

**VIỆN HÀN LÂM KHOA HỌC VÀ CÔNG NGHỆ VIỆT NAM
HỌC VIỆN KHOA HỌC VÀ CÔNG NGHỆ**



**BÁO CÁO TIỂU LUẬN KẾT THÚC HỌC PHẦN THẠC SĨ
HỆ HỖ TRỢ QUYẾT ĐỊNH TIÊN TIẾN**

ĐỀ TÀI:

**CHUẨN ĐOÁN BỆNH VÕNG MẠC TIỂU ĐƯỜNG BẰNG
CÁCH SỬ DỤNG KỸ THUẬT TRÍCH XUẤT MẠCH MÁU VÀ
MẠNG NƠ-RON TÍCH CHẬP**

Học viên thực hiện : Trần An Nguyên

Giảng viên : TS. Vũ Văn Hiệu

Khoa : CNTT & viễn thông

Lớp : ITT2022A

Hà Nội – 2023

PHIẾU CHẤM ĐIỂM

Học viên thực hiện:

Họ và tên	Chữ ký	Ghi chú
Trần An Nguyên		

Giảng viên chấm:

Họ và tên	Điểm	Chữ ký
Giảng viên chấm 1:		
Giảng viên chấm 2:		

MỤC LỤC

DANH MỤC BẢNG BIỂU	4
DANH MỤC HÌNH ẢNH	5
1. GIỚI THIỆU	7
2. CÁC CÔNG TRÌNH LIÊN QUAN.....	9
3. DỮ LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP.....	12
3.1. Tập dữ liệu Messidor	12
3.2. Xử lý hình ảnh	13
3.3. Phân loại với mạng nơ-ron tích chập	16
4. ỨNG DỤNG CHẨN ĐOÁN.....	18
5. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN.....	21
6. TÓM TẮT	24
7. BÀI TOÁN THỰC TẾ	26
7.1. Tập dữ liệu	26
7.2. Dự đoán bệnh tiểu đường.....	26
TÀI LIỆU THAM KHẢO.....	39

DANH MỤC BẢNG BIỂU

Bảng 1	Cấp độ bệnh vãng mạc trong cơ sở dữ Messidor
Bảng 2	Các lớp CNN và tính chất của chúng
Bảng 3	Các tiêu chí thực hiện thu được trong 20 thử nghiệm phân loại
Bảng 4	Các giá trị thấp nhất, trung bình và cao nhất của các tiêu chí hiệu suất
Bảng 5	So sánh độ chính xác, độ nhạy và độ đặc hiệu của phân loại

DANH MỤC HÌNH ẢNH

Hình 1	Hình ảnh võng mạc
Hình 2	Sơ đồ liên quan đến phương pháp đã phát triển
Hình 3	Các bước xử lý ảnh
Hình 4	Tám mẫu của toán tử Kirsch và giá trị màu xám của một điểm và tám vùng lân cận của nó $P(i, j)$
Hình 5	Cấu trúc cơ bản của một ví dụ CNN
Hình 6	Các mạch máu được trích xuất
Hình 7	Ảnh chụp màn hình mẫu cho mô hình CNN được đề xuất
Hình 8	Kiểm tra 5 dòng đầu dữ liệu
Hình 9	Kiểm tra thông tin của bảng dữ liệu
Hình 10	Hiển thị 10 dòng dữ liệu để kiểm tra
Hình 11	Nhận biết các kiểu dữ liệu có trong bảng
Hình 12	Tóm tắt bảng dữ liệu
Hình 13	Biểu đồ phân lớp mục tiêu
Hình 14	Biểu đồ phân bố theo độ tuổi
Hình 15	Kết quả kiểm tra đường huyết trong bảng
Hình 16	Kết quả thống kê các bệnh nhân có đường huyết cao
Hình 17	Biểu đồ so sánh tỷ lệ bệnh nhân có đường huyết cao so với chẩn đoán bệnh tiểu đường
Hình 18	Kết quả thống kê bệnh nhân có đường huyết thấp
Hình 19	Biểu đồ so sánh tỷ lệ các bệnh nhân có mức glucose thấp
Hình 20	Biểu đồ phân bố chỉ số khối cơ thể
Hình 21	Kết quả thống kê các bệnh nhân có chỉ số khối cơ thể cao
Hình 22	Kết quả thống kê các bệnh nhân có chỉ số khối cơ thể thấp
Hình 23	Gán các biến
Hình 24	Gán và kiểm tra biến
Hình 25	Tính toán và chuẩn hóa đường cơ sở
Hình 26	Áp dụng mô hình

Hình 27	Kết quả đánh giá mô hình
Hình 28	Kết quả chẩn đoán
Hình 29	Kết quả

1. GIỚI THIỆU

Bệnh tiểu đường là một căn bệnh quan trọng, có khả năng được phân tích qua hình ảnh y tế. Trong số các biến chứng của bệnh tiểu đường, có bệnh võng mạc tiểu đường dẫn đến suy giảm thị lực nếu không được điều trị đúng cách. Bệnh võng mạc tiểu đường (DR) là một bệnh về mắt rất nghiêm trọng do hậu quả của bệnh tiểu đường và là yếu tố gây mù lòa được nhìn thấy rộng rãi nhất đối với các quốc gia phát triển. Cứ ba người mắc bệnh tiểu đường lại có một người có các triệu chứng của DR, và thật không may, đây là một mối đe dọa rất nghiêm trọng đối với thị lực của họ. Đương nhiên, chẩn đoán sớm và có phương pháp điều trị là rất quan trọng để ngăn ngừa và làm chậm quá trình tiến triển của bệnh DR. Do đó, việc sàng lọc hàng loạt bệnh nhân tiểu đường vô cùng quan trọng [1-3].

Điều đáng chú ý là Tổ chức Y tế Thế giới (WHO) đã công bố cũng như báo cáo các hướng dẫn và phát triển liên quan đến bệnh tiểu đường để chẩn đoán và phân loại dữ liệu bệnh tiểu đường trong hơn năm mươi năm. WHO và Liên đoàn Đái tháo đường Quốc tế (IDF) công bố các đánh giá và cập nhật ở các giai đoạn khác nhau để xác định, chẩn đoán và phân loại bệnh tiểu đường và các biến chứng của nó. IDF báo cáo rằng trong năm 2013 có 385 triệu bệnh nhân tiểu đường trên toàn thế giới, hầu hết trong đó là bệnh tiểu đường type 2. Ước tính vào năm 2035 vào khoảng 592 triệu người. Theo thống kê của WHO, trên toàn cầu, 2% bệnh nhân tiểu đường đã bị mù trong thời gian hơn 15 năm, và 10% bị suy giảm thị lực ở mức độ cao, và 32% có bệnh võng mạc bất thường [4-7].

Chi phí (về kinh tế, y tế và cả xã hội) của bệnh tiểu đường là một vấn đề lớn và bệnh tiểu đường đứng ở hàng thứ tư là nguyên nhân gây tử vong trên toàn thế giới [6]. Cũng đáng chú ý là các vấn đề về biến chứng tim mạch liên quan đến bệnh tiểu đường làm giảm chất lượng cuộc sống cũng như tuổi thọ [8]. Do đó, việc định nghĩa, chẩn đoán và phân loại bệnh tiểu đường là rất quan trọng, và nhiều nhà khoa học, đặc biệt là dưới sự hướng dẫn của WHO và IDF, đang nghiên cứu về vấn đề này. Tuy nhiên, đánh giá bằng phương pháp thủ công không phải lúc nào cũng cho kết quả chính xác vì chúng đòi hỏi kinh nghiệm và chuyên môn tốt. Do đó, nhiều nghiên cứu đã được thực hiện để phát triển các hệ thống chẩn đoán có sự hỗ trợ của máy tính để hỗ trợ các chuyên gia về mắt. Phần lớn các nỗ lực liên quan đã được dành cho việc phát triển các hệ thống quét máy tính đáng tin cậy bằng cách phân loại hình ảnh trong hầu hết các nghiên cứu này [1-3].

Bệnh võng mạc tiểu đường (DR) trong thời gian ngắn là kết quả của sự bất thường của mạch máu, có thể được coi là biến chứng mạch máu. Do đó, nó khiến bệnh nhân tiểu đường có nguy cơ bị mù cao gấp 25 lần so với những người không mắc bệnh tiểu đường. Đáng chú ý là 40,3% bệnh nhân trên 40 tuổi bị DR. Có bốn giai đoạn của DR [9]:

- Bệnh võng mạc tăng sinh mức độ nhẹ: Ở đây, các động mạch bị phình ra và có thể gây chảy máu hoặc tiết dịch cứng.
- Bệnh võng mạc không tăng sinh vừa phải: Ở giai đoạn này, các vết sọc trắng xuất hiện do quá trình nuôi võng mạc bị suy giảm.
- Bệnh võng mạc tăng sinh nghiêm trọng: Ở giai đoạn thứ ba, việc cung cấp máu có thể hạn chế nhiều khu vực của võng mạc và một số mạch máu.
- Bệnh võng mạc tăng sinh: Ở giai đoạn cuối, gel thủy tinh thể chảy vào mắt và sau đó các mạch máu không thể đảm bảo lưu lượng máu đầy đủ. Cuối cùng, tầm nhìn có thể bị mất và trạng thái đó có thể dẫn tới mù lòa.

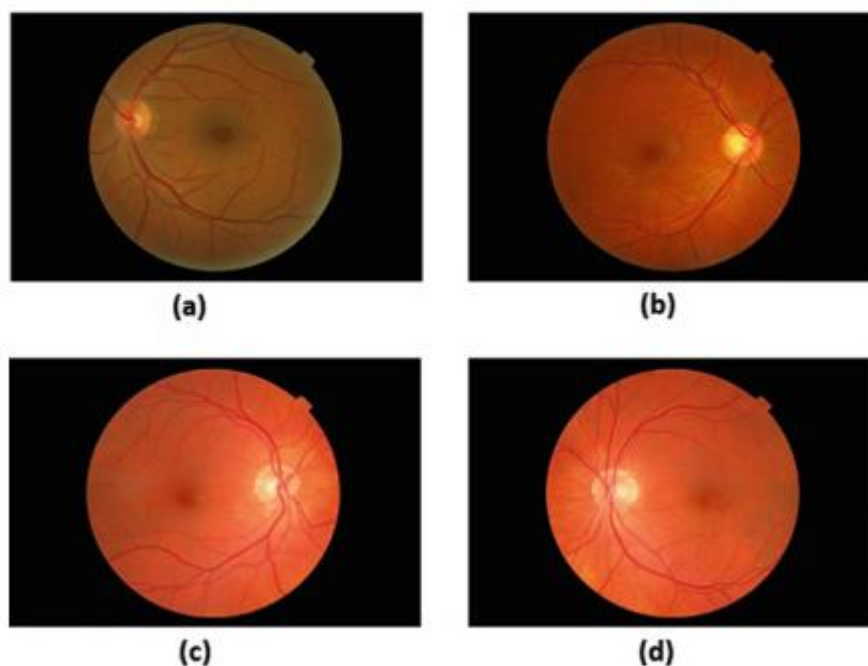
Nói chung, DR được phân loại với năm loại, theo sự hiện diện của các đặc điểm lâm sàng. Đây lần lượt là (1) bệnh võng mạc tiểu đường nhẹ - không tăng sinh (NPDR), (2) NPDR vừa phải, (3) NPDR nặng, (4) PDR và (5) phù điểm vàng (ME) [10]. Hình 1 cho thấy võng mạc bình thường và ba loại hình ảnh DR như võng mạc bình thường, phù điểm vàng (ME), bệnh võng mạc tiểu đường tăng sinh (PDR) và bệnh võng mạc tiểu đường không tăng sinh (NPDR) trong cơ sở dữ liệu đáy võng mạc Messidor.

Dịch tiết là chỉ định để chuẩn đoán ME tiểu đường và có thể được nhìn thấy với màu trắng hoặc vàng giống như kết quả của chất béo và protein từ phình động mạch. Kích thước thay đổi tùy theo hình dạng và cả vị trí. Chúng thường diễn ra theo dòng hoặc cụm hoặc bao quanh các phình động mạch [9]. Chuẩn đoán DR thường được sử dụng các tính năng này.

Trong chương này, chẩn đoán DR bằng phương pháp học sâu bằng cách sử dụng hình ảnh đáy võng mạc màu thu được từ cơ sở dữ liệu Messidor đã được nghiên cứu và hiệu suất của mạng thần kinh tích chập đã được nhấn mạnh. Sau đó, các vật liệu và phương pháp được sử dụng trong quá trình chẩn đoán đã được giải thích. Sau khi đưa ra các tính năng cơ bản của ứng dụng, những phát hiện và thảo luận về kết quả đã được đưa ra.

2. CÁC CÔNG TRÌNH LIÊN QUAN

Do tầm quan trọng của DR, nhiều nghiên cứu đã được tiến hành để chẩn đoán. Trong các nghiên cứu này, hình ảnh đáy mắt võng mạc và mạng nơ-ron tích chập như một phương pháp học sâu (CNN) được sử dụng rộng rãi. Vì đầu vào của hệ thống chẩn đoán DR tự động là hình ảnh đáy võng mạc, đầu vào hệ thống được cải thiện bằng cách sử dụng các kỹ thuật xử lý hình ảnh và tiền xử lý hình ảnh. Việc phân loại sau đó được thực hiện với CNN hoặc các mô hình nâng cao. Các ví dụ gần đây về phát hiện DR với học sâu được đưa ra dưới đây.



Hình 1. Hình ảnh võng mạc. (a) Võng mạc khỏe mạnh, (b) phù điểm vàng, (c) DR tăng sinh (PDR), (d) DR không tăng sinh (NPDR).

Trong nghiên cứu của Sahlsten và đồng nghiệp, họ đã đề xuất một hệ thống chẩn đoán DR bằng CNN. Ngoài ra, đối với năm hệ thống sàng lọc và phân loại lâm sàng khác nhau trong việc phân loại bệnh võng mạc tiểu đường và phù điểm vàng, họ đã cung cấp kết quả nghiên cứu để phân loại chính xác hình ảnh bệnh võng mạc tiểu đường năm độ lâm sàng [11].

Arcadu và cộng sự, không giống như nhiều nghiên cứu khác, họ đã tiến hành một nghiên cứu về mức độ dự đoán của DR. Trong nghiên cứu này, họ đã đề xuất một cách tiếp cận để dự đoán tiến triển của DR bằng cách sử dụng hình ảnh đáy màu làm đầu vào nhận được từ một bệnh nhân mắc DR. Ở đây, giải pháp là để dự đoán sự tiến triển DR liên quan đến tình trạng xấu đi ở hai giai đoạn của thang đo mức độ nghiêm trọng của bệnh lý võng mạc tiểu đường,

giúp điều trị sớm bệnh. Họ cố gắng ước tính mức độ nghiêm trọng của DR, được đánh giá ở chu kỳ 6, 12 tháng và 24 tháng. Họ cũng phát triển các bản đồ tương quan cho các giai đoạn được chỉ định. Những bản đồ này làm nổi bật các khu vực mà mô hình CNN tập chung vào cách phân loại một hình ảnh truy vấn cụ thể. Nghiên cứu này thảo luận về tính khả thi và hiệu quả của việc dự đoán tiến triển DR trong tương lai bằng cách sử dụng hình ảnh đáy mắt của bệnh nhân từ một lần khám [12].

Chandrakumar và Kathirvel chạy một phương pháp tiếp cận giải pháp ba giai đoạn để chẩn đoán DR. Giai đoạn đầu tiên là giai đoạn dữ liệu tăng lên thu được bằng cách lấy hình ảnh đáy từ các bộ dữ liệu khác nhau dưới các máy ảnh khác nhau với trường nhìn, độ sắc nét, độ mờ, độ tương phản và kích thước hình ảnh khác nhau. Trong giai đoạn thứ hai, tiền xử lý hình ảnh đã được thực hiện. Ở giai đoạn này, các hình ảnh đầu tiên được chuyển đổi sang thang màu xám, sau đó sang mô hình L và thành hình ảnh nhị phân. Trong giai đoạn cuối, việc phân loại được thực hiện với CNN có 6 lớp. Họ đã đạt được độ chính xác tổng thể khoảng 94% để phát hiện các giai đoạn bệnh võng mạc tiểu đường trong bối cảnh các bộ dữ liệu của STARE và DRIVE [13]. Trong một nghiên cứu khác, sử dụng giai đoạn dữ liệu tăng cường đã được thực hiện, Gao và các đồng nghiệp của ông. Trong nghiên cứu của họ, giai đoạn xây dựng tập dữ liệu bao gồm 8 bước khác nhau như: (1) thu thập, (2) chú thích, (3) tiền xử lý, (4) tăng cường, (5) thiết lập mô hình, (6) đánh giá, (7) triển khai mô hình và cuối cùng (8) đánh giá lâm sàng. Đánh giá mô hình, đó là Phân loại với mô hình CNN của tập dữ liệu này, được thực hiện với 7 cơ sở dữ liệu. Các cơ sở dữ liệu này lần lượt là Hình ảnh võng mạc kỹ thuật số cho bộ dữ liệu trích xuất mạch (DRIVE), bộ dữ liệu hiệu chuẩn cơ sở dữ liệu bệnh võng mạc tiểu đường tiêu chuẩn 0/1 (DIARETDB0-DIARETDB1), Phân tích có cấu trúc của tập dữ liệu Retina (STARE), Phương pháp đánh giá kỹ thuật phân đoạn và lập chỉ mục trong lĩnh vực tập dữ liệu nhãn khoa võng mạc (MESSIDOR), Bộ dữ liệu hình ảnh mạch võng mạc để ước tính chiều rộng (tập dữ liệu ĐÁNH GIÁ), Bộ dữ liệu bệnh võng mạc tiểu đường Kaggle và bộ dữ liệu E-ophta. Các mô hình CNN là Resnet-18, Resnet-101, VGG-19, Inception@4 và InceptionV3. Từ kết quả thu được, người ta thấy rằng mô hình Inception@4 thích nghi và mô hình Inception-V3 đều hoạt động tốt hơn tất cả các mô hình khác [14].

Đặc biệt, mạng nơ-ron tích chập (CNN) đã được phát triển để phân loại hình ảnh và đã được sử dụng rộng rãi trong các nghiên cứu chẩn đoán DR. Ví dụ, Deperlioglu và Kose đã sử

dùng một phương pháp xử lý hình ảnh thực tế để cải thiện hình ảnh đáy võng mạc bao gồm HSV, thuật toán biến đổi V và kỹ thuật cân bằng biểu đồ. Họ phân loại các hình ảnh với CNN [15]. Hemant và các đồng nghiệp của ông đã xử lý hình ảnh bằng kỹ thuật cân bằng biểu đồ tần suất (HE) cũng như kỹ thuật cân bằng biểu đồ thích ứng giới hạn độ tương phản (CLAHE) và cuối cùng là CNN để phân loại [16]. Pratt và cộng sự khuyến nghị một CNN để chẩn đoán DR từ hình ảnh kỹ thuật số của đáy mắt và phân loại thành công đủ mức độ nghiêm trọng của DR. Họ đã sử dụng kiến trúc CNN và cũng là một quá trình tăng cường dữ liệu có thể thấy các tính năng phức tạp (như phình động mạch, dịch tiết và chảy máu ở võng mạc), như đã diễn ra trong giai đoạn phân loại. Kết quả là, họ đã phát triển một hệ thống chẩn đoán hoạt động tự động và không cần đầu vào của người dùng [17].

Dutta và cộng sự trong nghiên cứu của họ, một mô hình thông tin tự động đã được đề xuất để xác định tiền chất chính của DR từ hình ảnh đáy có chứa bệnh võng mạc tiểu đường. Mạng nơ-ron nhân tạo lan truyền ngược, Mạng nơ-ron sâu (DNN) và Mạng nơ-ron tích chập (CNN) đã được sử dụng để phân loại. Thuật toán trung bình C mờ có trọng số được sử dụng để xác định các ngưỡng liên quan đến lớp đích. Mô hình sẽ giúp xác định mức độ nghiêm trọng thích hợp của hình ảnh bệnh võng mạc tiểu đường. Với mô hình được đề xuất, trọng lượng của mắt bệnh nhân đưa ra mức độ nghiêm trọng đã được tính toán. Các mô hình học sâu đã thành công hơn trong việc phân loại các đặc điểm như mạch máu, nhỏ giọt chất lỏng, dịch tiết, xuất huyết và phình động mạch [18].

Trong một nghiên cứu khác, hiệu suất của các mô hình mạng lưới thần kinh tích chập (CNN) trên hình ảnh đáy mắt (ở dạng đầy màu sắc) để nhận biết giai đoạn bệnh võng mạc tiểu đường đã được chứng minh. Trước khi tiền xử lý hình ảnh trong nghiên cứu, hình ảnh được cắt bằng phương pháp của Otsu để cô lập hình ảnh tròn của võng mạc. Các hình ảnh sau đó được chuẩn hóa để điều chỉnh độ tương phản, thuật toán lọc CLAHE. Trong nghiên cứu sử dụng các mô hình GoogLeNet và AlexNet từ ImageNet, mô hình GoogLeNet đạt tỷ lệ cao nhất cho cả độ nhạy và độ đặc hiệu [19].

Như có thể thấy từ các ví dụ được đưa ra ở trên, có một số phương pháp chẩn đoán DR từ hình ảnh võng mạc màu của đáy đã được thực hiện với các kỹ thuật xử lý hình ảnh khác nhau và các mô hình CNN khác nhau.

3. DỮ LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP

Như có thể thấy từ các ví dụ được đưa ra trong phần trước, nhiều nghiên cứu đã được thực hiện với học sâu để chẩn đoán DR bằng hình ảnh đáy võng mạc. Trong các nghiên cứu này, các kỹ thuật xử lý hình ảnh khác nhau và phương pháp lai với các mô hình CNN thường được sử dụng. Mục đích của nghiên cứu này là chỉ ra rằng việc phân loại có thể được thực hiện dễ dàng bằng cách sử dụng phương pháp xử lý hình ảnh để trích xuất các mạch máu trong hình ảnh võng mạc và mạng lưới thần kinh tích chập truyền thống. Do đó, một chẩn đoán hiệu quả có thể được thực hiện. Các bước quy trình hoặc sơ đồ của phương pháp được đưa ra trong Hình 2.

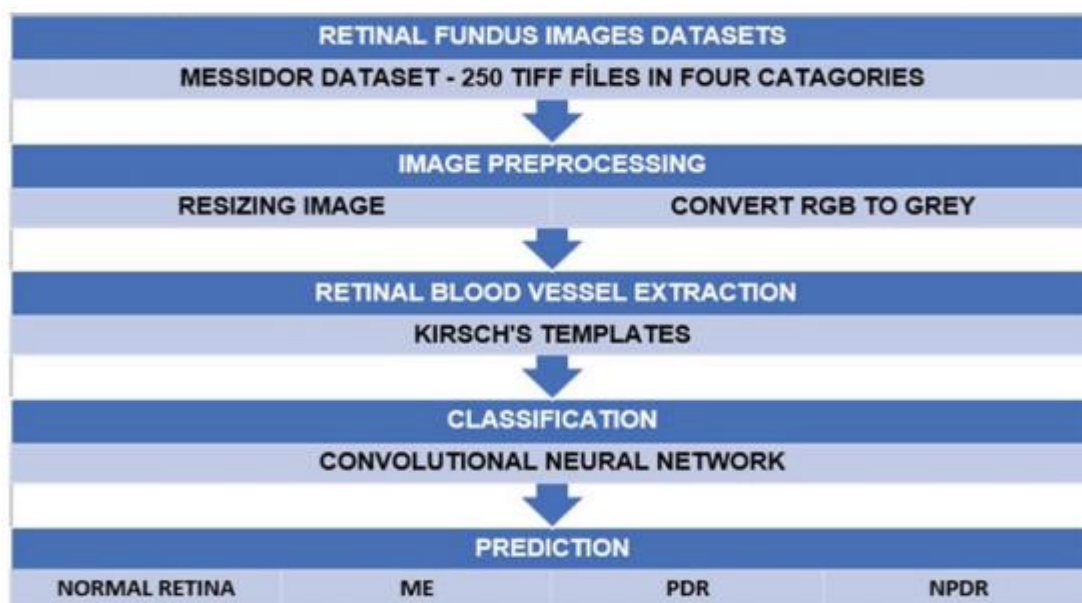
Như thể hiện trong biểu đồ, 250 hình ảnh đáy màu từ cơ sở dữ liệu Messidor công khai đã được sử dụng trong ứng dụng. Để đảm bảo yêu cầu bộ nhớ thấp hơn trong quá trình phân loại, kích thước của hình ảnh đã được thay đổi và giảm từ 1448×2240 xuống 149×224 pixel. Hình ảnh sau đó được chuyển đổi từ không gian màu RGB sang màu xám. Sau đó, bằng cách sử dụng phương pháp Mẫu của Kisch, các mạch máu võng mạc đã được trích xuất và xử lý hình ảnh hoàn thành. Việc phân loại sau đó được thực hiện với CNN 8 lớp. Đối với tất cả các nghiên cứu phân loại, đều được xử lý bằng phần mềm MATLAB r2017a.

3.1. Tập dữ liệu Messidor

MESSIDOR đại diện cho các phương pháp đánh giá kỹ thuật phân đoạn và lập chỉ mục trong phần Nhãn khoa võng mạc (bằng tiếng Pháp). Cơ sở dữ liệu Messidor được tạo ra trong dự án Messidor để tạo điều kiện thuận lợi cho các nghiên cứu về chẩn đoán bệnh võng mạc tiểu đường có sự hỗ trợ của máy tính từ hình ảnh võng mạc màu và để đánh giá các phương pháp phân đoạn tổn thương khác nhau. Trong nghiên cứu này, lý do sử dụng cơ sở dữ liệu này đã được mở cho công chúng trong mười năm, là để chỉ ra mức độ DR của hình ảnh đáy võng mạc [20-22].

Quy trình thu thập hình ảnh cho cơ sở dữ liệu như sau: Ba khoa nhãn khoa đã thu thập hoàn toàn 1.200 hình ảnh đáy mắt (ở dạng đầy màu sắc) của cực sau bằng cách sử dụng camera màu 3CCD (trên máy chụp võng mạc không giãn đồng tử Topcon TRC NW6 với vùng 45° để xem). Ở đây, các hình ảnh tương ứng đã vượt qua một mặt phẳng 8 bit trên mỗi màu ở một trong các pixel 2.240×1.488 , 1.440×960 hoặc 2.304×1.536 pixel. 800 hình ảnh với sự giãn nở đồng tử, và tổng cộng 400 hình ảnh không giãn nở (được thực hiện với một giọt Tropicamide

ở mức 0,5%) cuối cùng đã nhận được [16, 20-22]. Những hình ảnh này được các chuyên gia phân loại là xem xét bốn cấp độ khác nhau. Trong bối cảnh của các mức, (1) rủi ro 0 tương ứng với các hình ảnh không DR, (2) rủi ro 1 có nghĩa là DR nhẹ, (3) rủi ro 2 đến DR trung bình và cuối cùng (4) rủi ro 3 tương ứng với giai đoạn tiến triển của DR. Trong nghiên cứu này, mức độ bệnh võng mạc được đưa ra trong cơ sở dữ liệu đã được sử dụng làm tài liệu tham khảo. Định nghĩa về số lượng hình ảnh cho mỗi cấp độ được đưa ra trong Bảng 1 [23, 24].



Hình 2. Sơ đồ liên quan đến phương pháp đã phát triển.

Bảng 1. Cấp độ bệnh võng mạc trong cơ sở dữ Messidor

Grade	Description	Number of images
R1	$(N_{MA} = 0) \text{ AND } (N_{HE} = 0)$	546
R2	$(0 < N_{MA} \leq 5) \text{ AND } (N_{HE} = 0)$	153
R3	$(5 < N_{MA} < 15) \text{ AND } (0 < N_{HE} < 5) \text{ AND } (N_{NV} = 0)$	247
R4	$(N_{MA} \geq 15) \text{ OR } (N_{HE} \geq 5) \text{ OR } (N_{NV} > 0)$	254

N_{MA} , N_{HE} , N_{NV} : number of MAs, HEs and neovessels (NV), respectively

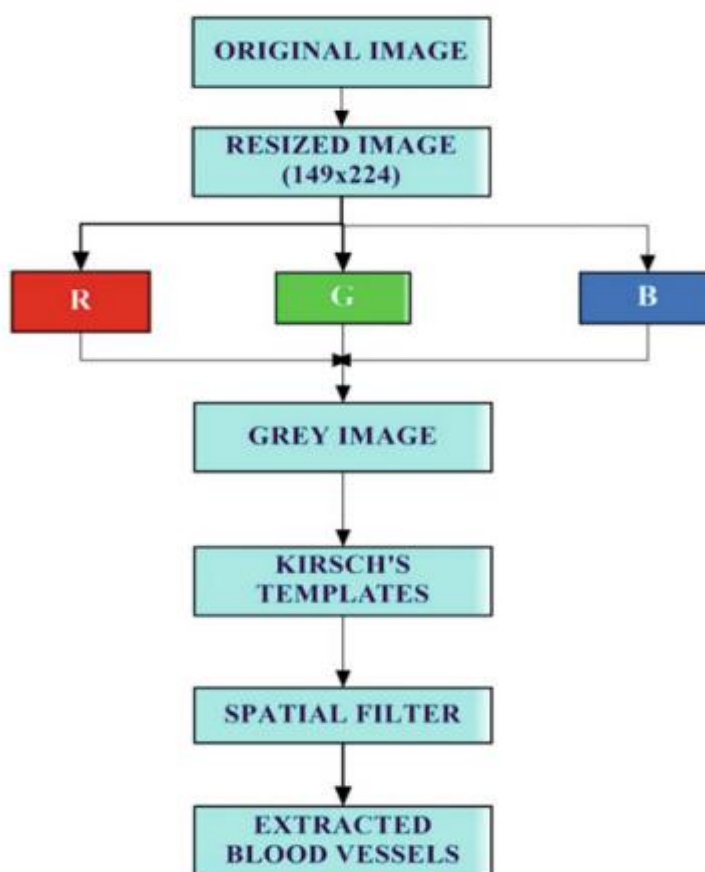
3.2. Xử lý hình ảnh

Phương pháp xử lý hình ảnh chứa thay đổi kích thước hình ảnh võng mạc và trích xuất các mạch liên quan từ mỗi hình ảnh mục tiêu của võng mạc. Hình 3 thể hiện các bước chung được thực hiện trong giai đoạn xử lý hình ảnh đó.

Trong giai đoạn xử lý hình ảnh, hình ảnh đáy võng mạc, chủ yếu có kích thước 1.488 x 2.240 pixel, đã giảm xuống còn 149 x 224 pixel. Mục đích là giảm dung lượng bộ nhớ mà hình

ảnh chỉ yêu cầu trong quá trình phân loại. Sau khi thay đổi kích thước, hình ảnh RGB ở định dạng TIFF đã được chuyển đổi thành hình ảnh XÁM.

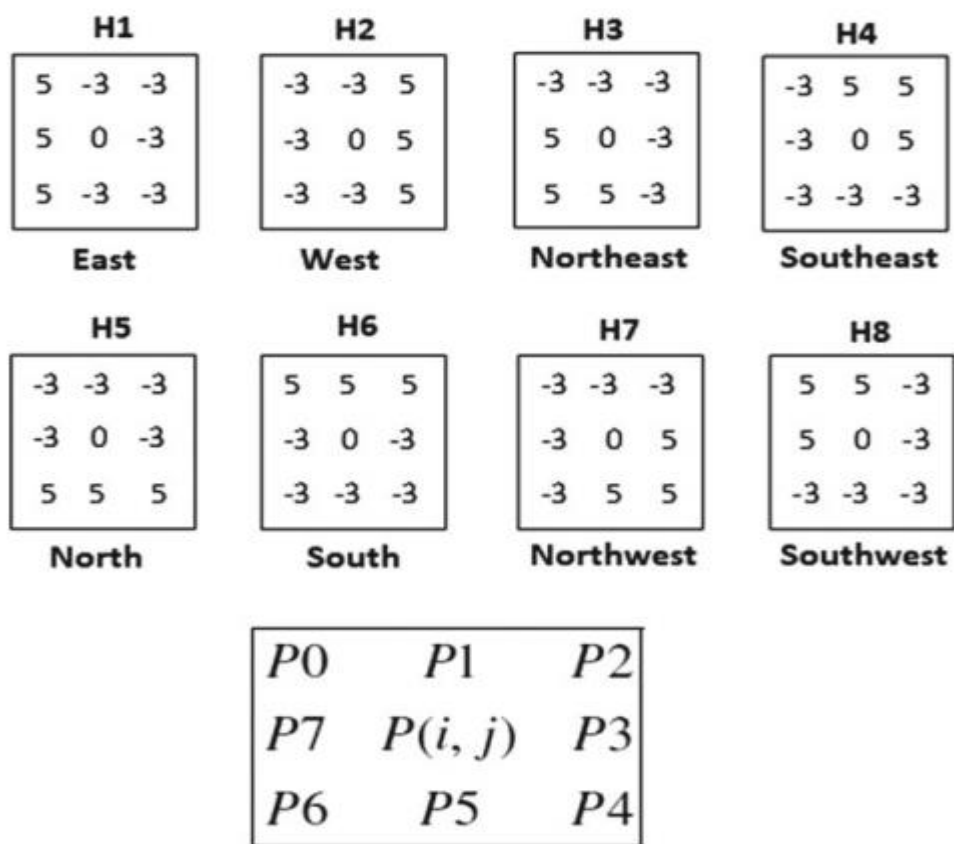
Các mạch võng mạc thường được gọi là tĩnh mạch và động mạch. Ở đây, động mạch võng mạc trung tâm và tĩnh mạch gần nhau (bình thường) ở trung tâm của đĩa thị giác. Các mạch máu là rõ ràng nhất trong thành phần màu xanh lá cây. Kiến thức về cấu trúc của các mạch máu có thể cho phép đánh giá mức độ nghiêm trọng của bệnh và cũng có thể đóng một vai trò quan trọng trong quá trình phẫu thuật. Tại thời điểm này, hai chiến lược khác nhau đã được sử dụng để phát hiện các mạch máu trong hình ảnh con người. Đây là phát hiện biên tương ứng và theo dõi như yêu cầu của thông tin về vị trí bắt đầu trong hình ảnh [25].



Hình 3. Các bước xử lý ảnh.

Phát hiện biên đã được sử dụng trong nghiên cứu này. Phương pháp mẫu của Kirsch, một trong những phương pháp phát hiện biên, được chạy để trích xuất các mạch máu trong hình ảnh đáy võng mạc nói chung [26]. Phương pháp Template của Kirsch đã được sử dụng trong nhiều ứng dụng để đảm bảo trích xuất các mạch máu. Vì toán tử Kirsch có thể điều chỉnh

ngưỡng (tự động), bằng cách xem xét ký tự của hình ảnh, toán tử gradient Kirsch được chọn để trừ đi đường viền của đối tượng. Toán tử đó đảm bảo ngắn gọn tám mẫu của số (H1-H8). Tám mẫu của số này (H1-H8) được đưa ra trong Hình 4. Mỗi mẫu đưa ra phản hồi lớn nhất theo một hướng nhất định so với các hướng cạnh. Ngoại trừ cột ngoài cùng và hàng ngoài cùng, mỗi pixel và tám vùng lân cận 3×3 của nó chứa tám đường cong với tám mẫu tương ứng. Vì vậy, mỗi pixel có tám đầu ra, tám mẫu được chọn làm giá trị tại vị trí này. Giá trị màu xám của điểm $P(i, j)$ và tám vùng lân cận trong hình ảnh được hiển thị như trong Hình 4 [25, 27]. Trong thực tế, hệ số tỷ lệ được lấy là $1/15$.



Hình 4. Tám mẫu của toán tử Kirsch và giá trị màu xám của một điểm và tám vùng lân cận của nó $P(i, j)$.

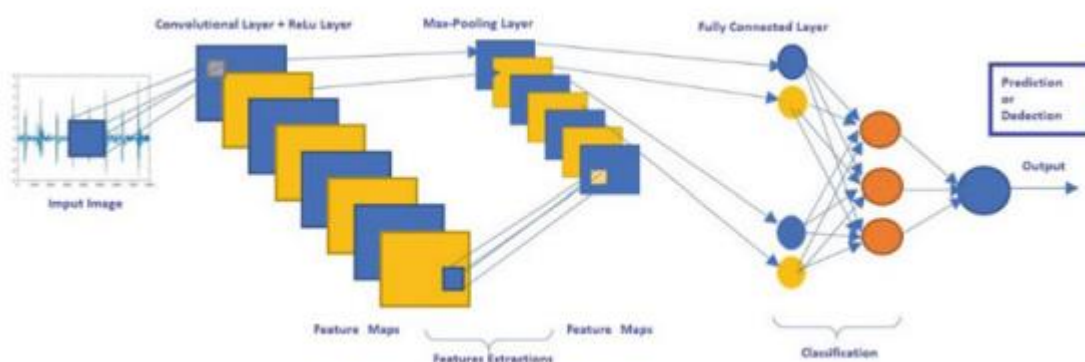
Người vận hành Template của Kirsch nhận được một mặt nạ lõi đơn và xoay 450 hình ảnh của 8 hướng, chẳng hạn như Bắc, Tây Bắc, Tây Nam, Đông, Đông Bắc, Đông Nam và Tây. Kích thước biên được lấy làm kích thước tối đa theo tất cả các hướng. Mỗi pixel của hình ảnh sử dụng 8 mặt nạ này để tạo ra các nếp gấp. Mỗi mặt nạ đáp ứng rất nhiều với một hướng cạnh cụ thể, giá trị tối đa của 8 hướng được xác định là giá trị đầu ra của điểm này. Số thứ tự

mặt nạ của giá trị tối đa tạo mã cho hướng biên [28]. Cuối cùng, lọc không gian của hình ảnh vòng mạc đầu vào được thực hiện theo các hướng dẫn khác nhau với Template của Kirsch. Tiếp theo là ngưỡng, kết quả trong các mạch máu được chiết xuất. Giá trị ngưỡng có thể được điều chỉnh để tinh chỉnh đầu ra được đặt thành 10 trong ứng dụng này. Để không làm tăng thêm khối lượng công việc trong giai đoạn xử lý hình ảnh, không có thao tác nào chẳng hạn như lọc hoặc xói mòn hình thái được thực hiện.

3.3. Phân loại với mạng nơ-ron tích chập

Trong thực tế, mạng nơ-ron tích chập (CNN) được sử dụng để chẩn đoán mức độ DR hoặc người khỏe mạnh bằng cách phân loại hình ảnh trong tập dữ liệu. Cấu trúc chung của CNN được giải thích ngắn gọn dưới đây.

Mạng nơ-ron tích chập (CNN), một trong những kỹ thuật học sâu, là một loại mạng nơ-ron chuyên tiếp của mô hình kết nối giữa các tế bào thần kinh phản ứng với các vùng chồng chéo của các tế bào thần kinh riêng lẻ trong nhận dạng hình ảnh. CNN sử dụng một kiến trúc phức tạp gồm các lớp xếp chồng lên nhau đặc biệt thích nghi tốt để phân loại hình ảnh. CNN mạnh mẽ và nhạy cảm với mọi tính năng được tìm thấy trong hình ảnh, đặc biệt là đối với các nghiên cứu phân loại với các lớp đầu ra cao. Hình 5 minh họa cấu trúc cơ bản của một ví dụ CNN [13].



Hình 5. Cấu trúc cơ bản của một ví dụ CNN.

Mạng nơ-ron tích chập thường bao gồm một hoặc nhiều lớp chập, là một bước lấy mẫu phụ. Sau đó, nó bao gồm một hoặc nhiều lớp được kết nối đầy đủ, chẳng hạn như mạng nơ-ron đa lớp tiêu chuẩn. Kiến trúc CNN được thiết kế để tận dụng cấu trúc 2D của đầu vào hình ảnh hai chiều (2D). Điều này được tóm tắt bởi các kết nối cục bộ và trọng số liên quan, dẫn đến các thuộc tính thay đổi liên tục. Một lợi ích khác của CNN là chúng có ít đào tạo hơn và các tham

số dễ dàng hơn so với các mạng được kết nối hoàn toàn với cùng một số nút ẩn. CNN sử dụng mối tương quan không gian – cục bộ bằng cách áp dụng mô hình liên kết cục bộ giữa các tế bào thần kinh của lớp liền kề [29].

3.4. Đánh giá hiệu suất

Các nghiên cứu phân loại được thực hiện trong bối cảnh y tế sử dụng các phương trình khác nhau để đánh giá hiệu suất từ các điểm khác nhau. Độ chính xác, Thu hồi, đo F, độ đặc hiệu và độ nhạy là một số trong số đó và các phương trình tính toán này được chạy để đánh giá độ chính xác của mô hình phân loại được sử dụng [30].

Người đánh giá hiệu suất đảm bảo vai trò quan trọng trong các nhiệm vụ phân loại. Độ chính xác là tiêu chí phổ biến nhất và tỷ lệ các quyết định chính xác được thực hiện bởi một bộ phân loại. Độ nhạy, còn được gọi là nhớ lại, tìm ra mức độ phân loại liên quan có thể nhận ra các ví dụ tích cực. Ngoài ra, tính cụ thể tìm ra mức độ phân loại tương tự có thể nhận ra các ví dụ tiêu cực. Độ chính xác là một tỷ lệ dự đoán thực sự tích cực của các mẫu dương tính. Được biết, có một mối quan hệ hyperbolic giảm giữa độ nhạy và độ chính xác, và một cách để đối phó với nó là sử dụng biểu đồ ROC. Đồ thị ROC là hai chiều, trong đó tỷ lệ dương tính giả (1 – độ đặc hiệu) được vẽ trên trục ngang và độ chính xác được vẽ trên trục dọc. Ngoài ra, thước đo F là trung bình hài hòa của độ nhạy và độ chính xác [31]:

$$Accuracy = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} \quad (4.1)$$

$$Sensitivity = \frac{TP}{TP + FN} \quad (4.2)$$

$$Specificity = \frac{TN}{FP + TN} \quad (4.3)$$

$$Precision = \frac{TP}{TP + FP} \quad (4.4)$$

$$Recall = Sensitivity \quad (4.5)$$

$$F\text{-measure} = 2 * \left[\frac{(Precision * Recall)}{(Precision + Recall)} \right] \quad (4.6)$$

Trong các phương trình này (4.1 – 4.6), TP và FP có nghĩa là tương ứng với tổng số liên quan đến dương tính thật và tổng số liên quan đến chẩn đoán dương tính giả. TN và FN lần

lượt là số âm tính thật và âm tính giả. FPTN cũng đại diện cho số lượng dương tính giả và nó được tính từ các mẫu âm tính trong kết quả phân loại.

Đối với bộ phân loại, độ chính xác đề cập đến độ chính xác của chẩn đoán chính xác. Tỷ lệ độ nhạy cho biết bộ phân loại xác định chính xác sự xuất hiện của lớp mục tiêu như thế nào. Tỷ lệ đặc hiệu được sử dụng để xác định khả năng phân bổ lớp mục tiêu của bộ phân loại. Độ chính xác là thước đo chất lượng của kết quả chính xác hoặc không chính xác. Nhớ lại, còn được gọi là tỷ lệ dương tính thực sự và cung cấp tỷ lệ dương tính được xác định tích cực trong xét nghiệm. Thước đo F còn được gọi là điểm F1 và cung cấp một thước đo về độ chính xác của bài kiểm tra. Đó là trung bình hài hòa có trọng số của sự nhạy cảm và nhớ lại [32, 33].

4. ỨNG DỤNG CHẨN ĐOÁN

Phần mềm MATLAB r2017a đã được sử dụng trong tất cả các nghiên cứu xử lý và phân loại hình ảnh. Trong ứng dụng này, 200 hình ảnh kỹ thuật số đáy võng mạc được màu được chọn ngẫu nhiên từ cơ sở dữ liệu Messidor đã được sử dụng để đánh giá phương pháp được giới thiệu trong nghiên cứu này. Cơ sở dữ liệu đi kèm với bốn lớp đầu ra khác nhau như võng mạc bình thường, phù điểm vàng (ME), bệnh võng mạc tiểu đường tăng sinh (PDR) và bệnh võng mạc tiểu đường không tăng sinh (NPDR). 200 hình ảnh kỹ thuật số đáy võng mạc màu được chọn ngẫu nhiên từ cơ sở dữ liệu Messidor được chia như sau: 99 bình thường, 19 phù điểm vàng (ME), 27 bệnh võng mạc tiểu đường tăng sinh (PDR) và cuối cùng 55 bệnh võng mạc tiểu đường không tăng sinh (NPDR).

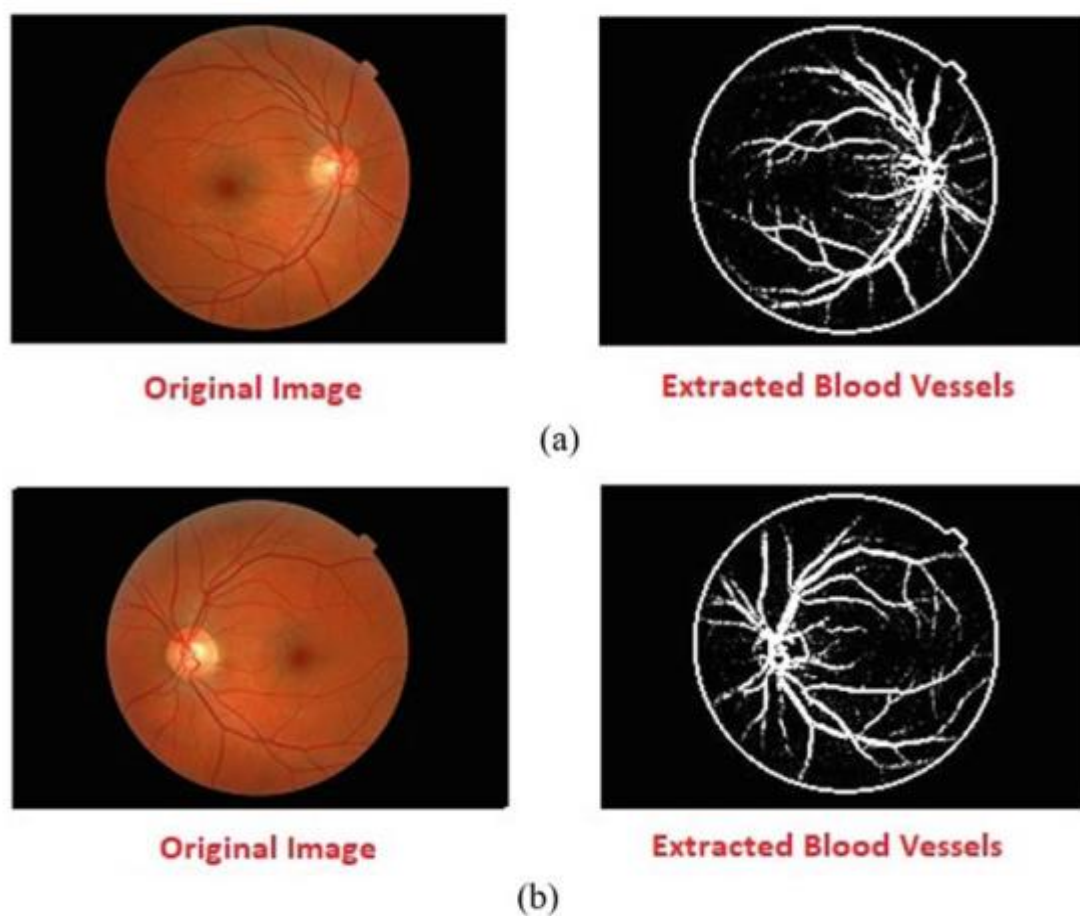
Hình ảnh kỹ thuật số đáy võng mạc 200 màu này đã được xử lý như các kỹ thuật xử lý hình ảnh được mô tả trong phần trước. Khai thác mạch võng mạc được thực hiện bằng phương pháp Template của Kirsch. Các mẫu hình ảnh mạch võng mạc được trích xuất thu được khi kết thúc quá trình xử lý hình ảnh được đưa ra trong Hình 6. Trong Hình 6, các mạch máu được trích xuất (a) dành cho hình ảnh 20051213_61892_0100_PP.tif và (b) dành cho hình ảnh 20051213_61951_0100_PP.tif từ Cơ sở dữ liệu Messidor. Giai đoạn phân loại được thực hiện với những hình ảnh thu được này.

Các hình ảnh mạch máu được trích xuất đã được CNN phân loại. CNN là một loại mạng sâu nhận và xử lý dữ liệu hình ảnh với nhân của nó là một đối tượng. Trong mô hình này, CNN có 8 lớp. Các lớp này lần lượt là lớp đầu vào hình ảnh, lớp tích chập, lớp ReLU, lớp chuẩn hóa

kênh chéo, lớp tổng hợp tối đa, lớp được kết nối đầy đủ, lớp softmax và phân loại (lớp phân loại). Chi tiết của các lớp liên quan được đưa ra trong Bảng 2.

Input Layer được sử dụng để chỉ định các giá trị của hình ảnh. Trong nghiên cứu này, các giá trị hình ảnh lần lượt là $149 \times 224 \times 3$ và những con số này tương ứng với chiều cao, chiều rộng và định dạng RGB của hình ảnh. Biến đổi dữ liệu trong lớp này, chẳng hạn như chuẩn hóa dữ liệu hoặc nâng cao dữ liệu, dựa trên ý tưởng dịch ngẫu nhiên và cắt ngắn dữ liệu liên quan. Chuyển đổi dữ liệu thường được sử dụng để ngăn chặn trang bị thừa và được thực hiện tự động khi bắt đầu quá trình đào tạo.

Trong mô hình CNN này có một lớp tích chập. Các tham số của lớp tích chập được liên kết với kích thước của bộ lọc mạng. Tại thời điểm này, kích thước bộ lọc được xác định là 4 và tham số thứ hai liên quan đến số lượng tế bào thần kinh xác định tổng số bản đồ tính năng và liên kết với cùng một vùng đầu ra với số lượng bộ lọc, đã được chọn 16.



Hình 6. Các mạch máu được trích xuất. (a) cho hình ảnh 20051213_61892_0100_PP.tif, (b) cho hình ảnh 20051213_61951_0100_PP.tif từ cơ sở dữ liệu Messidor.

Bảng 2. Các lớp CNN và tính chất của chúng

Order no	Layers	Properties
1	Input layer	[149 224 3]
2	Convolutional layer	(4, 16)
3	ReLU layer	–
4	Cross channel normalization layer	(2)
5	Maximum pool layer	(4, 'Stride', 3)
6	Fully connected layer	(numClasses, 'WLRF', 20, 'BLRF', 20)
7	Softmax layer	%89.47
8	Classification layer	%78.00

Lớp đơn vị tuyến tính chỉnh lưu (ReLU) là một chức năng kích hoạt. Một hàm kích hoạt phi tuyến được cung cấp bằng cách đi theo lớp tích chập trong lớp ReLU. Ở đây, chức năng của đơn vị tuyến tính chỉnh lưu đã được chạy tương ứng.

Mặt khác, vì một lớp chuẩn hóa kênh chéo được đưa vào CNN, kích thước của cửa sổ kênh là 2, tương ứng với kích thước cửa sổ kênh để chuẩn hóa.

Lớp gộp tối đa được sử dụng để lấy mẫu xuống nhằm giảm tổng số tham số và do đó ngăn ngừa vấn đề quá mức. Tóm lại, lớp đó trả về các giá trị tối đa của các vùng (hình chữ nhật) của các mục được chỉ định bởi kích thước nhóm đối số đầu tiên. Trong mô hình này, kích thước của hình chữ nhật được đặt thành [3, 4]. Chức năng bước cũng được sử dụng để xác định kích thước bước trong khi hình ảnh được quét kỹ lưỡng bởi chức năng luyện tập.

Lớp được kết nối đầy đủ thu thập tất cả các thuộc tính có liên quan mà các lớp được đặt trước đó đã tìm hiểu về hình ảnh để xác định các mẫu lớn hơn. Để phân loại trên những thứ này, lớp cuối cùng của lớp được kết nối đầy đủ thu thập chúng. Do đó, tham số kích thước đầu ra trên lớp cuối cùng được kết nối đầy đủ được đặt thành số lớp trong bảng đích. Cơ sở dữ liệu chứa bốn lớp đầu ra như vớng mạc bình thường, phù hoàng điểm (ME), bệnh vớng mạc tiểu đường tăng sinh (PDR) và bệnh vớng mạc tiểu đường không tăng sinh (NPDR). Vì lý do này, số lượng lớp đầu ra (numClasses) là 4.

Lớp cuối cùng trong mô hình CNN là lớp phân loại. Trong bối cảnh các ứng dụng phân loại, lớp được kết nối đầy đủ đó thường dựa trên chức năng kích hoạt softmax. Lớp này ước

tính bằng cách sử dụng các khả năng được trả về bởi hàm kích hoạt softmax cho mỗi mục nhập để gán lẫn nhau một trong các lớp tùy chỉnh.

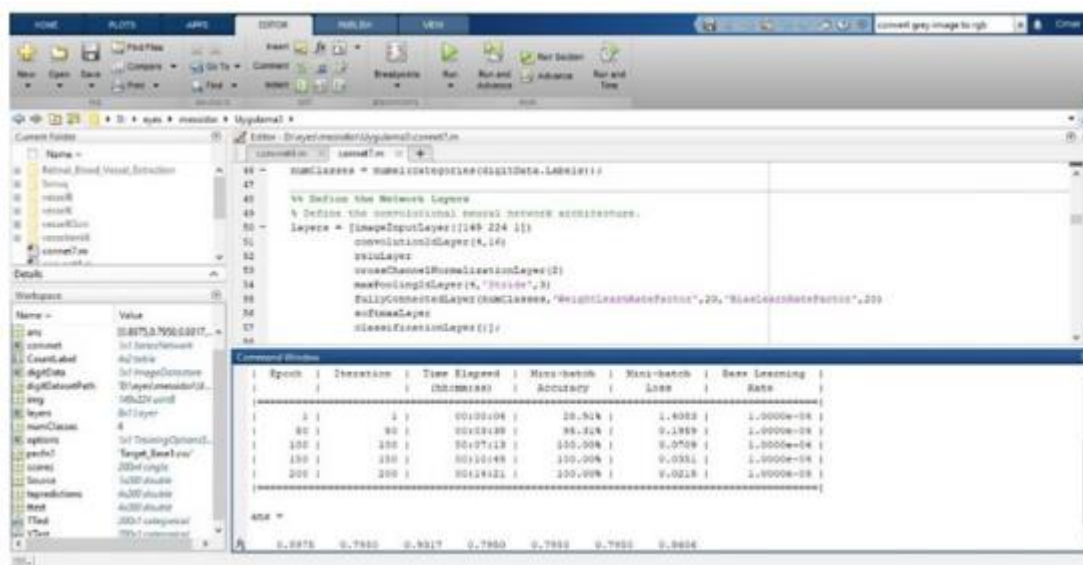
Đối với mô hình CNN được đề xuất, một ảnh chụp màn hình mẫu đã được đưa ra Hình 7. Hình 7 này cũng hiển thị các giá trị thu được khi kết thúc thử nghiệm phân loại.

Trong ứng dụng phân loại, 160 hình ảnh được chọn ngẫu nhiên (80% mẫu) từ Bộ dữ liệu hình ảnh đầy vồng mạc Messidor được sử dụng làm dữ liệu đào tạo và 40 hình ảnh (20% mẫu) được sử dụng dữ liệu thử nghiệm. Nghiên cứu phân loại được lặp lại 20 lần cho dữ liệu đào tạo và kiểm tra khác nhau được chọn ngẫu nhiên.

Trong mô hình CNN được đề xuất, giá trị thời kỳ tối đa được đặt 200 thời kỳ và số lớp ẩn là 10. Trong ứng dụng phân loại, 80% mẫu được chọn ngẫu nhiên (160 hình ảnh) từ Bộ dữ liệu hình ảnh đầy vồng mạc Messidor được sử dụng làm dữ liệu đào tạo và 20% mẫu (40 hình ảnh) được sử dụng dữ liệu thử nghiệm. Nghiên cứu phân loại được lặp lại 20 lần cho dữ liệu đào tạo và kiểm tra khác nhau được chọn ngẫu nhiên.

5. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

Kết quả thí nghiệm được đánh giá với các tiêu chí đánh giá hiệu suất như độ chính xác, độ đặc hiệu, độ nhạy, độ chính xác, thu hồi và thước đo F.



Hình 7. Ảnh chụp màn hình mẫu cho mô hình CNN được đề xuất.

Các giá trị hiệu suất thu được thông qua 20 thử nghiệm phân loại được đưa ra trong Bảng 3, đó là độ chính xác, độ đặc hiệu, độ nhạy, độ chính xác, thu hồi và đo F.

Như có thể thấy từ Bảng 3, các giá trị khá cao đã thu được. Để giải thích tốt hơn các tiêu chí thực hiện của các thử nghiệm phân loại, các giá trị thấp nhất, trung bình và cao nhất cho mỗi tiêu chí được đưa ra trong Bảng 4.

Từ Bảng 4, tỷ lệ chính xác phân loại thấp nhất là 87,25%, tỷ lệ chính xác phân loại trung bình là 89,84% và tỷ lệ chính xác phân loại cao nhất là 91,50%. Độ nhạy phân loại và tỷ lệ thu hồi thấp nhất là 74,5%, độ nhạy phân loại và tỷ lệ thu hồi trung bình là 79,68%, và độ nhạy phân loại và tỷ lệ thu hồi cao nhất là 83,0%. Tỷ lệ đặc hiệu phân loại thấp nhất là 91,5%, tỷ lệ đặc hiệu phân loại trung bình là 93,23% và tỷ lệ đặc hiệu phân loại cao nhất là 94,33%. Độ chính xác phân loại thấp nhất và tỷ lệ đo F là 74,5%, độ chính xác phân loại trung bình và tỷ lệ đo F là 79,68%, và độ chính xác phân loại cao nhất và tỷ lệ đo F là 83,3%.

Bảng 3. Các tiêu chí thực hiện thu được trong 20 thử nghiệm phân loại

Trial no	Accuracy	Sensitivity	Specificity	Precision	Recall	F-measure
1	0.8725	0.7450	0.9150	0.7450	0.7450	0.7450
2	0.8950	0.7900	0.9300	0.7900	0.7900	0.7900
3	0.8950	0.7900	0.9300	0.7900	0.7900	0.7900
4	0.8900	0.7800	0.9267	0.7800	0.7800	0.7800
5	0.9050	0.8100	0.9367	0.8100	0.8100	0.8100
6	0.9100	0.8200	0.9400	0.8200	0.8200	0.8200
7	0.8950	0.7900	0.9300	0.7900	0.7900	0.7900
8	0.8925	0.7850	0.9283	0.7850	0.7850	0.7850
9	0.8975	0.7950	0.9317	0.7950	0.7950	0.7950
10	0.8950	0.7900	0.9300	0.7900	0.7900	0.7900
11	0.9150	0.8300	0.9433	0.8300	0.8300	0.8300
12	0.8775	0.7550	0.9183	0.7550	0.7550	0.7550
13	0.9050	0.8100	0.9367	0.8100	0.8100	0.8100
14	0.9050	0.8100	0.9367	0.8100	0.8100	0.8100
15	0.9150	0.8300	0.9433	0.8300	0.8300	0.8300
16	0.8950	0.7900	0.9300	0.7900	0.7900	0.7900
17	0.9050	0.8100	0.9367	0.8100	0.8100	0.8100
18	0.9100	0.8200	0.9400	0.8200	0.8200	0.8200
19	0.9150	0.8300	0.9433	0.8300	0.8300	0.8300
20	0.8775	0.7550	0.9183	0.7550	0.7550	0.7550
Average	0.8984	0.7968	0.9323	0.7968	0.7968	0.7968

Các nghiên cứu phân loại cho bộ dữ liệu Messidor với CNN có độ chính xác, độ nhạy và độ đặc hiệu cao. Các tiêu chí hiệu suất của mô hình được đề xuất được so sánh với các nghiên cứu trước đây sử dụng cùng một cơ sở dữ liệu để đánh giá hiệu suất của nó. Bảng 5 báo cáo những phát hiện thu được theo cách này.

Các giá trị chính xác, độ nhạy và độ đặc hiệu cao nhất thu được bằng cách xử lý hình ảnh và phương pháp tiếp cận CNN. Thu được kết quả rất khác nhau trong các ứng dụng có cùng mô hình CNN cho cùng một cơ sở dữ liệu [nghiên cứu này, 15, 16] cho thấy tầm quan trọng của xử lý hình ảnh. Các giá trị thu được trong chiết xuất mạch máu và ứng dụng CNN được đề xuất trong nghiên cứu này vẫn cao hơn các phương pháp truyền thống và giá trị trung bình.

Bảng 4. Các giá trị thấp nhất, trung bình và cao nhất của các tiêu chí hiệu suất

Criteria	Lowest	Average	Highest
Accuracy	0.8725	0.8984	0.9150
Sensitivity	0.7450	0.7968	0.8300
Specificity	0.9150	0.9323	0.9433
Precision	0.7450	0.7968	0.8300
Recall	0.7450	0.7968	0.8300
F-measure	0.7450	0.7968	0.8300

Bảng 5. So sánh độ chính xác, độ nhạy và độ đặc hiệu của phân loại

Method	Accuracy	Sensitivity	Specificity
Vessel extraction and CNN (this study)	0.8984	0.7968	0.9323
Image processing and CNN [15]	0.9730	–	–
Image processing and CNN [16]	0.9700	0.9400	0.9800
Image processing and CNN [34]	0.9600	1	0.9000
Deep neural network (DNN) [35]	0.9800**	0.9000	0.9600
Ensemble-based framework [2]	0.8200	0.7600	0.8800
Bag of words model [3]	0.9440	0.9400	–
Particle swarm optimization and the fuzzy C-means [36]	0.9450	0.9100	0.9800
Fractal analysis and K-nearest neighbor (KNN) [37]	0.8917	–	–
Texture features, and support vector machine (SVM) [38]	0.8520	0.8950	0.972
Marker-controlled watershed transformation [39]	0.8520	0.8090	0.9020

Best values are in bold

** ROC value

Độ nhạy cao thu được cho thấy mô hình được phát triển xác định chính xác sự hình thành của lớp mục tiêu. Tỷ lệ độ đặc hiệu cao thu được cho thấy mô hình được phát triển có khả năng phân bổ lớp mục tiêu rất cao. F-measure là trung bình hài hòa của bộ phân loại và thu hồi của nó. Trong hầu hết các trường hợp, có sự cân bằng giữa độ chính xác và thu hồi. Nếu bạn tối ưu hóa bộ phân loại để tăng cái này và loại bỏ cái kia, trung bình hài hòa sẽ giảm nhanh

chóng. Tuy nhiên, khi cả độ nhạy và khả năng nhớ lại bằng nhau, nó là lớn nhất. Nếu thước đo F rất cao, bộ phân loại ở trong tình trạng rất tốt.

Nghiên cứu này đã chứng minh rằng CNN có thể phát hiện bệnh võng mạc tiểu đường tái tạo với độ nhạy và độ đặc hiệu gần 80 và 90% hoặc cao hơn cho cơ sở dữ liệu Messidor. Nó có thể phát hiện thành công bốn loại hình ảnh khác nhau trong cơ sở dữ liệu.

6. TÓM TẮT

Bệnh võng mạc tiểu đường được biết đến như một vấn đề y tế quan trọng liên quan đến bệnh tiểu đường. Đó là bởi vì nó gây suy giảm thị lực nếu việc điều trị không được thực hiện đúng cách trong thời gian dài. Bệnh võng mạc tiểu đường (DR) là một bệnh về mắt nghiêm trọng do bệnh tiểu đường gây ra và là nguyên nhân phổ biến nhất gây mù lòa ở các nước phát triển. Một trong ba người mắc bệnh tiểu đường có các triệu chứng của DR, và thật không may, đây là một mối đe dọa rất nghiêm trọng đối với thị lực của họ. Đương nhiên, chẩn đoán và điều trị sớm là rất quan trọng để ngăn ngừa bệnh nhân bị ảnh hưởng hoặc ít nhất là làm chậm sự tiến triển của DR. Do đó, việc sàng lọc hàng loạt bệnh nhân đái tháo đường là vô cùng quan trọng.

Bệnh võng mạc tiểu đường (DR) là kết quả của sự bất thường của các mạch máu, được gọi là biến chứng mạch máu. Do đó, nó gây ra bệnh nhân tiểu đường dẫn đến nguy cơ mù lòa cao gấp 25 lần so với những người không mắc bệnh tiểu đường. 40,3% bệnh nhân trên 40 tuổi bị DR. Có bốn giai đoạn của DR [9]:

- Bệnh võng mạc tăng sinh nhẹ: Ở giai đoạn đầu, các vi phình động mạch xảy ra và có thể gây chảy máu hoặc tiết dịch cứng.
- Bệnh võng mạc không tăng sinh vừa phải: Ở giai đoạn thứ hai này, các vết màu trắng xảy ra do quá trình nuôi cấy võng mạc bị thiếu.
- Bệnh võng mạc tăng sinh nặng: Ở giai đoạn thứ ba, việc cung cấp máu có thể hạn chế nhiều khu vực của võng mạc và một số mạch máu.
- Bệnh võng mạc tăng sinh: Ở giai đoạn cuối đó, gel thủy tinh thể theo đó chảy vào mắt và sau đó các mạch máu không thể đảm bảo lưu lượng máu đầy đủ. Cuối cùng, tầm nhìn có thể bị mất và trạng thái đó có thể hướng tới mù lòa.

Nói chung, DR được quan sát với năm loại khác nhau, bằng cách phân tích sự hiện diện của các đặc điểm lâm sàng. Đây lần lượt là bệnh võng mạc tiểu đường không tăng sinh nhẹ (NPDR), NPDR trung bình, NPDR nặng, PDR và phù hoàng điểm (ME) [10]. Hình 1 cho thấy

võng mạc bình thường và ba loại hình ảnh DR như võng mạc bình thường, phù điểm vàng (ME), bệnh võng mạc tiểu đường tăng sinh (PDR) và bệnh võng mạc tiểu đường không tăng sinh (NPDR) trong cơ sở dữ liệu đáy võng mạc Messidor.

Do tầm quan trọng của DR, nhiều nghiên cứu đã được tiến hành để chẩn đoán. Trong các nghiên cứu này, hình ảnh đáy màu võng mạc và Mạng nơ-ron tích chập như một phương pháp học sâu (CNN) đã được sử dụng rộng rãi. Vì đầu vào của hệ thống chẩn đoán DR tự động là hình ảnh đáy võng mạc, đầu vào hệ thống được cải thiện bằng cách sử dụng các kỹ thuật xử lý hình ảnh và tiền xử lý hình ảnh. Việc phân loại sau đó được thực hiện với CNN hoặc các mô hình nâng cao.

Hình ảnh kỹ thuật số 200 đáy võng mạc (đầy màu sắc) đó đã được xử lý như các kỹ thuật xử lý hình ảnh được mô tả trong phần trước. Khai thác mạch võng mạc được thực hiện bằng phương pháp Mẫu của Kirsch. Các hình ảnh mạch máu được trích xuất đã được CNN phân loại. CNN là một loại mạng sâu nhận và xử lý dữ liệu hình ảnh với nhãn của nó là một đối tượng. Trong mô hình này, CNN có 8 lớp. Các lớp này lần lượt là lớp đầu vào hình ảnh, lớp tích chập, lớp ReLU, lớp chuẩn hóa kênh chéo, lớp tổng hợp tối đa, lớp được kết nối đầy đủ, lớp softmax và phân loại (lớp phân loại).

Các kết quả thí nghiệm được đánh giá với các tiêu chí đánh giá hiệu suất như độ chính xác, độ đặc hiệu, độ nhạy, độ chính xác, thu hồi và đo F, thu được từ các thử nghiệm. Khi các tiêu chí hiệu suất được so sánh với các nghiên cứu trước đây được sử dụng bộ dữ liệu Messidor, các giá trị chính xác, độ nhạy và độ đặc hiệu cao nhất đã thu được bằng cách xử lý hình ảnh và phương pháp tiếp cận CNN. Thu được kết quả rất khác nhau trong các ứng dụng có cùng mô hình CNN cho cùng một cơ sở dữ liệu [nghiên cứu này, 15, 16] cho thấy tầm quan trọng của xử lý hình ảnh. Các giá trị thu được trong chiết xuất mạch máu và ứng dụng CNN được đề xuất trong nghiên cứu này vẫn cao hơn các phương pháp truyền thống và trung bình.

Nghiên cứu này đã chứng minh rằng CNN có thể phát hiện bệnh võng mạc tiểu đường tái tạo với độ nhạy và độ đặc hiệu gần 80 và 90% hoặc cao hơn cho cơ sở dữ liệu Messidor. Nó có thể phát hiện thành công bốn loại hình ảnh khác nhau trong cơ sở dữ liệu.

Ngoài các ứng dụng hình ảnh y tế, học sâu cũng có hiệu quả trong việc xử lý dữ liệu âm thanh. Vì một hệ thống hỗ trợ quyết định y tế sẽ có thể xử lý dữ liệu loại đa phương tiện, điều

quan trọng là chẩn đoán bệnh bằng cách sử dụng dữ liệu âm thanh. Liên quan đến một căn bệnh nghiêm trọng: Parkinson.

7. BÀI TOÁN THỰC TẾ

7.1. Tập dữ liệu

Bộ dữ liệu có nguồn gốc từ Viện Quốc gia về bệnh tiểu đường, bệnh tiêu hóa và bệnh thận. Mục tiêu là dự đoán dựa trên các phép đo chẩn đoán xem bệnh nhân có mắc bệnh tiểu đường hay không.

Tất cả các bệnh nhân ở đây đều là nữ từ 21 tuổi trở lên thuộc dòng dõi người da đỏ Pima. Dữ liệu gồm 768 bản ghi với 768 hàng và 9 cột, với mỗi thuộc tính đều có giá trị là số, tương ứng với các cột như sau:

1. Number of times pregnant
2. Plasma glucose concentration a 2 hours in an oral glucose tolerance test
3. Diastolic blood pressure (mm Hg)
4. Triceps skin fold thickness (mm)
5. 2-Hour serum insulin (mu U/ml)
6. Body mass index (weight in kg/(height in m)^2)
7. Diabetes pedigree function
8. Age (years)
9. Class variable (0 or 1)

7.2. Dự đoán bệnh tiểu đường

Dự đoán bệnh tiểu đường từ tập dữ liệu trên theo phương pháp hồi quy logistic bằng phần mềm python.

Khai báo các thư viện cần thiết.

```
import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt
import numpy as np
import seaborn as sns
from sklearn.linear_model import LogisticRegression
from sklearn.model_selection import train_test_split
from sklearn.metrics import accuracy_score
```

```
import statsmodels.api as sm
from statsmodels.formula.api import logit
```

Đọc dữ liệu và kiểm tra dữ liệu.

```
df = pd.read_csv(".\input\diabetes.csv")
df.head() # Kiểm tra 5 dòng dữ liệu đầu tiên (Hình 8)
```

```
df.info() # Kiểm tra thông tin của bảng dữ liệu (Hình 9)
```

```
In [2]: 1 df = pd.read_csv(".\input\diabetes.csv")
        2 df.head()
```

```
Out[2]:
```

	Pregnancies	Glucose	BloodPressure	SkinThickness	Insulin	BMI	DiabetesPedigreeFunction	Age	Outcome
0	6	148	72	35	0	33.6	0.627	50	1
1	1	85	66	29	0	26.6	0.351	31	0
2	8	183	64	0	0	23.3	0.672	32	1
3	1	89	66	23	94	28.1	0.167	21	0
4	0	137	40	35	168	43.1	2.288	33	1

Hình 8. Kiểm tra 5 dòng đầu dữ liệu.

```
In [3]: 1 df.info()
```

```
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 768 entries, 0 to 767
Data columns (total 9 columns):
#   Column                               Non-Null Count  Dtype
---  -
0   Pregnancies                         768 non-null    int64
1   Glucose                             768 non-null    int64
2   BloodPressure                       768 non-null    int64
3   SkinThickness                       768 non-null    int64
4   Insulin                             768 non-null    int64
5   BMI                                 768 non-null    float64
6   DiabetesPedigreeFunction            768 non-null    float64
7   Age                                 768 non-null    int64
8   Outcome                             768 non-null    int64
dtypes: float64(2), int64(7)
memory usage: 54.1 KB
```

Hình 9. Kiểm tra thông tin của bảng dữ liệu.

Phân tích và khai thác dữ liệu

- Hiện thị 10 dòng từ bảng dữ liệu để kiểm tra

```
df.sample(10) # Hình 10
```

- Nhận biết các kiểu dữ liệu trong bảng

`df.info()` # Hình 11

- Tóm tắt bảng dữ liệu

`df.drop(columns="Outcome").describe()` # Hình 12

In [4]:

```
1 #print 10 rows from df
2 df.sample(10)
```

Out[4]:

	Pregnancies	Glucose	BloodPressure	SkinThickness	Insulin	BMI	DiabetesPedigreeFunction	Age	Outcome
743	9	140	94	0	0	32.7	0.734	45	1
207	5	162	104	0	0	37.7	0.151	52	1
401	6	137	61	0	0	24.2	0.151	55	0
284	2	108	80	0	0	27.0	0.259	52	1
695	7	142	90	24	480	30.4	0.128	43	1
295	6	151	62	31	120	35.5	0.692	28	0
285	7	136	74	26	135	26.0	0.647	51	0
430	2	99	0	0	0	22.2	0.108	23	0
289	5	108	72	43	75	36.1	0.263	33	0
480	3	158	70	30	328	35.5	0.344	35	1

Hình 10. Hiển thị 10 dòng dữ liệu để kiểm tra.

In [5]:

```
1 #Get to know the data types that exist in data
2 df.info()
```

```
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 768 entries, 0 to 767
Data columns (total 9 columns):
#   Column                Non-Null Count  Dtype
---  -
0   Pregnancies            768 non-null    int64
1   Glucose                 768 non-null    int64
2   BloodPressure           768 non-null    int64
3   SkinThickness           768 non-null    int64
4   Insulin                 768 non-null    int64
5   BMI                     768 non-null    float64
6   DiabetesPedigreeFunction 768 non-null    float64
7   Age                     768 non-null    int64
8   Outcome                 768 non-null    int64
dtypes: float64(2), int64(7)
memory usage: 54.1 KB
```

Hình 11. Nhận biết các kiểu dữ liệu có trong bảng.

```
In [6]: 1 # summary of data
        2 df.drop(columns="Outcome").describe()
```

```
Out[6]:
```

	Pregnancies	Glucose	BloodPressure	SkinThickness	Insulin	BMI	DiabetesPedigreeFunction	Age
count	768.000000	768.000000	768.000000	768.000000	768.000000	768.000000	768.000000	768.000000
mean	3.845052	120.894531	69.105469	20.536458	79.799479	31.992578	0.471876	33.240885
std	3.369578	31.972618	19.355807	15.952218	115.244002	7.884160	0.331329	11.760232
min	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.078000	21.000000
25%	1.000000	99.000000	62.000000	0.000000	0.000000	27.300000	0.243750	24.000000
50%	3.000000	117.000000	72.000000	23.000000	30.500000	32.000000	0.372500	29.000000
75%	6.000000	140.250000	80.000000	32.000000	127.250000	36.600000	0.626250	41.000000
max	17.000000	199.000000	122.000000	99.000000	846.000000	67.100000	2.420000	81.000000

Hình 12. Tóm tắt bảng dữ liệu.

Lưu trữ dữ liệu theo tuổi để truy cập tốt hơn.

```
df.loc[ (df["Age"] > 20 ) & (df["Age"] < 31), "n_age"] = "21-30"
df.loc[ (df["Age"] > 30 ) & (df["Age"] < 41), "n_age"] = "31-40"
df.loc[ (df["Age"] > 40 ) & (df["Age"] < 51), "n_age"] = "41-50"
df.loc[ (df["Age"] > 50 ) & (df["Age"] < 61), "n_age"] = "51-60"
df.loc[ (df["Age"] > 60 ) & (df["Age"] < 71), "n_age"] = "61-70"
df.loc[ (df["Age"] > 70 ) & (df["Age"] < 82), "n_age"] = "71-81"
```

Phân tích dữ liệu

- Phân lớp đầu ra chẩn đoán bệnh tiểu đường (Hình 13)

```
df["Outcome"].value_counts(normalize=True).plot(kind="bar", xlabel="Diabetes
diagnosis output", ylabel="Relative frequency", title="Class balance");
```

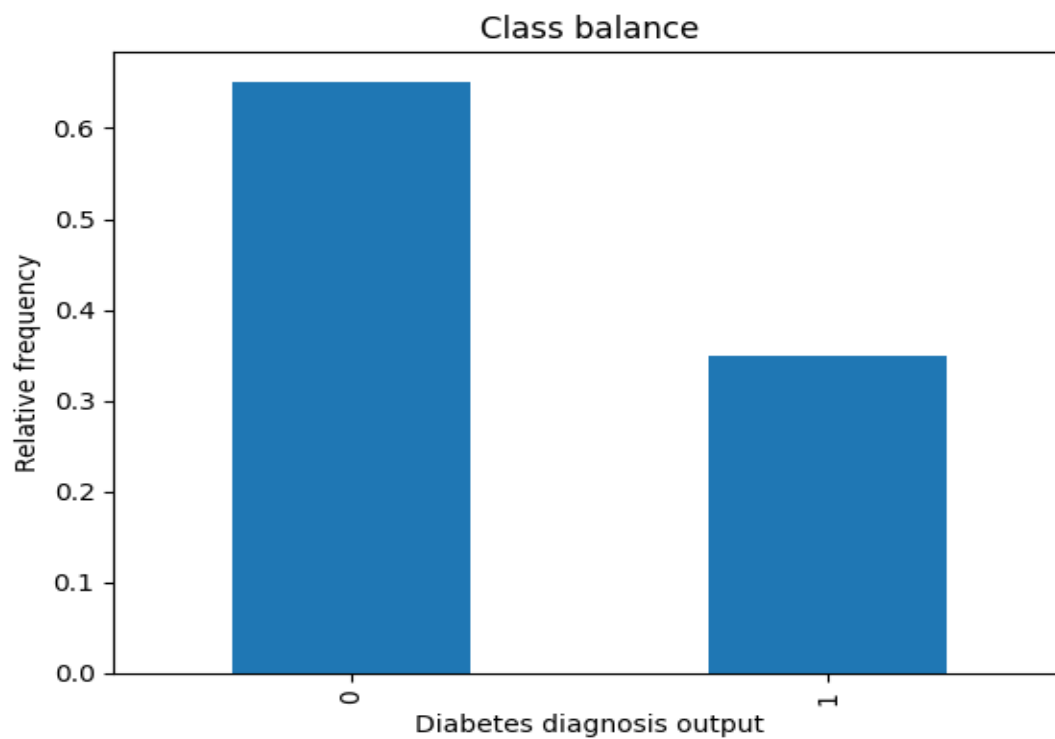
- Hiển thị biểu đồ phân bố theo độ tuổi (Hình 14)

```
plt.figure(figsize=(8, 6))

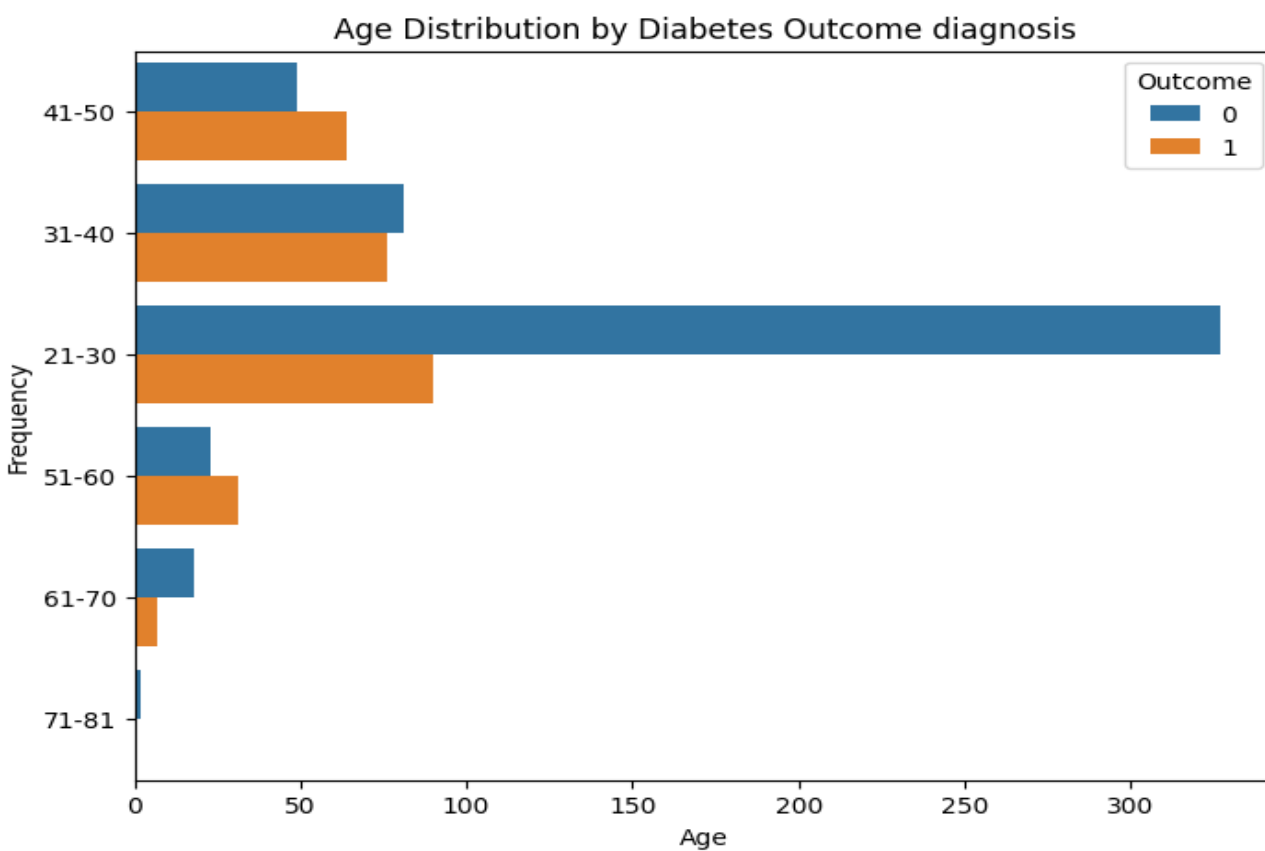
sns.countplot(y="n_age", hue=df["Outcome"], data=df)

plt.title("Age Distribution by Diabetes Outcome diagnosis")
plt.xlabel("Age")
plt.ylabel("Frequency")

plt.show()
```



Hình 13. Biểu đồ phân lớp mục tiêu.



Hình 14. Biểu đồ phân bố theo độ tuổi.

Kiểm tra các yếu tố về đường huyết

```
print("min", df["Glucose"].min())  
print("min", df["Glucose"].max())
```

```
In [10]: 1 #Glucose Factor  
2  
3 print("min", df["Glucose"].min())  
4 print("max", df["Glucose"].max())  
  
min 0  
max 199
```

Hình 15. Kết quả kiểm tra đường huyết trong bảng.

Kết quả cho thấy mức đường huyết trong dữ liệu từ 0 đến 199.

Thông kê các bệnh nhân có đường huyết cao từ 99 trở lên.

```
high = df[(df["Glucose"] > 99)]  
(high["Glucose"].groupby(df["Outcome"]).count() / len(high)).round(2).to_frame()
```

```
In [11]: 1 high = df[(df["Glucose"] > 99)]  
2 (high["Glucose"].groupby(df["Outcome"]).count() / len(high)).round(2).to_frame()  
  
Out[11]:
```

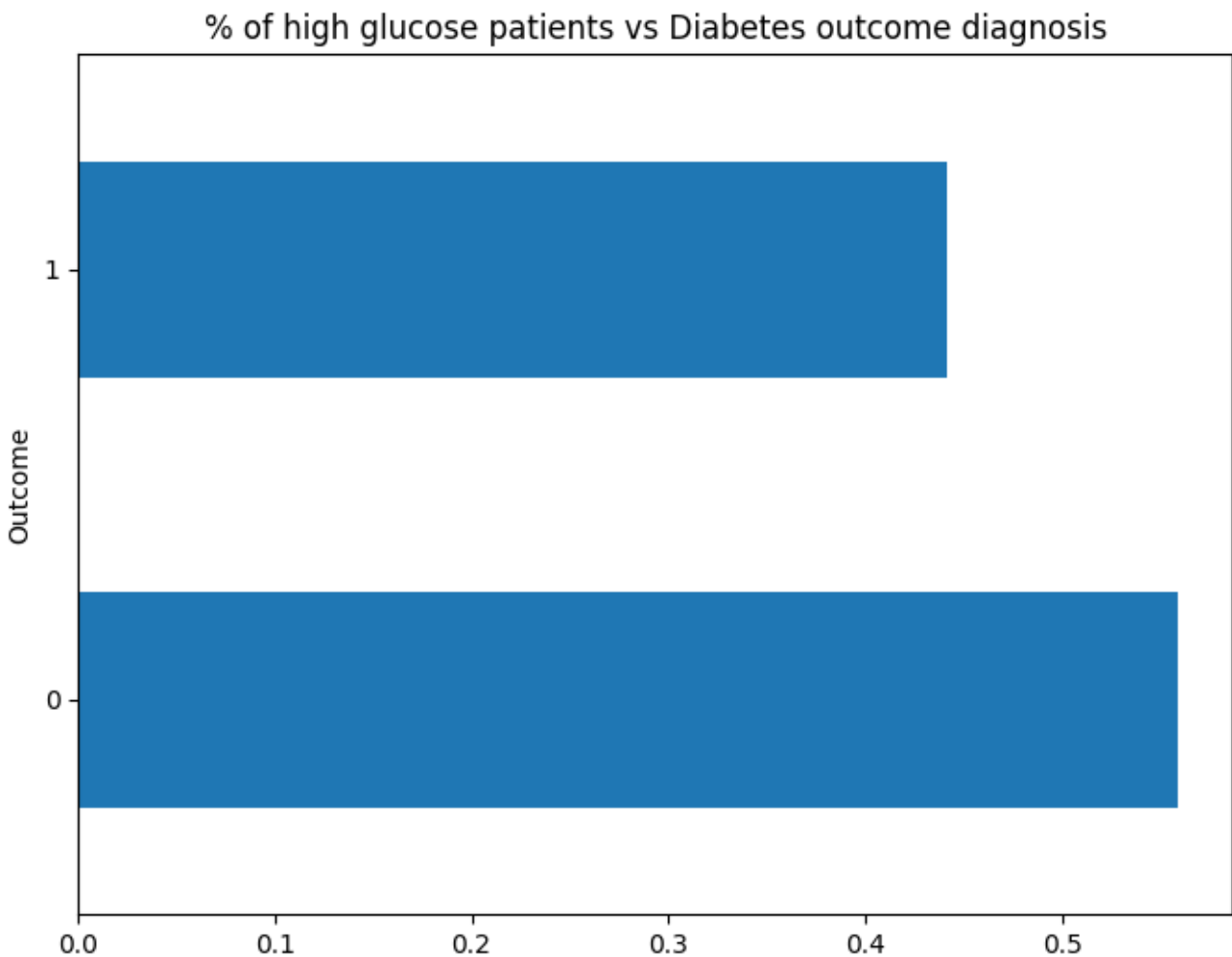
Glucose	
Outcome	
0	0.56
1	0.44

Hình 16. Kết quả thống kê các bệnh nhân có đường huyết cao.

Kết quả cho thấy 44% bệnh nhân có mức glucose cao từ 99 đến 199 được chẩn đoán mắc bệnh tiểu đường.

Vẽ biểu đồ so sánh tỷ lệ bệnh nhân có đường huyết cao so với chẩn đoán kết quả bệnh tiểu đường.

```
plt.figure(figsize=(8, 6))  
(high["Glucose"].groupby(df["Outcome"]).count() / len(high)).plot(kind="barh")  
plt.title("% of high glucose patients vs Diabetes outcome diagnosis");
```



Hình 17. Biểu đồ so sánh tỷ lệ bệnh nhân có đường huyết cao so với chẩn đoán bệnh tiểu đường.

Thống kê các bệnh nhân có đường huyết thấp.

```
low = df[(df["Glucose"] < 99)]
```

```
(low["Glucose"].groupby(df["Outcome"]).count() / len(low)).round(2).to_frame()
```

```
In [13]: 1 low = df[(df["Glucose"] < 99)]
          2 (low["Glucose"].groupby(df["Outcome"]).count() / len(low)).round(2).to_frame()
```

Out[13]:

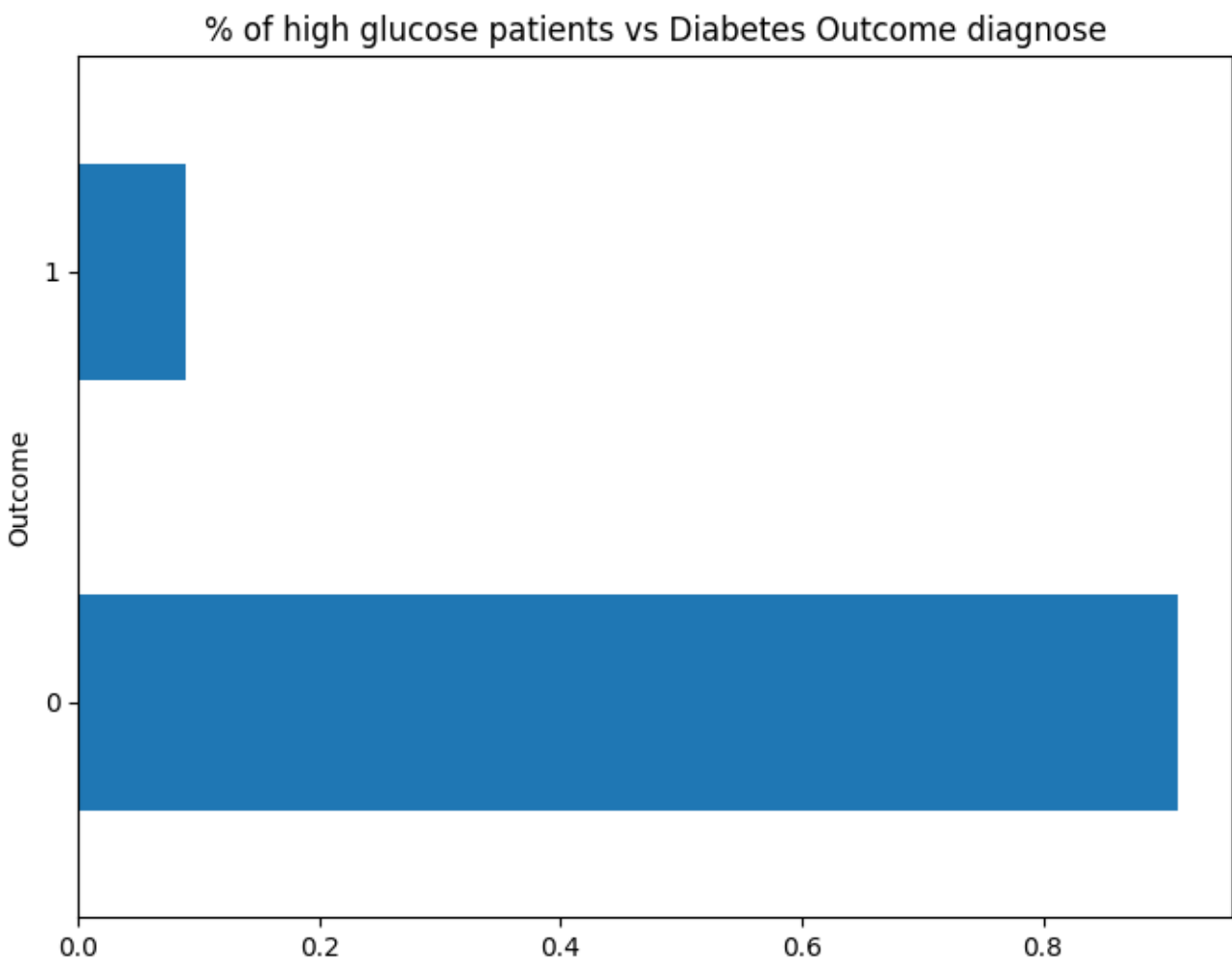
Glucose	
Outcome	
0	0.91
1	0.09

Hình 18. Kết quả thống kê bệnh nhân có đường huyết thấp.

Theo bảng thống kê, kết quả cho thấy 91% bệnh nhân có mức glucose thấp dưới 100 không bị tiểu đường và chỉ 9% trong số này bị tiểu đường.

Vẽ biểu đồ so sánh tỷ lệ các bệnh nhân có mức glucose thấp.

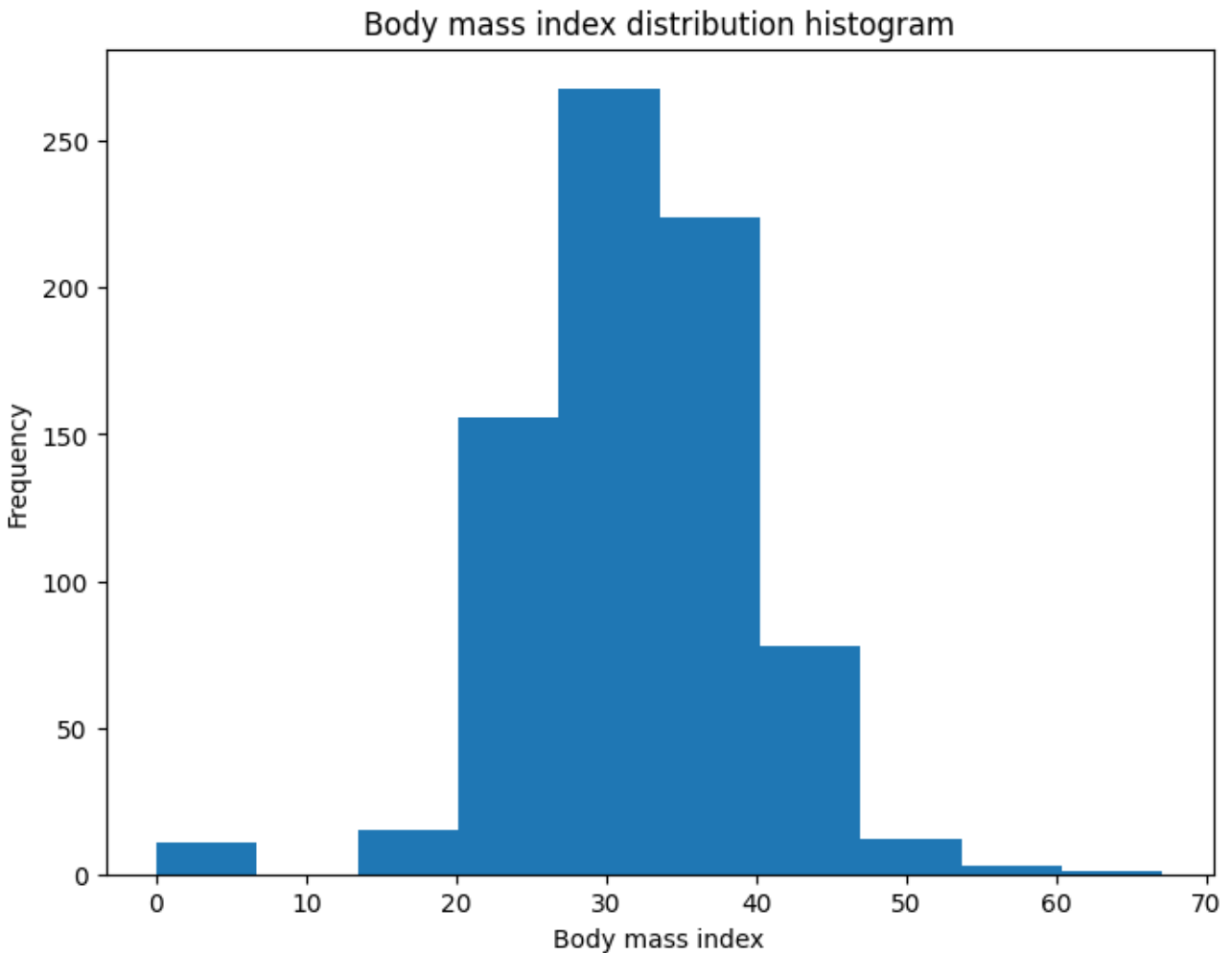
```
low = df[(df["Glucose"] < 99)]  
plt.figure(figsize=(8, 6))  
plt.xlabel("Relative frequency")  
(low["Glucose"].groupby(df["Outcome"]).count() / len(low)).plot(kind="barh")  
plt.title("% of high glucose patients vs Diabetes Outcome diagnose");
```



Hình 19. Biểu đồ so sánh tỷ lệ các bệnh nhân có mức glucose thấp.

Chỉ số khối cơ thể (BMI): sự gia tăng chỉ số BMI thường liên quan đến sự gia tăng của bệnh tiểu đường, tăng huyết áp và rối loạn lipid máu. Chỉ số BMI lớn hơn 29,99 được coi là béo phì, vì vậy, đây sẽ là điểm dừng của chúng tôi.

```
plt.figure(figsize=(8, 6))
plt.hist(df["BMI"])
plt.ylabel("Frequency")
plt.xlabel("Body mass index")
plt.title("Body mass index distribution histogram");
```



Hình 20. Biểu đồ phân bố chỉ số khối cơ thể.

Chỉ số khối cơ thể cao

```
high = df[(df["BMI"] >= 30)]
(high["BMI"].groupby(df["Outcome"]).count() / len(high)).round(2).to_frame()
```

Kết quả cho thấy 46% bệnh nhân trong nhóm có chỉ số khối cơ thể cao được chẩn đoán mắc bệnh tiểu đường (Hình 21).

```
In [16]: 1 high = df[(df["BMI"] >= 30)]
          2 (high["BMI"].groupby(df["Outcome"]).count() / len(high)).round(2).to_frame()
```

Out[16]:

BMI	
Outcome	
0	0.54
1	0.46

Hình 21. Kết quả thống kê các bệnh nhân có chỉ số khối cơ thể cao.

Chỉ số khối cơ thể thấp

```
In [18]: 1 # Low body mass index
          2 low = df[(df["BMI"] < 30)]
          3 (low["BMI"].groupby(df["Outcome"]).count() / len(low)).round(2).to_frame()
```

Out[18]:

BMI	
Outcome	
0	0.83
1	0.17

Hình 22. Kết quả thống kê các bệnh nhân có chỉ số khối cơ thể thấp.

Kết quả cho thấy rằng mối quan hệ giữa chỉ số khối cơ thể và bệnh nhân tiểu đường. Từ thống kê trên ta thấy 83% bệnh nhân thuộc nhóm BMI thấp không bị mắc tiểu đường và chỉ 17% được chẩn đoán mắc bệnh tiểu đường.

Hồi quy logistic

Gán các biến giải thích [tính năng] và các biến phụ thuộc [mục tiêu]

```
In [20]: 1 X = df.drop(columns=["Pregnancies", "n_age", "Outcome", "Age"])
          2 X.head()
```

Out[20]:

	Glucose	BloodPressure	SkinThickness	Insulin	BMI	DiabetesPedigreeFunction
0	148	72	35	0	33.6	0.627
1	85	66	29	0	26.6	0.351
2	183	64	0	0	23.3	0.672
3	89	66	23	94	28.1	0.167
4	137	40	35	168	43.1	2.288

Hình 23. Gán các biến.

```
In [21]: 1 y = df["Outcome"]
          2 y.head()

Out[21]: 0    1
         1    0
         2    1
         3    0
         4    1
         Name: Outcome, dtype: int64
```

Hình 24. Gán và kiểm tra biến.

Tập huấn và kiểm tra

`X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X, y, test_size=0.3 , random_state=42)`

Tính toán đường cơ sở và chuẩn hóa đường cơ sở

```
In [23]: 1 #baseline model
          2
          3 y_train.value_counts(normalize=True).max()

Out[23]: 0.6499068901303539

In [24]: 1 acc_baseline = y_train.value_counts(normalize=True).max()
          2 print("baseline accuray is", round(acc_baseline, 2))

baseline_accuray is 0.65
```

Hình 25. Tính toán và chuẩn hóa đường cơ sở.

Áp dụng mô hình: mô hình tốt hơn là khi nó lớn hơn độ chính xác cơ sở và tiệm cận đến

1.

```
In [25]: 1 #Fitting the model
          2
          3 model = LogisticRegression()
          4 model.fit(X_train, y_train)

Out[25]: LogisticRegression
         LogisticRegression()
```

Hình 26. Áp dụng mô hình.

Đánh giá mô hình

```
In [26]: 1 #Model evaluation
2
3 acc_score_train = accuracy_score(y_train, model.predict(X_train))
4 acc_score_test = model.score(X_test, y_test)
5 print("Training accuracy", round(acc_score_train, 2))
6 print("test accuracy", round(acc_score_test, 2))
```

Training accuracy 0.78
test accuracy 0.74

Hình 27. Kết quả đánh giá mô hình.

Như kết quả trên ta thấy độ chính xác tập huấn là 78%, độ chính xác kiểm tra là 74%.

Thông báo kết quả

```
In [27]: 1 #Communicate results
2
3 model.predict(X_train)[:5]
```

Out[27]: array([0, 0, 1, 0, 0], dtype=int64)

```
In [28]: 1 y_train_pred_proba = model.predict_proba(X_train)
2 print(y_train_pred_proba[:5])
```

[[0.93556953 0.06443047]
[0.81888017 0.18111983]
[0.41270603 0.58729397]
[0.63774739 0.36225261]
[0.6268468 0.3731532]]

Hình 28. Kết quả chẩn đoán (Cột bên trái đại diện cho lớp 0 – xác suất không được chẩn đoán mắc bệnh tiểu đường; Cột bên phải đại diện cho loại 1 – xác suất được chẩn đoán mắc bệnh tiểu đường).

Sử dụng thư viện thống kê để thống kê kết quả

```
In [29]: 1 x = pd.merge(X_train, y_train, left_index=True, right_index=True)
         2 x.head()
```

Out[29]:

	Glucose	BloodPressure	SkinThickness	Insulin	BMI	DiabetesPedigreeFunction	Outcome
334	95	60	18	58	23.9	0.260	0
139	105	72	29	325	36.9	0.159	0
485	135	68	42	250	42.3	0.365	1
547	131	68	21	166	33.1	0.160	0
18	103	30	38	83	43.3	0.183	0

```
In [30]: 1 lr = logit("Outcome ~ Glucose + BloodPressure + SkinThickness + Insulin + BMI + DiabetesPedigreeFunction", x).fit()

Optimization terminated successfully.
Current function value: 0.479507
Iterations 6
```

```
In [31]: 1 print(lr.summary())
```

```

=====
                    Logit Regression Results
=====
Dep. Variable:          Outcome    No. Observations:          537
Model:                Logit      Df Residuals:              530
Method:                 MLE      Df Model:                  6
Date:                  Tue, 25 Apr 2023    Pseudo R-squ.:          0.2595
Time:                  13:44:01    Log-Likelihood:         -257.50
converged:              True      LL-Null:              -347.71
Covariance Type:       nonrobust    LLR p-value:           2.752e-36
=====
                    coef    std err          z      P>|z|      [0.025    0.975]
-----
Intercept             -8.6020      0.864     -9.958     0.000    -10.295     -6.909
Glucose                0.0397      0.005      8.548     0.000      0.031      0.049
BloodPressure         -0.0027      0.007     -0.407     0.684     -0.016      0.010
SkinThickness         -0.0057      0.008     -0.682     0.495     -0.022      0.011
Insulin               -0.0015      0.001     -1.348     0.178     -0.004      0.001
BMI                   0.0998      0.018      5.407     0.000      0.064      0.136
DiabetesPedigreeFunction 0.4497      0.352      1.279     0.201     -0.240      1.139
=====
```

Hình 29. Kết quả.

Kết quả đầu ra của hồi quy logistic: không dựa trên giá trị p với $P > |Z|$

- Glucose, BMI và DiabePedigreeFuntion có ý nghĩa thống kê giải thích kết quả chẩn đoán bệnh tiểu đường ở mức ý nghĩa 1%, $p = 0,000 < 0,01$.
- Insulin có ý nghĩa thống kê ở mức 10%, $p = 080 < 0,0000$.
- Huyết áp, Độ dày của da không thể hiện ý nghĩa thống kê riêng lẻ ở tất cả các mức liên quan (1%, 5% và 10%).

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Ö. Deperlioglu, U. Köse, Diagnosis of diabetic retinopathy by using image processing and convolutional neural network, in 2018 2nd International Symposium on Multidisciplinary Studies and Innovative Technologies (ISMSIT), Oct 2018 (IEEE), pp. 1–5
2. B. Antal, A. Hajdu, An ensemble-based system for microaneurysm detection and diabetic retinopathy grading. *IEEE Trans. Biomed. Eng.* 59(6), 1720–1726 (2012)
3. M. Islam, A.V. Dinh, K.A. Wahid, Automated diabetic retinopathy detection using bag of words approach. *J. Biomed. Sci. Eng.* 10, 86–96 (2017)
4. World Health Organization and International Diabetes Federation, Definition and diagnosis of diabetes mellitus and intermediate hyperglycemia [Report of World Health Organization and International Diabetes Federation] (2005)
5. International Diabetes Federation, Diabetes Atlas, 6th edn. (Brussels, Belgium, 2013), https://www.idf.org/sites/default/files/EN_6E_Atlas_Full_0.pdf. Son eri, sim 23 Ocak 2018
6. International Diabetes Federation, Diabetes Atlas, 4th edn. (Brussels, Belgium, 2009), Available from <https://www.idf.org/sites/default/files/IDF-Diabetes-Atlas-4th-edition.pdf>. Cited 23 June 2018
7. S. Wild, G. Roglic, A. Green, R. Sicree, H. King, Global prevalence of diabetes: estimates for the year 2000 and projections for 2030. *Diabetes Care* 27(5), 1047–1053 (2004)
8. A.I. Veresiu, C.I. Bondor, B. Florea, E.J. Vinik, A.I. Vinik, N.A. Gâvan, Detection of undisclosed neuropathy and assessment of its impact on quality of life: a survey in 25,000 Romanian patients with diabetes. *J. Diabetes Complicat.* 29, 644–649 (2015)
9. W. Luanguangrong, P. Kulkasem, S. Rasmequan, A. Rodtook, K. Chinnasarn, Automatic exudates detection in retinal images using efficient integrated approaches, in Signal and Information Processing Association Annual Summit and Conference (APSIPA), 2014 Asia-Pacific, Dec 2014 (IEEE), pp. 1–5
10. M.R.K. Mookiah et al., Computer-aided diagnosis of diabetic retinopathy: a review. *Comput. Biol. Med.* 43(12), 2136–2155 (2013)
11. J. Sahlsten, J. Jaskari, J. Kivinen, L. Turunen, E. Jaanio, K. Hietala, K. Kaski, Deep learning fundus image analysis for diabetic retinopathy and macular edema grading (2019). arXiv preprint arXiv:1904.08764
12. F. Arcadu, F. Benmansour, A. Maunz, J. Willis, Z. Haskova, M. Prunotto, Deep learning algorithm predicts diabetic retinopathy progression in individual patients. *NPJ Digit. Med.* 2(1), 1–9 (2019)
13. T. Chandrakumar, R. Kathirvel, Classifying diabetic retinopathy using deep learning architecture. *Int. J. Eng. Res. Technol.* 5(6), 19–24 (2016)
14. Z. Gao, J. Li, J. Guo, Y. Chen, Z. Yi, J. Zhong, Diagnosis of diabetic retinopathy using deep neural networks. *IEEE Access* 7, 3360–3370 (2018)
15. O. Deperlioglu, U. Kose, Diagnosis of diabetic retinopathy by using image processing and convolutional neural network, in 2nd International Symposium on Multidisciplinary Studies and Innovative Technologies (ISMSIT) (IEEE, 2018)
16. D.J. Hemanth, O. Deperlioglu, U. Kose, An enhanced diabetic retinopathy detection and classification approach using deep convolutional neural network. *Neural Comput. Appl.* (2019). <https://doi.org/10.1007/s00521-018-03974-0>

17. H. Pratt et al., Convolutional neural networks for diabetic retinopathy. *Procedia Comput. Sci.* 90, 200–205 (2016)
18. S. Dutta, B.C. Manideep, S.M. Basha, R.D. Caytiles, N.C.S.N. Iyengar, Classification of diabetic retinopathy images by using deep learning models. *Int. J. Grid Distrib. Comput.* 11(1), 89–106 (2018)
19. C. Lam, D. Yi, M. Guo, T. Lindsey, Automated detection of diabetic retinopathy using deep learning. *AMIA Summits Transl. Sci. Proc.* 2018, 147 (2018)
20. MESSIDOR, Methods to evaluate segmentation and indexing techniques in the field of retinal ophthalmology. TECHNO-VISION Project. [Online]. Available: <http://messidor.crihan.fr/>
21. E. Decenci re, Feedback on a publicly distributed image database: the Messidor database. *Image Anal. Stereol.* 33, 231–234 (2014). <https://doi.org/10.5566/ias.1155>
22. The Messidor Database, <http://www.adcis.net/en/third-party/messidor/>. Last access 15 Jan 2020
23. L. Seoud, J. Chelbi, F. Cheriet, Automatic grading of diabetic retinopathy on a public database, in *Proceedings of the Ophthalmic Medical Image Analysis Second International Workshop, OMIA 2015*, ed. by X. Chen, M.K. Garvin, J.J. Liu, E. Trusso, Y. Xu, MICCAI 2015, Munich, Germany, 9 Oct 2015, pp. 97–104. Available from <https://doi.org/10.17077/omia.1032>
24. C. Agurto, V. Murray, E. Barriga, S. Murillo, M. Pattichis, H. Davis, P. Soliz, Multiscale AM-FM methods for diabetic retinopathy lesion detection. *IEEE Trans. Med. Imaging* 29(2), 502–512 (2010)
25. H. Li, O. Chutatape, Fundus image features extraction, in *Proceedings of the 22nd Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (Cat. No. 00CH37143)*, vol. 4, July 2000 (IEEE), pp. 3071–3073
26. R.A. Kirsch, Computer determination of the constituent structure of biological images. *Comput. Biomed. Res.* 4(3), 315–328 (1971)
27. P. Gao, X. Sun, W. Wang, Moving object detection based on Kirsch operator combined with optical flow, in *2010 International Conference on Image Analysis and Signal Processing*, Apr 2010 (IEEE), pp. 620–624
28. A. Venmathi, E. Ganesh, N. Kumarathan, Kirsch compass Kernel edge detection algorithm for micro calcification clusters in mammograms. *Middle-East J. Sci. Res.* 24(4), 1530–1535 (2016)
29. Convolutional Neural Networks (LeNet), <http://deeplearning.net/tutorial/lenet.html>. Last accessed 10.01.2018
30. W. Zhang, J. Han, S. Deng, Heart sound classification based on scaled spectrogram and tensor decomposition. *Biomed. Signal Process. Control* 32, 20–28 (2017)
31. R.P. Esp ndola, N.F.F. Ebecken, On extending f-measure and g-mean metrics to multi-class problems. *WIT Trans. Inf. Commun. Technol.* 35 (2005)
32. O. Deperlioglu, Classification of phonocardiograms with convolutional neural networks. *BRAIN Broad Res. Artif. Intell. Neurosci.* 9(2), 23–33 (2018)
33. Q.-A. Mubarak, M.U. Akram, A. Shaukat, F. Hussain, S.G. Khawaja, W.H. Butt, Analysis of PCG signals using quality assessment and homomorphic filters for localization and

- classification of heart sounds. *Comput. Methods Programs Biomed.* (2018). <https://doi.org/10.1016/j.cmpb.2018.07.006>
34. L.R. Sudha, S. Thirupurasundari, Analysis and detection of haemorrhages and exudates in retinal images. *Int. J. Sci. Res. Publ.* 4(3), 1–5 (2014)
 35. N. Ramachandran, S.C. Hong, M.J. Sime, G.A. Wilson, Diabetic retinopathy screening using deep neural network. *Clin. Exp. Ophthalmol.* 46, 412–416 (2018)
 36. K.S. Sreejini, V.K. Govindan, Severity grading of DME from retina images: a combination of PSO and FCM with Bayes classifier. *Int. J. Comput. Appl.* 81(16), 11–17 (2013)
 37. D.W. Safitri, D. Juniati, Classification of diabetic retinopathy using fractal dimension analysis of eye fundus image. *AIP Conf. Proc.* 1867, 020011-1–020011-11 (2017). <https://doi.org/10.1063/1.4994414>
 38. U.R. Acharya, E.Y.K. Ng, J.H. Tan et al., An integrated index for the identification of diabetic retinopathy stages using texture parameters. *J. Med. Syst.* 36(3), 2011–2020 (2012). <https://doi.org/10.1007/s10916-011-9663-8>
 39. S.T. Lim, W.M.D.W. Zaki, A. Hussain, S.L. Lim, S. Kusavalan, Automatic classification of diabetic macular edema in fundus image. *IEEE Colloq. Human. Sci. Eng.* 5–6, 1–4 (2011)
 40. M.U. Akram, S. Khalid, A. Tariq, S.A. Khan, F. Azam, Detection and classification of retinal lesions for grading of diabetic retinopathy. *Comput. Biol. Med.* 45, 161–171 (2014)
 41. M.R.K. Mookiah, U.R. Acharya, C.K. Chua, C.M. Lim, E.Y.K. Ng, A. Laude, Computer-aided diagnosis of diabetic retinopathy: a review. *Comput. Biol. Med.* 43(12), 2136–2155 (2013)
 42. S. Badsha, A.W. Reza, K.G. Tan, K. Dimyati, A new blood vessel extraction technique using edge enhancement and object classification. *J. Digit. Imaging* 26(6), 1107–1115 (2013)
 43. A. Banumathi, R.K. Devi, V.A. Kumar, Performance analysis of matched filter techniques for automated detection of blood vessels in retinal images, in *TENCON 2003. Conference on Convergent Technologies for Asia-Pacific Region*, vol. 2, Oct 2003 (IEEE), pp. 543–546