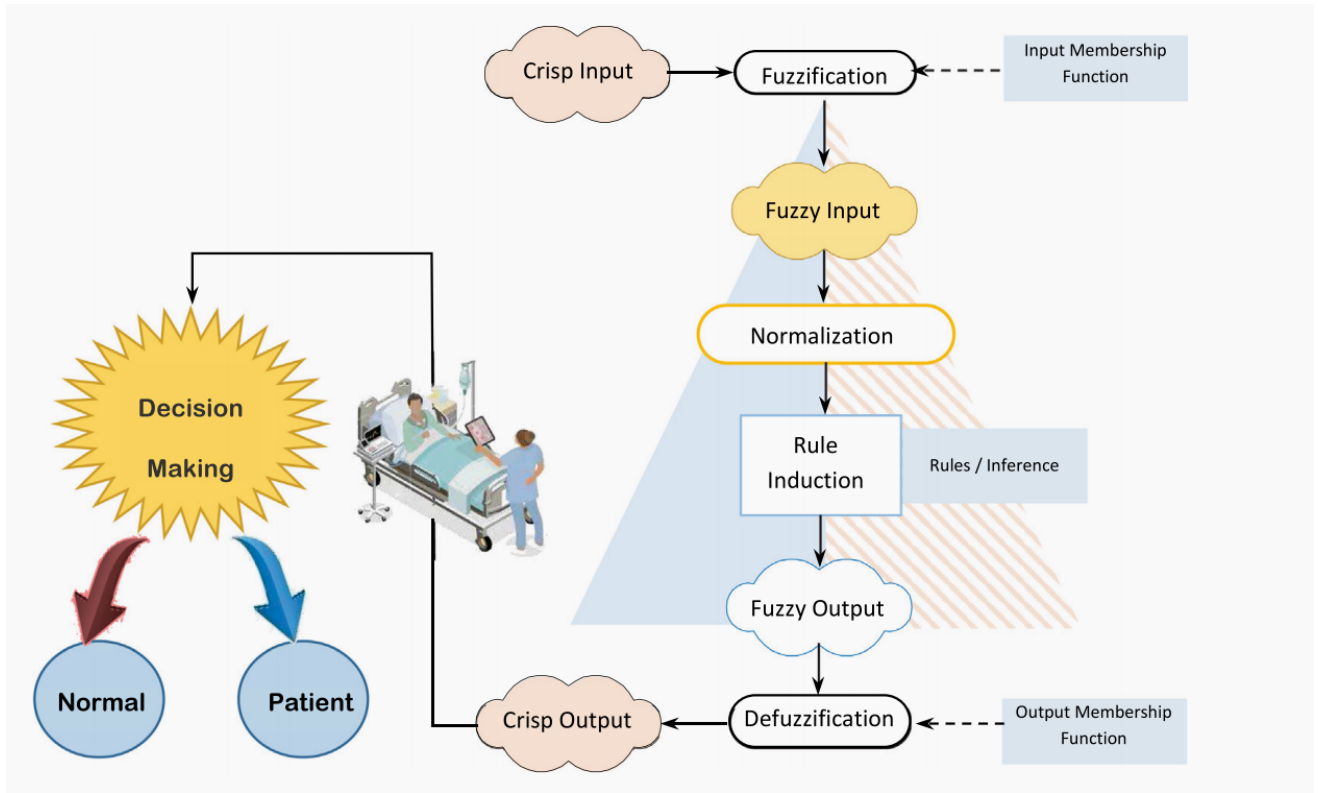
$$FR(f_x) = \left[ \lambda \times w(f_x) + \xi \times \left( \sum_{\forall f_y \in \text{friends}(f_x)} NIFW(f_x, f_y) \times w(f_y) \right) \right] \times 100$$

其中 $FR(f_x)$ 是 $f_x$ 的秩,  $w(f_x)$ 是特征 $f_x$ 的权重(影响),  $NIFW(f_x, f_y)$ 是对( $f_x, f_y$ )之间的归一化特征间权重,  $w(f_y)$ 是特征 $f_y$ 的权重(影响),  $\lambda$ 和 $\xi$ 是权重因子,  $\lambda > \xi$ 。

### 5.3. 分类阶段

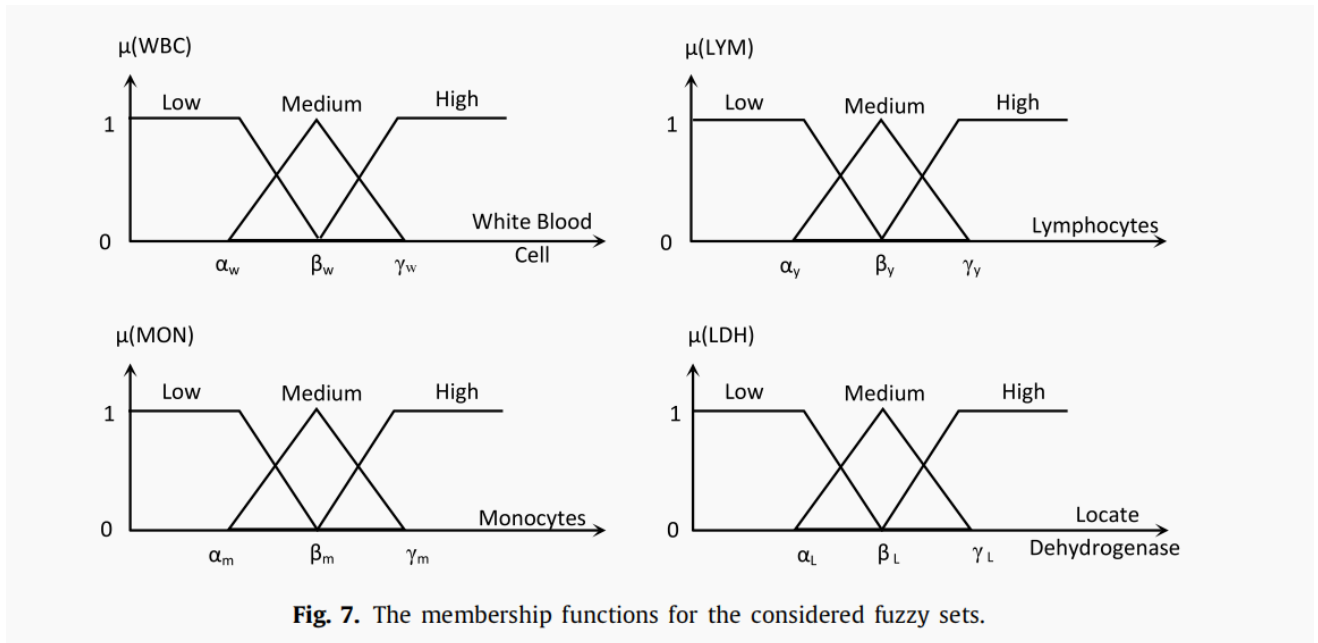
提出的HDS的最后一个阶段是分类阶段, 在此阶段中, 对输入案例是否感染COVID-19病毒作出最终决定。在分类任务中, 从各种来源收集反馈信息可能是明智的, 这样不仅可以减少训练时间, 而且可以提高分类模型的性能。本文的分类模型由两个分类器组成: 模糊推理机, 深度神经网络。两个分类器的最终结果通常是通过计算所使用分类器输出的平均值来获得的。首先, HDS接收患者的实验室检查结果。然后从采集到的实验结果中提取特征, 然后由蒸馏器剔除异常值后选择提取的特征。最后, 分类模型将对排序后的特征执行, 通过计算两个分类器输出的平均值来进行最终决策。

5.3.1. 在HDS中, 应用模糊推理系统通过5个步骤实现, 如图6所示, 分别是:(i)模糊化, (ii)归一化, (iii)模糊规则归纳, (iv)高度去模糊化, (v)决策。关于每个步骤的更多细节将在下一小节中讨论。



#### A. 模糊化

基于预处理阶段使用的特征蒸馏器，建立了四个不同的模糊集，分别是：白细胞(WBC)，淋巴细胞(LYM)，单核细胞(MON)，定位脱氢酶(LDH)将被考虑。在模糊化过程中，将待测输入用例的清晰值转化为语言术语的隶属度，即所选模糊集的“低”、“中”和“高”。每个模糊集使用一个隶属度函数来提供清晰输入值与底层模糊集的相似度。这种被使用的函数返回一个介于0.0(非成员)和1.0(完全成员)之间的值。所考虑四个模糊集的隶属度函数如图7所示，而 $\alpha$ 、 $\beta$ 和 $\gamma$ 的使用值如图6所示。



事实上，在现实世界中产生的任何数据都有一定程度的不确定性(即系统误差和随机误差)。因此，使用任何学习系统来应对这种不确定性都是很重要的。不确定性的定义表示为信息或数据的模糊和缺乏[52]。不确定性有三种类型，分别是认知的、随机的和错误的[53]。事实上，认知的不确定性是由于信息不完整、知识或数据的缺乏而存在的。在处理数据缺乏的问题时，用统计方法解释不确定性是最合适的。这是因为模糊系统理论是一种非概率方法。

许多随机模拟模型需要使用真实世界数据样本精确拟合的输入分布。通常，一个拟合分布几乎肯定不是现实的完美代表，因为样本的数量是有限的。在仿真模型中，输入分布的不规范会影响其输出的质量。不知道驱动仿真模型的真实输入分布的结果被称为输入不确定性。事实上，输入不确定性指的是基于真实数据的输入分布驱动模拟的影响。图8说明了输入不确定性的许多来源。

处理不确定性的模糊逻辑系统有两种:1型模糊逻辑系统(T1 FLSs)和2型模糊逻辑系统(T2 FLSs)。T1外语教学能够处理由词义不精确和模糊引起的语言不确定性。尽管T1 FLSs的有效性，但仍存在动态不确定性，如用于调整各自模糊系统的训练数据的不确定性，以及激活系统的测量的不确定性，这些可能导致性能下降。因此，这种退化意味着T1 FLSs使用精确的T1模糊隶属函数。此外，一旦设计过程完成，这些隶属度函数的参数是固定的。

另一方面，T2 FLSs有能力应用于许多工程领域，这些系统可以处理动态不确定性[54]。因此，在面对动态不确定性时，T2 FLSs优于T1 FLSs。主要的区别取决于每个模糊集的模型，它使用的是隶属度。实际上，这些隶属度本身就是模糊集。这种新的不确定性维度引入了额外的自由度。这种自由度已被用于建模和应对动态输入不确定性。输入不确定性可以提高整个系统的性能，因此需要认真研究输入不确定性。虽然这里没有处理输入的不确定性，但是可以通过研究输入的不确定性来增加额外的工作来提高性能。

## B. 标准化

模糊化步骤的输出，如每个输入的crisp值对对应的模糊集的隶属度，乘以特征秩阶段计算的相关特征的秩。为说明问题，将 $\mu(WBC)$ 与 $FR(WBC)$ 相乘，得到一个新的值，称为对 $WBC$ 模糊集的隶属度排序值，记为; $\mu_R(WBC)$ 。因此， $\mu_R(WBC) = \mu(WBC) * FR(WBC)$ 。对其余三个模糊集 $LYM$ 、 $MON$ 和 $LDH$ 的隶属度进行相同的处理。一般由(8)计算模糊集 $X$ 的排序隶属度值。

$$\mu_R(X) = \mu(X) \times FR(X)$$

其中， $\mu_R(X)$ 是模糊集 $X$ 的排序隶属度值， $\mu(X)$ 是对应于 $X$ 模糊集的隶属度， $FR(X)$ 是对应于 $X$ 模糊集的特征的秩。通过归一化步骤，将每个模糊集的排序隶属度值归一化，得到0.0 ~ 1.0之间的值。模糊集 $X$ 的归一化隶属度值为(9)。

$$\mu_N(X) = \frac{\mu_R(X)}{\max_{\omega \in \text{fuzzysets}} \mu_R(\omega)}$$

其中: $\mu_N(X)$ 为模糊集 $X$ 的归一化隶属度值， $\mu_R(X)$ 为模糊集 $X$ 的排序隶属度值， $\mu_R(\omega)$ 为模糊集 $\omega$ 的排序隶属度值。

## C. 模糊规则归纳

归一化步骤的输出是模糊规则库的输入。考虑过的规则在形式上;if (A是X) AND (B是Y) AND (C是Z) . . . . . THEN (R为M)，其中A、B、C代表输入变量(如WBC、LYM、MON、LDH)，X、Y、Z代表相应的语言术语(如low、medium、high)，R代表规则输出。规则中的R.H.S(例如，THEN之前的部分)被称为“先行词”，而L.H.S(例如，THEN之后的部分)被称为“结果词”。共执行81条规则，见表7，其中;“L”代表“低”，“H”代表“高”，“M”代表“中”。为了说明，表7中的第二条规则表明;如果WBC(Item)为Low AND LYM(Item)为Low AND MON(Item)为Low AND LDH(Item)为Medium则Output is Low。

可以考虑四种不同的模糊规则推理技术，即;极大极小，极大积，剧烈积，和点[10,11]。本文研究了最大-最小技术，它一方面是在规则前提下对连接和蕴涵函数选择最小算子，另一方面是用最大算子进行聚合。为了便于说明，考虑一个简单的例子，每个规则有两项证据，然后，相应的规则如表8所示。

因此，最大-最小组合推理规则如式(10)所示，其结果为式(11)。

$$\mu_Y = \overbrace{\max}^{\text{aggregation}} \left[ \underbrace{\min}_{\text{implication}} (\mu_{X_{j1}}, \mu_{X_{j2}}) \forall j \in \{1, 2, 3, \dots, N\} \right]$$

$$\mu_Y = \max [\min (\mu_{X_{11}}, \mu_{X_{12}}), \min (\mu_{X_{21}}, \mu_{X_{22}}), \dots \min (\mu_{X_{N1}}, \mu_{X_{N2}})]$$

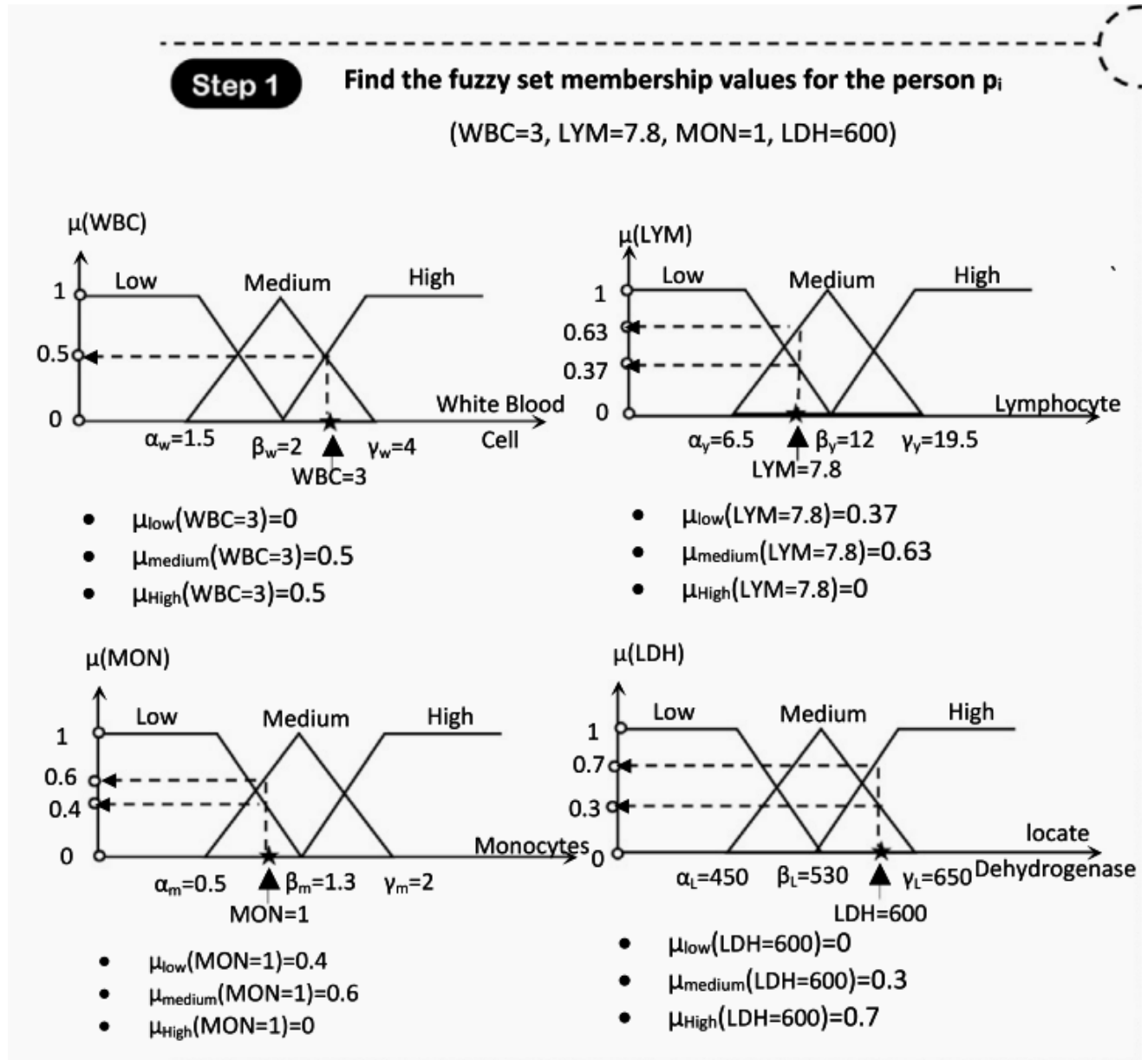
## D. 去模糊化

通常，推理引擎的输出是一个模糊集，然而，大多数实际应用程序通常需要清晰的值。因此，对输出的模糊规则进行去模糊化处理。解模糊化过程是从一个模糊空间映射到一个非模糊空间的动作。几种去模糊化技术可以考虑如下：极大值、重心和极大准则的均值[10,11]。据我们所知，重心法(COG)是最流行的一种方法，在这种方法中，隶属函数曲线所包围的区域的加权平均被认为是模糊量的清晰值。根据本文的工作，利用图9所示的输出隶属度函数进行了去模糊化处理。因此，考虑一个人 $p_i$ ，其输入参数为; $WBC_i, LYM_i, MON_i, LDH_i$ 。去模糊化过程的结果是一个清晰的值，它结合了来自考虑的输入参数(例如， $p_i$ 特征)的证据，并据此表示人的诊断值(DV)，即 $DV(p_i)$ 。

#### E.决策

在计算输入病例(人)的诊断值后，需要确定输入病例的初始归属分数，并将其划分到各个类别标签(患者和正常人)。为达到此目的，计算诊断阈值和诊断常数，记为; $DV_{TH}$ 和 $\delta$ 。因此，一旦获得了输入案例的诊断值，就确定了输入案例的归属分数。因此，输出可以解释为属于每个考虑的类的特定输入案例(人)的概率。然而，准确计算 $DV_{TH}$ 和 $\delta$ 值是一个挑战。对 $DV_{TH}$ 和 $\delta$ 进行了经验计算。首先，准备了一套 $2\Psi$ 培训病例，由相同数量的COVID-19患者和正常人组成(例如，COVID-19患者 $\Psi$ 病例，正常人 $\Psi$ 病例)。提取每个病例的特征(如 $WBC$ 、 $LYM$ 、 $MON$ 和 $LDH$ )。

使用前面小节中演示的程序计算集合中每个案例的相应诊断值。然后计算平均诊断值，构成 $DV_{TH}$ 值。200例( $\Psi = 100$ )进行了这种场景， $DV_{TH}$ 的计算值为5.836，诊断常数( $\delta$ )为2。如图10所示，使用一个简单的步长函数来估计输入的新案例的归属分数。算法1说明了 $DV_{TH}$ 的计算步骤。



## Step 2

### Multiply by the Feature Rank and Normalization

$$\mu_R(X) = \mu(X) * FR(X)$$

$$\mu_N(X) = \frac{\mu_R(X)}{\max_{\forall \omega \in \text{fuzzy sets}} \mu_R(\omega)}$$

Feature	Feature Rank (FR)
WBC	0.79
LYM	0.83
MON	0.62
LDH	0.58

Feature	Value	$\mu_{Low}$	$\mu_{Medium}$	$\mu_{High}$	$\mu_{Low(R)}$	$\mu_{Medium(R)}$	$\mu_{High(R)}$	$\mu_{Low(N)}$	$\mu_{Medium(N)}$	$\mu_{High(N)}$
WBC	3	0	0.5	0.5	0	0.395	0.395	0	0.755	0.97
LYM	7.8	0.37	0.63	0	0.3071	0.5229	0	1	1	0
MON	1	0.4	0.6	0	0.248	0.372	0	0.8	0.71	0
LDH	600	0	0.3	0.7	0	0.174	0.406	0	0.33	1

## Step 3

### Calculate the fuzzy outputs for each rule.

ID	WBC	LYM	MON	LDH	Rule output	Output membership
29	M	L	L	M	L	Min(0.755,1,0.80.33)= 0.33
30	M	L	L	H	L	Min(0.755,1,0.8,1)= 0.755
32	M	L	M	M	M	Min(0.755,1,0.71,0.33)=0.33
33	M	L	M	H	M	Min(0.755,1,0.71,1)= 0.71
38	M	M	L	M	M	Min(0.755,1,0.8,0.33)= 0.33
39	M	M	L	H	M	Min(0.755,1,0.8,1)= 0.755
41	M	M	M	M	M	Min(0.755,1,0.71,0.33)= 0.33
42	M	M	M	H	M	Min(0.755,1,0.71,1)= 0.71
56	H	L	L	M	L	Min(0.97,1,0.8,0.33)=0.33
57	H	L	L	H	H	Min(0.97,1,0.8,1)=0.8
59	H	L	M	M	M	Min(0.97,1,0.71,0.33)=0.33
60	H	L	M	H	H	Min(0.97,1,0.71,1)=0.71
65	H	M	L	M	M	Min(0.97,1,0.8,0.33)=0.33
66	H	M	L	H	H	Min(0.97,1,0.8,1)=0.8
68	H	M	M	M	M	Min(0.97,1,0.71,0.33)=0.33
69	H	M	M	H	M	Min(0.97,1,0.71,1)=0.71

So that the output will be:

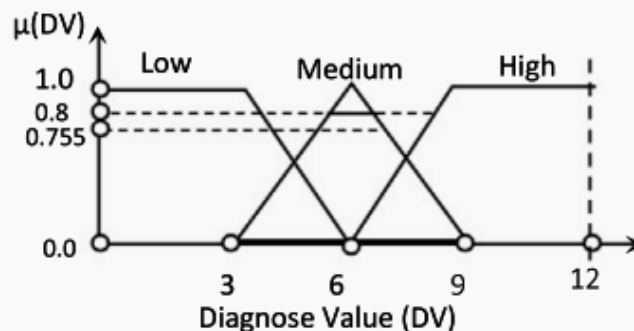
- Low with membership=MA0.33,0.755)= 0.755
- Medium with membership=MAX(0.33, 0.71, 0. 755)= 0.755
- High with membership=MAX(0.8, 0.71)= 0. 8

## Step 4

### Defuzzification

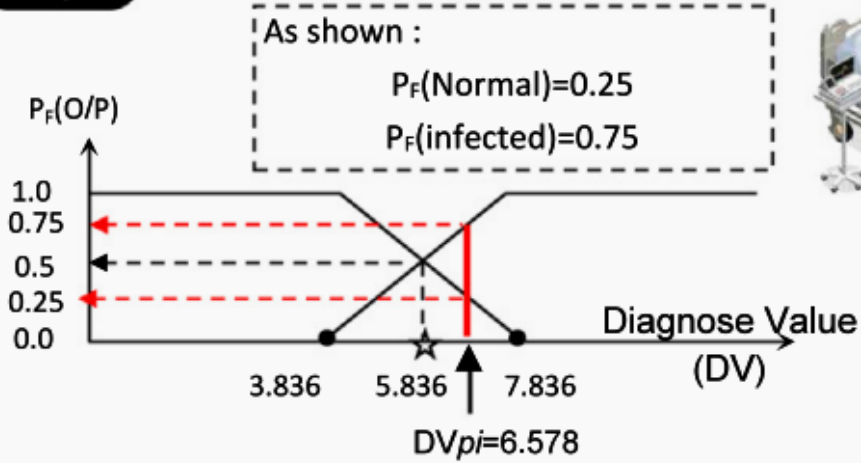
Use the center of gravity method:

$$COG = \frac{\sum \mu(DV) * DV}{\mu(DV)}$$

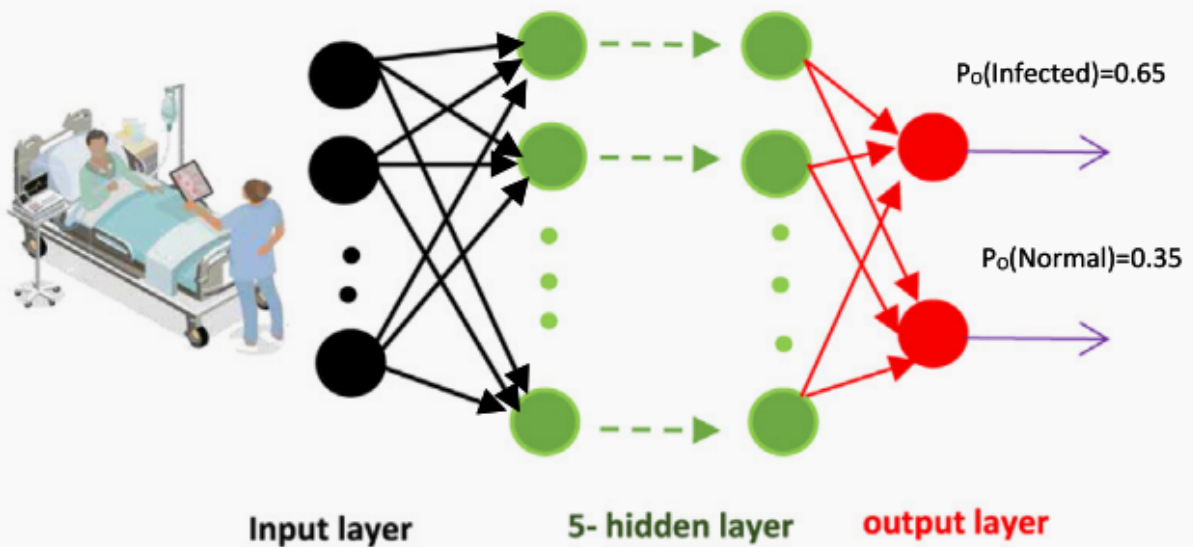


$$COG = \frac{\sum_{x=1}^4 x * 0.755 + \sum_{x=5}^8 x * 0.755 + \sum_{x=9}^{12} x * 0.8}{4(0.755 + 0.755 + 0.8)} = \frac{60.78}{9.24} = 6.578$$

### Step 5 Fuzzy Decision Making



### Step 6 DNN Decision





### Step 7 Final Decision

$$P_{pi}(Infected) = \frac{P_F(Infected) + P_O(Infected)}{2} = \frac{0.75 + 0.65}{2} = 0.7$$

$$P_{pi}(Normal) = \frac{P_F(Normal) + P_O(Normal)}{2} = \frac{0.25 + 0.35}{2} = 0.3$$

As shown:  $P_{pi}(Infected) > P_{pi}(Normal)$

∴ The person  $p_i$  is COVID-19 patient

#### 5.3.2. 深度神经网络(Deep Neural Network, DNN)

深度神经网络(Deep Neural Network, DNN)是一种在输入和输出之间具有多层结构的人工神经网络。它帮助我们创建模型，并以简单的形式定义其复杂的层次结构。因此，DNN由输入层、n个隐藏层和输出层组成，每层都由节点[55]组成。当输入层接收输入数据时，隐藏层对输入执行数学计算。输入输出层的节点数、偏差、学习速率、初始调整权值、隐含层数、每层隐含层的节点数、执行时终止周期的停止条件是DNN的基本参数。本文在提取和选择特征后，对得到的特征向量进行5层隐层处理的DNN分类步骤，根据每个类标签确定待分类输入项的归属程度。所使用的DNN模型如图11所示。

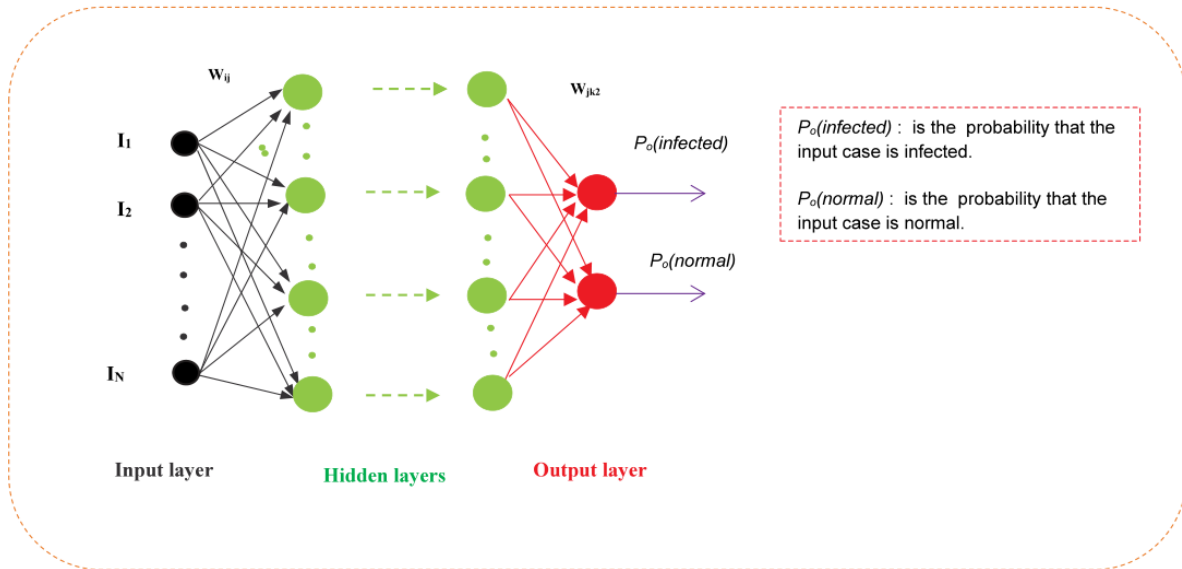


Fig. 11. DNN architecture.

在DNN模型中，偏置值赋值为1，在任何一个神经网络中，为了避免网络结果被置零，通常将偏置值赋值为1，学习速率赋值为默认值0.15。此外，节点的初始权值可以在反向传播过程中由网络通过计算错误率随机生成并改变，并在每个历元之后定期更新。隐含层的数量和每个隐含层中的节点数量是根据输入的数量和数据的大小来决定的。同时，终止条件要么满足时数，要么满足学习模型的预期结果。事实上，输出是用概率来预测的，所以sigmoid激活函数是训练模型的正确选择。因为任何事物的概率只存在于0到1之间，所以sigmoid型是最佳选择。

### 5.3.3. 最后的决定

最后，是时候决定这个人是被感染了还是正常了。为了达到这个目的，使用(12)和(13)计算两个分类器输出的平均值来计算每个考虑类的最终归属程度。

$$P_{pi}(\text{Infected}) = \frac{P_F(\text{ Infected } ) + P_o(\text{ Infected } )}{2}$$

$$P_{pi}(\text{Normal}) = \frac{P_F(\text{ Normal } ) + P_o(\text{ Normal } )}{2}$$

其中 $P_{pi}(\text{Infected})$ 为输入案例(人)感染冠状病毒的概率， $P_F(\text{Infected})$ 为表示输入案例(人)感染冠状病毒的模糊推理机输出概率， $P_o(\text{Infected})$ 为表示人感染病毒的DNN分类器输出概率。此外， $P_{pi}(\text{Normal})$ 是输入病例(人)未感染冠状病毒的概率。 $P_F(\text{Normal})$ 是表示该人未感染冠状病毒的模糊推理机输出概率， $P_o(\text{Normal})$ 是表示输入case未感染冠状病毒的DNN分类器输出概率。最后，输入用例的目标是所属分数最高的类。根据式(12)和式(13)，通过计算所使用分类器输出的平均值来进行最终决策，以克服两种分类器的缺点，从而获得最准确的诊断。图12详细地显示了计算一个人的输入情况pi诊断值所应遵循的顺序步骤。

评估

**Table 11**  
Confusion matrix.

		Predicted label	
		Positive	Negative
Known label	Positive	True Positive (TP)	False Negative (FN)
	Negative	False Positive (FP)	True Negative (TN)

**Table 12**  
Confusion matrix formulas.

Measure	Formula	Intuitive meaning
Precision (P)	$TP/(TP + FP)$	The percentage of positive predictions those are correct.
Recall/Sensitivity (R)	$TP/(TP + FN)$	The percentage of positive labeled instances that were predicted as positive.
Accuracy (A)	$(TP+TN)/(TP + TN + FP + FN)$	The percentage of predictions those are correct.
Error (E)	1-Accuracy	The percentage of predictions those are incorrect.
Macro-average	$\sum_{i=1}^c P_i/c$ "for Precision" $\sum_{i=1}^c R_i/c$ "for Recall"	The average of the precision and recall of the system on different c classes.
Micro-average	$(TP1 + TP2)/(TP1 + TP2 + FP1 + FP2)$ "for precision" $(TP1 + TP2)/(TP1 + TP2 + FN1 + FN2)$ "for Recall"	The summation up to the individual true positives, false positives, and false negatives of the system for different classes and the apply them to get the statistics
F-measure	$2*PR/(P+R)$	The weighted harmonic mean of Precision and Recall

**Table 13**

Performance of HDS in terms of accuracy, precision, recall, and error.

Fold	Accuracy	Precision	Recall	Error
1	98%	97%	97%	2%
2	96.86%	96%	96%	3.14%
3	96.86%	95.5%	95.5%	3.14%
4	98%	97%	97%	2%
5	98%	97%	97%	2%
6	98%	96.6%	96.5%	2%
7	96.86%	95.86%	95%	3.14%
8	98%	97.5%	97%	2%
9	98%	97%	96.5%	2%
10	98%	98.1%	98%	2%
Average	97.658%	96.756%	96.55%	2.342%

**Table 14**

Performance of HDS in terms of Macro-average (precision& recall) and Micro-average (precision& recall), and F-measure.

Fold	Macro-average precision	Macro-average recall	Micro-average precision	Micro-average recall	F-measure
1	96%	97%	96.5%	96.8%	97%
2	95.6%	95.9%	96%	96%	96%
3	95%	95.8%	95%	95%	95%
4	96.5%	97%	96.9%	97.2%	97%
5	96.5%	97%	96.9%	96.9%	96.9%
6	96%	96.5%	96.6%	97%	96.5%
7	95.55%	95.3%	95.5%	95.8%	95.75%
8	97.1%	96.3%	97.8%	96.9%	97%
9	96%	96%	96.9%	97%	96.5%
10	97.1%	98%	97%	96.9%	98.5%
Average	96.135%	96.44%	96.51%	96.55%	96.615%

**Table 15**

Comparison between HDS and the existing classification technique in terms of accuracy, precision, recall, and error.

Used technique	Accuracy	Precision	Recall	Error
DarkCovidNet	84.26%	85.6%	82.5%	15.74%
GMDH	92.48%	93%	91.4%	7.52%
KNNV	91.5%	92.3%	93.6%	8.5%
ADPM	90.4%	89.9%	89.9%	9.6%
CNN	85.6	87.42%	85.6%	14.4%
CPDS	94.9%	90.86%	91%	5.1%
RBFL	95.97%	92.6%	93.48%	4.03%
HDS	97.658%	96.756%	96.5%	2.342%

**Table 16**

Comparison between HDS and the existing classification technique in terms of Macro-average (precision& recall), Micro-average (precision& recall), and F-measure.

Used technique	Macro-average precision	Macro-average recall	Micro-average precision	Micro-average recall	F-measure
DarkCovid-Net	83%	84.6%	82%	87.6%	82.5%
GMDH	92%	90%	90.6%	89.95%	90.3%
KNNV	89.5%	85.7%	87.6%	88.5%	90.1%
ADPM	89.5%	88.9%	87.98%	89.56%	83%
CNN	85.7	86.4%	83.6%	83.9%	87%
CPDS	90.1%	92.16%	91.8%	89.8%	93.42%
RBFL	94.7%	93.6%	93.8%	94.7%	94.8%
HDS	96.035%	96.42%	96.5%	96.52	96.615%

**Table 19**

Comparison between HDS with different feature selection techniques in terms of accuracy, precision, recall, and error.

Used technique	Accuracy	Precision	Recall	Error
Method1: HDS-(FAR-BSO)	90.4%	86.5%	84.5%	9.6%
Method 2: HDS-OCS	92.98%	92.9%	92.4%	7.02%
Method 3: HDS-FWFSS	93.8%	93.4%	93.6%	6.2%
Method 4: HDS-HFS	95.5%	94.9%	93.9%	4.5%
HDS	97.658%	96.756%	96.5%	2.342%

**Table 20**

Comparison between HDS with different feature selection techniques e in terms of Macro-average (precision& recall), Micro-average (precision& recall) and F- measure.

Used technique	Macro-average precision	Macro-average recall	Micro-average precision	Micro-average recall	F-measure
Method1: HDS-(FAR-BSO)	85%	86.6%	85.9%	89.6%	86.5%
Method 2: HDS-OCS	93%	91%	90.6%	89.95%	90.9%
Method 3: HDS-FWFSS	93.5%	94.7%	91.46%	90.5%	91.1%

Method 4: HDS-HFS	94.5%	94.9%	92.08%	92.56%	92.8%
HDS	96.035%	96.42%	96.5%	96.52	96.615%

---