

Лабораторна робота 4. Методи класифікації на основі машинного навчання на базі медичних даних

Ковальчук Роман КН-314

Мета роботи

Ця лабораторна робота присвячена застосуванню методів аналізу великих даних для дослідження поширення COVID-19 у світі. Розглядається розпізнавання та класифікація зображення на рентгенівському знімку грудної клітки для прогнозування діагнозу.

Вступ

Рентгенівське випромінювання широко використовується в медичній практиці. Рентгенівські промені можна використовувати для діагностики різних захворювань. Однак діагноз залежить від досвіду лікаря, що може призвести до неправильного лікування. Сучасні методи штучного інтелекту та розпізнавання образів дозволяють створювати експертні системи, що дозволяють автоматично встановлювати діагноз.

Для виконання лабораторної роботи необхідно завантажити зображення, трансформувати їх і визначити основні ознаки, які лежать в основі класифікації захворювань.

Буде розглянуто два різних підходи до класифікації зображень (захворювань):

1. Різні класичні методи та їх порівняння;
2. Згорткові нейронні мережі (Convolutional Neuron Network (CNN)).

Матеріали та методи

У цій лабораторній роботі розглянуто основні методи класифікації зображень. Лабораторна робота складається з чотирьох етапів:

- Завантаження та попередня обробка зображень
- Створення властивостей зображень
- Порівняння різних класичних методів класифікації
- Побудова та підгонка згорткової нейронної мережі

Статистичні дані отримані з <https://www.kaggle.com/pranavraikokte/covid19-image-dataset> (<https://www.kaggle.com/pranavraikokte/covid19-image-dataset>) на основі [CC BY-SA 4.0](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/) (<https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/>) ліцензії.

Середовища виконання

- [Python](https://www.python.org/) (<https://www.python.org/>)
- [os](https://docs.python.org/3/library/os.html) (<https://docs.python.org/3/library/os.html>)

- [numpy](https://numpy.org) (<https://numpy.org>)
- [glob](https://docs.python.org/3/library/glob.html) (<https://docs.python.org/3/library/glob.html>)
- [SeaBorn](https://seaborn.pydata.org) (<https://seaborn.pydata.org>)
- [Matplotlib](https://matplotlib.org) (<https://matplotlib.org>)
- [mahotas](https://mahotas.readthedocs.io/en/latest/) (<https://mahotas.readthedocs.io/en/latest/>)
- [keras](https://keras.io) (<https://keras.io>)
- [scikit-learn](https://scikit-learn.org) (<https://scikit-learn.org>)
- [pandas](https://pandas.pydata.org) (<https://pandas.pydata.org>)

Отримані навички

Після виконання цієї лабораторної роботи ви зможете:

- Завантажувати та попередня обробка зображень.
- Створювати властивості зображень.
- Будувати різні класифікаційні моделі.
- Будувати моделі згорткових нейронних мереж.
- Визначати діагноз на основі рентгенівських зображень.

Завантаження та попередня обробка зображень

Встановлення необхідних бібліотек

Для виконання лабораторної роботи потрібно встановити додаткові бібліотеки або деякі оновити.

In []:

```
conda install mahotas
```

In []:

```
conda install -c conda-forge tensorflow --yes
```

Імпорт необхідних бібліотек

Тут ми будемо використовувати Mahotas для обробки зображень і бібліотеку Keras для створення моделі CNN та її навчання. Ми також будемо використовувати Matplotlib і Seaborn для візуалізації набору даних, щоб краще зрозуміти зображення, які ми збираємося обробляти. Ми також будемо використовувати бібліотеки os і glob для роботи з файлами і папками. NumPy буде застосовано до масивів зображень. Scikit-Learn буде використовуватися для класичних моделей класифікації. А для порівняння класифікаторів візьмемо Pandas.

Завантаження даних

Для класифікації зображення мають бути однакового розміру. Щоб досягти цього, створимо глобальну змінну, яка визначатиме розмір (висоту та ширину) для зміни розміру зображення. Обидва в нашому випадку 224.

In [2]:

```
IMM_SIZE = 224
```

Для зручності ми створюємо функцію, яка завантажує та відображає всі картинки із зазначеного каталогу. Для того, щоб класифікувати зображення, всі зображення повинні бути розміщені в підкаталогах. Назви цих підкаталогів насправді є іменами класів. У нашому випадку зображення є рентгенівськими, які потрібно помістити у підпапки з назвами діагнозів. Наприклад, підпапка COVID має містити рентгенівські знімки людей із цією хворобою. Перш за все, ми повинні створити список підпапок, який є списком можливих класів захворювань. У нашому випадку це буде: Норма, COVID, Вірусна пневмонія.

Далі нам потрібно створити список усіх зображень. Після цього завантажимо та обробимо всі зображення:

1. завантажимо з [mahotas.imread\(\)](https://mahotas.readthedocs.io/en/latest/io.html) (<https://mahotas.readthedocs.io/en/latest/io.html>)
2. Необхідно змінити розмір зображень до (IMM_SIZE x IMM_SIZE). Якщо зображення сірого кольору, воно подається у вигляді 2D-матриці: (висота, ширина). jpg та png зображення є 3D (висота, ширина, 3 або 4). Щоб це зробити треба використати: [mahotas.resize_to\(\)](https://github.com/luispedro/mahotas/blob/master/mahotas/resize.py) (<https://github.com/luispedro/mahotas/blob/master/mahotas/resize.py>).
3. Якщо третій параметр форми зображення дорівнює 4, це означає альфа-канал. Ми можемо видалити його за допомогою фрагментації зображення[:, :, :3].
4. Потім нам потрібно перетворити всі зображення в сірий 2D формат: [mahotas.colors.rgb2grey\(\)](https://mahotas.readthedocs.io/en/latest/color.html) (<https://mahotas.readthedocs.io/en/latest/color.html>).

Функція повертає масив кортежів [image, class name].

In []:

```
conda install mahotas
```

In [3]:

```
import os
import glob
import matplotlib.pyplot as plt
import numpy as np
import mahotas as mh

def get_data(folder):
    class_names = [f for f in os.listdir(folder) if not f.startswith('.')] # create a list
    data = []
    print(class_names)
    for t, f in enumerate(class_names):
        images = glob.glob(folder + "/" + f + "/*") # create a list of files
        print("Downloading: ", f)
        fig = plt.figure(figsize = (50,50))
        for im_n, im in enumerate(images):
            plt.gray() # set grey colormap of images
            image = mh.imread(im)
            if len(image.shape) > 2:
                image = mh.resize_to(image, [IMM_SIZE, IMM_SIZE, image.shape[2]]) # resize
            else:
                image = mh.resize_to(image, [IMM_SIZE, IMM_SIZE]) # resize of grey images
            if len(image.shape) > 2:
                image = mh.colors.rgb2grey(image[:, :, :3], dtype = np.uint8) # change of co
            plt.subplot(int(len(images)/5)+1, 5, im_n+1) # create a table of images
            plt.imshow(image)
            data.append([image, f])
        plt.show()

    return np.array(data)
```

Для навчання та тестування всі зображення слід розділити на навчальні та тестові групи та розмістити в окремих папках. Давайте завантажимо всі зображення у відповідні масиви.

In [5]:

```
d = "Covid19-dataset/train"
train = get_data(d)

d = "Covid19-dataset/test"
val = get_data(d)
```



In [6]:

```
print("Train shape", train.shape) # Size of the training DataSet
print("Test shape", val.shape) # Size of the test DataSet
print("Image size", train[0][0].shape) # Size of image
```

Train shape (251, 2)
Test shape (66, 2)
Image size (224, 224)

Для навчання та тестування всі зображення слід розділити на навчальні та тестові групи та розмістити в окремих папках. Давайте завантажимо всі зображення у відповідні масиви. Як бачимо, навчальний DataSet складається з 251 зображення, а тестовий – із 66 зображень. Усі зображення у сірому 2D (224x224) форматі.

Візуалізація даних

Давайте візуалізуємо наші дані і подивимось, з чим саме ми працюємо. Використовуємо Seaborn для побудови графіка кількості зображень у всіх класах. Ви можете побачити, як виглядає результат.

In [7]:

```
import seaborn as sns

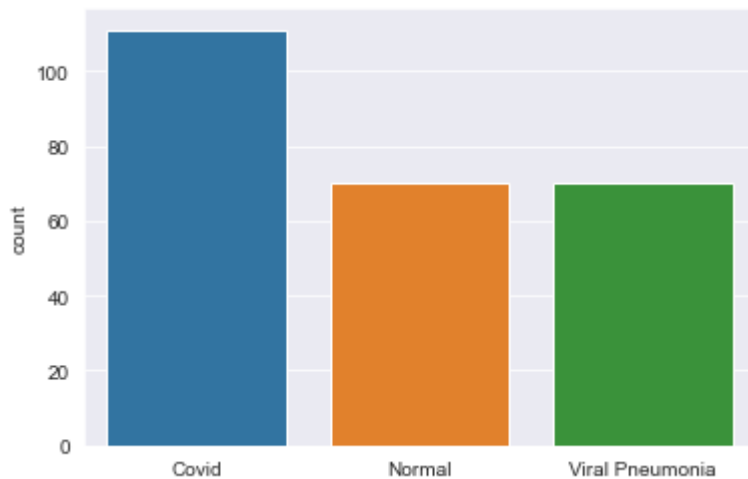
l = []
for i in train:
    l.append(i[1])
sns.set_style('darkgrid')
sns.countplot(l)
```

C:\Anaconda\lib\site-packages\seaborn_decorators.py:36: FutureWarning: Pass the following variable as a keyword arg: x. From version 0.12, the only valid positional argument will be `data`, and passing other arguments without an explicit keyword will result in an error or misinterpretation.

```
warnings.warn(
```

Out[7]:

<AxesSubplot:ylabel='count'>



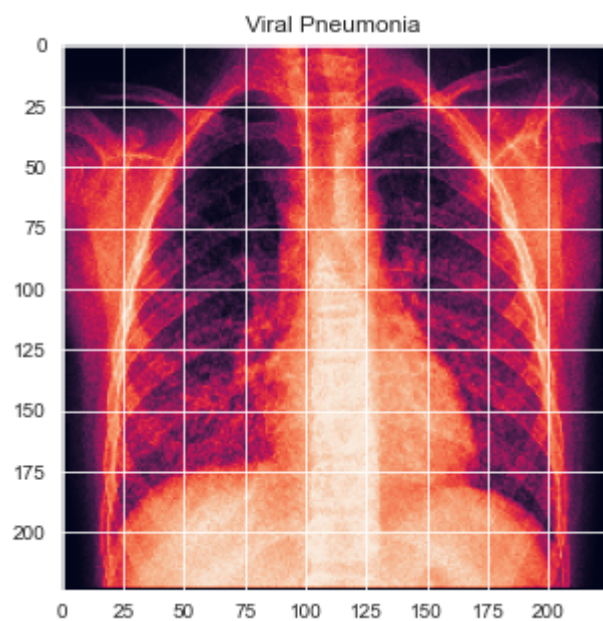
також візуалізуємо перше зображення з класів Вірусна пневмонія та Covid у навчальному DataSet:

In [8]:

```
plt.figure(figsize = (5,5))  
plt.imshow(train[np.where(train[:,1] == 'Viral Pneumonia')[0][0])[0])  
plt.title('Viral Pneumonia')
```

Out[8]:

Text(0.5, 1.0, 'Viral Pneumonia')

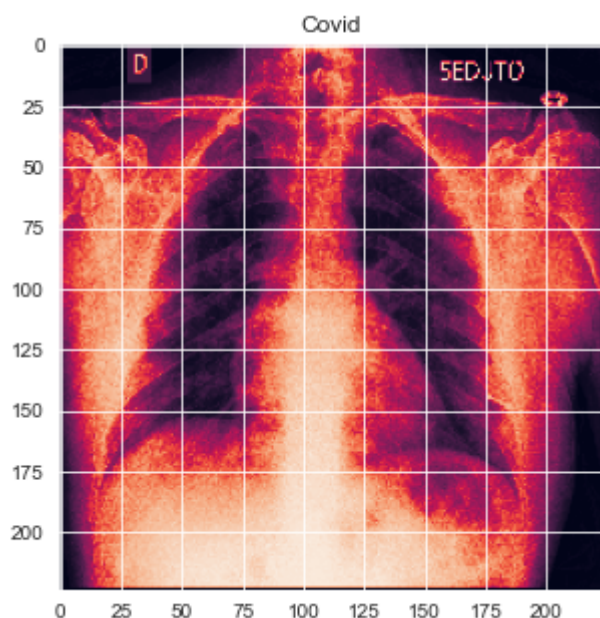


In [7]:

```
plt.figure(figsize = (5,5))
plt.imshow(train[np.where(train[:,1] == 'Covid')[0][0])[0])
plt.title('Covid')
```

Out[7]:

Text(0.5, 1.0, 'Covid')



Створення властивостей зображення

Щоб класифікувати об'єкти, потрібно перетворити набір даних так, щоб вхідними були набір ознак, а виходом — клас об'єктів. Зображення - це матриця пікселів. Кожен піксель є кольором. Тому неможливо подати безпосередньо зображення на вхід класичного класифікатора. Необхідно перетворити кожне зображення в набір певних ознак. Mahotas дозволяє легко розрахувати особливості зображення. Відповідні функції можна знайти в підмодулі [mahotas.features](https://mahotas.readthedocs.io/en/latest/) (<https://mahotas.readthedocs.io/en/latest/>). Набір текстурних функцій Haralick добре відомий. Як і багато алгоритмів обробки зображень, він названий на честь свого винахідника. Функції засновані на текстурах, тобто розрізняють структуровані і неструктуровані зображення, а також різноманітні повторювані структури. За допомогою Mahotas ці

характеристики розраховуються дуже легко: `haralick_features = mh.features.haralick(image)`
`haralick_features_mean = np.mean(haralick_features, axis = 0)` `haralick_features_all = np.ravel(haralick_features)` Функція `mh.features.haralick` повертає масив 4 x 13, який має бути перетворений в 1D за допомогою [NumPy.ravel\(\)](https://numpy.org/doc/stable/reference/generated/numpy.ravel.html) (<https://numpy.org/doc/stable/reference/generated/numpy.ravel.html>). Перший вимір — це чотири можливі напрямки, в яких обчислюються об'єкти (вертикаль, горизонталь і дві діагоналі). Якщо нас не цікавить якийсь конкретний напрямок, ми можемо усереднювати характеристики в усіх напрямках (у коді вище ця змінна називається `haralick_features_mean`). Крім того, ви можете використовувати всі характеристики окремо (змінна `haralick_features_all`). Вибір залежить від властивостей конкретного набору даних. Ми вирішили, що в нашому випадку вертикальні та горизонтальні об'єкти повинні зберігатися окремо, тому використовуємо `haralick_features_all`.

Слід створити функцію для утворення властивостей `DataSet`.

In [9]:

```
def create_features(data):  
    features = []  
    labels = []  
    for image, label in data:  
        features.append(mh.features.haralick(image).ravel())  
        labels.append(label)  
    features = np.array(features)  
    labels = np.array(labels)  
    return (features, labels)
```

In [10]:

```
features_train, labels_train = create_features(train)  
features_test, labels_test = create_features(val)
```

Порівняння різних класичних методів класифікації

Якщо ми хочемо порівняти деякі класифікатори, нам слід використовувати конвеєр. Конвеєр допомагає об'єднати кілька оцінювачів в один. Це корисно, оскільки в обробці даних часто є фіксована кількість кроків, наприклад, вибір ознак, нормалізація та класифікація. Конвеєр тут виконує кілька цілей:

Вам потрібно лише один раз викликати `fit()`, щоб оцінити цілу послідовність оцінок.

Ви можете здійснювати пошук у сітці за параметрами всіх оцінок у конвеєрі одночасно.

Конвеєри допомагають уникнути витоку статистичних даних із ваших тестових даних у навчену модель під час перехресної перевірки, гарантуючи, що ті самі вибірки використовуються для навчання трансформаторів і предикторів. Усі оцінки в конвеєрі, крім останнього, повинні бути трансформаторами (тобто повинні мати метод перетворення). Остання оцінка може бути будь-якого типу (трансформатор, класифікатор тощо).

Модуль [sklearn.pipeline](https://scikit-learn.org/stable/modules/classes.html?highlight=pipeline#module-sklearn.pipeline) (<https://scikit-learn.org/stable/modules/classes.html?highlight=pipeline#module-sklearn.pipeline>) реалізує утиліти для побудови складеного оцінювача, як ланцюга перетворень і оцінок.

Щоб перевірити, як це працює, ми будемо використовувати `LogisticRegression`.

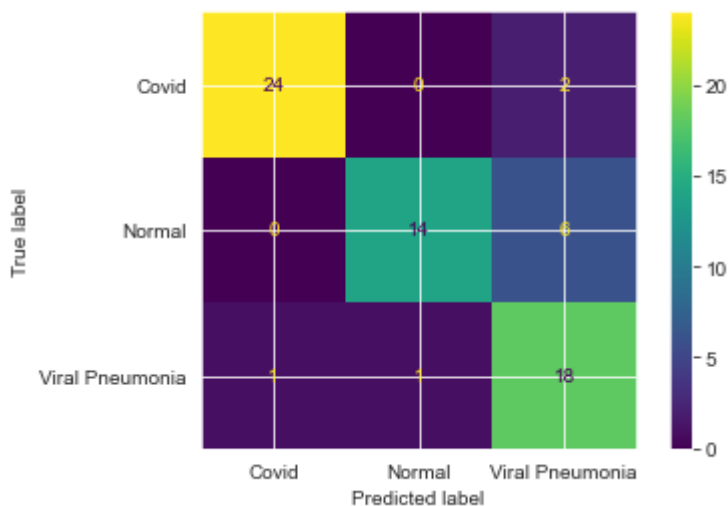
In [11]:

```
from sklearn.pipeline import Pipeline
from sklearn.linear_model import LogisticRegression
from sklearn.metrics import plot_confusion_matrix
from sklearn.preprocessing import StandardScaler
```

In [13]:

```
clf = Pipeline([('preproc', StandardScaler()), ('classifier', LogisticRegression())])
clf.fit(features_train, labels_train)
scores_train = clf.score(features_train, labels_train)
scores_test = clf.score(features_test, labels_test)
print('Training DataSet accuracy: {:.1%}'.format(scores_train), 'Test DataSet accuracy: {:.1%}'.format(scores_test))
plot_confusion_matrix(clf, features_test, labels_test)
plt.show()
```

Training DataSet accuracy: 89.6% Test DataSet accuracy: 84.8%



Як бачимо, результати непогані. Матриця Confusion matrix показує нам, скільки помилкових прогнозів ми отримали. Це дозволяє нам перевірити інші класифікатори та порівняти результати. Ми перевіримо:

- [Logistic Regression \(https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.linear_model.LogisticRegression.html?highlight=logistic%20regression#sklearn.linear_model.LogisticRegression\)](https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.linear_model.LogisticRegression.html?highlight=logistic%20regression#sklearn.linear_model.LogisticRegression)
- [Nearest Neighbors \(https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.neighbors.NearestNeighbors.html?highlight=nearest%20neighbors#sklearn.neighbors.NearestNeighbors\)](https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.neighbors.NearestNeighbors.html?highlight=nearest%20neighbors#sklearn.neighbors.NearestNeighbors)
- [Linear SVM \(https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.svm.LinearSVR.html?highlight=linear%20svm#sklearn.svm.LinearSVR\)](https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.svm.LinearSVR.html?highlight=linear%20svm#sklearn.svm.LinearSVR)
- [RBF SVM \(https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.gaussian_process.kernels.RBF.html?highlight=rbf#sklearn.gaussian_process.kernels.RBF\)](https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.gaussian_process.kernels.RBF.html?highlight=rbf#sklearn.gaussian_process.kernels.RBF)
- [Gaussian Process \(https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.gaussian_process.GaussianProcessClassifier.html?highlight=gaussianprocessclassifier#sklearn.gaussian_process.GaussianProcessClassifier\)](https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.gaussian_process.GaussianProcessClassifier.html?highlight=gaussianprocessclassifier#sklearn.gaussian_process.GaussianProcessClassifier)
- [Decision Tree \(https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.tree.DecisionTreeClassifier.html?highlight=decisiontreeclassifier#sklearn.tree.DecisionTreeClassifier\)](https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.tree.DecisionTreeClassifier.html?highlight=decisiontreeclassifier#sklearn.tree.DecisionTreeClassifier)
- [Random Forest \(https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.ensemble.RandomForestClassifier.html?highlight=randomforestclassifier#sklearn.ensemble.RandomForestClassifier\)](https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.ensemble.RandomForestClassifier.html?highlight=randomforestclassifier#sklearn.ensemble.RandomForestClassifier)

[highlight=randomforestclassifier#sklearn.ensemble.RandomForestClassifier](#))

- [Multi-layer Perceptron classifier \(https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.neural_network.MLPClassifier.html?highlight=mlpclassifier#sklearn.neural_network.MLPClassifier\)](#)
- [Ada Boost \(https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.ensemble.AdaBoostClassifier.html?highlight=adaboostclassifier#sklearn.ensemble.AdaBoostClassifier\)](#)
- [Naive Bayes \(https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.naive_bayes.GaussianNB.html?highlight=gaussiannb#sklearn.naive_bayes.GaussianNB\)](#)
- [Quadratic Discriminant Analysis \(https://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.discriminant_analysis.QuadraticDiscriminantAnalysis.html?highlight=quadraticdiscriminantanalysis#sklearn.discriminant_analysis.QuadraticDiscriminantAnalysis\)](#)

In [14]:

```
from sklearn.datasets import make_moons, make_circles, make_classification
from sklearn.neural_network import MLPClassifier
from sklearn.neighbors import KNeighborsClassifier
from sklearn.svm import SVC
from sklearn.gaussian_process import GaussianProcessClassifier
from sklearn.gaussian_process.kernels import RBF
from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
from sklearn.ensemble import RandomForestClassifier, AdaBoostClassifier
from sklearn.naive_bayes import GaussianNB
from sklearn.discriminant_analysis import QuadraticDiscriminantAnalysis

names = ["Logistic Regression", "Nearest Neighbors", "Linear SVM", "RBF SVM", "Gaussian Pro",
         "Decision Tree", "Random Forest", "Neural Net", "AdaBoost",
         "Naive Bayes", "QDA"]

classifiers = [
    LogisticRegression(),
    KNeighborsClassifier(3),
    SVC(kernel="linear", C=0.025),
    SVC(gamma=2, C=1),
    GaussianProcessClassifier(1.0 * RBF(1.0)),
    DecisionTreeClassifier(max_depth=5),
    RandomForestClassifier(max_depth=5, n_estimators=10, max_features=1),
    MLPClassifier(alpha=1, max_iter=1000),
    AdaBoostClassifier(),
    GaussianNB(),
    QuadraticDiscriminantAnalysis()]

scores_train = []
scores_test = []
for name, clf in zip(names, classifiers):
    clf = Pipeline([('preproc', StandardScaler()), ('classifier', clf)])
    clf.fit(features_train, labels_train)
    score_train = clf.score(features_train, labels_train)
    score_test = clf.score(features_test, labels_test)
    scores_train.append(score_train)
    scores_test.append(score_test)
```

```
C:\Anaconda\lib\site-packages\sklearn\discriminant_analysis.py:808: UserWarning: Variables are collinear
  warnings.warn("Variables are collinear")
```

Виведемо результати у таблицю.

In [16]:

```
import pandas as pd
```

In [17]:

```
res = pd.DataFrame(index = names)
res['scores_train'] = scores_train
res['scores_test'] = scores_test
res.columns = ['Test', 'Train']
res.index.name = "Classifier accuracy"
pd.options.display.float_format = '{:,.2f}'.format
print(res)
```

	Test	Train
Classifier accuracy		
Logistic Regression	0.90	0.85
Nearest Neighbors	0.87	0.70
Linear SVM	0.79	0.71
RBF SVM	1.00	0.48
Gaussian Process	0.79	0.67
Decision Tree	0.90	0.64
Random Forest	0.84	0.64
Neural Net	0.93	0.82
AdaBoost	0.86	0.58
Naive Bayes	0.67	0.59
QDA	1.00	0.53

Ви можете бачити, що обчислення дуже швидкі і що логістична регресія та нейронна мережа показують найкращий результат для тестового набору даних.

Давайте порівняємо результати на графіку.

In [18]:

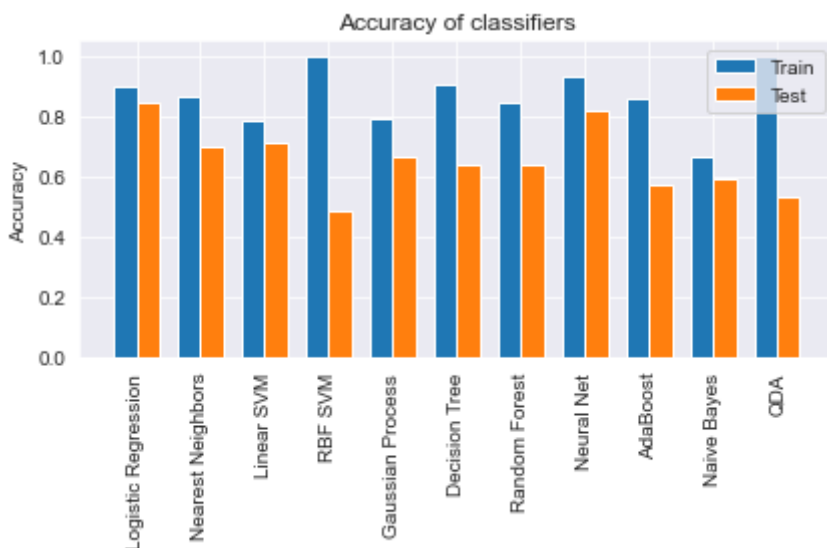
```
x = np.arange(len(names)) # the Label Locations
width = 0.35 # the width of the bars

fig, ax = plt.subplots()
rects1 = ax.bar(x - width/2, scores_train, width, label='Train')
rects2 = ax.bar(x + width/2, scores_test, width, label='Test')

# Add some text for Labels, title and custom x-axis tick Labels, etc.
ax.set_ylabel('Accuracy')
ax.set_title('Accuracy of classifiers')
ax.set_xticks(x)
plt.xticks(rotation = 90)
ax.set_xticklabels(names)
ax.legend()

fig.tight_layout()

plt.show()
```



Побудова та підгонка згорткової нейронної мережі

Імпорт необхідних бібліотек

Будемо використовувати бібліотеку Keras для створення та навчання нашої моделі.

In [19]:

```
import keras
from keras.models import Sequential
from keras.layers import Dense, Conv2D, MaxPool2D, Flatten, Dropout
from keras.preprocessing.image import ImageDataGenerator
from keras.optimizers import Adam
import tensorflow as tf
from sklearn.metrics import classification_report, confusion_matrix
```

Попередня обробка даних і збільшення даних

Згорткові нейронні мережі відрізняються тим, що ми можемо подавати зображення безпосередньо на вхід. Однак ці зображення також потребують попередньої обробки.

Зокрема, необхідно нормалізувати колір пікселів, тобто нормалізувати їх від діапазону [0, 255) до [0, 1).

Вам також потрібно змінити розміри вхідних зображень через Keras Framework.

Класи зображень повинні мати числовий тип, а не рядковий.

Наведений нижче код здійснює необхідні перетворення.

In [20]:

```
x_train = []
y_train = []
x_val = []
y_val = []

for feature, label in train:
    x_train.append(feature)
    y_train.append(label)

for feature, label in val:
    x_val.append(feature)
    y_val.append(label)

# Normalize the data
x_train = np.array(x_train) / 255
x_val = np.array(x_val) / 255

# Reshaping input images
x_train = x_train.reshape(-1, IMM_SIZE, IMM_SIZE, 1)
x_val = x_val.reshape(-1, IMM_SIZE, IMM_SIZE, 1)

# Creating a dictionary of clases
lab = {}
for i, l in enumerate(set(y_train)):
    lab[l] = i

y_train = np.array([lab[l] for l in y_train])
y_val = np.array([lab[l] for l in y_val])
```

In [21]:

```
print("Shape of the input DataSet:", x_train.shape)
print("Shape of the output DataSet:", y_train.shape)
print("Dictionary of classes:", lab)
```

Shape of the input DataSet: (251, 224, 224, 1)

Shape of the output DataSet: (251,)

Dictionary of classes: {'Normal': 0, 'Covid': 1, 'Viral Pneumonia': 2}

Збільшення даних на навчальній вибірці

Треба виконати збільшення даних, щоб краще навчити моделі.

In [22]:

```
datagen = ImageDataGenerator(  
    featurewise_center=False, # set input mean to 0 over the dataset  
    samplewise_center=False, # set each sample mean to 0  
    featurewise_std_normalization=False, # divide inputs by std of the dataset  
    samplewise_std_normalization=False, # divide each input by its std  
    zca_whitening=False, # apply ZCA whitening  
    rotation_range = 30, # randomly rotate images in the range (degrees, 0 to 180)  
    zoom_range = 0.2, # Randomly zoom image  
    width_shift_range=0.1, # randomly shift images horizontally (fraction of total width)  
    height_shift_range=0.1, # randomly shift images vertically (fraction of total height)  
    horizontal_flip = True, # randomly flip images  
    vertical_flip=False) # randomly flip images  
  
datagen.fit(x_train)
```

Визначення моделі

Давайте визначимо просту модель CNN з 3 згортковими шарами, за якими слідує шар максимального об'єднання. Після 3-ї операції maxpool додається шар, що випадає, щоб уникнути перенавчання.

In [23]:

```
model = Sequential()
model.add(Conv2D(32,1,padding="same", activation="relu", input_shape=(IMM_SIZE,IMM_SIZE,1)))
model.add(MaxPool2D())

model.add(Conv2D(32, 1, padding="same", activation="relu"))
model.add(MaxPool2D())

model.add(Conv2D(64, 1, padding="same", activation="relu"))
model.add(MaxPool2D())
model.add(Dropout(0.4))

model.add(Flatten())
model.add(Dense(128,activation="relu"))
model.add(Dense(3, activation="softmax"))

model.summary()
```

Model: "sequential"

Layer (type)	Output Shape	Param #
=====		
conv2d (Conv2D)	(None, 224, 224, 32)	64
=====		
max_pooling2d (MaxPooling2D)	(None, 112, 112, 32)	0
=====		
conv2d_1 (Conv2D)	(None, 112, 112, 32)	1056
=====		
max_pooling2d_1 (MaxPooling2D)	(None, 56, 56, 32)	0
=====		
conv2d_2 (Conv2D)	(None, 56, 56, 64)	2112
=====		
max_pooling2d_2 (MaxPooling2D)	(None, 28, 28, 64)	0
=====		
dropout (Dropout)	(None, 28, 28, 64)	0
=====		
flatten (Flatten)	(None, 50176)	0
=====		
dense (Dense)	(None, 128)	6422656
=====		
dense_1 (Dense)	(None, 3)	387
=====		
Total params: 6,426,275		
Trainable params: 6,426,275		
Non-trainable params: 0		
=====		

Давайте зараз зкомпілюємо модель, використовуючи Adam як наш оптимізатор і SparseCategoricalCrossentropy як функцію втрат. Ми використовуємо нижчу швидкість навчання 0,000001 для більш плавної кривої.

In [24]:

```
opt = Adam(lr=0.000001)
model.compile(optimizer = opt , loss = tf.keras.losses.SparseCategoricalCrossentropy(from_1
```

Тепер давайте потренуємо нашу модель для **2000** епох. Правда, процес підгонки йде дуже повільно.

Тому ми зберегли підібрану модель у файл. Щоб заощадити час, ми завантажимо підібрану модель. Якщо ви бажаєте, ви можете змінити налаштування параметра **fitting to True**, щоб змінити модель.

In [25]:

```
fitting = False
fitting_save = False
epochs = 2000

import pickle

if fitting:
    history = model.fit(x_train,y_train,epochs = epochs , validation_data = (x_val, y_val),
    if fitting_save:
        # serialize model to JSON
        model_json = model.to_json()
        with open("model.json", "w") as json_file:
            json_file.write(model_json)
        # serialize weights to HDF5
        model.save_weights("model.h5")
        print("Saved model to disk")
        with open('history.pickle', 'wb') as f:
            pickle.dump(history.history, f)
        with open('lab.pickle', 'wb') as f:
            pickle.dump(lab, f)
# Load model
from keras.models import model_from_json
json_file = open('model.json', 'r')
loaded_model_json = json_file.read()
json_file.close()
model = model_from_json(loaded_model_json)
# Load weights into a new model
model.load_weights("model.h5")
with open('history.pickle', 'rb') as f:
    history = pickle.load(f)
print("Loaded model from disk")
```

Loaded model from disk

Оцінка результатів

Ми відобразимо точність навчання та перевірки разом із втратою та оцінкою навчання

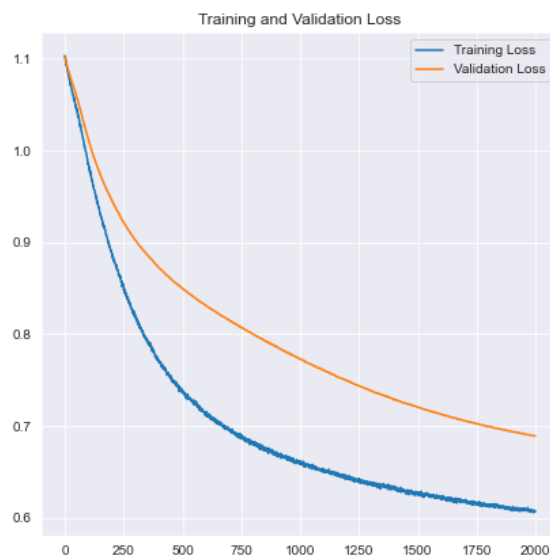
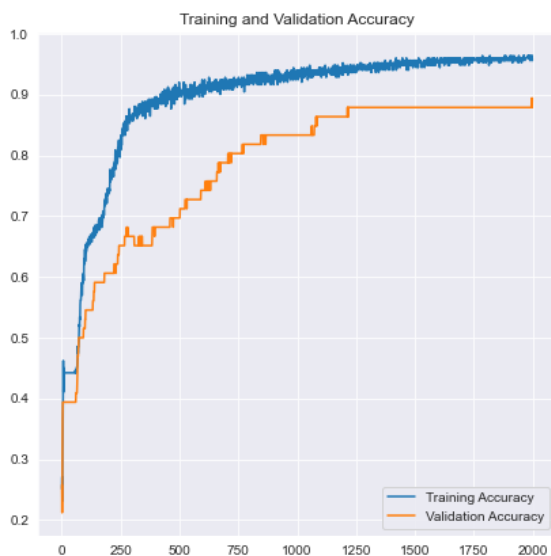
In [26]:

```
acc = history['accuracy']
val_acc = history['val_accuracy']
loss = history['loss']
val_loss = history['val_loss']

epochs_range = range(epochs)

plt.figure(figsize=(15, 15))
plt.subplot(2, 2, 1)
plt.plot(epochs_range, acc, label='Training Accuracy')
plt.plot(epochs_range, val_acc, label='Validation Accuracy')
plt.legend(loc='lower right')
plt.title('Training and Validation Accuracy')

plt.subplot(2, 2, 2)
plt.plot(epochs_range, loss, label='Training Loss')
plt.plot(epochs_range, val_loss, label='Validation Loss')
plt.legend(loc='upper right')
plt.title('Training and Validation Loss')
plt.show()
```



Давайте подивимося, як виглядає крива. Ви можете бачити, що точність наборів навчання та перевірки однакова. Функція втрат валідаційних і навчальних наборів є стабільною. Це означає, що наш CNN добре підібраний і може бути використаний для класифікації.

Ми можемо роздрукувати звіт про класифікацію, щоб побачити точність і точність за допомогою Pandas і Seaborn.heatmap() [model.predict_classes\(\)_\(\)](#) and [classification_report\(\)_\(\)](#).

Також ми можемо створити матрицю confusion matrix. На жаль, фреймворк Keras не має функції `plot_confusion_matrix()`. Тому ми повинні створити його за допомогою Pandas і [Seaborn.heatmap\(\)_\(\)](#).

In [27]:

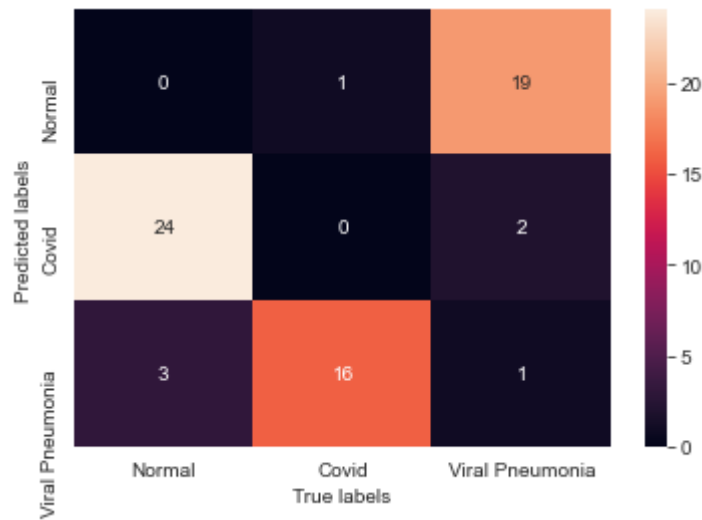
```
# Classification report
predictions = np.argmax(model.predict(x_val), axis=-1)
predictions = predictions.reshape(1,-1)[0]
print(classification_report(y_val, predictions, target_names = lab.keys()))

# Confusion matrix
cm = pd.DataFrame(confusion_matrix(y_val, predictions))
cm.index = ["Predicted " + s for s in lab.keys()]
cm.columns = ["True " + s for s in lab.keys()]
print(cm)

sns.heatmap(confusion_matrix(y_val, predictions), annot=True,
            xticklabels = list(lab.keys()), yticklabels = list(lab.keys()))
plt.xlabel("True labels")
plt.ylabel("Predicted labels")
plt.show()
```

	precision	recall	f1-score	support
Normal	0.00	0.00	0.00	20
Covid	0.00	0.00	0.00	26
Viral Pneumonia	0.05	0.05	0.05	20
accuracy			0.02	66
macro avg	0.02	0.02	0.02	66
weighted avg	0.01	0.02	0.01	66

	True Normal	True Covid	True Viral Pneumonia
Predicted Normal	0	1	19
Predicted Covid	24	0	2
Predicted Viral Pneumonia	3	16	1



In [25]:

```
# Accuracy
z = model.predict_classes(x_train) == y_train
scores_train = sum(z)/len(z)
z = model.predict_classes(x_val) == y_val
scores_test = sum(z)/len(z)
print('Training DataSet accuracy: {:.1%}'.format(scores_train), 'Test DataSet accuracy: {:
```

WARNING:tensorflow:From <ipython-input-25-8192bed2fba4>:2: Sequential.predict_classes (from tensorflow.python.keras.engine.sequential) is deprecated and will be removed after 2021-01-01.

Instructions for updating:

Please use instead: * `np.argmax(model.predict(x), axis=-1)`, if your model does multi-class classification (e.g. if it uses a `'softmax'` last-layer activation). * `(model.predict(x) > 0.5).astype("int32")`, if your model does binary classification (e.g. if it uses a `'sigmoid'` last-layer activation).
Training DataSet accuracy: 8.0% Test DataSet accuracy: 31.8%

As you can see, the CNN shows better results than classical models. However, fitting takes much longer. Як бачимо, CNN показує кращі результати, ніж класичні моделі. Однак підгонка займає набагато більше часу.

А тепер спробуйте самостійно створити функцію, яка буде встановлювати діагноз на основі CNN.

In [28]:

```
def diagnosis(file):
    try:
        image = mh.imread(file)
    except:
        print("Cannot download image: ", file)
        return
    if len(image.shape) > 2:
        image = mh.resize_to(image, [IMM_SIZE, IMM_SIZE, image.shape[2]]) #resize of images
    else:
        image = mh.resize_to(image, [IMM_SIZE, IMM_SIZE]) #resize of grey images
    if len(image.shape) > 2:
        image = mh.colors.rgb2grey(image[:, :, :3], dtype = np.uint8) #change of colormap of
    plt.gray()
    plt.imshow(image)
    plt.show()
    from keras.models import model_from_json
    json_file = open('model.json', 'r')
    loaded_model_json = json_file.read()
    json_file.close()
    model = model_from_json(loaded_model_json)
    # Load weights into new model
    model.load_weights("model.h5")
    with open('history.pickle', 'rb') as f:
        history = pickle.load(f)
    with open('lab.pickle', 'rb') as f:
        lab = pickle.load(f)

    image = np.array(image) / 255

    image = image.reshape(-1, IMM_SIZE, IMM_SIZE, 1)

    diag = model.predict_classes(image)

    diag = list(lab.keys())[list(lab.values()).index(diag[0])]

    return diag
```

Click [here](#) for the solution for **Download image**

Click [here](#) for the solution for **Prepare image to classification**

Click [here](#) for the solution for **Show image**

Click [here](#) for the solution for **Load model**

Click [here](#) for the solution for **Normalize the data**

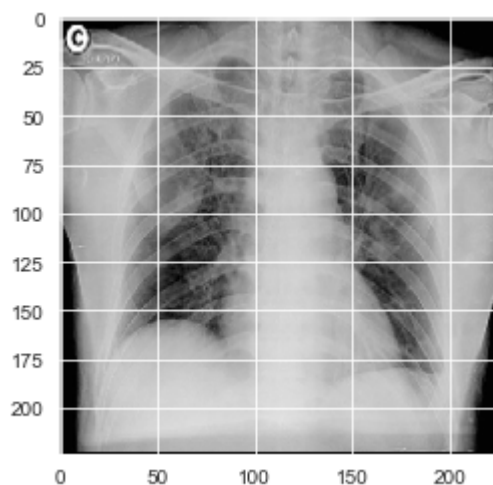
Click [here](#) for the solution for **Reshaping input images**

Click [here](#) for the solution for **Predict diagnosis**

Click [here](#) for the solution for **Find name of diagnosis**

In [29]:

```
print ("Diagnosis is:", diagnosis("Covid19-dataset/test/Covid/0120.jpg"))
print ("Diagnosis is:", diagnosis("Covid19-dataset/test/Normal/0105.jpeg"))
print ("Diagnosis is:", diagnosis("Covid19-dataset/test/Viral Pneumonia/0111.jpeg"))
```

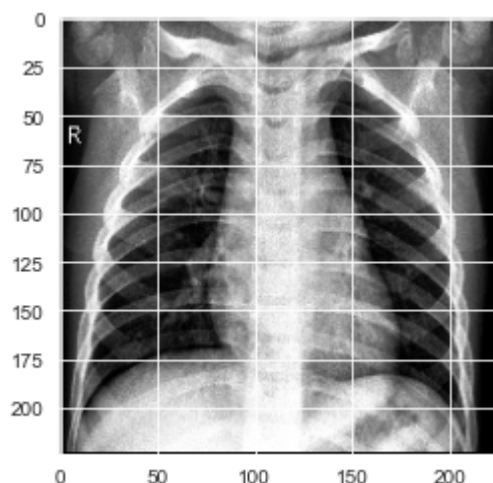


WARNING:tensorflow:From <ipython-input-28-9a78e1e69171>:32: Sequential.predict_classes (from tensorflow.python.keras.engine.sequential) is deprecated and will be removed after 2021-01-01.

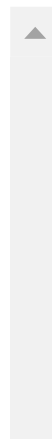
Instructions for updating:

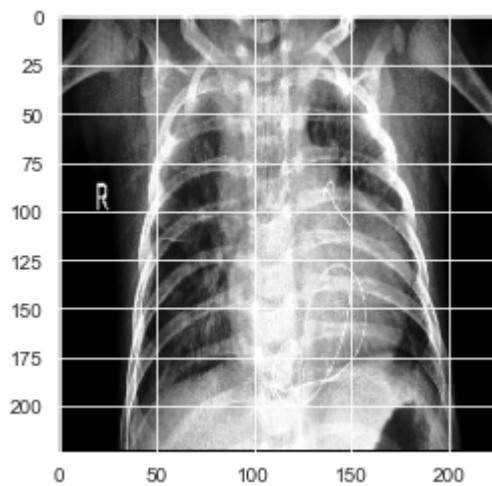
Please use instead: * `np.argmax(model.predict(x), axis=-1)`, if your model does multi-class classification (e.g. if it uses a `softmax` last-layer activation). * `(model.predict(x) > 0.5).astype("int32")`, if your model does binary classification (e.g. if it uses a `sigmoid` last-layer activation).

Diagnosis is: Covid



Diagnosis is: Normal





Diagnosis is: Viral Pneumonia

Висновки

У даній лабораторній роботі розглянуто, як створити експертну систему, що дає змогу отримувати діагноз на основі рентгенівських зображень, використовуючи різні класифікатори. Ці принципи можна використовувати для будь-якого типу рентгенівських зображень, а не лише для діагностики COVID.

Під час цієї лабораторної роботи реалізовано завантаження та обробка зображень. Ми навчилися витягувати ознаки зображень і створювати/підходити/тестувати/порівнювати набори класифікаторів. Також ми дізналися, як створювати та підлаштовувати згорткові нейронні мережі. Реалізовано порівняння точності різних класифікаторів.