



دانشگاه تهران

پردیس دانشکده‌های فنی

دانشکده‌ی مهندسی برق و کامپیوتر



## تشخیص و طبقه‌بندی بیماری صرع (Epilepsy) بر اساس تصاویر MRI

پایان‌نامه برای دریافت درجه‌ی کارشناسی

در رشته‌ی مهندسی برق گرایش بیوالکتریک

نگارنده: منصور صفار مهرجودی

استاد راهنما: دکتر حمید سلطانیان‌زاده

خرداد ماه ۱۳۹۵

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

## چکیده

در این پژوهش سعی شده است تا با بررسی تصاویر ساختاری MRI افراد سالم و افرادی که از بیماری صرع<sup>۱</sup> رنج میبرند، آنها را طبقه بندی نمود. این پژوهش روی داده های ۱۰ بیمار صرعی و ۱۰ فرد سالم انجام گرفت. تصاویر ساختاری MRI افراد شامل تصاویر T<sub>1</sub>-Weighted، T<sub>2</sub>-Weighted و FLAIR مورد پردازش قرار داده شد و بافتهای مغزی از آنها به دست آمد. بافتهای مغزی به دست آمده شامل ماده سفید<sup>۲</sup>، ماده خاکستری<sup>۳</sup> و مایع مغزی-نخاعی<sup>۴</sup> است که با استفاده از روش جداسازی بافت مغز مبتنی بر روش متعامدسازی گرام-اشمیت<sup>۵</sup> جدا شدند.

در این تحقیق روی داده های کل مغز و همچنین داده های نواحی زیرقشری (به صورت جداگانه) مطالعه صورت گرفت. ویژگیهای به دست آمده از داده ها توصیف کننده شکل نمودار مقادیر بافتهای هستند. این ویژگیها شامل میانگین، واریانس، چولگی<sup>۶</sup> و کشیدگی<sup>۷</sup> نمودار مقادیر سه بافت جدا شده از تصاویر هستند.

ویژگیهای به دست آمده از افراد سالم و افراد صرعی برای آموزش طبقه بند SVM استفاده شد و همچنین سعی شد تا با استفاده از روشهای بهبود ویژگیها<sup>۸</sup> برای کاهش ابعاد داده ها، نتایج طبقه بندی را بهبود بخشید. نتایج به دست آمده از این تحقیق نشان میدهد که طبقه بند SVM میتواند با دقت بالا افراد سالم و بیماران صرعی را طبقه بندی کند. همچنین نتایج نشان دادند که روش آنالیز جداکننده خطی<sup>۹</sup> به همراه طبقه بند SVM میتواند طبقه بندی با دقت طبقه بندی بالا و همچنین با قابلیت تعمیم دهی بالا برای جداسازی بیماران صرعی و افراد سالم در اختیار ما قرار دهد.

---

<sup>۱</sup> Epilepsy

<sup>۲</sup> White matter

<sup>۳</sup> Gray matter

<sup>۴</sup> CSF

<sup>۵</sup> Gram-Schmidt orthogonalization

<sup>۶</sup> Skewness

<sup>۷</sup> Kurtosis

<sup>۸</sup> Feature conditioning methods

<sup>۹</sup> Linear discriminant analysis

## فهرست

فصل ۱ مقدمه	۷
۱-۱ مقدمه ای بر ساختار مغز	۷
۱-۱-۱ مغز	۷
۲-۱-۱ بیماری صرع	۸
۲-۱ تصویربرداری بر مبنای روش تشدید مغناطیسی	۸
۱-۲-۱ تصویربرداری ساختاری	۹
۲-۲-۱ تصویر T۱-weighted	۱۰
۳-۲-۱ تصویر T۲-Weighted	۱۰
۴-۲-۱ تصویر PD-Weighted	۱۱
۵-۲-۱ تصویر FLAIR	۱۲
۳-۱ مفاهیم یادگیری ماشین	۱۴
۱-۳-۱ یادگیری تحت نظارت	۱۴
۲-۳-۱ روشهای اعتبارسنجی	۱۶
۳-۳-۱ طبقه بند SVM	۱۸
۴-۳-۱ طبقه بند SVM خطی	۱۹
۵-۳-۱ حاشیه نرم	۲۱
۶-۳-۱ روش هسته	۲۲
۷-۳-۱ بهبود ویژگیها	۲۴
۸-۳-۱ روش بررسی اجزا اصلی	۲۵
۹-۳-۱ آنالیز جداکننده خطی	۲۷

۴-۱ مفاهیم آماری .....	۳۰
۱-۴-۱ میانگین .....	۳۰
۲-۴-۱ واریانس .....	۳۰
۳-۴-۱ چولگی .....	۳۱
۴-۴-۱ کشیدگی .....	۳۲
فصل ۲ مروری بر ادبیات پیشین .....	۳۴
۱-۲ پیشینه طبقه بندی تصاویر MRI با استفاده از SVM .....	۳۴
۲-۲ دو مطالعه برگزیده .....	۳۵
۱-۲-۲ طبقه بندی تصاویر MRI در بیماری صرع لوب گیجگاهی .....	۳۵
۲-۲-۲ طبقه بندی کودکان صرعی با استفاده از تصاویر DTI .....	۳۶
فصل ۳ روش تحقیق .....	۳۷
۱-۳ تعریف مساله .....	۳۷
۲-۳ پردازش داده ها .....	۳۷
۱-۲-۳ استخراج مغز از تصاویر .....	۳۸
۲-۲-۳ انتقال تصاویر .....	۳۹
۳-۲-۳ جداسازی بافتها .....	۴۰
۴-۲-۳ استخراج نواحی زیرقشری مغز .....	۴۲
۵-۲-۳ استخراج ویژگیها .....	۴۴
فصل ۴ نتایج تحقیق .....	۴۷
۱-۴ طبقه بندی داده ها .....	۴۷
۱-۱-۴ پیش پردازش ویژگیها .....	۴۷
۲-۱-۴ بررسی داده های کل مغز .....	۴۸

۵۵	..... ۳-۱-۴ بررسی داده های نواحی زیرقشری
۶۰	..... ۲-۴ بحث
۶۲	..... منابع و مراجع

# فصل ۱ مقدمه

## ۱-۱ مقدمه ای بر ساختار مغز

مغز از مهم ترین ارگانهای بدن میباشد که نقشی مهم و حیاتی در ادامه زندگی فرد دارد. بررسی این ارگان میتواند کمک شایانی به پزشکان و محققان برای درک هر چه بهتر این ارگان کند. روشهای تصویربرداری بر پایه روش تشدید مغناطیسی<sup>۱</sup> از جمله پرکاربردترین روشها برای بررسی مغز از لحاظ کارکردی<sup>۲</sup> و هم چنین ساختاری<sup>۳</sup> میباشد. در ادامه توضیحاتی برای ساختار مغز، بیماری صرع و هم چنین روشهای تصویربرداری بر مبنای روش تشدید مغناطیسی آورده شده است.

### ۱-۱-۱ مغز

مغز یکی از حساس ترین و پیچیده ترین اعضای بدن در همه مهره داران و بیشتر بی مهرگان است که در برخی گونه ها ۲ درصد از وزن بدن جان دار را تشکیل می دهد. در انسان تا بیش از ۳۰ درصد انرژی روزانه را مصرف می کند و بیشتر انرژی خود را از کربوهیدرات ها (گلوکز خون) جذب می کند و این سوخت را سریع می سوزاند حتی زمانی که شخص در خواب است، مغز بیشتر از هر عضوی از بدن اکسیژن مصرف می کند. مغز شامل نیمکره های مخ، مخچه<sup>۴</sup> و ساقه مغز<sup>۵</sup> است. بیشتر حجم مغز را نیمکره های مخ تشکیل می دهند. نیمکره های مخ باعث میشوند تا انسان بتواند فکر کند و حرف بزند و مسائل را حل کنند. نیمکره چپ فعالیت های نیمه راست بدن و نیمکره راست فعالیت های نیمه چپ بدن را کنترل میکند. مخچه مرکز تعادل بدن است. بخش دیگر مغز ساقه مغز است که واصل مخ و مخچه به نخاع است. ساقه مغز شامل

---

<sup>۱</sup> Magnetic resonance Imaging

<sup>۲</sup> Functional

<sup>۳</sup> Structural

<sup>۴</sup> Cerebellum

<sup>۵</sup> Brainstem

سه بخش است: مغز میانی و پل مغزی و بصل النخاع. بصل النخاع در بالای نخاع است و مرکز فعالیت های غیر ارادی بدن است.

## ۱-۱-۲ بیماری صرع<sup>۱</sup>

بیماری صرع ناشی از وجود اختلال در سیستم عصبی مرکزی است که در موارد پیشرفته منجر به حمله ی صرعی و تشنج می شود. این اختلال معمولاً در اثر فعالیت سلولی غیرعادی از یک نقطه ی مغز شروع می شود و ممکن است به بقیه ی مناطق مغز انتشار پیدا می کند و در نتیجه بر تمام فرآیندهای هماهنگی مغز اثر می گذارد. تشنج، بر اساس چگونگی آغاز فعالیت های غیرطبیعی مغز، به دو نوع کانونی<sup>۲</sup> یا غیر منتشر و عمومی<sup>۳</sup> یا منتشر طبقه بندی شده است. زمانی که تشنج در اثر فعالیت غیرطبیعی یک ناحیه از مغز باشد، تشنج کانونی نامیده می شود که خود به دو گروه تشنج کانونی ساده و تشنجات کانونی دیسکاگنتیو<sup>۴</sup> تقسیم می شود. تشنجهای گروه اول برخلاف گروه دوم منجر به از دست رفتن هوشیاری نمی گردد و تنها ممکن است درک فرد از محیط اطراف را تحت تأثیر قرار دهد. تشنجهای دسته ی دیگر که تمام نواحی مغز را درگیر می کنند، صرع منتشر نامیده می شوند. حدود ۱٪ درصد از جمعیت مردم جهان بیماری صرع دارند که در موارد اندکی به دلیل آسیب مغزی، سرطان مغز و سوء مصرف دارو و الکل است و در بیشتر مواقع دلیل شناخته شده ای ندارد. بیشتر روشهای بررسی بیماری صرع با استفاده از تصاویر MRI کارکردی مغز<sup>۵</sup> می باشد، اما در این تحقیق سعی شده است تا با بررسی تصاویر ساختاری و جداسازی بافت مغز<sup>۶</sup> بتوان این بیماری را مورد مطالعه قرار داد.

## ۱-۲ تصویربرداری بر مبنای روش تشدید مغناطیسی

تصویربرداری بر اساس تشدید مغناطیسی مبتنی بر حرکت اسپینی هسته های اتم هیدروژن موجود در بدن است. اتمهای هیدروژن به وفور در بدن یافت میشوند و نسبت به سایر اتمها سیگنال مغناطیسی قویتری ایجاد میکنند. با توجه با اینکه در اتم هیدروژن فقط یک پروتون وجود دارد، خود هسته یک اسپین خالص یا گشتاور

---

<sup>۱</sup> Epilepsy

<sup>۲</sup> Focal Seizures

<sup>۳</sup> Generalised Seizures

<sup>۴</sup> Dyscognitive

<sup>۵</sup> MRI Functional Imaging

<sup>۶</sup> Brain tissue segmentation



زاویه‌ای دارد. با توجه به اینکه هسته هیدروژن دارای حرکت و بار مثبت است. پس طبق قانون القاء فاراده به طور خود به خود یک گشتاور مغناطیسی پیدا می‌کنند؛ و با قرار گرفتن در یک میدان مغناطیسی خارجی مرتب می‌شوند. برخی هسته‌های اتم هیدروژن با میدان هم راستا می‌شوند، و تعداد کمتری از هسته‌ها در جهت خلاف میدان مغناطیسی هم‌راستا می‌شوند. برای تشدید مغناطیسی اتمهای هیدروژن با یک میدان خارجی و برگشت آنها به حالت استراحت<sup>۱</sup>، سیگنال تشدید مغناطیسی<sup>۲</sup> توسط دستگاه MRI دریافت میشود. با کد گذاری نحوه پالس دهی به اتمها و زمانبندیهای متفاوت، سیگنالهای متفاوتی به دست می آید که هر کدام قسمت خاصی از ناحیه تصویربرداری را به خوبی نمایش میدهند. در ادامه توضیح مختصری در مورد روشهای تصویربرداری با MRI داده میشود.

## ۱-۲-۱ تصویربرداری ساختاری<sup>۳</sup>

در تصویر برداری ساختاری تصویر از ساختار کلی مغز گرفته میشود و مهم ترین اطلاعاتی که قصد داریم ازین طریق به دست بیاوریم درک ساختار ناحیه تصویربرداری، مختصا مغز، و هم چنین بررسی ساختار کلی آن ناحیه است. هم چنین میتوان به نوع بافت ناحیه تصویربرداری، نوع بافت و اجزا تشکیل دهنده آن، بر اساس این تصاویر پی برد. از جمله مهم ترین انواع تصاویر ساختاری میتوان به T<sub>1</sub>-weighted، T<sub>2</sub>-weighted، PD-<sup>۴</sup> و FLAIR<sup>۵</sup> اشاره کرد. تصویربرداری ساختاری اطلاعات کمی و کیفی از اندازه<sup>۶</sup>، شکل<sup>۷</sup> و یکپارچگی<sup>۸</sup> بافت مغز در اختیار ما قرار میدهد. بافت های مختلف مغز ( شامل ماده خاکستری، ماده سفید و مایع مغزی- نخاعی) سیگنالهای تشدید مغناطیسی متفاوت از یکدیگر نشان میدهند که همین سبب میشود بتوان با استفاده از این روش آنها را مشاهده نمود. در ادامه هر یک از سیگنالهای ذکر شده توضیح داده میشوند.

---

<sup>۱</sup> Rest state

<sup>۲</sup> MR signal

<sup>۳</sup> Structural Imaging

<sup>۴</sup> Proton Density weighted

<sup>۵</sup> Fluid-attenuated inversion recovery

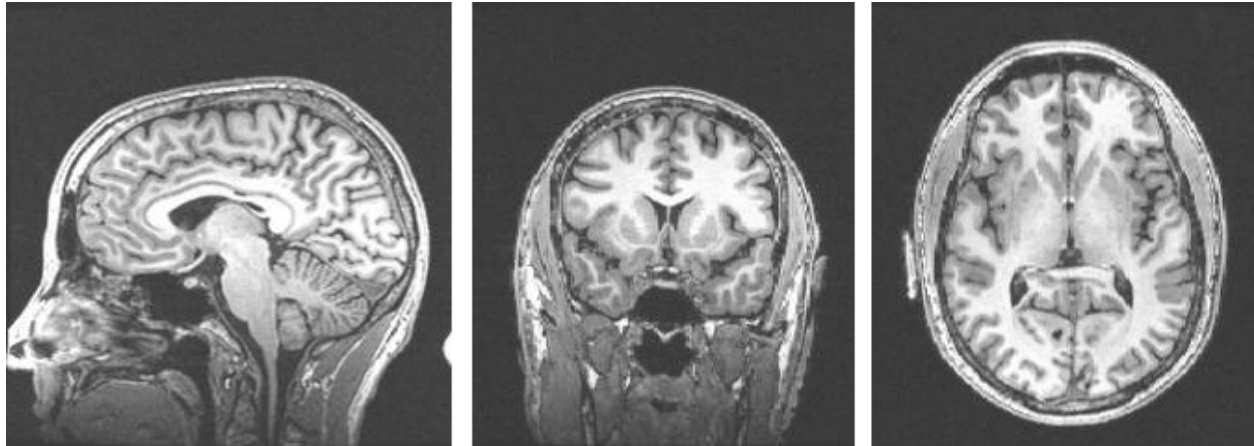
<sup>۶</sup> Size

<sup>۷</sup> Shape

<sup>۸</sup> Integrity

## ۲-۲-۱ تصویر T۱-weighted

در این نوع تصویر ساختاری MRI بازه زمانی استراحت کوتاه<sup>۱</sup> و بازه زمانی تحریک<sup>۲</sup> هم مقدار کمی در نظر گرفته میشوند. کانتراست ایجاد شده بین ماده خاکستری (خاکستری پررنگ در تصویر) و ماده سفید (خاکستری کم رنگ در تصویر) به میزان مطلوب میباشد. همچنین مایع مغزی-نخاعی سیگنالی ندارد. در شکل ۱-۱<sup>۳</sup> نمونه ای از تصویر T۱-weighted نمایش داده شده است.



شکل ۱-۱ تصویر T۱-Weighted

در این تصاویر آب، همانند مایع مغزی-نخاعی، استخوانهای ضخیم<sup>۴</sup> و هوا به رنگ تیره مشاهده میشوند. چربیها، همانند لیپیدها<sup>۵</sup> و ماده سفید مایلینه<sup>۶</sup> شده به رنگ روشن دیده میشوند.

## ۳-۲-۱ تصویر T۲-Weighted

در این نوع تصویر زمان استراحت طولانی و زمان تحریک هم طولانی در نظر گرفته میشوند و کانتراست خوبی بین بافت مغز (به رنگ تیره)، شامل ماده سفید و خاکستری، و مایع مغزی-نخاعی (به رنگ روشن) ایجاد

<sup>۱</sup> TR

<sup>۲</sup> TE

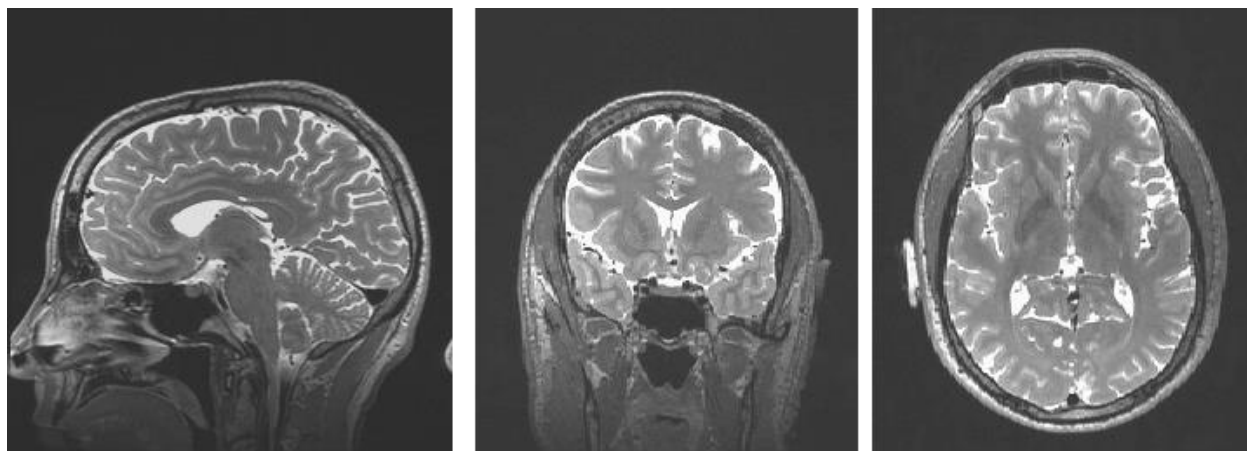
<sup>۳</sup> Photo credit: University of California, San Diego - Department of Radiology

<sup>۴</sup> Dense Bones

<sup>۵</sup> Lipids

<sup>۶</sup> Myelinated white matter

میگردد. در این تصاویر آب به رنگ روشن دیده میشود، در حالیکه هوا و چربیها تیره رنگ مشاهده میشوند. در شکل ۱-۲ نمونه ای از این تصویر آورده شده است.



شکل ۱-۲ تصویر T2-Weighted

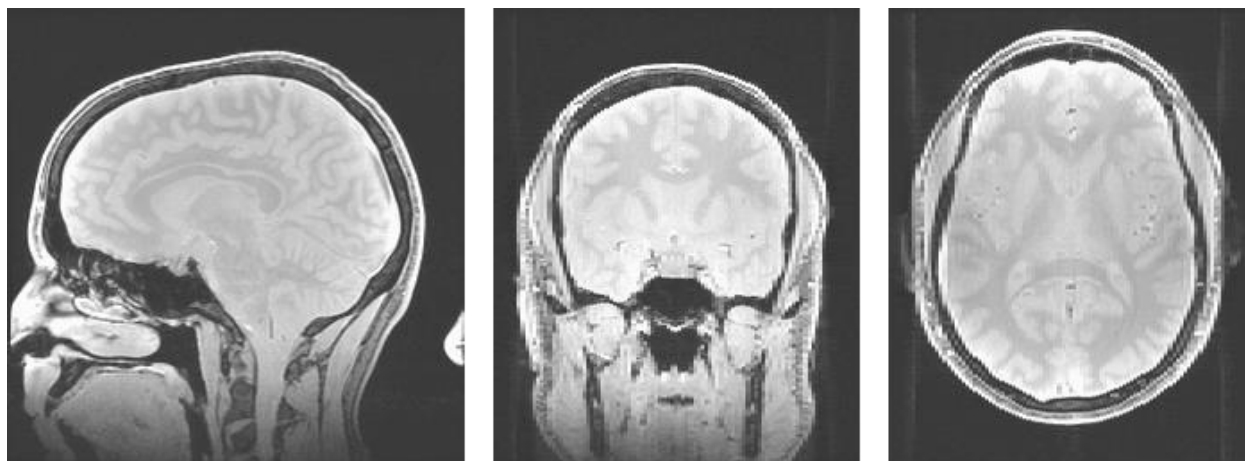
## ۱-۲-۴ تصویر PD-Weighted<sup>۲</sup>

در این تصویر زمان استراحت طولانی و زمان تحریک کوتاه در نظر گرفته میشود. در این تصویر بین ماده خاکستری (به رنگ روشن) و ماده سفید (به رنگ خاکستری تیره) کانتراست خوبی ایجاد میشود، در حالیکه بین مایع مغزی-نخاعی و مغز کانتراست خوبی نداریم. نمونه ای از این تصویر در شکل ۱-۳ مشاهده میشود. آب در این تصاویر بسته به اینکه از نوع مایع مغزی-نخاعی باشد و یا مایع های دیگر به رنگهای متفاوتی در تصویر مشاهده میشود و لذا نمیتوان به خوبی آنرا تمییز داد. هم چنین هوا در این نوع تصویر به رنگ تیره است. چربیها به رنگ روشن مشاهده میشوند و همانطور که ذکر شد در این نوع تصویر ماده خاکستری نسبت به ماده سفید روشنتر دیده میشود.

<sup>۱</sup> Photo credit: University of California, San Diego - Department of Radiology

<sup>۲</sup> Proton Density Weighted

<sup>۳</sup> Photo credit: University of California, San Diego - Department of Radiology



شکل ۳-۱ تصویر PD-Weighted

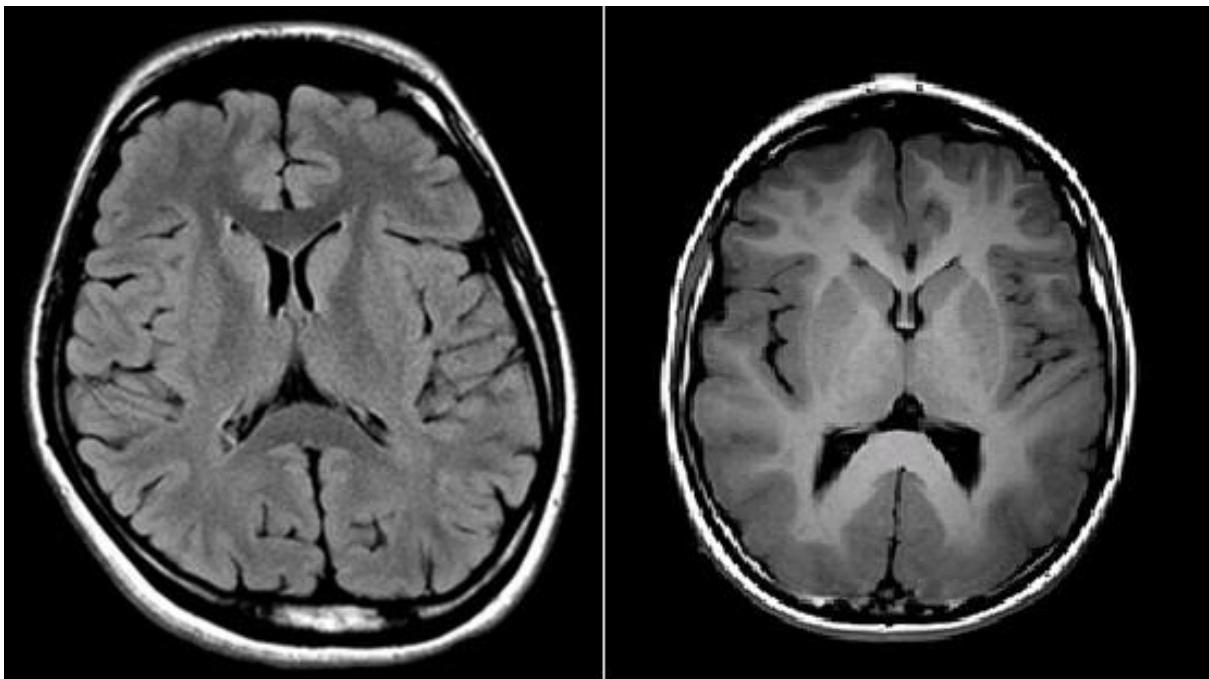
## ۵-۲-۱ تصویر FLAIR<sup>۱</sup>

در این تصویر با زمان بندی مناسب پالس دهی میتوان سیگنال مربوط به مایعات مغز، از جمله مایع مغزی-نخاعی، را از بین برد. این تصویر در بسیاری از کاربردهای تشخیصی مورد استفاده قرار میگیرد. این تصویر میتواند به صورت T<sub>1</sub>-Weighted-FLAIR و یا T<sub>2</sub>-Weighted-FLAIR گرفته شود. در حالتی که از روش اسپین اکو برای تصویر گرفتن در MRI استفاده میشود میتوان طبق معادله (۱-۱)، مقدار TI انتخاب میشود تا این معادله برقرار شود [۱]. برای مثال در تصویر T<sub>1</sub>-Weighted-FLAIR مقادیر زمان استراحت و زمان تحریک کوچک انتخاب میشوند. شکل ۴-۱<sup>۲</sup> نمونه ای از این تصاویر نشان میدهد.

$$1 - 2e^{-T/T_1} + e^{-(TR-TE_{\text{Elast}})/T_1} = 0 \quad (1-1)$$

<sup>۱</sup> Fluid-attenuated inversion recovery

<sup>۲</sup> منبع تصویر: مراجعه به منبع [۱] در قسمت منابع و مراجع شود.



شکل ۴-۱ تصاویر T۱-Weighted-FLAIR (سمت راست) و T۲-Weighted-FLAIR

## ۱-۳ مفاهیم یادگیری ماشین<sup>۱</sup>

یادگیری ماشین شاخه ای از علوم کامپیوتر است که هدف اصلی در آن آموزش دادن انجام دادن وظایف به کامپیوتر از طریق تجربه<sup>۲</sup> است. پیشرفتهای که در دو دهه اخیر در این علم صورت گرفته است توانسته است کمک بسیار شایانی در پیشرفت علوم دیگر داشته باشد. امروزه با پیشرفت تکنولوژی در زمینه های مختلف علم، استفاده از داده برای تصمیم گیری به وفور مشاهده میشود و تصمیم گیری های مطمئن بر اساس شواهدی که از داده ها به دست می آیند انجام میشود<sup>۳</sup>. یادگیری ماشین به انجام اتوماتیک این تصمیم گیری ها کمک میکند و الگوریتمهای یادگیری ماشین این امکان را به ما میدهد که با ارایه داده ها به کامپیوتر، بتواند شواهد را از آن استخراج کرده و با تجربه ای که طی مرحله یاددهی پیدا میکند، قابلیت تصمیم گیری مطمئن هنگام مشاهده داده جدید را داشته باشد[۲]. یادگیری ماشین زیرشاخه های متعددی دارد که هر کدام شاخه ای جدا از علم محسوب میشوند. از جمله زیرشاخه های آن میتوان به یادگیری تحت نظارت<sup>۴</sup>، یادگیری بدون نظارت<sup>۵</sup> و یادگیری تقویتی<sup>۶</sup> اشاره کرد. در این تحقیق روش مورد استفاده یادگیری تحت نظارت، مختصا استفاده از طبقه بند SVM، است. در ادامه توضیحی برای این سه روش یادگیری آورده شده است.

### ۱-۳-۱ یادگیری تحت نظارت

در این نوع روش یادگیری داده هایی که با آن کار میکنیم به کلاس مشخصی تعلق دارند و دارای مشخصه<sup>۷</sup> میباشند. در این نوع روش یادگیری پس از استخراج ویژگیها از داده ها، طبقه بند را با استفاده از این ویژگیها آموزش میدهیم. داده ها معمولا به سه دسته داده های آموزش<sup>۸</sup>، داده های اعتبارسنجی<sup>۹</sup> و داده های تست<sup>۱۰</sup>

---

<sup>۱</sup> Machine learning

<sup>۲</sup> Learning through experience

<sup>۳</sup> Evidence-based decision making

<sup>۴</sup> Supervised learning

<sup>۵</sup> Unsupervised learning

<sup>۶</sup> Reinforcement learning

<sup>۷</sup> Labeled data

<sup>۸</sup> Train data

<sup>۹</sup> Validation data

<sup>۱۰</sup> Test data

تقسیم میشوند. داده ای آموزش برای تعیین پارامترهای طبقه بند مورد نظر مورد استفاده قرار میگیرند. برای مثال در شبکه عصبی<sup>۱</sup>، وزنها<sup>۲</sup> و تعداد لایه های مخفی<sup>۳</sup> پارامترها هستند. در طبقه بند جنگل تصادفی<sup>۴</sup> پارامترها تعداد درختهای مورد استفاده در الگوریتم است. در طبقه بند SVM ضرایب ابرصفحه<sup>۵</sup> و نوع هسته ای<sup>۶</sup> که استفاده میشود به عنوان پارامتر باید تعیین شوند. ما با استفاده از داده های آموزش میتوانیم چندین طبقه بند مختلف را آموزش دهیم و پارامترهای مربوط به هر کدام را تعیین کنیم. پس از اینکه هر کدام از این طبقه بندها آموزش داده شدند و پارامترهایشان تعیین شد، نوبت به انتخاب بهترین طبقه بند از میان آنها میرسد. انتخاب بهترین طبقه بند با استفاده از داده های اعتبارسنجی صورت میگیرد. هر کدام از طبقه بندها با استفاده از داده های اعتبارسنجی مورد سنجش قرار میگیرند و هر کدام که کمترین میزان خطا در کلاس بندی داده ها را داشتند انتخاب میشود. مرحله آخر تست طبقه بند منتخب با استفاده از داده های تست است. هر طبقه بند میتواند با نرخ طبقه بندی صحیح<sup>۷</sup> مشخصی برای ما عمل طبقه بندی را انجام دهد. این نرخ طبقه بندی صحیح که معیاری از میزان قدرت و توانایی یک طبقه بند است توسط داده های تست سنجیده میشود. بدیهی است که هر چه این نرخ بیشتر باشد، به معنی بهتر بودن این طبقه بند است [۳].

نحوه تقسیم بندی داده های به سه دسته بسته به تعداد داده ها دارد و هنگامیکه تعداد داده زیاد هست میتوانیم به صورت تصادفی داده ها را تقسیم بندی کنیم. درصدی که داده ها را تقسیم بندی میکنیم معمولاً ۵۰ درصد به داده های آموزش، و داده های اعتبارسنجی و تست هر کدام ۲۵ درصد را به خود اختصاص میدهند. در مواردی که تعداد داده ها کم است، از جمله بسیاری از مواردی که با داده ای پزشکی سروکار داریم، داده ها را معمولاً به داده های آموزش و تست تقسیم میکنند. همچنین درصد تقسیم بندی در این مورد ۷۰ درصد به داده های آموزش و ۳۰ درصد به داده های تست است. نکته ای که در این موارد باید در نظر داشت این است که طبقه بند باید تعمیم دهی<sup>۸</sup> بالایی داشته باشد و در صورت اینکه این معیار را نداشته باشد، اعدادی که به عنوان نرخ صحیح طبقه بندی ذکر شده اند صحت لازم را ندارند. برای مثال طبقه بند SVM ای را در نظر بگیرید که با استفاده از داده های آموزش، پارامترهایش تعیین شده است و حال نوبت به تست آن با استفاده از داده ای تست است. داده

<sup>۱</sup> Neural network

<sup>۲</sup> Weights

<sup>۳</sup> Hidden layers

<sup>۴</sup> Random forest

<sup>۵</sup> Hyperplane

<sup>۶</sup> Kernel

<sup>۷</sup> Correct classification rate (CCR)

<sup>۸</sup> Generalization

های آموزش و تست به صورت تصادفی از میان تمامی داده ها انتخاب شده اند و طبقه بند در مرحله آموزش صرفاً بخشی از داده ها را مشاهده کرده است و با بقیه داده ها مورد تست قرار گرفته است. قابلیت تعمیم دهی یک طبقه بند به این معنی است که بتواند داده هایی را که ندیده است را هم به درستی طبقه بندی کند. ممکن است طبقه بند یک سری از داده ها را به خوبی بتواند طبقه بندی کند اما هنگامی که آنرا در شرایط واقعی و با داده های جدید تست کنیم نتواند عملکرد خوبی از خود نشان دهد. برای اینکه طبقه بند قابلیت تعمیم دهی بالایی داشته باشد باید طی چندین مرحله و با سری داده های آموزش متفاوت آموزش داده شود تا امکان اینکه طبقه بند پارامترهایش بیش از حد دقیق شده<sup>۱</sup> باشند و به اصطلاح بیش از حد با یک سری داده مشخص آموزش دیده باشد از بین برود. برای اینکه این مهم صورت گیرد، تمامی داده ها را چندین بار به صورت تصادفی و به درصد معینی که قبلاً ذکر شد، به داده های آموزش و تست تقسیم میکنیم. با اینکار طبقه بند به احتمال بسیار زیاد همه داده ها را در هنگام آموزش دیده است و لذا قدرت تعمیم دهی آن بالاتر است. روشی که ذکر شد یکی از روشهای اعتبارسنجی طبقه بند ها است که در ادامه در مورد آن توضیح داده شده و چندین روش معمول برای اینکار توضیح داده میشوند.

### ۱-۳-۲ روشهای اعتبارسنجی<sup>۲</sup>

طبقه بندی که با استفاده از داده های آموزش، پارامترهایش تعیین میگردد باید مورد تست قرار گیرد تا بتوان تعیین کرد روی داده هایی که ندیده است چگونه عملکردی از خود نشان میدهد. روشهای متفاوتی برای اعتبار سنجی وجود دارد که در اینجا به سه تا از معروفترین آنها اشاره میشود[۳].

روش Holdout یکی از روشهای اعتبار سنجی است که در آن کل داده ها به دو دسته داده های آموزش و داده های تست تقسیم میشوند و طبقه بند توسط داده های آموزش، آموزش داده شده و توسط داده های تست مورد ارزیابی قرار میگیرد. مزیت این روش این است که از آنجا که یکبار داده ها تقسیم میشوند، لذا فقط نیاز است طبقه بند یکبار آموزش داده شود. اما در مقابل، همین نکته سبب میشود که میزان خطای ما واریانس<sup>۳</sup> زیادی داشته

---

<sup>۱</sup> Overparameterization

<sup>۲</sup> Cross-validation

<sup>۳</sup> Variance



باشد. این میزان خطا به تقسیم بندی اولیه ما بستگی دارد و بسته به اینکه طبقه بند توسط کدام داده ها آموزش داده شود میتواند متفاوت باشد.

روش دیگری که برای اعتبارسنجی مورد استفاده قرار میگیرد روش  $K$ -fold<sup>۱</sup> است که در آن داده ها به  $K$  دسته تقسیم میشوند. سپس  $K$  بار روش قبلی را اجرا میکنیم بدین صورت که هر بار طبقه توسط  $K-1$  دسته از آن  $K$  دسته آموزش داده میشود و توسط یک دسته مورد تست قرار میگیرد. این روش همانطور که گفته شد  $K$  بار انجام میشود که تمامی دسته ها یکبار به عنوان داده تست مورد استفاده قرار گیرند. در نهایت میانگین خطای این  $K$  مرحله به عنوان خطای طبقه بند در نظر گرفته میشود. مزیت این روش این است که خطا میزان واریانس کمتری دارد، اما در عوض مرحله آموزش طبقه بند باید  $K$  مرحله انجام شود که این خود میتواند مدت زمان زیادی را به خود اختصاص دهد. یک روش شبیه به این روش اعتبارسنجی، روشی است که قبلا ذکر شد که در آن داده ها چندین بار به صورت تصادفی به داده های آموزش و تست تقسیم میشوند. با این روش هر داده به احتمال زیاد هم در مرحله آموزش و هم در مرحله تست مورد استفاده قرار میگیرد و در نتیجه طبقه بند قابلیت تعمیم دهی مقبولی خواهد داشت.

روش  $Leave-one-out$ <sup>۲</sup> از جمله روشهای اعتبارسنجی است که در مواردی که تعداد داده ها کم است و یا اینکه به طبقه بندی احتیاج است که واریانس خطای بسیار کمی داشته باشد، مورد استفاده قرار میگیرد. در این روش تمامی داده ها به جز یکی را در به عنوان داده آموزش در نظر میگیریم و سپس با آن یک داده طبقه بند را تست میکنیم و اینکار را به تعداد داده ها تکرار میکنیم. مزیت این روش همانطور که گفته شد این است که طبقه بند ما واریانس خطای بسیار کمی دارد. اما بدیهی است که باید به تعداد داده ها عملیات آموزش طبقه بند انجام گیرد که این خود بسیار وقتگیر است. این روش در مورد داده های پزشکی که تعداد داده ها معمولاً کم است مورد استفاده قرار میگیرد.

---

<sup>۱</sup> K-fold cross validation method

<sup>۲</sup> Leave-one out cross validation method

### ۱-۳-۳ طبقه بند SVM

طبقه بند SVM اولین بار در سال ۱۹۹۳ توسط ولادیمیر وپنیک<sup>۲</sup> معرفی شد و دو سال بعد ایده حاشیه نرم<sup>۳</sup> توسط وی و کورینا کورتس<sup>۴</sup> مطرح گردید [۴]. طبقه بند SVM جزو طبقه بندهای خطی<sup>۵</sup> محسوب میشود که میتواند داده ها را به دو دسته متمایز تقسیم کند. این طبقه بند به صورت غیرخطی<sup>۶</sup> هم میتواند طبقه بندی انجام دهد و ایده انجام کار با استفاده روش هسته<sup>۷</sup> است. روش هسته بدین صورت است که داده ها را از فضای با بعد پایین به فضای با بعد بالا منتقل میکند و سپس عملیات طبقه بندی را انجام میدهد.

طبقه بند SVM با ساختن یک ابرصفحه در فضای ویژگی<sup>۸</sup> میتواند عمل طبقه بندی را انجام دهد. بعد فضای ویژگی میتواند متنهای و یا نامتنهای باشد. به صورت شهودی میتوان دریافت که SVM به دنبال ابرصفحه ای است که بیشترین فاصله از نزدیکترین داده های هر دو کلاس را داشته باشد. به همچنین ابرصفحه ای، ابرصفحه بهینه<sup>۹</sup> و یا حاشیه بهینه<sup>۱۰</sup> اطلاق میشود. همانطور که ذکر شد این امکان وجود دارد که داده ها را نتوان در فضای بعد پایین به صورت خطی از یکدیگر جدا کرد، لذا ویژگی ها را به فضای با بعد بالاتر (و بعضا بی نهایت) نگاشت میکنیم تا بتوان آنها را به صورت خطی از یکدیگر جدا کرد. مزیت اصلی SVM در هنگام افزایش بعد فضای ویژگی این است که محاسبات اصلی مربوط به ضرب داخلی بردارها در یکدیگر است و این محاسبات در فضای با بعد پایین انجام میشوند. این ایده که محاسبات در بعد پایین انجام شود در حالیکه بعد فضای ویژگی میتواند نامتنهای باشد به روش هسته معروف است. در ادامه مروری بر مفاهیم ریاضی طبقه بند SVM شده است.

---

<sup>۱</sup> Support Vector Machine

<sup>۲</sup> Vladimir N. Vapnik

<sup>۳</sup> Soft margin SVM

<sup>۴</sup> Corinna Cortes

<sup>۵</sup> Linear classifiers

<sup>۶</sup> Nonlinear classification

<sup>۷</sup> Kernel trick

<sup>۸</sup> Feature Space

<sup>۹</sup> Optimal Hyperplane

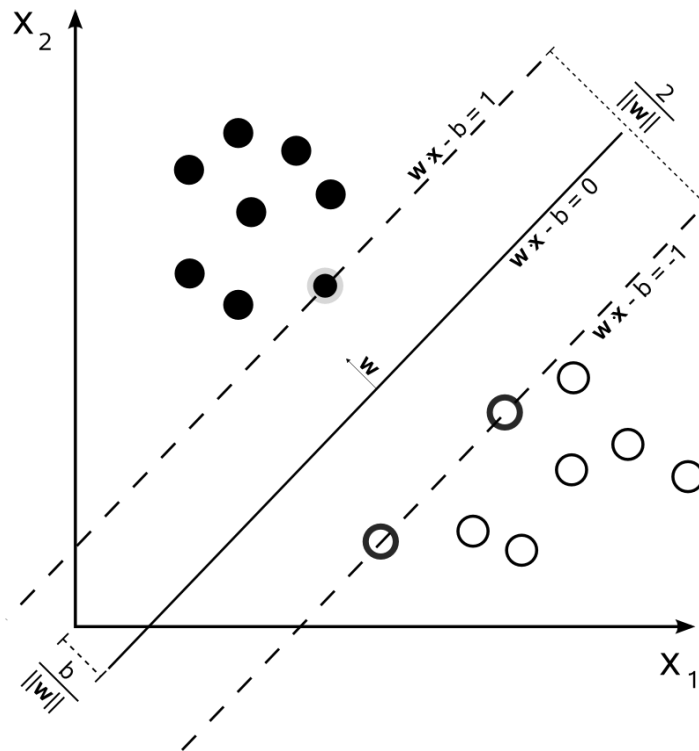
<sup>۱۰</sup> Optimal Margin

### ۱-۳-۴ طبقه بند SVM خطی

فرض کنید  $D$  مجموعه  $N$  جفت داده است که هر جفت داده بردار ویژگی  $x_i$ <sup>۱</sup> و شناسه کلاس  $y_i$ <sup>۲</sup> است.

$$D = \{(x_i, y_i) \mid x_i \in \mathbb{R}^p, y_i \in \{-1, 1\}\}_{i=1}^N$$

مقادیری که  $y_i$  میتواند اختیار کند مقادیر ۱ و -۱ هست که نشان دهنده کلاسی است که داده  $x_i$  به آن تعلق دارد.  $x_i$ ها بردارهای حقیقی ویژگی هستند که بعدشان  $p$  است. ما به دنبال ابرصفحه ای هستیم که داده های که  $y_i = 1$  دارند را از آنهایی که  $y_i = -1$  است جدا کند و بیشترین فاصله از نزدیکترین داده های دو دسته را داشته باشد. شکل ۱-۵ این ابرصفحه را که در فضای دو بعدی به صورت خط است را نمایش میدهد.



شکل ۱-۵ ابرصفحه بهینه برای SVM دو کلاسه

<sup>۱</sup> Feature vector

<sup>۲</sup> Class label

<sup>۳</sup> Photo credit: [https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/۲/۲a/Svm\\_max\\_sep\\_hyperplane\\_with\\_margin.png](https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/۲/۲a/Svm_max_sep_hyperplane_with_margin.png)

هر ابرصفحه را میتوان به صورت مجموعه ای از  $x$  ها در نظر گرفت که در معادله (۲-۱) صدق کنند. نقطه در این معادله علامت ضرب داخلی<sup>۱</sup> و بردار  $W$  برداری عمود<sup>۲</sup> بر این ابرصفحه است. فاصله این ابرصفحه در راستای بردار  $W$  از مبدا  $\frac{b}{\|W\|}$  است.

$$W \cdot x - b = 0 \quad (2-1)$$

اگر داده ها به صورت خطی قابل جداسازی<sup>۳</sup> باشند میتوانیم دو ابرصفحه تعریف کنیم که بین این دو هیچ کدام از داده ها نباشند و سپس فاصله آنها از یکدیگر را ماکزیمم کنیم. این دو ابرصفحه در شکل ۵ نمایش داده شده اند. معادلات این دو ابر صفحه به صورت معادلات (۳-۱) و (۴-۱) هستند و فاصله این دو از یکدیگر  $\frac{2}{\|W\|}$  است. چنانچه بخواهیم این فاصله را ماکزیمم کنیم باید مقدار  $\|W\|$  کمینه کنیم. به فضای بین این دو ابرصفحه، حاشیه<sup>۴</sup> بین آن دو میگوییم.

$$W \cdot x - b = 1 \quad (3-1)$$

$$W \cdot x - b = -1 \quad (4-1)$$

ما میخواهیم هیچ کدام از بردارهای ویژگی  $x$  در این فاصله قرار نگیرد. برای اینکه این خاصیت برقرار باشد قید<sup>۵</sup> (۵-۱) را به معادلات اضافه میکنیم.

$$y_i(W \cdot x_i - b) \geq 1 \quad \text{برای تمامی مقادیر } i \text{ که } 1 \leq i \leq N \text{ داریم} \quad (5-1)$$

مساله ما اکنون به یک مساله بهینه سازی تبدیل میشود که قصد داریم  $\|W\|$  را با قید ذکر شده در بالا کمینه کنیم.

برای اینکه این مساله را بتوانیم حل کنیم، باید آنرا به فرم مسایل بهینه سازی درجه دوم<sup>۶</sup> دربیاوریم. لذا مساله را به صورت زیر تغییر میدهیم.

---

<sup>۱</sup> Dot product

<sup>۲</sup> Perpendicular vector

<sup>۳</sup> Linearly separable classess

<sup>۴</sup> Margin

<sup>۵</sup> Constraint

<sup>۶</sup> Quadratic optimization problem

$\arg(\min(\frac{1}{2} \|W\|^2))$  با توجه به اینکه قیودی که بالا ذکر شد برقرار باشند.

این مساله را میتوان با استفاده از روش ضرایب لاگرانژ<sup>۱</sup> حل کرد. برای حل این مساله میتوان راه حل این مساله را به فرم معادله (۶-۱) نوشت.

$$W = \sum_{i=1}^N \alpha_i y_i x_i \quad (6-1)$$

نکته جالب این است که ضرایب  $\alpha_i$  فقط به ازای برخی از داده ها ناصفر اند و به ازای بقیه مقادیر داده ها صفر هستند. ضرایب  $\alpha_i$  به ازای به ازای داده هایی که نزدیکترین داده از هر کلاس به ابرصفحه بهینه اند ناصفر اند. این داده ها را Support Vector مینامیم. پس برای محاسبه بردار ضرایب  $W$  نیازی نیست که تمامی داده ها را مورد بررسی قرار دهیم و صرفا داده های ذکر شده را مورد بررسی قرار میدهیم. نمونه از این داده ها در شکل ۵ در مورد هر کلاس نشان داده شده است. ضریب  $b$  را میتوان از معادله (۷-۱) به دست آورد[۵].

$$b = \frac{1}{N_{sv}} \sum_{i=1}^{N_{sv}} (W \cdot x_i - y_i) \quad (7-1)$$

### ۱-۳-۵ حاشیه نرم<sup>۲</sup>

در پاره ای از موارد نیاز است داده های دو کلاس را به گونه ای که تعدادی داده outlier در طبقه بندی وجود داشته باشد، از یکدیگر جدا کرد. در این حالت نیاز است تا قیدی که در SVM ذکر میکرد تا هیچ کدام از داده ها فضای حاشیه نباشد، اندکی استراحت<sup>۳</sup> داده شود. قید (۵-۱) ذکر شده به صورت قید (۸-۱) تغییر میابد.

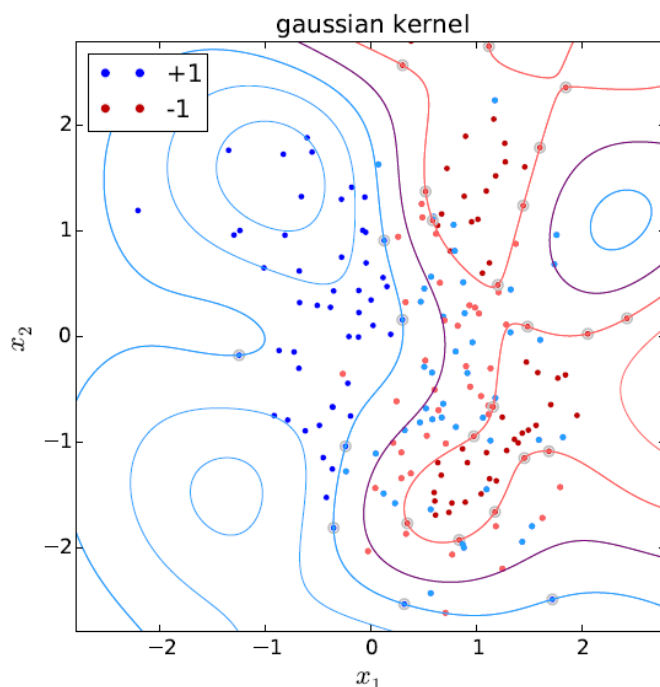
$$y_i(W \cdot x_i - b) \geq 1 - \xi_i \quad 1 \leq i \leq N \quad \text{که داریم} \quad (8-1)$$

<sup>۱</sup> Lagrange multipliers method

<sup>۲</sup> Soft margin

<sup>۳</sup> Relaxed constraint

مقادیر  $\xi_i$  مقادیر خطایی هستند که میتوان با استفاده از آن هنگامیکه داده های outlier هم داریم بتوانیم به خوبی طبقه بندی انجام بدهیم. شکل ۶-۱ این روش را به خوبی نمایش میدهد. در این شکل داده ها را نمیتوان با یک ابرصفحه به صورت کامل از یکدیگر جدا کرد و لذا اجازه میدهیم اندکی خطا به صورت خواسته وارد محاسبات کنیم تا بتوانیم بهترین ابرصفحه را پیدا کنیم.



شکل ۶-۱ حاشیه نرم در SVM

### ۱-۳-۶ روش هسته<sup>۲</sup>

مباحثی که تا حالا بررسی کردیم مربوط به SVM خطی بود که میتوانست داده ها را در فضای ویژگی و هنگامیکه به صورت خطی جداپذیر باشند، طبقه بندی کند. در بسیاری از موارد نمیتوان داده ها را با استفاده از یک طبقه بند خطی از یکدیگر جدا کرد. برای حل این مشکل میتوان ضربهای داخلی<sup>۳</sup> که در روش خطی استفاده میشد را با تابع غیرخطی هسته<sup>۴</sup> جایگزین کرد. با انجام اینکار میتوانیم مطمئن باشیم که ابرصفحه بهینه میتواند داده ها را در فضایی که ویژگیها به آن نگاشت میشوند، را به صورت خطی از یکدیگر جدا کند. این فضای جدید

<sup>۱</sup> Photo credit: [https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/۴/۴۷/SVM\\_with\\_soft\\_margin.pdf](https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/۴/۴۷/SVM_with_soft_margin.pdf)

<sup>۲</sup> Kernel method

<sup>۳</sup> Dot product

<sup>۴</sup> Nonlinear kernel function

ویژگیها میتواند ابعاد بسیار بالا و یا حتی بی نهایت داشته باشد. همانطور که در شکل ۱-۷<sup>۱</sup> مشاهده میشود، طبقه بند ما در فضای اولیه داده ها (سمت چپ) نمیتواند داده ها را به صورت خطی از یکدیگر جدا کند. هنگامیکه داده ها را با استفاده از روش هسته به ابعاد بالاتر منتقل کنیم، طبقه بند میتواند داده ها را به صورت خطی از یکدیگر جدا کند [۶]. هسته هایی که به صورت متداول مورد استفاده قرار میگیرند عبارتند از:

هسته چند جمله ای همگن<sup>۲</sup> مطابق معادله (۹-۱) و هسته چندجمله ای ناهمگن مطابق معادله (۱۰-۱).

$$K(x_i, x_j) = (x_i \cdot x_j)^d \quad (9-1)$$

$$K(x_i, x_j) = (x_i \cdot x_j + 1)^d \quad (10-1)$$

هسته مماس هیپربولیک<sup>۳</sup> مطابق معادله (۱۱-۱) و هسته گاوسی<sup>۴</sup> و یا Radial basis kernel که معادله آن در معادله (۱۲-۱) آورده شده است.

$$K(x_i, x_j) = \tanh(\kappa x_i \cdot x_j + c) \quad (11-1)$$

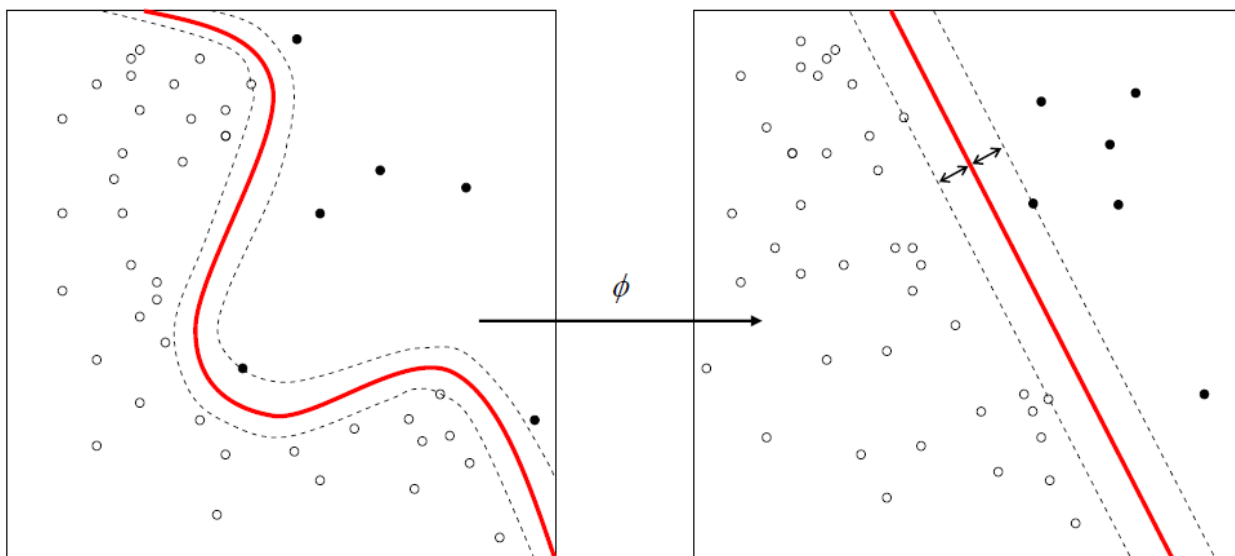
$$K(x_i, x_j) = \exp(-\gamma \|x_i - x_j\|) \quad (12-1)$$

<sup>۱</sup> Photo credit: [https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/1/1b/Kernel\\_Machine.png](https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/1/1b/Kernel_Machine.png)

<sup>۲</sup> Homogeneous polynomial kernel function

<sup>۳</sup> Hyperbolic tangent kernel function

<sup>۴</sup> Gaussian kernel or Radial basis kernel



شکل ۷-۱ روش هسته داده ها را از به فضای با بعد بالا منتقل میکند تا به صورت خطی جداپذیر باشند.

### ۷-۳-۱ بهبود ویژگیها<sup>۱</sup>

با پیشرفت‌های اخیر تکنولوژی، داده‌های عظیمی در حوزه‌های مختلف به دست آمدند که نیاز به پردازش و دسته بندی داشتند و الگوریتم‌های موجود دسته بندی و پردازش قادر به تحلیل آن حجم از داده در زمان معقول نبودند. از طرفی همه این داده‌ها از ارزش اطلاعاتی خاصی برخوردار نبوده و نیاز به روش‌هایی برای بهینه سازی داده‌ها قبل از ورود به سیستم‌های طبقه بند احساس می‌شد. این روش‌های بهینه سازی که به feature conditioning معروفند، مورد مطالعه دانشمندان متعددی قرار گرفتند و روش‌های مختلفی ارایه شدند که هر یک مزایا و معایب خاص خود را داشتند. در اینجا به اختصار روش بررسی اجزا اصلی<sup>۲</sup> و آنالیز جداکننده خطی<sup>۳</sup> که بسیار معمول اند و در اکثر موارد قبل از ورود ویژگیها به طبقه بند مورد استفاده قرار میگیرند، توضیح داده میشود.

<sup>۱</sup> Feature conditioning

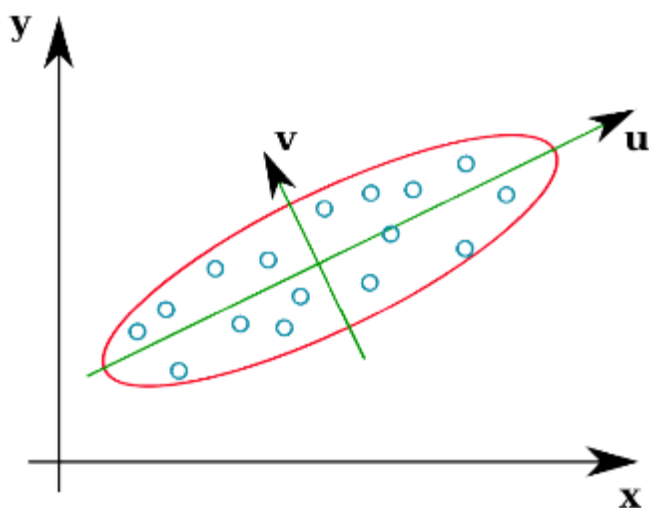
<sup>۲</sup> Principal Component Analysis

<sup>۳</sup> Linear Discriminant Analysis



### ۸-۳-۱ روش بررسی اجزا اصلی

آنالیز اجزای اصلی<sup>۱</sup> یک پروسه چند متغیری آماریست که قصد نشان دادن ساختار کواریانس دسته‌ای از متغیرها را توسط یک مجموعه متغیر کوچک دارد که این مجموعه جدید ترکیب خطی‌ای از دسته اولیه است. به طور خلاصه می‌توان گفت آنالیز اجزای اصلی جهاتی که تغییرات داده‌ها در آن بیشینه است را پیدا می‌کند و به عنوان دستگاه مختصات جدید در نظر می‌گیرد. شکل ۸-۱<sup>۲</sup> این جهات را در مورد داده‌ی موجود در شکل نشان می‌دهد.



شکل ۸-۱ در این نمودار ابتدا جهت  $u$  به عنوان راستای بیشترین تغییر کل داده‌ها و سپس جهت  $v$  به عنوان تغییرات باقیمانده بیشینه است مشخص شده‌اند.

از دیدگاه جبری، این اجزای اصلی پیدا شده، ترکیب خطی‌ای از متغیرهای اصلی هستند که از دیدگاه کمینه مربعات<sup>۳</sup> بهترین طرح را ارائه می‌کنند. از دیدگاه هندسی نیز دستگاه مختصات جدیدی ایجاد شده که داده‌ها در هر جهت از آن، بیشترین تغییرات ممکن را داشته باشند. از دید محاسباتی نیز اجزای اصلی با محاسبه مقادیر ویژه و بردارهای ویژه ماتریس کواریانس<sup>۴</sup> داده‌ها به دست می‌آیند. به طوریکه برداری ویژه با بیشترین مقدار ویژه متناظر با همان جهت با بیشترین تغییرات است.

<sup>۱</sup> Principals Component Analyses

<sup>۲</sup> Photo credit: C. M. Bishop, *Pattern Recognition and Machine Learning*, vol. ۴, no. ۴, ۲۰۰۶

<sup>۳</sup> Least squares

<sup>۴</sup> Covariance matrix

مقادیر ویژه به طور خلاصه طبق معادله (۱۳-۱) تعریف می‌شوند:

$$\text{Determinant } (A - \lambda I) = | (A - \lambda I) | = 0 \quad (13-1)$$

که در آن  $A$  یک ماتریس مربعی و  $\lambda$  مقدار ویژه آن است. این مقادیر ویژه را در ماتریس قطری‌ای<sup>۱</sup> به نام  $\Lambda$  نمایش می‌دهیم. مراحل انجام آنالیز اجزای اصلی به صورت زیر است.

ابتدا میانگین داده‌ها در هر بعد ( $\mu_1, \mu_2, \dots$ ) محاسبه می‌شود و سپس ماتریس کواریانس ( $\Sigma$ ) را بر اساس آن بدست می‌آوریم. در مرحله بعد مقادیر ویژه و بردارهای ویژه ماتریس کواریانس محاسبه می‌شوند. در آخر هر نقطه از مختصات اولیه به فضای مختصاتی جدید انتقال پیدا می‌کند. آنالیز اجزای اصلی میانگین داده‌ها را صفر نموده و آن‌ها را در دستگاه مختصاتی که هر بعدش متناسب با مقدار ویژه متناظرش، پراکندگی بیشتری را نشان می‌دهد.

همانطور که اشاره شد در مختصات جدید هر بعد متناظر با مقدار ویژه‌ایست که میزان پراکندگی داده‌ها را نشان می‌دهد. در نتیجه با فرض آنکه ابعاد با پراکندگی بیشتر اطلاعات بیشتری را در بر دارند می‌توانیم ابعاد را بر اساس مقادیر ویژه مرتب کنیم و ابعاد کم ارزش و بی ارزش (مقادیر ویژه صفر<sup>۲</sup>) را حذف کنیم و فقط از ابعاد ارزشمند در الگوریتم‌های طبقه بند استفاده کنیم. در بسیاری از موارد مقادیر ویژه صفر دیده می‌شوند که خبر از بی‌ارزش بودن بعد متناظر می‌دهند. البته در محاسبات، این مقادیر دقیقاً صفر نیستند و باید مقادیر اپسیلون<sup>۳</sup> برای تشخیص صفر در نظر گرفت [۷].

---

<sup>۱</sup> Diagonal matrix

<sup>۲</sup> Singular values

<sup>۳</sup> Epsilon

### ۹-۳-۱ آنالیز جداکننده خطی

آنالیز جدا کننده خطی<sup>۱</sup> در حوزه استخراج ویژگی‌ها تکنیک شناخته شده ایست. این تکنیک در بسیاری از مسائل شناسایی الگو با نتیجه موفقیت آمیزی استفاده شده است. این تکنیک به دلیل خدماتی که رونالد فیشر<sup>۲</sup> برای آن انجام داد، به آنالیز جدا کننده فیشر<sup>۳</sup> نیز مشهور است.

هدف اصلی آنالیز جدا کننده خطی نگاشت داده‌ها به فضایی است که در آن نمونه‌ها را در گروه‌های مجزا، جدا کند. آنالیز جدا کننده خطی برای رسیدن به این هدف به دنبال افزایش جداپذیری بین گروهی و در عین حال کاهش تغییرات داخلی کلاس‌ها است. ضمناً فرض می‌شود کواریانس ماتریس همه کلاس‌ها با هم برابرند زیرا ماتریس پراکندگی<sup>۴</sup> داخلی یکسانی برای همه کلاس‌ها در نظر گرفته شده است.

#### روش:

در ابتدا به چند تعریف اولیه می‌پردازیم.

میانگین هر کلاس و کواریانس هر کلاس را طبق معادلات (۱۴-۱) و (۱۵-۱) زیر تعریف می‌کنیم:

$$\bar{x}_l = \frac{1}{N_l} \sum_{j=1}^{N_l} x_{l,j} \quad (14-1)$$

$$S_l = \frac{1}{(N_l - 1)} \sum_{j=1}^{N_l} (x_{l,j} - \bar{x}_l) (x_{l,j} - \bar{x}_l)^T \quad (15-1)$$

---

<sup>۱</sup> Linear Discriminant Analysis

<sup>۲</sup> Ronald A. Fisher

<sup>۳</sup> Fisher discriminant analysis

<sup>۴</sup> Scatter Matrix

همچنین ماتریس پراکندگی بین کلاسی<sup>۱</sup>،  $S_b$ ، را طبق معادله (۱۶-۱) و ماتریس پراکندگی درونی<sup>۲</sup> هر کلاس،  $S_w$ ، را طبق معادله (۱۷-۱) تعریف می‌کنیم.

$$S_b = \sum_{i=1}^g N_i (\bar{x}_i - \bar{x}) (\bar{x}_i - \bar{x})^T \quad (۱۶-۱)$$

$$S_w = \sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^{N_i} (x_{i,j} - \bar{x}_i) (x_{i,j} - \bar{x}_i)^T \quad (۱۷-۱)$$

که در آن  $x_{ij}$ ،  $j$ امین نقطه  $n$  بعدی از کلاس  $\omega_i$ ،  $N_i$  تعداد نقاط داده آموزش در کلاس  $\omega_i$  و  $g$  تعداد کل کلاس‌ها است.

هدف اصلی آنالیز جدا کننده خطی پیدا کردن ماتریس نگاشتی<sup>۳</sup> است که نسبت دترمینانی  $S_b$  به  $S_w$  بیشینه شود. اصطلاحاً به این ماتریس مقیاس فیشر، که طبق معادله (۱۸-۱) تعریف میشود، میگویند.

$$\phi_{lda} = \arg \max_{\phi} \frac{|\phi^T S_b \phi|}{|\phi^T S_w \phi|} \quad (۱۸-۱)$$

برای آنکه شهود بیشتری نسبت به این روش پیدا کنیم به توضیحات بیشتر می‌پردازیم. دترمینان ماتریس کواریانس میزان پراکندگی یک کلاس را بیان می‌کند. ماتریس کواریانس در آنالیز اجزا اصلی را در نظر بگیرید. دترمینان تنها ضرب مقادیر قطر اصلی بود که مقادیر مستقل واریانس‌ها بودند. دترمینان تحت هر نگاشت<sup>۴</sup> متعامد نرمالی مقدار برابر دارد. در نتیجه مقیاس فیشر، سعی می‌کند تا واریانس میانگین کلاس‌ها بیشینه و واریانس داده‌های هر کلاس کمینه شوند.

<sup>۱</sup> Scatter between matrix

<sup>۲</sup> Scatter within matrix

<sup>۳</sup> Projection Matrix

<sup>۴</sup> Projection

نشان دادیم که  $\varphi_{lda}$  در واقع پاسخ سیستم ویژه ذکر شده در معادله (۱-۱۹) است:

$$S_b \varphi - S_w \varphi A = 0 \quad (19-1)$$

با ضرب کردن معکوس  $S_w$  به سری معادلات زیر میرسیم.

$$S_w^{-1} S_b \varphi - S_w^{-1} S_w \varphi A = 0 \quad (20-1)$$

$$S_w^{-1} S_b \varphi - \varphi A = 0 \quad (21-1)$$

$$S_w^{-1} S_b \varphi = \varphi A \quad (22-1)$$

اگر  $S_w$  ماتریس غیر تکیه‌ای<sup>۱</sup> باشد در نتیجه مقیاس فیشر بیشینه می‌شود، هر وقت ماتریس نگاشت  $\varphi_{lda}$  از بردار ویژه‌های  $S_w^{-1} S_b$  تشکیل شده باشد. این درحالی است که حداکثر از  $g-1$  مقدار ویژه غیر صفر برخوردار است. در نتیجه تنها  $g$  نقطه برای تخمین  $S_b$  موجود است. آنالیز جدا کننده خطی یک نگاشت برای دستگاه مختصات است. در نتیجه بعد از محاسبه این نگاشت تمامی نقاط را انتقال می‌دهیم و سپس با یک دسته بند ساده به دسته بندی آنها می‌پردازیم.

---

<sup>۱</sup> Non-singular

## ۴-۱ مفاهیم آماری

در بسیاری از موارد، داده هایی که هنگام طبقه بندی با آنها کار میکنیم از توزیع آماری<sup>۱</sup> خاصی پیروی میکنند. برای اینکه بتوانیم این توزیع آماری را به صورت ریاضی توصیف کنیم، میتوانیم از آماره های ریاضی استاندارد استفاده کنیم. با استفاده از این آماره ها میتوان شکل یه توزیع آماری و یا یک بردار از متغیر تصادفی را توصیف کرد و همچنین توزیعها را با هم مقایسه کرد. در ادامه به چهار تا از آماره های استاندارد که در این تحقیق هم از آنها استفاده شده است، اشاره میشود.

### ۱-۴-۱ میانگین<sup>۲</sup>

میانگین یه بردار از متغیرهای تصادفی  $X$  را میتوان از رابطه (۲۳-۱) زیر به دست آورد.

$$\mu = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N X_i \quad (23-1)$$

در این رابطه  $N$  اندازه این بردار و  $X_i$  ها مقادیر این بردار هستند. طبق قانون اعداد بزرگ<sup>۳</sup>، میانگین به ما نشان میدهد که از مشاهده این پدیده تصادفی تعداد زیاد، میانگین آن به عدد  $\mu$  نزدیک میشود.

### ۲-۴-۱ واریانس

واریانس برای یک توزیع احتمالی میزان انحراف مقادیر آن از میانگین را نشان میدهد. برای بردار متغیر تصادفی  $X$  میتوان واریانس را از رابطه (۲۴-۱) زیر محاسبه کرد.

---

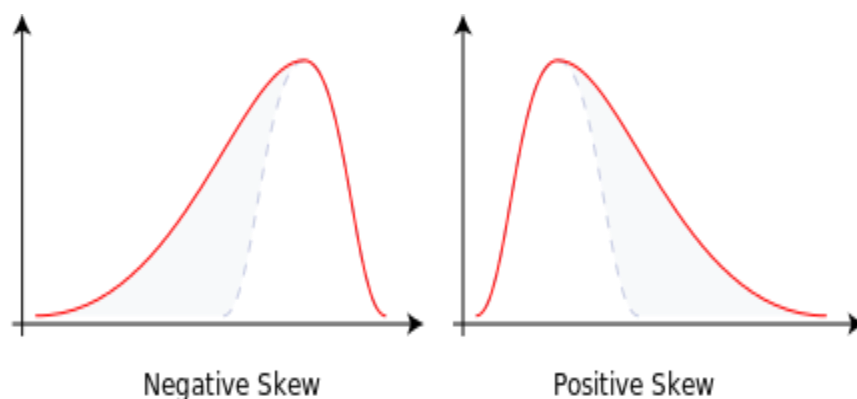
<sup>۱</sup> Probability distribution

<sup>۲</sup> Mean

<sup>۳</sup> Law of large numbers

$$V = \frac{1}{N-1} \sum_{i=1}^N |X_i - \mu|^2 \quad (24-1)$$

در این رابطه  $\mu$  میانگین است و  $N$  اندازه این بردار و  $X_i$  ها مقادیر این بردار هستند.



شکل ۹-۱ مقایسه چولگی دو منحنی

### ۳-۴-۱ چولگی<sup>۱</sup>

چولگی یک معیار برای سنجش میزان عدم تقارن<sup>۲</sup> داده ها حول میانگین آنهاست. چولگی میتواند عدد مثبت، منفی و یا صفر باشد. برای توزیع نرمال این معیار صفر است. اگر چولگی برای یک توزیع احتمالی عددی مثبت باشد، این به معنی این است که بیشتر داده ها در سمت چپ میانگین متمرکز هستند و دم<sup>۳</sup> توزیع احتمالی در سمت راست کشیده تر است. اگر چولگی عددی منفی باشد، بدین معنی است که داده ها بیشتر سمت راست توزیع متمرکز هستند. شکل ۹-۱<sup>۴</sup> دو شکل توزیع با چولگی مثبت و منفی را نشان میدهد.

<sup>۱</sup> Skewness

<sup>۲</sup> Assymetry

<sup>۳</sup> tail

<sup>۴</sup> Photo credit:

[https://en.wikipedia.org/wiki/Skewness#/media/File:Negative\\_and\\_positive\\_skew\\_diagrams\\_\(English\).svg](https://en.wikipedia.org/wiki/Skewness#/media/File:Negative_and_positive_skew_diagrams_(English).svg)

برای بردار متغیر تصادفی  $X$ ، چولگی را میتوان از رابطه (۲۵-۱) زیر به دست آورد. این رابطه به ضرایب چولگی فیشر-پیرسون معروف<sup>۱</sup> است.

$$S_k = \frac{N}{(N-1)(N-2)} \frac{\sum_{i=1}^N (X_i - \mu)^3}{s^3} \approx \frac{1}{N} \frac{\sum_{i=1}^N (X_i - \mu)^3}{s^3} \quad (25-1)$$

در این رابطه  $\mu$  میانگین است و  $N$  اندازه این بردار و  $X_i$  ها مقادیر این بردار هستند. هم چنین  $s$ ، انحراف معیار<sup>۲</sup> است که ریشه دوم واریانس میباشد. هنگامیکه که  $N$  عدد بزرگی باشد میتوان از تخمین ذکر شده در رابطه بالا استفاده کرد.

#### ۴-۴-۱ کشیدگی<sup>۳</sup>

کشیدگی یک توزیع آماری، میزان کشیدگی و یا به بیانی دیگر کشیدگی دم منحنی را نشان میدهد. هم چنین کشیدگی، معیاری از ارتفاع قله منحنی<sup>۴</sup> توزیع آماری هست. این معیار برای توزیع نرمال عدد ۳ است. اگر توزیع نرمال را به عنوان شکل استاندارد در نظر بگیریم، اگر کشیدگی یک توزیع از ۳ بزرگتر باشد، این منحنی قله بلندتری نسبت به توزیع نرمال دارد و دم های آن کوتاه تر است. اگر دم یک منحنی توزیع احتمالی کوتاه و اصطلاحاً چاق<sup>۵</sup> باشد، بدین معنی است که داده ای outlier در این توزیع کمتر وجود دارند. چنانچه کشیدگی منحنی توزیع احتمالی از ۳ کمتر باشد، این منحنی قله کوتاه تری نسبت به توزیع نرمال دارد و دم های آن کشیده تر هستند.

<sup>۱</sup> Fisher-Pearson coefficient of skewness

<sup>۲</sup> Standard deviation

<sup>۳</sup> Kurtosis

<sup>۴</sup> Peak

<sup>۵</sup> Fat tails



برای بردار متغیر تصادفی  $X$ ، کشیدگی را میتوان از رابطه (۲۶-۱) زیر به دست آورد.

$$K = \frac{N(N+1)}{(N-1)(N-2)(N-3)} \frac{\sum_{i=1}^N (X_i - \mu)^4}{s^4} \approx \frac{1}{N} \frac{\sum_{i=1}^N (X_i - \mu)^4}{s^4} \quad (26-1)$$

در این رابطه  $\mu$  میانگین است و  $N$  اندازه این بردار و  $X_i$  ها مقادیر این بردار هستند. هم چنین  $s$ ، انحراف معیار<sup>۱</sup> است که ریشه دوم واریانس میباشد. هنگامیکه که  $N$  عدد بزرگی باشد میتوان از تخمین ذکر شده در رابطه بالا استفاده کرد.

---

<sup>۱</sup> Standard deviation

## فصل ۲ مروری بر ادبیات پیشین

### ۱-۲ پیشینه طبقه بندی تصاویر MRI با استفاده از SVM

تشخیص و طبقه بندی با استفاده از تصاویر MRI میتواند در بسیاری از موارد پزشکی میتواند به پزشکان کمک کند تا بتوانند وجود بیماری را در فرد تشخیص داده و همچنین احتمال بروز یک بیماری در فرد را مشخص کنند. طبقه بندی SVM در بسیاری از این تحقیقات برای طبقه بندی مورد استفاده قرار گرفته است و توانسته با نرخ طبقه بندی بالا، عملیات طبقه بندی را انجام دهد.

در تحقیقی که در مقاله [۸] انجام گرفت، بیمارانی که دارای بیماری آلزایمر بودند، بر اساس تصاویر ساختاری MRI مورد طبقه بندی قرار گرفتند. طبقه بندی با استفاده از روش بیزین<sup>۱</sup> و SVM صورت گرفت و نتایج به دست آمده توسط طبقه بندی SVM دارای نرخ طبقه بندی بالاتری بودند. تحقیق مشابه آن در مقاله [۹] بر روی بیماران دارای آلزایمر صورت گرفت که طبقه بندی با استفاده از SVM صورت گرفت. نتایج تحقیق نشان داد که طبقه بندی SVM میتواند با دقت بالا عملیات طبقه بندی را در مورد بیماران آلزایمری انجام دهد. در مطالعاتی که بر اساس تصاویر MRI صورت میگیرد، ویژگیهای مورد استفاده برای طبقه بندی نشان دهنده تغییرات بافتهای مغز در گروههای مورد مطالعه میباشد و این تغییرات با استفاده از تصاویر به دست آمده و پردازش روی آنها به صورت کمی درآمده و مورد استفاده قرار میگیرند. در روش طبقه بندی با استفاده از مقادیر واکسلها، ویژگیها مقادیر واکسلهای مغز بودند که بعضا عملیات کاهش بعد روی آنها انجام میگیرد و واکسلهایی که حاوی اطلاعات مرتبطتر میباشد انتخاب شده و در طبقه بندی مورد استفاده قرار میگیرند. دو تحقیقی که در قسمت "دو مطالعه برگزیده" ذکر شده اند از این روش برای انتخاب ویژگی استفاده میکنند. روش دیگر استخراج ویژگیهای آماری از بافتهای مورد مطالعه و انجام طبقه بندی بر اساس این ویژگیهای آماری میباشد. در ادامه به بررسی دو پژوهش برگزیده که در زمینه طبقه بندی بیماران صرعی با استفاده از تصاویر MRI انجام گرفته است میپردازیم.

---

<sup>۱</sup> Bayesian classification

## ۲-۲ دو مطالعه برگزیده

### ۲-۲-۱ طبقه بندی تصاویر MRI در بیماری صرع لوب گیجگاهی<sup>۱</sup>

در مقاله [۱۰] به بررسی امکان استفاده از طبقه بند SVM برای طبقه بندی بیماران دارای صرع لوب گیجگاهی از افراد سالم میپردازد. نتایج به دست آمده از این تحقیق نشان میدهد که طبقه بند SVM میتواند با بررسی داده های مربوط واکسلهای کل مغز<sup>۲</sup>، با دقت بالا این طبقه بندی را انجام دهد.

در این تحقیق تصاویر T1-Weighted و DTI<sup>۳</sup> از ۳۸ بیمار دارای بیماری صرع لوب گیجگاهی و ۲۲ فرد سالم، به دست می آید. از تصاویر T1-weighted بافتهای مربوط به بافت سفید و بافت خاکستری استخراج میشود. هم چنین از تصاویر DTI تصاویر FA<sup>۴</sup> و MD<sup>۵</sup> به دست می آیند. در ادامه تحقیق با استفاده از طبقه بند SVM عملیات طبقه بندی روی افراد مورد مطالعه صورت میگیرد. روش اعتبارسنجی در این تحقیق روش leave-one-out است. داده های مورد استفاده برای طبقه بندی شامل تصاویر بافت خاکستری، بافت سفید، نقشه نرخ استراحت T2، تصویر FA و تصویر MA هستند که از تصاویر T1-Weighted و DTI به دست آمده اند. روی هر یک از این داده ها عملیات طبقه بندی صورت میگیرد.

نتایج به دست آمده از طبقه بندی با استفاده از تصاویر بافت خاکستری مغز افراد، بهترین نرخ طبقه بندی صحیح را به ما میدهد. هم چنین طبقه بندی بر اساس تصاویر بافت سفید مغز افراد، در مقایسه با تصاویر بافت خاکستری میزان نرخ طبقه بندی صحیح کمتری دارد. نتایج به دست آمده از این تحقیق نشان داد طبقه بندی بر اساس داده های واکسلهای مغز، میتواند طبقه بندی با دقت بالا به دست آورد. همچنین نتایج به دست آمده از این تحقیق نشان داد که طبقه بندی با استفاده از داده هایی که از تصاویر DTI به دست می آیند، نسبت به داده هایی که از تصاویر T1-Weighted به دست می آیند، نتایج بهتری در اختیار ما قرار میدهد.

---

<sup>۱</sup> Temporal lobe epilepsy

<sup>۲</sup> Voxel-based MRI

<sup>۳</sup> Diffusion tensor imaging

<sup>۴</sup> Fractional anisotropy

<sup>۵</sup> Mean diffusivity

## ۲-۲-۲ طبقه بندی کودکان صرعی با استفاده از تصاویر DTI

در مقاله [۱۱] سعی شده است که کودکان مبتلا به بیماری صرع را با استفاده از شاخص های به دست آمده از تصاویر DTI و هم چنین با استفاده از طبقه بند SVM، طبقه بندی کرده و میزان دقت این طبقه بندی را بررسی نماید. کودکان مورد مطالعه به دو گروه کودکان بیماری که بیماری صرع در آنها متوقف شده<sup>۱</sup> و کودکان بیماری که همچنان بیماری صرع دارند<sup>۲</sup> تقسیم شدند. مقایسه بین این دو گروه و همچنین بین هر یک از این گروهها و افراد سالم صورت گرفت. هدف از تحقیق پی بردن به رابطه بین تغییرات ماده سفید در ناحیه مخچه، که با استفاده از تصاویر DTI مشخص میشوند، و همچنین بروز حملات صرع در کودکان بیمار دارای صرع و همچنین مقایسه آنها با کودکانیکه بیماری صرع در آنها متوقف شده است، میباشد.

در این مطالعه تصاویر T<sub>۱</sub>، T<sub>۲</sub> و DTI از افراد مورد مطالعه گرفته شد و سپس شاخص های متفاوتی همچون تصاویر MA، FA، RD و AD از آن استخراج شد. با استفاده از این تصاویر میتوان تغییرات میزان بافت سفید در مغز را اندازه گرفت و بررسی نمود. در این تحقیق واکسلهای ناحیه مخچه به عنوان ویژگی در طبقه بندی استفاده شدند. برای اینکه تعداد این ویژگیها کاهش یابد، عملیات انتخاب مهم ترین ویژگیها روی واکسلها انجام گرفت. در نهایت طبقه بندی با استفاده از طبقه بند SVM و با استفاده از هسته گاوسی صورت گرفت.

نتایج به دست آمده از این تحقیق نشان داد که میتوان با استفاده از تصاویر DTI و شاخصهایی که از آن استخراج میشود، عملیات طبقه بندی افراد سالم از افراد صرعی و همچنین افرادی که صرع در آنها دیگر وجود ندارد از افرادی که صرع دارند را با دقت بالا انجام داد. اساس این تحقیق بررسی میزان تغییرات بافت سفید در ناحیه مخچه بود و نشان داده شد که طبقه بند SVM نسبت به تغییرات این بافت در گروههای مورد مطالعه حساس است و میتوان به نتایج آن اطمینان بالا داشت. از محدودیتهای این تحقیق میتوان به کم بودن تعداد افراد مورد مطالعه اشاره کرد. بدیهی است که اگر تعداد افراد مورد مطالعه بیشتر میبود، نتایج قابل اطمینان و تعمیم دهی بیشتری داشتند.

<sup>۱</sup> Remitted epilepsy

<sup>۲</sup> Active epilepsy

## فصل ۳ روش تحقیق

### ۳-۱ تعریف مساله

هدف از این تحقیق به دست آوردن روشی برای طبقه بندی افراد سالم از افرادی که بیماری صرع دارند میباشد. برای اینکه بتوانیم به این مهم دست یابیم نیاز است که اطلاعات مربوط به هر فرد، بیمار و سالم، را بررسی کرده و معیارهای ریاضی و آماری برای هر کدام به دست آوریم. این معیارها که در اصل همان ویژگیهای داده هر فرد میباشد در مرحله بعدی برای آموزش یک طبقه بند مورد استفاده قرار میگیرند. داده های استفاده شده در این تحقیق تصاویر ساختاری MRI از افراد هستند. داده های ساختاری ده فرد مبتلا به بیمار صرع و ده فرد سالم از لحاظ ریاضی و آماری مورد تحلیل قرار میگیرند و سپس طبقه بندی افراد بر اساس این داده ها صورت انجام میشود. در ادامه پردازش اولیه ای که روی داده های هر فرد صورت گرفته است توضیح داده میشود.

### ۳-۲ پردازش داده ها

داده های مورد استفاده در این تحقیق داده های ساختاری MRI و از نوع T<sub>1</sub>-Weighted، T<sub>2</sub>-Weighted و FLAIR میباشد. برای اینکه بتوانیم روی این داده ها عملیات جداسازی بافتهای مغزی<sup>۱</sup> را انجام دهیم نیاز است که داده ها را در ابعاد یکسان باشند و تعداد اسلایسهای<sup>۲</sup> و اندازه واکسلها<sup>۳</sup> در هر کدام از تصاویر یکسان باشد. این تصاویر باید اصطلاحاً Co-Registered باشند. مراحل که برای پردازش هر داده تصویر طی شده است در ادامه آورده شده است.

---

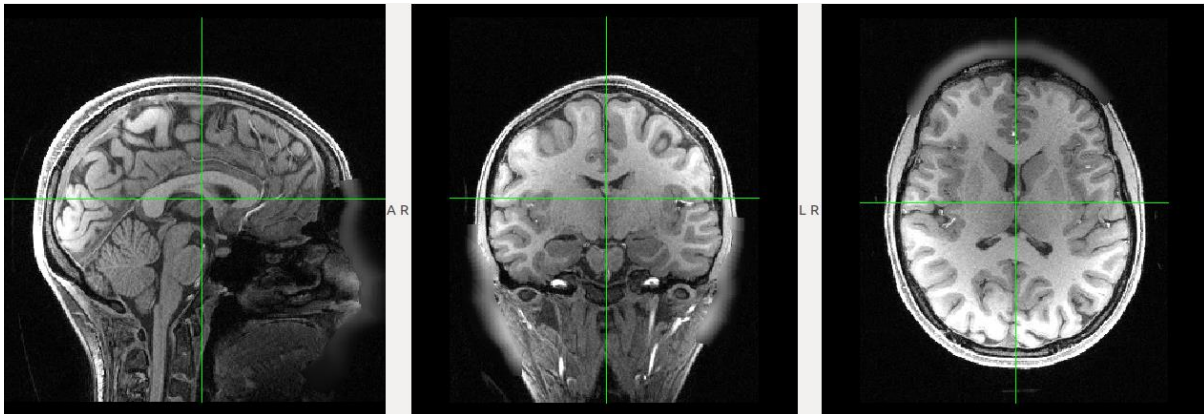
<sup>۱</sup> Brain tissue segmentaion

<sup>۲</sup> Slice

<sup>۳</sup> Voxel

### ۳-۲-۱ استخراج مغز از تصاویر<sup>۱</sup>

قدم اول پردازش داده ها جداسازی بافتهای ناخواسته، شامل جمجمه، چشم و غیره، از تصاویر است. این مرحله برای مراحل بعدی که رجیستر کردن تصویر<sup>۲</sup> و استخراج بافتها<sup>۳</sup> است، الزامی میباشد. اینکار توسط نرم افزار FSL انجام گرفت. این نرم افزار برای پردازش داده های MRI، FMRI و DTI به کار میرود. ابزار استخراج مغز<sup>۴</sup> در این نرم افزار میتواند بافتهای غیرمغزی را جدا کند [۱۲]. این ابزار هم چنین قادر به جداسازی جمجمه با دقت بالا میباشد. شکل ۱-۳ نمونه ای از تصویر MRI را در سه صفحه ساجیتال<sup>۵</sup> (سمت چپ)، صفحه کرونال<sup>۶</sup> (تصویر میانه) و صفحه محوری<sup>۷</sup> (سمت راست) نشان میدهد. همانطور که مشاهده میشود در این تصاویر علاوه بر مغز، بافتهای دیگر همانند جمجمه هم وجود دارند.



شکل ۱-۳ تصویر MRI در سه صفحه استاندارد

پس از استخراج مغز توسط نرم افزار FSL، تصویر به صورت شکل ۲-۳ در می آید. همانطور که در این تصویر مشاهده میشود، بافتهای غیرمغزی از تصویر جدا شده و تصویر نهایی صرفاً شامل مغز فرد میباشد.

<sup>۱</sup> Brain extraction

<sup>۲</sup> Image registration

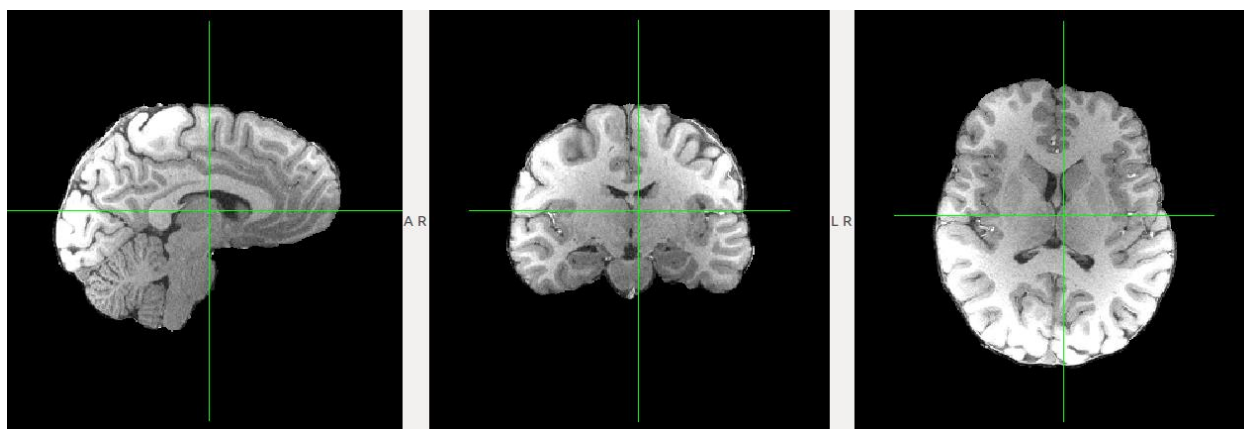
<sup>۳</sup> Segmentation

<sup>۴</sup> Brain extraction tool

<sup>۵</sup> Saggital

<sup>۶</sup> Coronal

<sup>۷</sup> Axial



شکل ۳-۲ تصویر مغز فرد در سه صفحه استاندارد پس از حذف بافت‌های غیرمغزی

### ۳-۲-۲ انتقال تصاویر

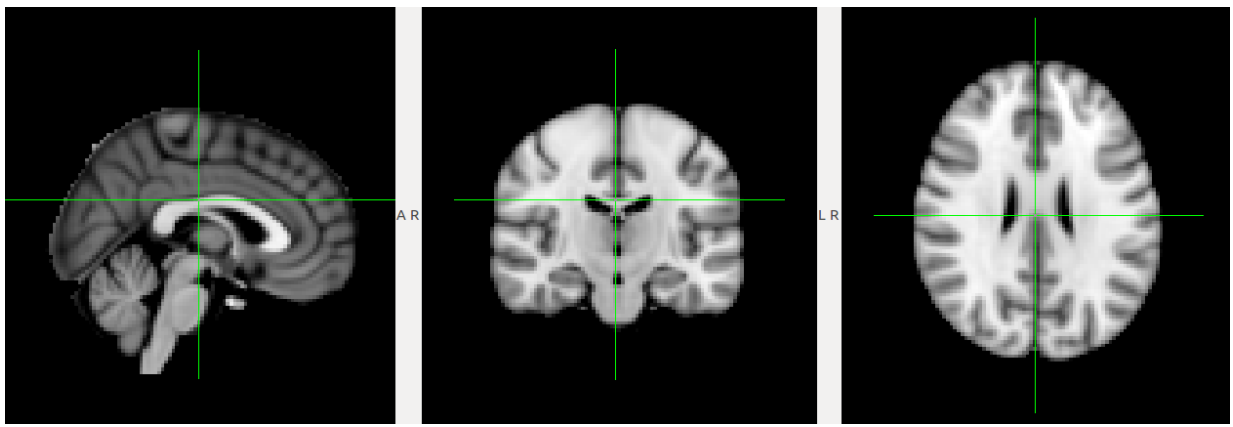
در این تحقیق برای اینکه بتوانیم عملیات ریاضی روی داده‌ها انجام دهیم، نیاز بود که تمامی تصاویر در یک صفحه مختصات معین قرار گیرند. برای انجام اینکار از نرم افزار FSL استفاده شد. ابزار <sup>۱</sup>FLIRT این نرم افزار این امکان را به ما می‌دهد که تصاویر را روی یک اطلس<sup>۲</sup> خاص رجیستر کنیم [۱۳]. اطلسی که در این تحقیق مورد استفاده قرار گرفت، اطلس MNI-۱۵۲ در ابعاد ۲mm است [۱۴]. نمونه‌ای از تصاویر این اطلس در شکل ۳-۳ آورده شده است. اندازه واکسلها در این اطلس ۲mm هست که برای تحقیق صورت گرفته کافی می‌باشد. هنگامیکه تصاویر افراد را روی این اطلس رجیستر میکنیم، ممکن است در برخی موارد تعداد اسلایسهای تصویر اصلی کم یا زیاد شود تا مطابقت با اطلس انجام گیرد. تبدیلی که با استفاده از آن عمل رجیستر کردن صورت گرفته است، تبدیل خطی<sup>۳</sup> است که با توجه به اینکه در فضای سه بعدی با ۱۲ درجه آزادی<sup>۴</sup> میتوان تبدیل را توصیف کرد، لذا ماتریسی که با استفاده از آن این تبدیل خطی صورت میگیرد به فرم ماتریس A در شکل ۳-۴ است [۱۵].

<sup>۱</sup> FMRIB's Linear Image Registration Tool

<sup>۲</sup> Atlas

<sup>۳</sup> Affine transformation

<sup>۴</sup> Degrees of freedom

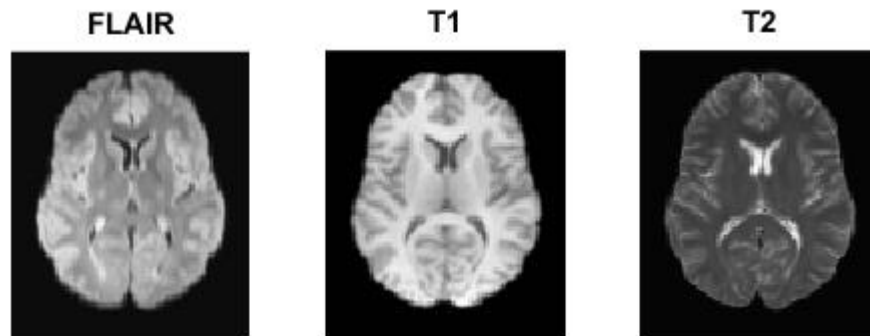


شکل ۳-۳ اطلس MNI-۱۵۲

$$A = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} & a_{14} \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} & a_{24} \\ a_{31} & a_{32} & a_{33} & a_{34} \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

شکل ۴-۳ ماتریس تبدیل خطی در FLIRT

شکل ۵-۳ نمونه ای از تصویر رجیستر شده به اطلس MNI-۱۵۲ را نشان می‌دهد.



شکل ۵-۳ تصویر رجیستر شده به اطلس MNI-۱۵۲

### ۳-۲-۳ جداسازی بافتها

پس از آنکه تصاویر همگی روی اطلس MNI-۱۵۲ رجیستر شدند و ابعاد واکسها و تعداد اسلایسهای تصاویر یکسان شد، نوبت به پردازش اصلی روی تصاویر میرسد. در این پردازش میزان بافت مغز، شامل ماده خاکستری، ماده سفید و مایع مغزی-نخاعی، را در هر واکسل از تصویر MRI فرد مشخص میکنیم. جداسازی این



بافتها بر اساس روش عمود سازی گرام-اشمیت<sup>۱</sup> صورت گرفت. در این روش تصاویر MRI فرد را که دارای چندین پارامتر در هر واکسل میباشد را به تجزیه به تصاویری میکند که در آنها صرفاً ماده سفید، ماده خاکستری، مایع مغزی-نخاعی و باقیمانده اطلاعات وجود دارد [۱۶]. مزیت این روش این است که آنالیز انجام شده مستقل از تغییرات و اختلاف شدت و کانتراست تصاویر MRI افراد مختلف میگردد و این تغییرات تأثیری نتیجه نخواهد داشت.

در ابتدا نمونه ای از بافتهایی که قصد جداسازی آنها را داریم را از روی تصاویر جدا میکنیم. این جدا سازی باید از قسمتهایی که صرفاً بافت مورد نظر وجود دارد صورت بگیرد. این مقادیر به عنوان مقادیر مطلوب در نظر گرفته میشوند و بقیه مقادیر نامطلوب هستند. هر کدام از تصاویر بافت که به دست می آوریم از طریق تصویر کردن تصاویر MRI اولیه است. این تصویر کردن توسط ضرایب  $\vec{W}$  صورت میگیرد.

$$CI_{jk} = \vec{W} \cdot \vec{V}_{jk} \quad (۱-۳)$$

در رابطه (۱-۳) مقدار پیکسل (j,k) در تصویر بافت است. همچنین  $\vec{W}$  بردار وزنهای<sup>۲</sup> است. بردار  $\vec{V}_{jk}$  بردار مقادیر پیکسل (j,k) در تصاویر اصلی (که در این تحقیق شامل تصاویر T۱-Weighted، T۲-Weighted و FLAIR است) هستند [۱۷]. برای به دست آوردن بردار وزنهای،  $\vec{W}$ ، برای هر کدام از تصاویر بافتها، باید نسبت سیگنال به نویز<sup>۳</sup> تصویر آن بافت را در حالیکه ضرب داخلی این بردار ضرایب با بقیه بافتها صفر است را ماکزیمم کرد [۱۸]. بردار ضرایب طبق رابطه (۲-۳) زیر به دست می آید.

$$\vec{W} = \vec{t}_d - \vec{t}_d^p \quad (۲-۳)$$

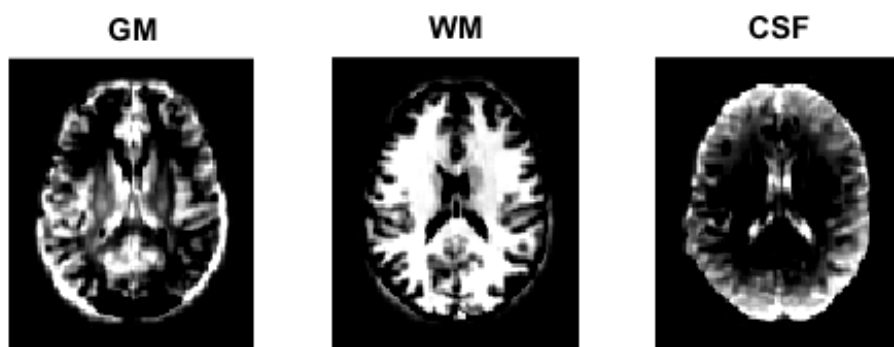
در این رابطه بردار  $\vec{t}_d$  بردار مقادیر بافت مورد نظر است و  $\vec{t}_d^p$  تصویر بردار  $\vec{t}_d$  بر روی بردار مقادیر بافتهای دیگر است [۱۹].

<sup>۱</sup> Gram-Schmidt orthogonalization

<sup>۲</sup> Weighting vector

<sup>۳</sup> Signal to Noise ratio

شکل ۳-۶ تصاویری از تصاویر بافت های ماده سفید، ماده خاکستری و مایع مغزی-نخاعی که از شکل ۳-۵ به دست آمده است را نشان میدهد.



شکل ۳-۶ تصاویر گرام-اشمیت حاصل از روش استخراج بافتها

هنگامیکه جداسازی بافتها انجام شد باید ویژگیها را از مقادیر به دست آمده استخراج کرد.

### ۳-۲-۴ استخراج نواحی زیرقشری مغز<sup>۱</sup>

تصاویر بافتهای مغزی که در مرحله قبل به دست آمدند مربوط به کل مغز فرد بودند. همانطور که قبلاً ذکر شده هدف از این تحقیق بررسی عددی میزان تغییرات در این بافتها در بیماران صرعی و افراد سالم است. برای اینکه محدوده جستجو خود را محدودتر کنیم و به تغییرات بافت مغز در نواحی زیرقشری نگاه کنیم، باید آنها را از تصاویر جدا کنیم. جداسازی نواحی زیرقشری مغز توسط نرم افزار FSL انجام گرفت.

برای اینکار از ابزار FIRST که با استفاده از آن میتوان تمامی نواحی زیر قشری را جدا کرد، کمک گرفته شد [۲۰]. این نواحی شامل تالاموس<sup>۲</sup>، آمیگدال<sup>۳</sup>، پوتامن<sup>۴</sup> یا پوسته، پالیدم<sup>۵</sup>، هسته دم دار<sup>۶</sup>، آکامبنس<sup>۷</sup>، هیپوکامپوس<sup>۸</sup> و

<sup>۱</sup> Subcortical structures

<sup>۲</sup> Thalamus

<sup>۳</sup> Amygdala

<sup>۴</sup> Putamen

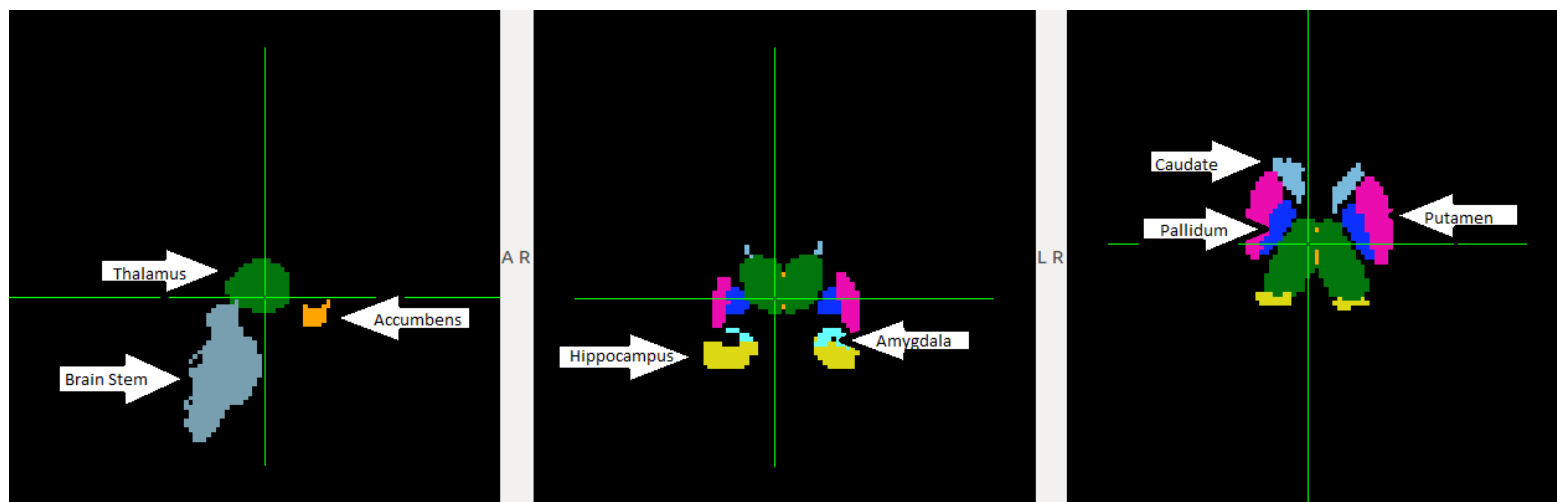
<sup>۵</sup> Pallidum

<sup>۶</sup> Caudate

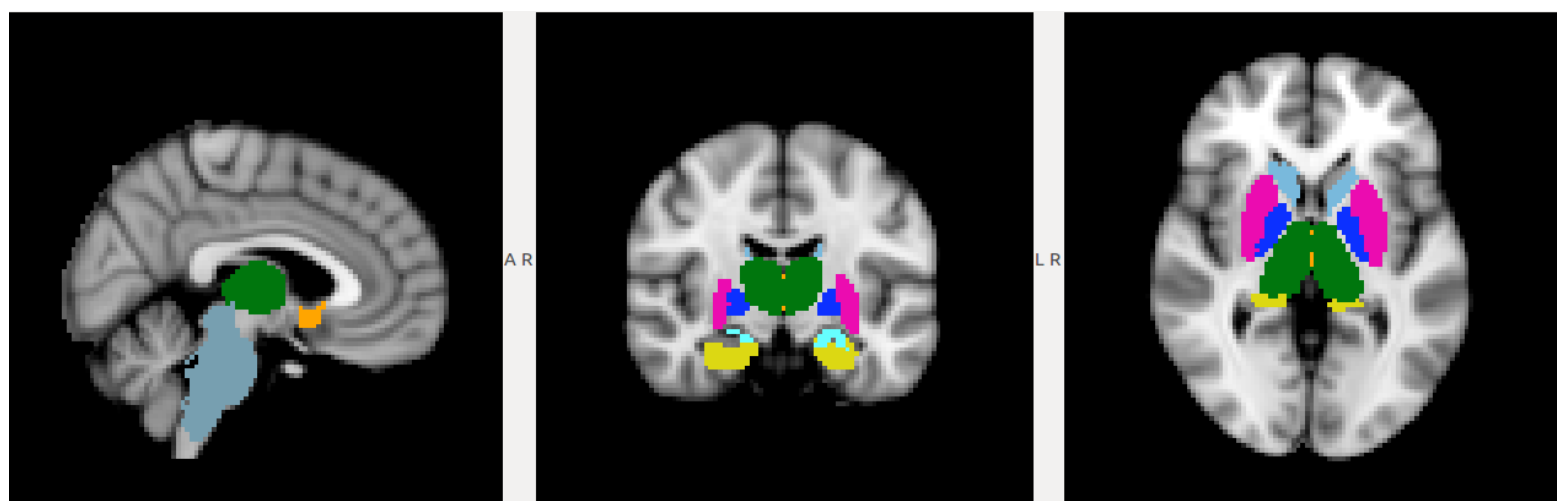
<sup>۷</sup> Nucleus accumbens

<sup>۸</sup> Hippocampus

ساقه مغز<sup>۱</sup> میباشند. شکل ۳-۷ تصویر نواحی زیرقشری را که توسط ابزار FIRST جداسازی شده است را همراه با نام هر کدام از قسمتهای ذکر شده نشان میدهد. همچنین موقعیت هر یک از این نواحی (که با رنگ در شکل ۷-۳ مشخص شده اند) در مغز در شکل ۳-۸ نمایش داده شده است.



شکل ۳-۷ تصویر نواحی جداسازی شده زیرقشری توسط نرم افزار FSL



شکل ۳-۸ موقعیت نواحی زیرقشری در مغز

<sup>۱</sup> Brain stem

### ۳-۲-۵ استخراج ویژگیها<sup>۱</sup>

حال که تمامی تصاویر مربوط به کل مغز و نواحی زیرقشری را به دست آوردیم، باید از بافتها ویژگیها را استخراج کنیم. برای اینکار از هر کدام از تصاویر بافت، شامل تصاویر ماده سفید، ماده خاکستری و مایع مغزی-نخاعی، ۴ ویژگی را استخراج میکنیم. این ویژگیها میانگین، واریانس، چولگی و کشیدگی مقادیر آن بافت در فرد مورد نظر میباشد. با اینکار برای هر فرد ۱۲ ویژگی از تصاویر ۳ بافت ایجاد شده میتوان استخراج کرد. این ویژگیها علاوه بر اینکه از کل مغز استخراج میشوند، در هر کدام از نواحی زیرقشری هم محاسبه میشوند.

نحوه استخراج ویژگیها از کل مغز اندکی با استخراج از قسمتهای زیرقشری متفاوت است. نرم افزار FSL بافت های زیرقشری را جدا کرده و میتوانیم آنها را به صورت کامل از مغز جدا کنیم. اما در مورد کل مغز، روش کمی متفاوت است. تصویری که ما از فرد داریم به صورت یک ماتریس سه بعدی است که مغز درون آن قرار دارد، ولی تمامی نقاط این ماتریس مربوط به مغز نیستند. همانطور که در شکلهای ۳-۵ و ۳-۶ مشاهده میشود، اطراف هر کدام از اسلایسهای تصویر حاشیه وجود دارند که این حاشیه حاوی اطلاعات نیست و هنگامیکه قصد داریم ویژگی ها را از کل مغز استخراج کنیم، باید آنها را تا حد امکان حذف کنیم.

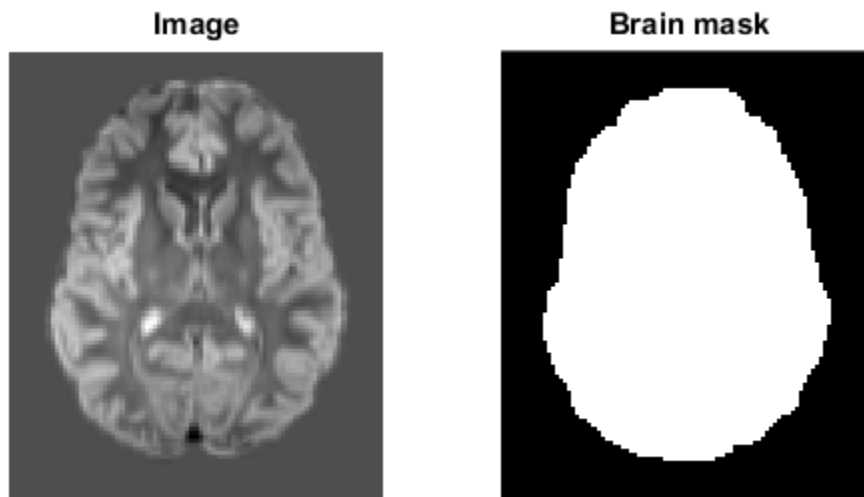
برای حذف این حاشیه ها در تصاویر کدی در نرم افزار متلب<sup>۲</sup> نوشته که شد که مرزهای تصویر مغز فرد را از طریق پیدا کردن لبه های<sup>۳</sup> تصویر مغز تشخیص داده و سپس برای ناحیه مغز تشکیل ماسک جداکننده میدهد. نمونه ای از نتیجه این روش در شکل ۳-۹ مشاهده میشود. به جای استخراج ویژگیها از کل تصویر، ویژگیها از قسمتی از تصویر که درون ماسک مغز قرار دارد استخراج میشود. از آنجا که این حاشیه ها در مجموع درصد قابل توجهی از کل ماتریس تصویر فرد را تشکیل میدهند و حاوی اطلاعاتی برای روش استخراج ویژگی نیستند، حذف آنها میتواند نتایج را به میزان قابل توجهی بهبود بخشد.

---

<sup>۱</sup> Feature extraction

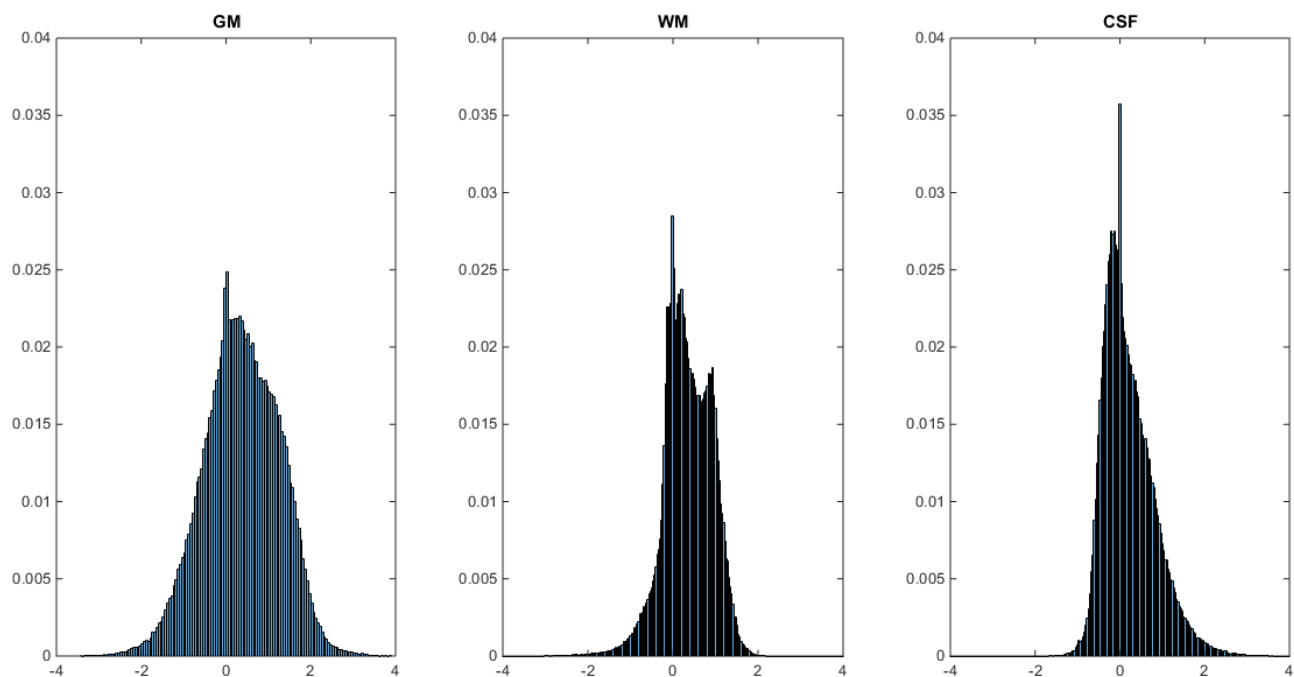
<sup>۲</sup> MATLAB

<sup>۳</sup> Edge detection

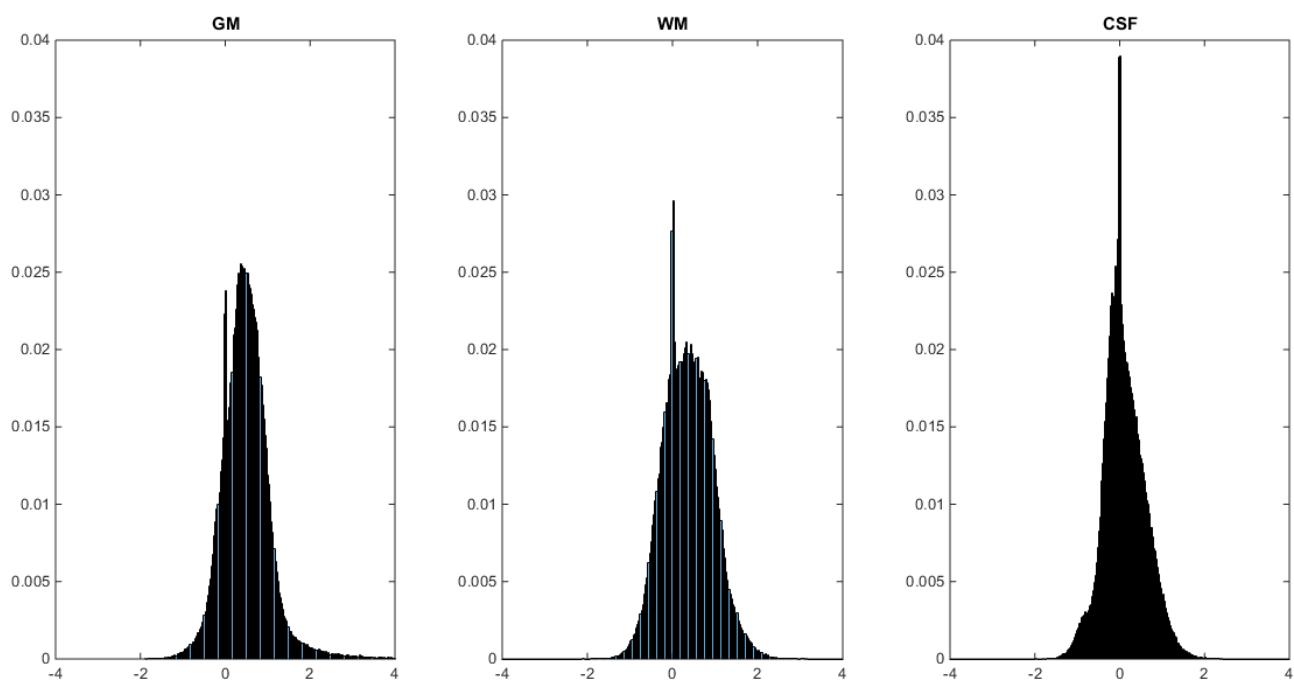


تصویر ۳-۹ استخراج مرزهای مغز از تصویر

در شکل ۳-۱۰ نمودار هیستوگرام تصاویر سه بافت جدا شده (GM, WM CSF) مربوط به یک فرد سالم آورده شده است. محور عمودی این نمودارها بر حسب درصد است و محور افقی آن مقادیر به دست آمده از روش جداسازی گرام-اشمیت است. شکل ۳-۱۱ نمودار هیستوگرام این سه بافت را به ازای یک فرد بیمار نشان میدهد. هدف از ویژگیهای انتخاب شده توصیف شکل نمودارهای ذکر شده در افراد سالم و بیمار است تا بتوان به صورت بهینه تفاوت بین این دو دسته را بیان کرد و طبقه بندی با دقت مطلوب انجام گیرد. این سه ویژگی میتوانند شکل هیستوگرام در شکلهای ۳-۱۰ و ۳-۱۱ را توصیف کنند و در نتیجه میتوان افراد سالم را با افراد بیمار مقایسه کرد.



شکل ۳-۱۰ نمودار هیستوگرام تصاویر سه بافت مربوط به فرد سالم



شکل ۳-۱۱ نمودار هیستوگرام تصاویر سه بافت مربوط به فرد بیمار

## فصل ۴ نتایج تحقیق

### ۴-۱ طبقه بندی داده ها

طبقه بندی داده ها با استفاده از طبقه بند SVM و در نرافزار متلب انجام گرفت [۲۱]. کتابخانه ای<sup>۱</sup> که در این روش مورد استفاده قرار گرفت در ابتدا یک مدل با استفاده از داده های آموزش میسازد و سپس میتوان آن مدل را مورد آزمایش قرار داد و نرخ طبقه بندی صحیح<sup>۲</sup> را برای هر کدام از طبقه بندها به دست آورد. روش اعتبار سنجی<sup>۳</sup> در این تحقیق، روش Leave-one-out بود که در مقدمه توضیح داده شده است. دلیل استفاده از این روش اعتبارسنجی کم بودن تعداد داده ها، ۱۰ فرد بیمار و ۱۰ فرد سالم و مجموعاً ۲۰ داده است.

### ۴-۱-۱ پیش پردازش ویژگیها<sup>۴</sup>

برای اینکه داده ها را طبقه بندی با استفاده از طبقه بند SVM طبقه بندی کنیم، لازم است که ویژگیها را قبل از ورود به طبقه بند نرمالیزه کنیم. برای این منظور ما داده ها را سفید میکنیم. سفید کردن داده ها به معنی این است که میانگین هر یک از ویژگیها صفر و ماتریس کوواریانس آنها برابر با ماتریس یکانی گردد و وابستگی داده ها به همدیگر را از بین میبرد.

در ابتدا داده های کل مغز را مورد بررسی قرار میدهم.

---

<sup>۱</sup> Software available at: <http://www.csie.ntu.edu.tw/~cjlin/libsvm>

<sup>۲</sup> Correct classification rate or CCR

<sup>۳</sup> Cross-validation

<sup>۴</sup> Feature preprocessing

## ۴-۱-۲ بررسی داده های کل مغز<sup>۱</sup>

در ابتدا داده های مربوط به کل مغز را برای افراد بررسی میکنیم. ویژگیهای استخراج شده از این داده ها میانگین، واریانس، چولگی و کشیدگی به ترتیب برای سه بافت ماده خاکستری، ماده سفید و مایع مغزی-نخاعی هستند. ماتریس داده ها در این حالت به صورت  $20 \times 12$  است. تعداد داده ها ۲۰ و تعداد ویژگیها ۱۲ است. جدول ویژگیهای استخراج شده از کل مغز برای افراد سالم در جدول ۴-۱ و برای افراد بیمار در جدول ۴-۲ آورده شده است. در هر کدام از جداول ۴-۱ و ۴-۲، ستونهای جدول ویژگیهای (Feature) استخراج شده هستند. سطرهای ۱ تا ۱۰ جدول ویژگیهای استخراج شده از هر فرد است. دو سطر آخر به ترتیب میانگین و انحراف از معیار هر یک از ویژگیها را برای افراد نشان میدهد.

ویژگیهای F۱ تا F۴ به ترتیب، میانگین، واریانس، چولگی و کشیدگی بافت خاکستری در ناحیه مورد مطالعه از مغز میباشند. ویژگیهای F۵ تا F۸ مقادیر آماری ذکر شده برای بافت سفید و ویژگیهای F۹ تا F۱۲ مقادیر آماری ذکر شده برای مایع مغزی-نخاعی میباشند.

جدول ۴-۱ جدول ویژگیهای استخراج شده از کل مغز افراد سالم (Normal) به همراه میانگین و انحراف از معیار هر یک از ویژگیها

	F1	F2	F3	F4	F5	F6	F7	F8	F9	F10	F11	F12
N1	0.367	0.786	-0.136	2.958	0.349	0.316	-0.399	3.825	0.212	0.358	0.925	4.129
N2	-0.119	96.924	0.376	4.953	0.852	31.032	-0.466	4.923	0.276	11.631	-0.328	4.922
N3	0.417	0.300	0.012	2.892	0.303	0.516	-1.666	7.813	0.153	0.289	0.850	4.409
N4	0.024	3.689	0.074	3.149	0.643	2.178	0.037	3.080	0.228	1.228	-0.060	3.024
N5	0.175	5.824	-0.583	8.962	0.578	1.500	0.058	7.714	0.289	2.461	1.024	10.792
N6	0.021	0.823	0.062	4.429	0.739	0.569	-0.178	3.530	0.214	0.381	0.184	3.724
N7	0.294	0.567	0.162	2.775	0.525	0.415	0.158	2.608	0.126	0.153	0.240	3.024
N8	-1.212	3.035	-0.248	2.740	1.702	1.775	0.155	2.744	1.605	3.124	0.233	2.743
N9	2.057	24.086	-0.442	5.452	0.266	0.667	-0.250	3.917	-1.147	14.279	0.538	5.889
N10	0.216	24.975	-0.308	3.231	0.518	8.655	0.276	3.158	0.167	8.239	0.377	3.273
mean	0.224	16.101	-0.103	4.154	0.648	4.762	-0.227	4.331	0.212	4.214	0.398	4.593
std	0.795	29.934	0.294	1.952	0.415	9.560	0.563	1.927	0.651	5.240	0.438	2.388

<sup>۱</sup> Whole brain analysis



جدول ۴-۲ جدول ویژگیهای استخراج شده از کل مغز افراد بیمار (Patient) به همراه میانگین و انحراف از معیار هر یک از ویژگیها

	F1	F2	F3	F4	F5	F6	F7	F8	F9	F10	F11	F12
P1	0.900	0.406	0.077	2.559	0.108	0.253	0.107	2.483	-0.089	0.029	0.974	6.769
P2	0.714	0.441	0.019	3.550	0.221	0.260	0.485	4.065	-0.098	0.157	0.348	3.582
P3	0.625	1.819	0.241	3.127	0.306	0.406	-0.381	3.549	0.051	0.119	0.691	4.619
P4	0.943	0.985	0.061	2.870	0.312	0.284	0.083	2.769	-0.185	0.092	0.060	3.340
P5	0.317	0.095	0.513	4.191	0.413	0.149	0.031	2.401	0.121	0.062	1.737	7.825
P6	0.493	0.339	1.391	10.194	0.362	0.329	0.171	2.990	0.109	0.235	0.265	3.474
P7	-0.337	4.215	-1.155	9.241	0.829	1.612	1.211	10.216	0.276	0.329	0.875	6.203
P8	0.453	0.185	0.023	2.983	0.240	0.210	0.327	2.643	0.116	0.092	0.778	4.514
P9	0.440	0.281	-0.825	4.069	0.408	0.136	-0.117	3.929	0.044	0.023	2.119	10.148
P10	1.071	1.317	0.151	2.741	0.133	0.534	-0.088	2.627	-0.114	0.063	0.360	4.246
mean	0.562	1.008	0.050	4.552	0.333	0.417	0.183	3.767	0.023	0.120	0.821	5.472
std	0.401	1.256	0.690	2.784	0.203	0.436	0.433	2.344	0.141	0.097	0.658	2.233

از آنجا که تعداد داده ها در مقایسه با تعداد ویژگیها در این تحقیق کم است و امکان دارد طبقه بند ما دچار overfitting گردد. برای اینکه این کار صورت نگیرد از دو روش انتخاب ویژگی<sup>۱</sup> و استخراج ویژگی استفاده میکنیم. در روش انتخاب ویژگی، با استفاده از معیار تست t ویژگیها را رده بندی کرده و تعدادی از مهمترین ویژگیهای گه توسط این معیار رده بندی شده اند را برای طبقه بندی انتخاب میکنیم. معیار تست t طبق رابطه (۴-۱) برای هر یک از ویژگیها به صورت مستقل محاسبه میشود. این معیار نشان دهنده این است که ویژگی مورد نظر تا چه اندازه میتواند بین توزیع های آن ویژگی در دو گروه مورد مطالعه تمایز ایجاد کند. طبیعتاً ویژگیهایی که مقدار بالاتری در تست t به دست آورند، به معنی آن است که توزیعهای آماری این ویژگی در دو گروه مورد مطالعه، تمایز بیشتری دارند و لذا این ویژگی گزینه بهتری برای ایجاد تمایز بین دو گروه است.

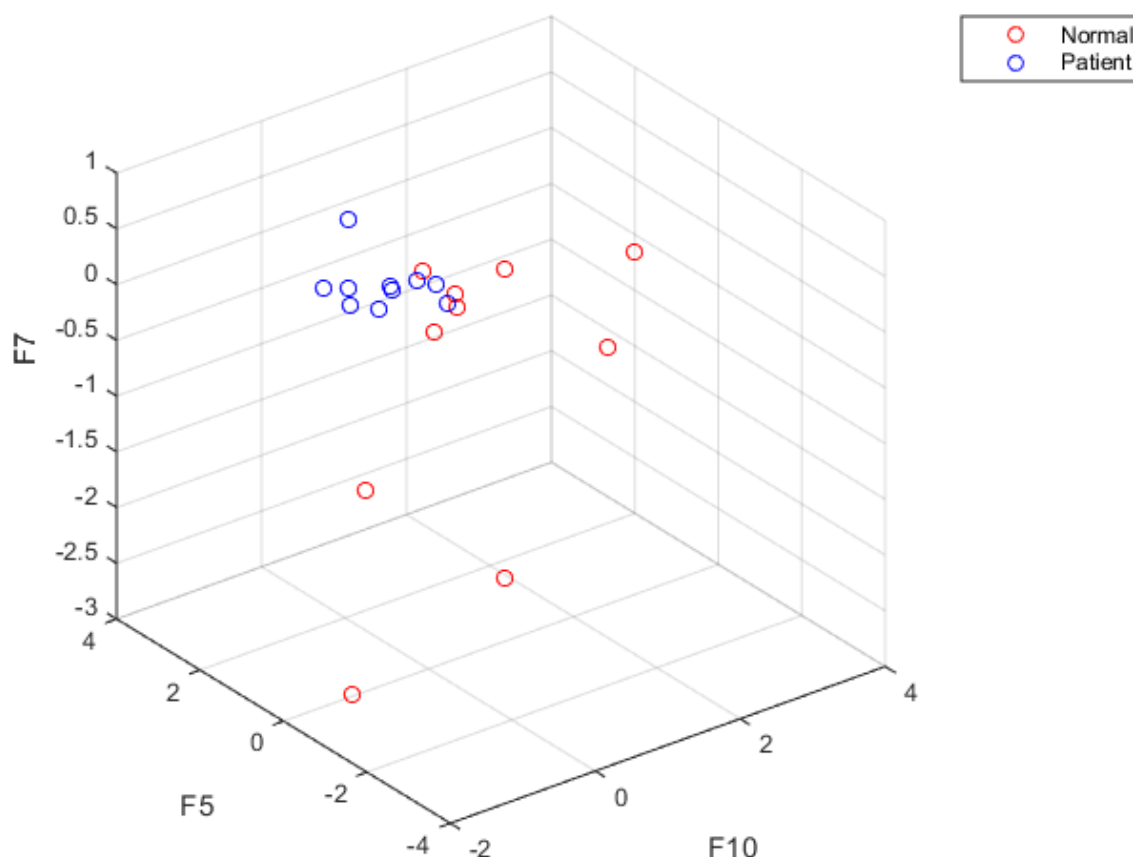
$$t = \frac{|\bar{x} - \bar{y}|}{\sqrt{\frac{S_x}{N_x} + \frac{S_y}{N_y}}} \quad (۴-۱)$$

در رابطه ۴-۱ مقادیر  $\bar{x}$  و  $\bar{y}$  میانگین ویژگی مورد بررسی در دو گروه افراد سالم (X) و بیمار (Y) هستند. همچنین S نشان دهنده واریانس و N نشان دهنده تعداد نمونه ها در هر کدام از گروه ها میباشد.

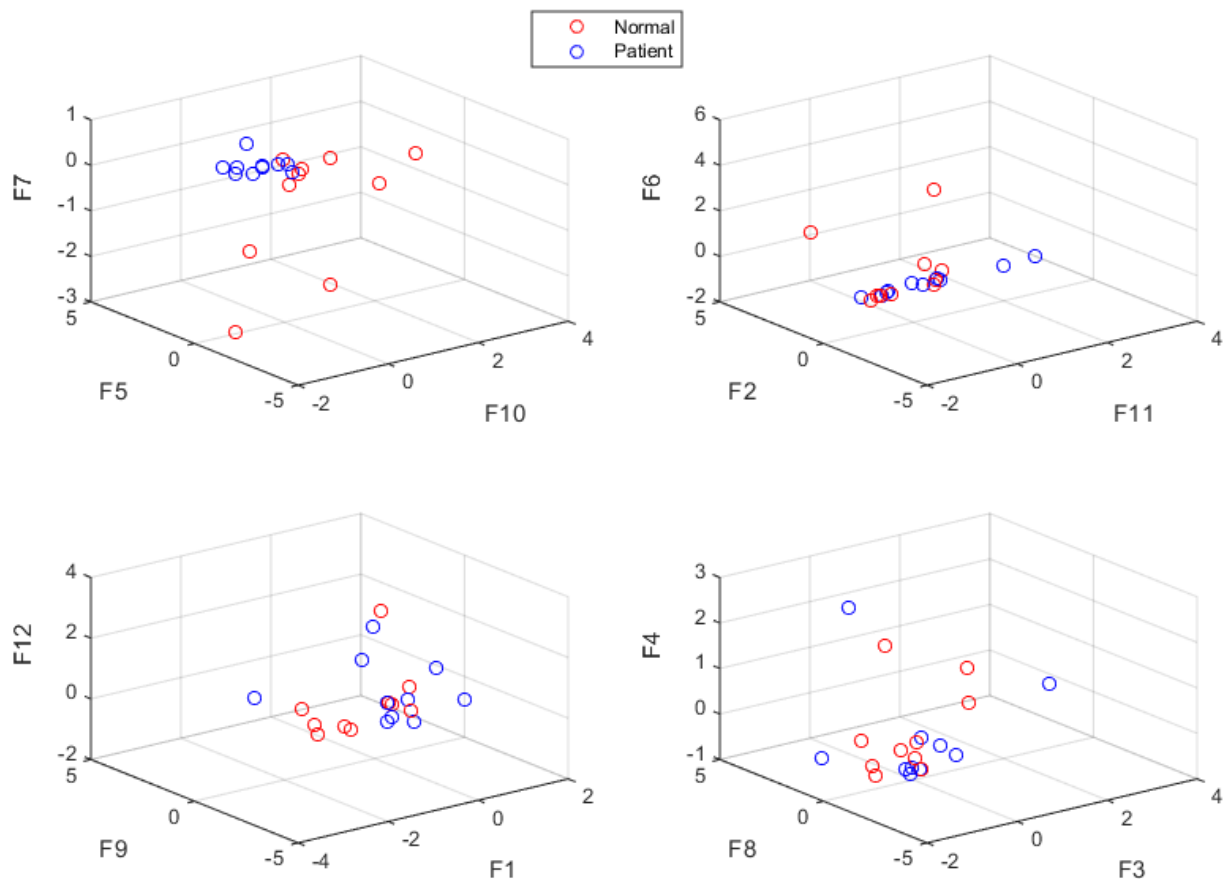
<sup>۱</sup> Feature Selection

مرحله بعدی استفاده از روشهای استخراج ویژگی برای کاهش بعد داده ها میباشد. در این تحقیق از دو روش آنالیز اجزای اصلی و آنالیز جداکننده خطی برای استخراج ویژگی از داده ها استفاده شده و نتایج آورده میشود.

در ابتدا روش ذکر شده برای انتخاب ویژگیها را بر روی داده های کل مغز اعمال میکنیم. تعداد ویژگیهای انتخاب شده در این حالت سه است که بهترین نرخ طبقه بندی را ایجاد میکنند. برای اینکه دید بهتری نسبت به توانایی جدایی سازی این ویژگیها در افراد سالم و بیمار داشته باشیم، نمودار پراکندگی این سه ویژگی در شکل ۱-۴ آورده شده است. همچنین نمودار پراکندگی تعدادی از ویژگیها در شکل ۲-۴ برای مقایسه آنها با سه ویژگی انتخاب شده آورده شده است. همانطور که از شکل ۲-۴ پیداست، سه ویژگی انتخاب شده در روش تست t بیشترین میزان جدایی سازی دو گروه افراد سالم و مریض را ایجاد میکنند و لذا این سه ویژگی برای انجام طبقه بندی مناسبترین ویژگیها میباشند.



شکل ۱-۴ نمودار پراکندگی سه ویژگی انتخاب شده در روش تست t



شکل ۴-۲ نمودار پراکندگی داده ها

برای هر طبقه بند چندین پارامتر را باید به دست آوریم. اولین پارامتر نرخ صحیح طبقه بندی است که نشان می‌دهد طبقه بند چند درصد از داده های تست را به درستی طبقه بندی کرده است. پارامتر دیگر ماتریس confusion است که نشان می‌دهد طبقه بند چه تعداد از داده های هر کلاس را، در اینجا دو کلاس افراد سالم و افراد بیمار، را به درستی طبقه بندی کرده و چه تعداد را به اشتباه در کلاسهای دیگر طبقه بندی میکند. از این ماتریس میتوان دو پارامتر sensitivity و specificity را به دست آورد. این دو پارامتر در بررسی داده های پزشکی از اهمیت بسیاری برخوردارند. پارامتر sensitivity یک طبقه بند، تعداد افراد بیماری است که به درستی توسط طبقه بند بیمار تشخیص داده شده اند. پارامتر specificity برای یک طبقه بند، تعداد افراد سالمی است که به درستی توسط طبقه بند سالم تشخیص داده شده اند.

نتایج طبقه بندی با استفاده از SVM خطی و با در نظر گرفتن سه ویژگی انتخاب شده در شکل ۴-۱ به صورت زیر است.

$$CCR = 85\%, \text{ Specificity} = 80\%, \text{ Sensitivity} = 90\%.$$

جدول ۴-۳ ماتریس Confusion حاصل از طبقه بندی

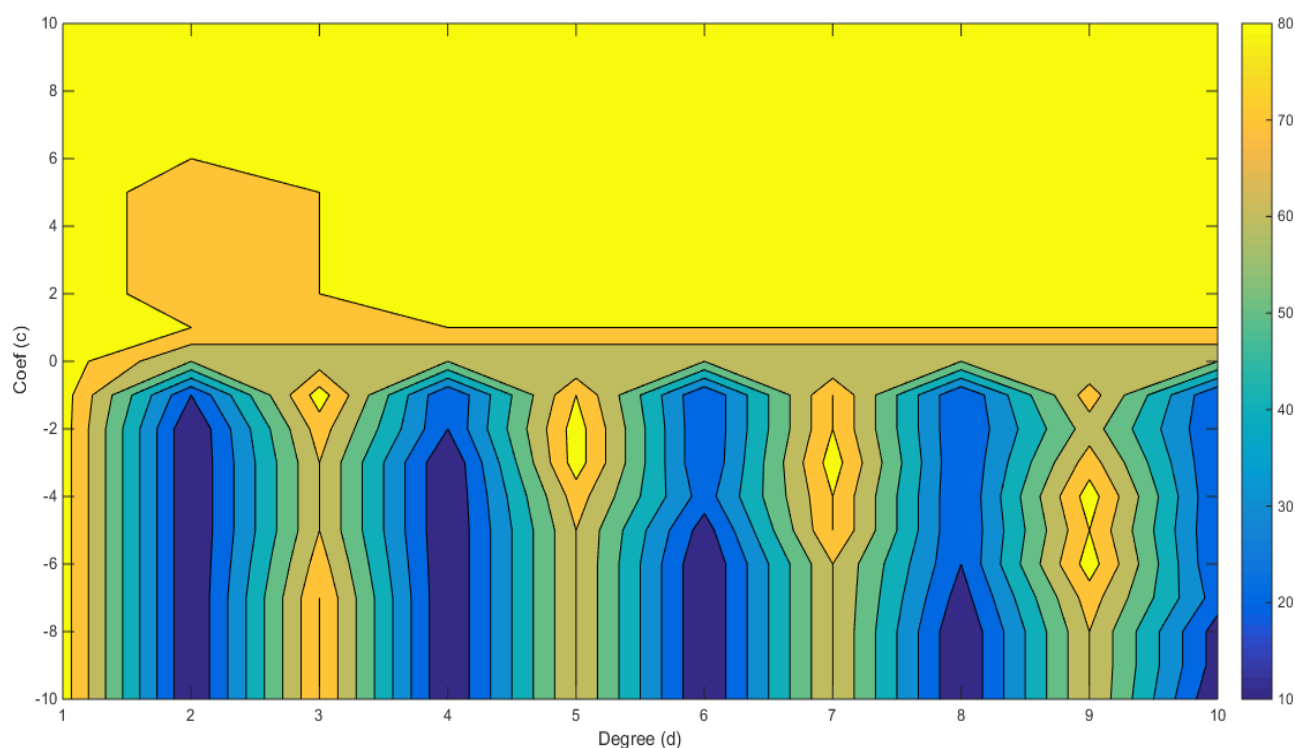
	N (In reality)	P(In reality)
N (Diagnosis)	۸	۱
P(Diagnosis)	۲	۹

حال داده ها را باید از روش هسته استفاده کنیم. هسته ای که در این تحقیق از آن استفاده میکنیم، هسته چندجمله ای هست. این هسته پارامترهایی دارد که باید تعیین شوند. هسته چندجمله ای مورد استفاده در این تحقیق طبق فرمول (۴-۲) تعریف میشود.

$$K(x_i, x_j) = (x_i \cdot x_j + c)^d \quad (4-2)$$

همانطور که از فرمول پیداست، این هسته دو پارامتر  $c$  و  $d$  دارد که باید تعیین شوند. برای تعیین این پارامترها از روش جستجو<sup>۱</sup> استفاده میکنیم. به ازای مقادیر مختلف این دو پارامتر، عمل آموزش و تست طبقه بند را انجام میدهیم و سپس بهترین نتیجه را انتخاب میکنیم. پارامترهای متناظر با این نتیجه، به عنوان پارامتر بهینه در نظر گرفته میشوند. در شکل ۴-۳ نتیجه جستجوی انجام شده به ازای مقادیر مختلف این دو پارامتر آورده شده است.

<sup>۱</sup> Grid search



شکل ۳-۴ نرخ طبقه بندی صحیح به ازای مقادیر مختلف پارامترهای هسته چندجمله ای

همانطور که مشاهده میشود، بیشترین نرخ طبقه بندی صحیح ۸۵ درصد است و با افزایش درجه چندجمله ای نرخ طبقه بندی صحیح کاهش یافته و یا تغییری نمیکند. لذا میتوان گفت که روش هسته در اینجا سبب overfitting میشود که مطلوب نیست.

حال داده های مغز را با استفاده از روش آنالیز اجزای اصلی بهبود میبخشیم و عملیات طبقه بندی را با ویژگیهای جدید به دست آمده از این روش تکرار میکنیم. نکته ای که در انجام روش آنالیز اجزای اصلی وجود دارد این است که این روش بدون در نظر گرفتن کلاسی که داده ها به آن تعلق دارند، ابعاد داده ها را کاهش میدهد. اینکار در برخی موارد ممکن است منجر به بهبود نرخ طبقه بندی صحیح گردد. در این تحقیق، از آنجا که تعداد داده ها کم است و همچنین تعداد کلاسها هم کم است، نمیتوان مطمئن بود که آیا روش آنالیز اجزای اصلی منجر به بهبودی میشود یا خیر. برای رفع این مشکل، میتوان از آنالیز جداکننده خطی<sup>۱</sup> استفاده کرد. روش آنالیز جداکننده خطی

<sup>۱</sup> Linear discriminant analysis

همانند آنالیز اجزای اصلی، ابعاد داده ها را کاهش میدهد، ولی اینکار را با در نظر گرفتن کلاس داده ها انجام میدهد و لذا استفاده از این روش میتواند نتایج را بهبود بخشد.

نتایج طبقه بندی خطی پس از روش آنالیز اجزای اصلی:

$$CCR = 65\%, \text{ Specificity} = 30\%, \text{ Sensitivity} = 100\%$$

جدول ۴-۴ ماتریس Confusion حاصل از طبقه بندی

	N (In reality)	P(In reality)
N (Diagnosis)	۳	۰
P(Diagnosis)	۷	۱۰

نتایج طبقه بندی خطی پس از اجرای آنالیز جداکننده خطی:

$$CCR = 90\%, \text{ Specificity} = 80\%, \text{ Sensitivity} = 100\%$$

جدول ۵-۴ ماتریس Confusion حاصل از طبقه بندی

	N (In reality)	P(In reality)
N (Diagnosis)	۸	۰
P(Diagnosis)	۲	۱۰

## ۴-۱-۳ بررسی داده های نواحی زیرقشری

حال داده های مربوط به نواحی زیرقشری را مورد بررسی قرار میدهیم. ما اطلاعات مربوط به ۸ ناحیه جدا شده توسط نرم افزار را در کنار یکدیگر قرار میدهیم و دوازده ویژگی ذکر شده قسمت استخراج ویژگیها را از آن استخراج میکنیم و ماتریس داده  $X_{12 \times 20}$  ایجاد میکنیم. ویژگیهای استخراج شده از این داده ها میانگین، واریانس، چولگی و کشیدگی به ترتیب برای سه بافت ماده خاکستری، ماده سفید و مایع مغزی-نخاعی هستند. تعداد داده ها ۲۰ و تعداد ویژگیها ۱۲ است. جدول ویژگیهای استخراج شده از کل مغز برای افراد سالم در جدول ۴-۶ و برای افراد بیمار در جدول ۴-۷ آورده شده است. در هر کدام از جداول ۴-۶ و ۴-۷، ستونهای جدول ویژگیهای (Feature) استخراج شده هستند. سطرهای ۱ تا ۱۰ جدول ویژگیهای استخراج شده از هر فرد است. دو سطر آخر به ترتیب میانگین و انحراف از معیار هر یک از ویژگیها را برای افراد نشان میدهد.

ویژگیهای F۱ تا F۴ به ترتیب، میانگین، واریانس، چولگی و کشیدگی بافت خاکستری در ناحیه مورد مطالعه از مغز میباشند. ویژگیهای F۵ تا F۸ مقادیر آماری ذکر شده برای بافت سفید و ویژگیهای F۹ تا F۱۲ مقادیر آماری ذکر شده برای مایع مغزی-نخاعی میباشند.

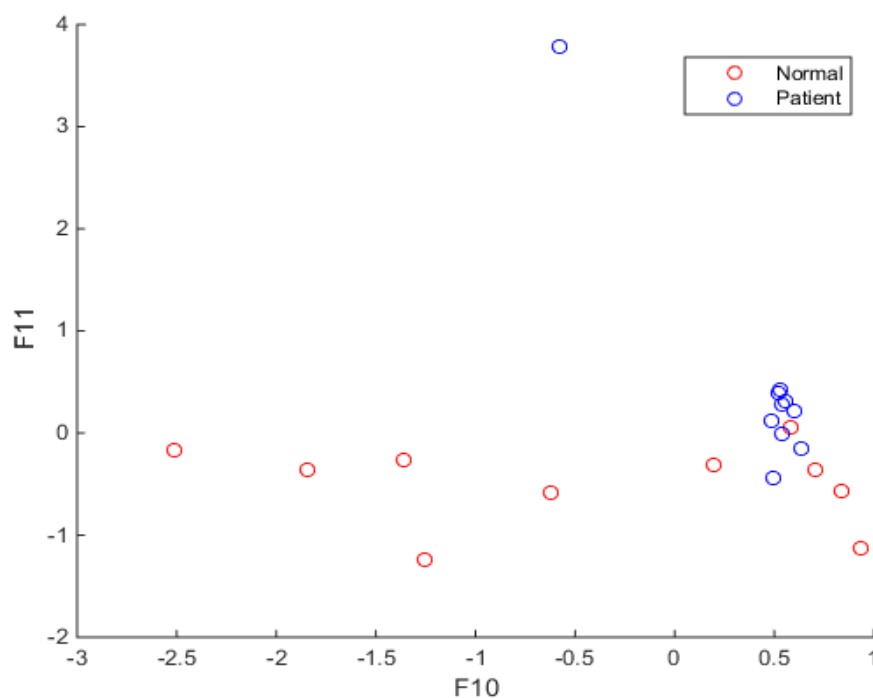
جدول ۴-۶ جدول ویژگیهای استخراج شده از نواحی زیرقشری افراد سالم (Normal) به همراه میانگین و انحراف از معیار هر یک از ویژگیها

	F1	F2	F3	F4	F5	F6	F7	F8	F9	F10	F11	F12
N1	0.844	0.247	0.245	2.402	0.515	0.035	-0.408	3.029	-0.293	0.031	-0.182	2.869
N2	-4.127	6.832	0.054	3.957	3.087	2.133	-0.092	4.099	1.522	0.919	-0.070	3.798
N3	0.414	0.107	-0.282	3.112	0.671	0.017	-1.676	12.879	-0.167	0.028	0.195	3.184
N4	-0.854	1.429	0.342	2.834	1.419	0.966	-0.351	2.891	0.520	0.519	-0.326	2.897
N5	-0.874	0.364	0.089	2.790	1.169	0.094	-0.164	2.804	0.730	0.203	-0.115	2.848
N6	0.093	0.142	0.313	2.739	0.630	0.062	-0.394	2.712	0.003	0.034	-0.867	4.824
N7	0.820	0.132	-0.801	3.607	0.414	0.055	0.462	2.984	-0.231	0.008	-0.366	5.646
N8	-2.779	0.645	0.805	3.676	3.012	0.388	-0.859	3.793	3.035	0.812	-0.878	3.739
N9	3.023	1.446	-0.004	2.986	0.304	0.064	-0.044	2.555	-2.159	0.741	-0.008	3.086
N10	2.834	4.102	-0.177	2.833	-0.940	1.341	0.169	2.783	-1.476	1.134	0.127	2.833
mean	-0.061	1.545	0.058	3.094	1.028	0.515	-0.336	4.053	0.148	0.443	-0.249	3.572
std	2.235	2.222	0.429	0.493	1.232	0.730	0.591	3.140	1.457	0.434	0.372	0.963

جدول ۷-۴ جدول ویژگیهای استخراج شده از نواحی زیرقشری افراد بیمار (Patient) به همراه میانگین و انحراف از معیار هر یک از ویژگیها

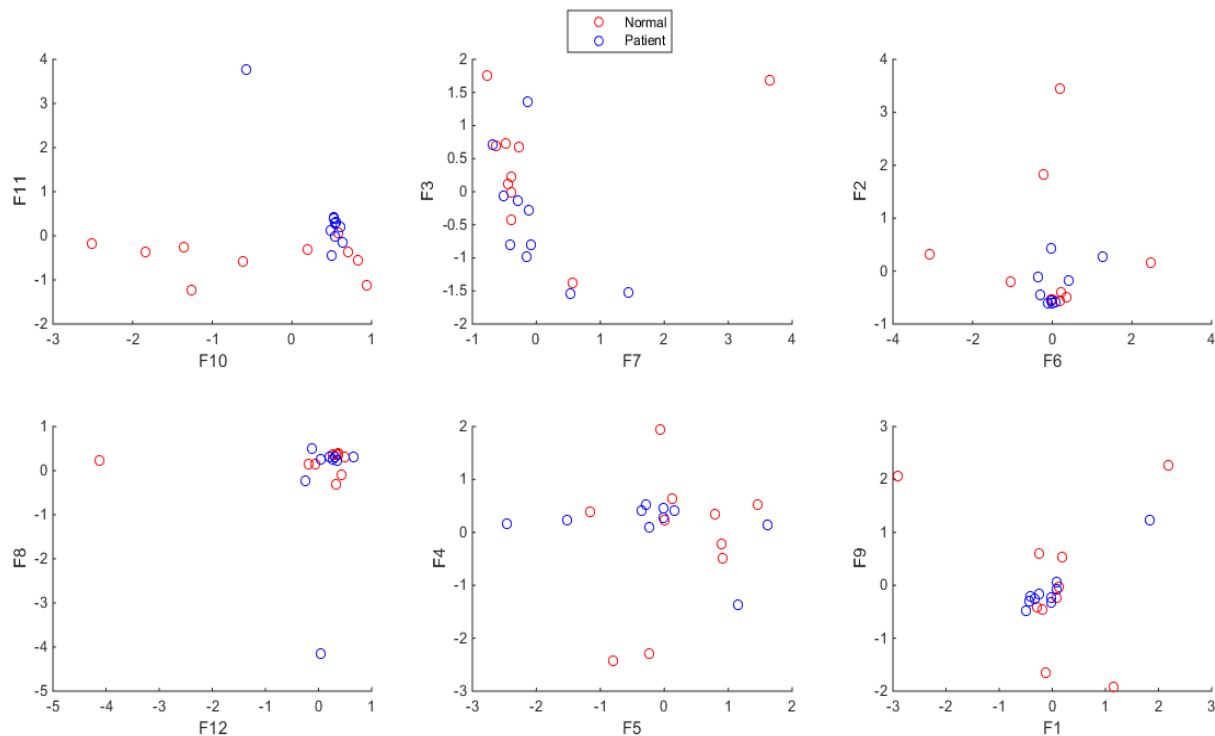
	F1	F2	F3	F4	F5	F6	F7	F8	F9	F10	F11	F12
P1	0.554	0.288	-0.408	3.237	0.458	0.156	0.303	3.198	-0.065	0.011	0.497	3.059
P2	0.608	0.095	-0.468	3.191	0.367	0.051	0.407	2.885	-0.230	0.018	0.390	3.454
P3	0.167	1.579	-0.003	2.398	0.888	0.305	0.007	2.172	-0.021	0.048	0.145	3.132
P4	0.953	0.762	-0.183	3.076	0.449	0.188	0.044	2.961	-0.221	0.054	0.253	3.153
P5	-0.037	0.037	0.359	3.246	0.775	0.026	-0.347	4.236	0.098	0.004	0.528	5.298
P6	0.447	0.043	-0.328	3.111	0.626	0.029	0.363	3.037	-0.136	0.010	0.416	3.282
P7	-2.357	1.750	0.495	2.879	2.271	0.569	-0.783	3.908	0.655	0.112	-0.238	2.357
P8	0.397	0.034	-1.068	4.235	0.509	0.041	0.366	4.049	-0.009	0.023	3.555	21.534
P9	0.476	0.067	-0.857	3.798	0.523	0.023	0.555	3.568	0.020	0.003	0.332	3.341
P10	0.643	0.859	-0.086	3.011	0.505	0.342	0.007	2.974	-0.071	0.031	0.007	3.146
mean	0.185	0.551	-0.255	3.218	0.737	0.173	0.092	3.299	0.002	0.031	0.588	5.176
std	0.932	0.661	0.487	0.498	0.562	0.183	0.406	0.635	0.251	0.033	1.069	5.796

شکل ۴-۴ نمودار پراکندگی دو ویژگی انتخاب شده توسط روش انتخاب ویژگی تست t را نشان میدهد. همچنین برای مقایسه بهتر نمودار پراکندگی داده ها برای برخی از ویژگیها در شکل ۵-۴ آورده شده است.



شکل ۴-۴ نمودار پراکندگی دو ویژگی انتخاب شده در روش تست t





شکل ۴-۵ نمودار پراکندگی داده ها

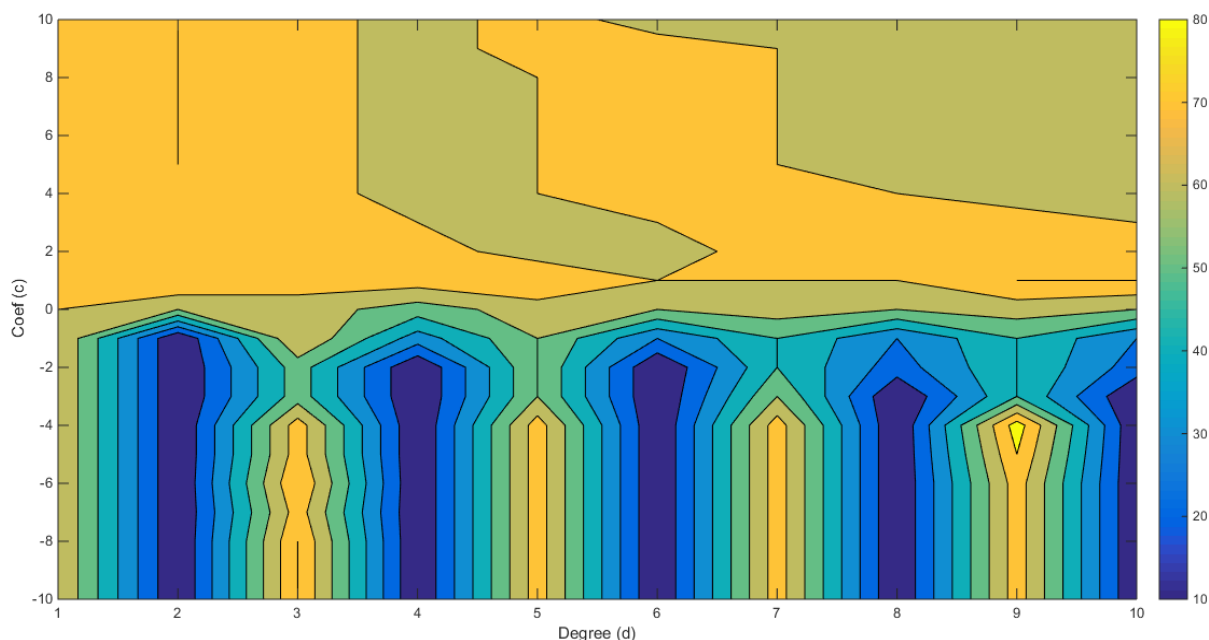
نتایج طبقه بندی با استفاده از SVM خطی و با در نظر گرفتن دو ویژگی انتخاب شده در شکل ۴-۴ به صورت زیر است.

$$CCR = 70\%, \text{ Specificity} = 60\%, \text{ Sensitivity} = 80\%.$$

جدول ۴-۸ ماتریس Confusion حاصل از طبقه بندی

	N (In reality)	P(In reality)
N (Diagnosis)	۶	۲
P(Diagnosis)	۴	۸

حال با استفاده از هسته چندجمله ای طبقه بندی را انجام میدهیم. نتایج جستجو در شکل ۴-۶ آورده شده است.



شکل ۴-۶ نرخ طبقه بندی صحیح به ازای مقادیر مختلف پارامترهای هسته چندجمله ای

همانطور که مشاهده میشود، بیشترین نرخ طبقه بندی صحیح ۸۰ درصد است و با افزایش درجه چندجمله ای نرخ طبقه بندی صحیح کاهش یافته و یا تغییری نمیکند. لذا میتوان گفت که روش هسته در اینجا سبب overfitting میشود که مطلوب نیست.

نتایج به دست آمده پس از اجرای روشهای آنالیز اجزای اصلی و آنالیز جداکننده خطی به صورت زیر است.

نتایج طبقه بندی خطی پس از اجرای آنالیز اجزای اصلی:

$$CCR = 60\%, \text{ Specificity} = 60\%, \text{ Sensitivity} = 60\%.$$

جدول ۴-۹ ماتریس Confusion حاصل از طبقه بندی

	N (In reality)	P(In reality)
N (Diagnosis)	۶	۴
P(Diagnosis)	۴	۶

نتایج طبقه بندی خطی پس از اجرای آنالیز جدا کننده خطی:

$$CCR = 95\%, \text{ Specificity} = 90\%, \text{ Sensitivity} = 100\%$$

جدول ۱۰-۴ ماتریس Confusion حاصل از طبقه بندی

	N (In reality)	P(In reality)
N (Diagnosis)	۹	۰
P(Diagnosis)	۱	۱۰

## ۴-۲ بحث

بررسی نتایج به دست آمده از طبقه بندی ها نشان میدهد که طبقه بند SVM میتواند با دقت بالا و بر اساس معیارهای آماری به دست آمده از بافتهای جداشده مغز، عملیات طبقه بندی را انجام دهد. در طبقه بندی با استفاده از ویژگیهای منتخب روش انتخاب ویژگی، در بررسی داده های مربوط به کل مغز به نرخ طبقه بندی صحیح ۸۵٪ و در بررسی داده های نواحی زیرقشری به نرخ طبقه بندی صحیح ۷۰٪ رسیدیم. در این روش، داده های مربوط به کل مغز میتوانند با دقت خوبی داده ها را طبقه بندی کنند.

هنگامیکه داده ها با استفاده از آنالیز اجزا اصلی کاهش بعد یافته و عملیات طبقه بندی روی آنها انجام میشود، نرخ طبقه بندی صحیح نسبت به حالت کاهش بعد با استفاده از روش انتخاب ویژگی، کاهش میابد. روش آنالیز اجزا اصلی بدون درنظر گرفتن کلاسی که داده ها به آن تعلق دارند، ابعاد داده ها را کاهش میدهد. اینکار در برخی موارد ممکن است منجر به بهبود نرخ طبقه بندی صحیح گردد اما در این تحقیق، از آنجا که تعداد داده ها کم است و همچنین تعداد کلاسها هم کم است، این روش نرخ طبقه بندی صحیح را کاهش داد. این کاهش نرخ طبقه بندی صحیح هم در طبقه بندی با استفاده از داده های کل مغز (۶۵٪) و هم در طبقه بندی با استفاده از داده های نواحی زیرقشری (۶۰٪) مشاهده میشود.

هنگامیکه از روش آنالیز جداکننده خطی برای کاهش بعد داده ها استفاده میشود، نرخ طبقه بندی در هر دو حالت بررسی با داده های کل مغز و بررسی با داده های نواحی زیرقشری، به صورت چشمگیری افزایش یافت. نرخ طبقه بندی صحیح با استفاده از روش آنالیز جدا کننده خطی در بررسی داده های کل مغز، ۹۰٪، و در بررسی داده های نواحی زیرقشری، ۹۵٪ است. روش آنالیز جداکننده خطی بر خلاف روش آنالیز اجزا اصلی که ابعاد داده ها را بدون در نظر گرفتن کلاس داده ها کاهش میدهد، کلاس داده ها را هنگام کاهش ابعاد در نظر میگیرد و لذا انتظار میرود که نتایج بهتری را در اختیار قرار دهد. بیشترین نرخ طبقه بندی صحیح در این تحقیق، با استفاده از روش آنالیز جداکننده خطی بر روی داده ها و سپس طبقه بندی آنها با استفاده از SVM خطی صورت گرفت. این نتایج نشان میدهد که روش آنالیز جداکننده خطی به همراه طبقه بند SVM میتواند طبقه بندی با دقت طبقه بندی بالا و همچنین با قابلیت تعمیم دهی بالا در اختیار ما قرار دهد.

تحقیق انجام شده در این نوشته نشان میدهد که میتوان با استفاده از روش آنالیز جداکننده خطی و طبقه بند SVM با دقت بالا افراد سالم و بیماران صرعی را طبقه بندی نمود. در نهایت به محدودیتهای تحقیق انجام شده اشاره میکنیم. این تحقیق روی ۲۰ نفر که ۱۰ نفر سالم و ۱۰ نفر بیمار صرعی بودند انجام شد. کم بودن تعداد داده ها از جمله محدودیتهای این تحقیق میباشد. چنانچه از تعداد داده های بیشتر استفاده میشد، نتایج به دست آمده قابلیت تعمیم دهی بالاتری داشتند. همچنین در این تحقیق صرفاً از هسته چندجمله ای برای بررسی بهبود نتایج استفاده شد. در این تحقیق روش هسته چندجمله ای نتایج را بهبود بخشید. برای تحقیقاتی که در آینده روی این داده ها انجام میگردد، پیشنهاد میشود تعداد داده ها افزایش یابد. افزایش تعداد داده ها میتواند نتایج طبقه بندی بهتر و قابل اعتمادتری به ما بدهد.

- [١] G. M. Bydder and I. R. Young, "MR imaging: clinical use of the inversion recovery sequence.," *Journal of computer assisted tomography*, vol. ٩, no. ٤, pp. ٦٥٩-٦٧٥, ١٩٨٥.
- [٢] R. O. Duda, P. E. Hart, and D. G. Stork, *Pattern Classification*. ٢٠٠١.
- [٣] S. Arlot and A. Celisse, "A survey of cross-validation procedures for model selection," *Stat. Surv.*, vol. ٤, pp. ٤٠-٧٩, ٢٠١٠.
- [٤] C. Cortes and V. Vapnik, "Support-Vector Networks," *Mach. Learn.*, vol. ٢٠, no. ٣, pp. ٢٧٣-٢٩٧, ١٩٩٥.
- [٥] K. Koutroumbas, S. TheoDoridis, *Pattern Recognition*, vol. ٨, no. ٣. ٢٠٠٣.
- [٦] C. M. Bishop, *Pattern Recognition and Machine Learning*, vol. ٤, no. ٤. ٢٠٠٦.
- [٧] J. Shlens, "A Tutorial on Principal Component Analysis," *Tutorial, Salk Inst.*, pp. ١-١٢, ٢٠٠٩.
- [٨] S. Diciotti, A. Ginestroni, V. Bessi, M. Giannelli, C. Tessa, L. Bracco, M. Mascalchi, and N. Toschi, "Identification of mild Alzheimer's disease through automated classification of structural MRI features.," in *٢٠١٢ Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, ٢٠١٢, vol. ٢٠١٢, pp. ٤٢٨-٤٣١.
- [٩] S. Kl??ppel, C. M. Stonnington, C. Chu, B. Draganski, R. I. Scahill, J. D. Rohrer, N. C. Fox, C. R. Jack, J. Ashburner, and R. S. J. Frackowiak, "Automatic classification of MR scans in Alzheimer's disease," *Brain*, vol. ١٣١, no. ٣, pp. ٦٨١-٦٨٩, ٢٠٠٨.
- [١٠] N. K. Focke, M. Yogarajah, M. R. Symms, O. Gruber, W. Paulus, and J. S. Duncan, "Automated MR image classification in temporal lobe epilepsy," *Neuroimage*, vol. ٥٩, no. ١, pp. ٣٥٦-٣٦٢, ٢٠١٢.
- [١١] I. Amarreh, M. E. Meyerand, C. Stafstrom, B. P. Hermann, and R. M. Birn, "Individual classification of children with epilepsy using support vector machine with multiple indices of diffusion tensor imaging," *NeuroImage Clin.*, vol. ٤, pp. ٧٥٧-٧٦٤, ٢٠١٤.
- [١٢] S. M. Smith, "Fast robust automated brain extraction - Smith - ٢٠٠٢ - Human

Brain Mapping - Wiley Online Library,” *Hum. Brain Mapp.*, ۲۰۰۲.

- [۱۳] M. Jenkinson and S. Smith, “A global optimization method for robust affine registration of brain images,” *Med Image Anal.*, vol. ۵, pp. ۱۴۳–۱۵۶, ۲۰۰۱.
- [۱۴] J. C. Mazziotta, a W. Toga, a Evans, P. Fox, and J. Lancaster, “A probabilistic atlas of the human brain: theory and rationale for its development. The International Consortium for Brain Mapping (ICBM).,” *NeuroImage*, vol. ۲, pp. ۸۹–۱۰۱, ۱۹۹۵.
- [۱۵] M. Jenkinson, P. Bannister, M. Brady, and S. Smith, “Improved optimization for the robust and accurate linear registration and motion correction of brain images,” *Neuroimage*, vol. ۱۷, no. ۲, pp. ۸۲۵–۸۴۱, ۲۰۰۲.
- [۱۶] H. Soltanian-Zadeh, D. J. Peck, J. P. Windham, and T. Mikkelsen, “Brain tumor segmentation and characterization by pattern analysis of multispectral NMR images,” *NMR Biomed.*, vol. ۱۱, no. ۴–۵, pp. ۲۰۱–۲۰۸, ۱۹۹۸.
- [۱۷] M. Najafi, H. Soltanian-Zadeh, K. Jafari-Khouzani, L. Scarpance, and T. Mikkelsen, “Prediction of glioblastoma multiform response to bevacizumab treatment using multi-parametric MRI,” *PLoS One*, vol. ۷, no. ۱, ۲۰۱۲.
- [۱۸] H. Soltanian-Zadeh, J. P. Windham, D. J. Peck, and T. Mikkelsen, “Feature space analysis of MRI,” *Magn. Reson. Med.*, vol. ۴۰, no. ۳, pp. ۴۴۳–۴۵۳, ۱۹۹۸.
- [۱۹] H. Soltanian-Zadeh, J. P. Windham, and A. E. Yagle, “Optimal Transformation for Correcting Partial Volume Averaging Effects in Magnetic Resonance Imaging,” *IEEE Trans. Nucl. Sci.*, vol. ۴۰, no. ۴, pp. ۱۲۰۴–۱۲۱۲, ۱۹۹۳.
- [۲۰] B. Patenaude, S. M. Smith, D. N. Kennedy, and M. Jenkinson, “A Bayesian model of shape and appearance for subcortical brain segmentation,” *Neuroimage*, vol. ۵۶, no. ۳, pp. ۹۰۷–۹۲۲, ۲۰۱۱.
- [۲۱] C. Chang and C. Lin, “LIBSVM: A Library for Support Vector Machines,” *ACM Trans. Intell. Syst. Technol.*, vol. ۲, pp. ۱–۳۹, ۲۰۱۱.