مقاله پژوهشی

فصلنامهٔ بیماری‌های پستان ایران، سال نهم، شماره اول، بهار ۱۳۹۵

افزایش دقت پیش‌بینی سرطان پستان با استفاده از الگوریتم ژنتیک و داده‌کاوی

علی محمد لطیف: دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، گروه کامپیوتر، دانشگاه یزد، یزد، ایران
محمد مومنی: دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، گروه کامپیوتر، دانشگاه یزد، یزد، ایران
رابعه صرام: دانشگاه علوم پزشکی شهید صدوقی یزد، یزد، ایران
مهدی آقا صرام*: دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، گروه کامپیوتر، دانشگاه یزد، یزد، ایران
علی پوراحمدی: دانشگاه علم و هنر یزد، یزد، ایران
زهرا حاج‌ابراهیمی: دانشگاه علوم پزشکی شهید صدوقی یزد، یزد، ایران

چکیده

مقدمه: سرطان پستان یکی از شایع‌ترین علت مرگ و میر در زنان محسوب می‌شود. پیش‌بینی صحیح سرطان پستان دارای اهمیت است. وجود علایم و ویژگی‌های مختلف این بیماری، تشخیص را برای پزشکان دشوار می‌کند. داده‌کاوی امکان تحلیل داده‌های بالینی بیماران برای تصمیم‌گیری‌های پزشکی را فراهم می‌کند. هدف این مقاله، ارایه یک مدل برای افزایش دقت پیش‌بینی سرطان پستان است.

روش بررسی: در این مطالعه، پرونده پزشکی ۵۷۴ بیمار مبتلا به سرطان پستان با تعداد ۳۲ ویژگی مورد بررسی قرار گرفته است. اطلاعات بیماران از پایگاه داده استاندارد بیمارستان فوق تخصصی مرتاض یزد جمع‌آوری شده است. هر یک از بیماران حداقل به مدت یک سال تحت پیگیری بوده‌اند. به منظور ارایه مدل پیش‌بینی سرطان پستان از الگوریتم ژنتیک و داده‌کاوی استفاده می‌شود.

یافته‌ها: مدل پیشنهادی با روش‌های درخت تصمیم‌گیری، نایو بیز و نزدیک‌ترین همسایه مورد مقایسه قرار گرفت. نتایج نشان می‌دهد که دقت پیش‌بینی مدل پیشنهادی برابر با ۰/۹۷۳ بوده است. همچنین برای روش‌های نایو بیز، درخت تصمیم‌گیری و نزدیک‌ترین همسایه دقت پیش‌بینی به ترتیب برابر با ۰/۹۱۳، ۰/۹۲۹ و ۰/۹۵۱ می‌باشد.

نتیجه‌گیری: در پیش‌بینی سرطان پستان، مدل پیشنهادی نسبت به سایر مدل‌های مورد مقایسه دارای حداقل میزان خطا و بیش‌ترین دقت و صحت است. روش نایو بیز، حداکثر میزان خطا و کم‌ترین دقت را دارا می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: سرطان پستان، الگوریتم ژنتیک، داده‌کاوی، افزایش دقت پیش‌بینی.

* نشانی نویسنده پاسخگو: یزد، دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، گروه کامپیوتر، دانشگاه یزد، مهدی‌آقا صرام.
نشانی الکترونیک: sarram@yazd.ac.ir

[DOR: 20.1001.1.17359406.1395.9.1.6.8]

مقدمه

سرطان پستان تهدید بزرگی بر سلامت زنان بوده و از عوامل شایع در کاهش عمر زنان به شمار می‌رود (۱). سرطان پستان، ناشی از رشد خارج از قاعده سلول‌های غیرطبیعی در پستان است (۲). برای پیش‌بینی، تشخیص و درمان این بیماری عوامل بسیاری از قبیل وجود تومور، درگیری غدد لنفاوی، تو رفتگی نوک پستان، بروز ترشح در پستان و ... استفاده می‌شود (۳). وجود شباهت زیاد در علایم بالینی و آزمایشگاهی سرطان پستان احتمال تشخیص نادرست را افزایش می‌دهد (۴). توده، شایع‌ترین علامت سرطان پستان می‌باشد که در اغلب موارد توسط خود بیمار بصورت اتفاقی کشف می‌شود و در بقیه موارد توسط پزشک در معاینه بالینی مشخص می‌شود. این توده ممکن است دردناک باشد ولی در اغلب موارد بدون درد است. در بعضی موارد سرطان پستان بصورت توده‌های متعدد بروز می‌کند (۵-۷). تشابه علایم بالینی و آزمایشگاهی سرطان پستان، احتمال بروز خطا در تشخیص را افزایش می‌دهد. تشخیص و پیش‌بینی انواع بیماری‌ها با استفاده از تکنیک‌های داده‌کاوی امکان‌پذیر است. داده‌کاوی در پزشکی به فرایند استخراج اطلاعات معتبر از پیش ناشناخته، قابل فهم و قابل اعتماد از پایگاه داده‌های پزشکی و استفاده از آن جهت پیش‌بینی، تشخیص و کمک به درمان بیماری گفته می‌شود. کشف الگوهای مفید بین بیماری و علایم بالینی و آزمایشگاهی بیمار از کاربردهای داده‌کاوی در پزشکی است. منظور از الگوی مفید، مدلی در داده‌ها است که ارتباط میان یک زیرمجموعه از داده‌های بیمار و تشخیص بیماری را بیان می‌کند (۸). در سال‌های اخیر با پیشرفت‌هایی که در تشخیص زودرس این بیماری به وجود آمده، درمان آن نیز با موفقیت بیشتری همراه شده است. اگر توده‌های پستان در اندازه کوچک کشف شوند به خوبی قابل درمان هستند. داده‌کاوی از روش‌های جدید برای تشخیص زودرس سرطان پستان است.

شیخ‌پور و همکاران تشخیص سرطان پستان با استفاده از کاهش دو مرحله‌ای ویژگی‌های استخراج شده آسپیراسیون سوزنی و الگوریتم‌های داده‌کاوی را معرفی کردند (۹). استفاده از سه تکنیک داده‌کاوی برای تشخیص سرطان پستان توسط دلن و همکاران معرفی شد که پیش‌بینی سرطان توسط درخت تصمیم (C۵) با دقت ۹۳/۶٪، شبکه عصبی مصنوعی با دقت ۹۱/۲٪ و مدل رگرسیون لجستیک با دقت ۸۹/۲٪ شبیه‌سازی گردید. آرونا و همکاران با استفاده از بانک اطلاعاتی WDBC[1] توسط مدل‌های داده‌کاوی از قبیل درخت تصمیم و بیز ساده و شبکه عصبی به ترتیب با دقت ۹۲/۹۷٪، ۹۲/۶۱٪ و ۹۳/۶۷ به پیش‌بینی سرطان پستان رسیدند (۱۱).

استر و همکاران روش تجزیه و تحلیل گسسته خطی در تشخیص سرطان پستان با استفاده از بانک اطلاعاتی WDBC با دقت ۹۶/۸٪ ارایه دادند (۱۲). دقت تشخیص و پیش‌بینی روش‌های داده‌کاوی را می‌توان با استفاده از الگوریتم ژنتیک افزایش داد. الگوریتم ژنتیک یکی از زیر گروه‌های محاسبات فرا ابتکاری است که از قوانین تکامل بیولوژیک طبیعی تبعیت می‌کند. الگوریتم ژنتیک با استفاده از قانون بقای برترین‌ها، در یک زیرمجموعه از پاسخ‌های مساله، به دنبال به‌دست آوردن پاسخ‌های بهتر است. یک زیر مجموعه از پاسخ‌های ممکن برای مساله، جمعیت اولیه را تشکیل می‌دهد. متناسب با ارزش هر یک از پاسخ‌ها، فرآیند انتخاب از جمعیت اولیه و تولید مثل برای ایجاد نسل جدید انجام می‌شود. در هر نسل با ترکیب و تولیدمثل پاسخ‌های انتخاب شده، به کمک عملگرهایی که از ژنتیک طبیعی پیروی می‌کنند، تقریب‌های بهتری از جواب نهایی به‌دست می‌آید. این فرایند باعث می‌شود که نسل‌های جدید با شرایط مساله سازگارتر باشد (۱۳).

در این مطالعه با طراحی پرسش‌نامه، تکمیل و گردآوری مجموعه داده‌های موبوط به پرونده‌های بیماران در بیمارستان فوق تخصصی مرتاض یزد، مدلی برای افزایش دقت تشخیص و پیش‌بینی روش‌های داده‌کاوی توسط الگوریتم ژنتیک معرفی می‌گردد.

مواد و روش‌ها

الف- گردآوری مجموعه‌داده‌ها:

برای تهیه مجموعه داده‌های مربوط به سرطان پستان، در ابتدا پرسش‌نامه استاندارد بر اساس ویژگی‌های جدید طراحی شده، سپس در بیمارستان فوق تخصصی مرتاض یزد تکمیل و جمع‌آوری گردیده است. داده‌ها مربوط به سال‌های ۱۳۹۳ تا ۱۳۹۴ است. این مجموعه داده شامل ۵۷۴ نمونه بوده که تعداد ۱۷ نمونه فاقد اطلاعات کامل

[1] Wisconsin Diagnostic Breast Cancer

[DOR: 20.1001.1.17359406.1395.9.1.6.8]

می‌باشد. نمونه‌هایی که فاقد اطلاعات کامل بودند از طریق روش بیش‌ترین فراوانی تخمین زده شدند. برای هر بیمار تعداد ۳۲ ویژگی ثبت شده است. بازه مقادیر اولیه ویژگی‌های بالینی بیمار در جدول ۱ نمایش داده شده است. اسامی کلاس‌ها و تعداد نمونه‌های موجود در هر کلاس در جدول ۲ نشان داده شده است.

قالب مناسب داده‌ها به عنوان ورودی داده‌کاوی در نتایج و خروجی تاثیرگذار است. اگر مقادیر ویژگی‌های مجموعه داده در دامنه متفاوتی قرار داشته باشند، احتمال بروز خطا در یافته‌ها افزایش می‌یابد. به قرار دادن داده‌های یک جامعه آماری در دامنه مشابه، نرمال‌سازی گفته می‌شود (۱۴). در مدل پیشنهادی نحوه نرمال‌سازی به روش Max/Min و در بازه (۱-۰) است (۱۵).

ب- الگوریتم ژنتیک:

الگوریتم ژنتیک در سال ۱۹۶۲ میلادی توسط جان هلند[۲] ارایه شد. این الگوریتم در گروه الگوریتم‌های بهینه‌سازی تصادفی قرار دارد و برای بهینه‌سازی مسایل پیچیده با فضای جست‌وجوی ناشناخته مناسب است (۱۶).

ایده اصلی الگوریتم ژنتیک از نظریه تکاملی داروین گرفته شده است. نظریه داروین به این شرح است که آن دسته از صفات طبیعی که با قوانین طبیعی سازگاری بیش‌تری دارند، شانس بقای بیش‌تری دارند. شایان ذکر است که نظریه تکاملی داروین هیچ اثبات تحلیلی و قطعی ندارد؛ اما از نظر تجربی و آماری تأیید شده است (۱۷).

افراد جدید یک جامعه از طریق زاد و ولد تولید می شوند. شانس بقای یک فرد در نسل جدید به ترکیب خاص کروموزومی وابسته است. در مراحل زاد و ولد ممکن است جهش‌هایی در خصوصیات یک فرد نسل جدید رخ دهد که در نتیجه موجودی با خصوصیات عالی و سازگاری بالا تولید شود. در روند زاد و ولد به گونه‌های برتر در هر نسل اجازه تولید مثل داده می شود و گونه‌های نامطلوب به تدریج از بین خواهند رفت و افراد نسل‌های جدید با گذشت زمان تکامل می‌یابند. الگوریتم ژنتیک در زیر به صورت خلاصه بیان شده است.

۱- مجموعه‌های تصادفی از کاندیداهای جواب به عنوان جمعیت اولیه تولید می شوند، تولید و در هر نسل با کاندیداهای جدیدی جایگزین می‌شوند.

۲- در هر تکرار الگوریتم، جمعیت توسط تابع برازندگی ارزیابی می‌شود. سپس تعدادی از بهترین کاندیداها برای نسل بعد گزینش می‌شوند و جمعیت جدید را تشکیل می دهند.

۳- تعدادی از این جمعیت با استفاده از اپراتورهای ژنتیکی نظیر تقاطع[۳] و جهش[۴] برای تولید فرزندان جدید استفاده می شوند.

۴- مراحل فوق تا رسیدن به یک پاسخ مناسب ادامه می‌یابد.

مراحل مطرح شده برای اجرای الگوریتم ژنتیک در قالب یک روندنما در شکل ۱ مشاهده می‌شود.

مدل پیشنهادی

هر یک از ویژگی‌ها و یافته‌ها در تشخیص و پیش‌بینی سرطان پستان از اهمیت خاصی برخوردار هستند. به بیان دیگر همه ویژگی‌ها دارای ارزش یکسان نیستند. به عنوان مثال در تشخیص بیماری دو ویژگی BMI و وجود تومور دارای اهمیت متفاوتی هستند. این که هر یک از ویژگی‌ها دارای چه ارزشی است و چقدر در تشخیص بیماری نقش دارد، مساله مهمی است. در این مقاله روشی ارایه می‌شود که ارزش و نقش هر یک از ویژگی‌ها به طور دقیق مشخص شده و بیماری تشخیص داده می‌شود.

در روش پیشنهادی برای مشخص کردن ارزش و نقش هر یک از ویژگی‌ها در تشخیص بیماری از الگوریتم ژنتیک استفاده می‌شود. برای هر یک از ویژگی‌ها، یک ژن[۵] تعریف می‌شود. برای مقداردهی ژن‌ها، به طور تصادفی برای هر ژن یک عدد در بازه (۱-۰) اختصاص داده می‌شود که نشان دهنده درجه اهمیت ویژگی متناظر با آن ژن است. هر اندازه مقدار ژن بزرگ‌تر باشد، نشان‌دهنده ارزش و اهمیت بیش‌تر ویژگی متناظر است. در جدول ۳ نحوه وزن‌دار کردن ویژگی‌ها بر اساس ژن متناظر نشان داده شده است.

[2] John Holland

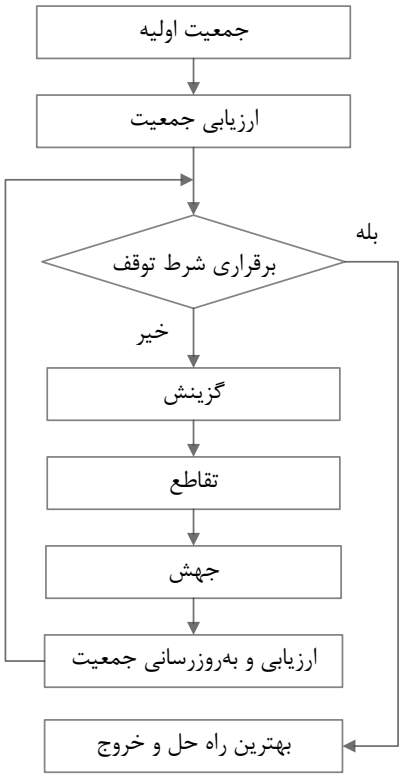
[3] Crossover
[4] Mutation
[5] Gene

DOR: 20.1001.1.17359406.1395.9.1.6.8]

جدول ۱: بازه مقادیر ویژگی‌های بالینی بیماران

	ویژگی	بازه مقادیر در مجموعه داده‌ها
۱	سن	[۲۵ ۶۷]
۲	مدت تاهل	[۰ ۵۱]
۳	قد	[۱۸۹ ۱۱۵]
۴	وزن	[۱۱۰ ۴۹]
۵	BMI	[۱۶ ۳۷]
۶	تعداد زایمان طبیعی	[۰ ۹]
۷	تعداد زایمان سزارین	[۰ ۵]
۸	تعداد سقط جنین	[۰ ۳]
۹	سن اولین قاعدگی	[۸ ۱۶]
۱۰	سن اولین زایمان طبیعی	[۱۶ ۳۷]
۱۱	سن اولین زایمان سزارین	[۱۸ ۴۱]
۱۲	سن اولین سقط جنین	[۱۵ ۳۲]
۱۳	سابقه نازایی بیمار	۰= سابقه ندارد ۱= سابقه دارد
۱۴	سن شروع یائسگی	[۴۳ ۵۶]
۱۵	سابقه فامیلی ابتلا به سرطان پستان در بیمار	۰= وجود ندارد ۱= فامیل‌درجه۳ ۲= دایی یا عمو ۳= عمه یا خاله ۴= برادر ۵= خواهر ۶= فرزند ۷= پدر ۸= مادر
۱۶	میزان تغییر تصویر ماموگرافی قبلی نسبت به کنونی بیمار	۰= تغییر ندارد ۱= تغییر کم ۲= تغییر متوسط ۳= تغییر زیاد
۱۷	نوع قرص ضد بارداری مصرفی بیمار	۰= مصرف نمی‌کند. ۱= نوع قرص HD مصرف می‌کند. ۲= نوع قرص LD مصرف می‌کند. ۳= سایر قرص‌ها را مصرف می‌کند.
۱۸	مدت مصرف قرص ضد بارداری بیمار	۰= کمتر از یک سال ۱= از ۱ تا ۵ سال ۲= از ۶ تا ۱۰ سال ۳= از ۱۱ تا ۱۵ سال ۴= بیش از ۱۵ سال
۱۹	سابقه هیسترکتومی بیمار	۰= ندارد ۱= دارد
۲۰	جایگزینی هورمون HRT	۰= ندارد ۱= از ۱ تا ۵ سال دارد ۲= از ۶ تا ۱۰ سال دارد ۳= از ۱۱ تا ۱۵ سال دارد ۴= بیش از ۱۵ سال دارد
۲۱	تو رفتگی نوک سینه N/R	۰= ندارد ۱= دارد و قدیمی است. ۲= دارد و جدید است.
۲۲	درد پستان	۰= ندارد ۱= کم ۲= متوسط ۳= زیاد
۲۳	ناحیه درد در پستان	۰= ندارد ۱= در یک ناحیه ۲= منتشر
۲۴	ترشح در پستان	۰= ندارد ۱= دارد (ترشح خود به خود) ۲= دارد (ترشح با فشار)
۲۵	رنگ ترشح پستان	۰= ندارد ۱= خونی ۲= سفید و شیری ۳= سبز و سیاه ۴= قهوه‌ای یا صورتی ۵= بیرنگ
۲۶	توده	۰= ندارد ۱= دارد
۲۷	سمت قرارگیری تومور	۱= تومور در پستان سمت راست ۲= تومور در پستان سمت چپ ۳= تومور دوطرفه
۲۸	اندازه تومور	[۰ ۶]
۲۹	سفتی قابل لمس در پستان	۰= ندارد ۱= دارد
۳۰	مدت شیردهی	۰= شیردهی نداشته است. ۱= یک سال ۲= دو سال ۳= سه سال ۴= چهار سال ۵= پنج و بیش از پنج سال
۳۱	علت قطع قاعدگی طبیعی	۰= قاعدگی قطع نشده است ۱= یائسگی طبیعی ۲= یائسگی زودرس ۳= برداشتن رحم ۴= سایر علل
۳۲	درجه بدخیمی	۰= ندارد ۱= بدخیمی درجه یک ۲= بدخیمی درجه دو ۳= بدخیمی درجه سه ۴= بدخیمی درجه چهار ۵= بدخیمی درجه پنج

[DOR: 20.1001.1.17359406.1395.9.1.6.8]



شکل ۱: روندنمای الگوریتم ژنتیک

جدول ۲: اسامی و تعداد نمونه‌های کلاس‌ها

نام کلاس	تعداد نمونه‌ها
سالم	۱۸۳
درجه بدخیمی یک	۸۵
درجه بدخیمی دو	۱۱۴
درجه بدخیمی سه	۱۳۰
درجه بدخیمی چهار	۴۵
درجه بدخیمی پنج	۱۷

جدول ۳: وزن‌دار کردن ویژگی‌ها

ویژگی	مقدار اولیه	مقدار نرمال	وزن	مقدار وزن‌دار
سن	۵۵	۰/۷۱	۰/۳	۰/۲۱
قد	۱۵۶	۰/۵۵	۰/۸	۰/۴۴
تعداد زایمان طبیعی	۳	۰/۳۳	۰/۲	۰/۰۷
...	...	...	...	...
BMI	۳۴/۹	۰/۹	۰/۷	۰/۶۳

به ازای هر یک از کروموزوم‌های موجود در جمعیت، مراحل زیر تکرار می‌شود:

۱- مجموعه داده‌ها فراخوانی می‌شود.

۲- یک رکورد از مجموعه داده انتخاب می‌شود.

۳- مقادیر ویژگی‌های رکورد نرمال می‌شود.

۴- مقدار ژن مربوط به هر ویژگی از کروموزوم استخراج می‌شود.

۵- به طور متناظر هر یک از ویژگی‌ها در ژن مخصوص به خود ضرب شده تا مقدار ویژگی‌ها وزن‌دار شوند.

۶- مراحل یک تا پنج برای همه رکوردها تکرار می‌شود.

۷- بر اساس مقادیر وزن‌دار ویژگی‌ها، عمل کلاسه‌بندی انجام می‌شود.

تابع برازندگی نشان دهنده شایستگی یا توانایی هر کروموزوم است. با فرض متغیرهای تعریف‌شده در جدول ۱، تابع برازندگی در شکل ۲ نمایش داده شده است.

عمل کلاسه‌بندی با مقادیر ویژگی‌های وزن‌دار، که بر اساس هریک از کروموزوم‌ها محاسبه می‌گردد، به روش نزدیک‌ترین همسایه (۱۸) انجام می‌شود. هر کروموزوم که کلاسه‌بندی را با خطای پیش‌بینی کم‌تری انجام دهد، شایسته‌تر خواهد بود. تخمین خطا بر مبنای نمونه‌گیری به روش 10-Fold Cross Validation (۱۹) انجام می‌شود.

عملگر انتخاب، تعدادی کروموزوم را برای تولید مثل از جمعیت انتخاب می‌کند. در این مدل از روش انتخاب نخبگرا (Elitist Selection) استفاده شده است. در این

DOR: 20.1001.1.17359406.1395.9.1.6.8]

روش بهترین کروموزوم‌ها در هر نسل برای تولید مثل انتخاب می‌شوند. انتخاب نخبه‌گان به میزان قابل ملاحظه‌ای کارایی الگوریتم ژنتیک را افزایش می‌دهد (۲۰). در عمل تقاطع به صورت تصادفی بخش‌هایی از کروموزوم‌ها با یکدیگر ترکیب شده و فرزند جدید متولد می‌شود. این موضوع باعث ارث‌بری فرزندان از خصوصیات والدین خود می‌شود. در شکل ۳ نحوه تولید فرزند جدید نمایش داده شده است. عملگر جهش پس از اتمام عمل تقاطع بر روی فرزندان جدید اعمال می‌شود. این عملگر یک ژن از یک کروموزوم را به طور تصادفی انتخاب نموده و سپس محتوای آن ژن را تغییر می‌دهد. شکل ۴ نشان‌دهنده نحوه جهش می‌باشد.

پس از اتمام عمل جهش، کروموزوم‌های تولید شده به عنوان نسل جدید در نظر گرفته می‌شوند. پس از گذشت چندین نسل، مقادیر کروموزوم‌ها همگرا شده و پاسخ نهایی به‌دست می‌آید.

مدل پیشنهادی با سه روش نایو بیز (۲۱)، درخت تصمیم (۲۲) و نزدیک‌ترین همسایه مقایسه شده است. ارتباط بین کلاس‌های واقعی و کلاس‌های پیش‌بینی شده با استفاده از ماتریس Confusion قابل محاسبه است. در شکل ۵، پارامترهای مورد نیاز ماتریس Confusion ذکرشده است.

برای مقایسه مدل پیشنهادی با سایر روش‌ها از معیارهای Accuracy، Sensitivity، Specificity، Precision و F-Measure با توجه به شکل ۵ طبق روابط زیر استفاده می‌شود (۱۵):

$$\text{Accuracy} = (TP + TN) / All \quad (۱)$$

$$\text{Sensitivity} = TP / (TP + FN) \quad (۲)$$

$$\text{Specificity} = TN / (FP + TN) \quad (۳)$$

$$\text{Precision} = TP / (TP + FP) \quad (۴)$$

$$\text{Recall} = TP / (TP + FN) \quad (۵)$$

$$\text{F Measure} = \frac{2 * \text{Precision} * \text{Recall}}{\text{Precision} + \text{Recall}} \quad (۶)$$

ALGORITHM

1) Read the training data from a file
2) Read the testing data from a file
3) Normalize the attribute values in the range of 0 to 1.
4) Let $x_1, x_2 .... x_m$ denote the m instances from data set $\{f_1, f_2, \dots, f_n\}$, n = Number of features
5) Let Ch denote the current chromosome from population $\{g_1, g_2, \dots, g_r\}$, r = Number of genes
6) Assign weight Ch to each instance x_i in the training set
7) Train the weights on the whole training data set
   For every training instance
   - Calculate the weighted value as
   - $Ch_j * x_{ij}$, where j is the attribute
   - Find the K nearest neighbors based on the Euclidean distance
   - Calculate the class value

   End for
8) For each testing instance in the testing data set
   - Find the K nearest neighbors in the training data set based on the Euclidean distance
   - Predict the class value by finding the maximum class represented in the K nearest neighbors

   End for
9) Calculate the error rate as
   Error Rate =
   *1- (# of correctly classified examples / All) * 100*
10) Fitness Function=Minimize (*Error Rate*)

شکل ۲: تابع برازندگی

۱- بردار r در ابعاد (۳۴×۱) به طور تصادفی در بازه [۱-۰] مقداردهی می‌گردد.
۲- به صورت تصادفی دو کروموزوم Ch_1 و Ch_2 از جمعیت انتخاب می‌شوند.
۳- فرزند جدید اول = $r * Ch_1 + (1-r) * Ch_2$
۴- فرزند جدید دوم = $(1-r) * Ch_1 + r * Ch_2$

شکل ۳: نحوه تولید فرزند جدید

۱- بردار r در ابعاد یک کروموزوم (۳۴×۱) تعریف می‌شود.
۲- بردار r با توزیع نرمال در بازه [۱,۱-] مقداردهی می‌گردد.
۳- به‌صورت تصادفی یک کروموزوم از جمعیت انتخاب می‌شوند.
۴- کروموزوم جهش‌یافته از جمع کروموزوم انتخاب شده با r ایجاد می‌شود.

شکل ۴: نحوه اعمال عملگر جهش در روش پیشنهادی

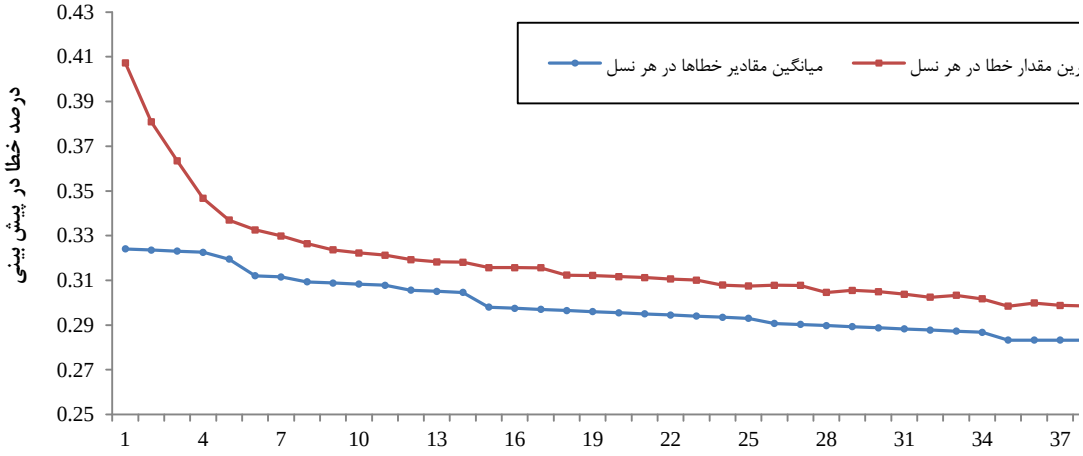
TP: تعداد رکوردهایی که به‌درستی، مثبت تشخیص داده می‌شوند.
TN: تعداد رکوردهایی که به‌درستی، منفی تشخیص داده می‌شوند.
FP: تعداد رکوردهایی که به غلط، مثبت تشخیص داده می‌شوند.
FN: تعداد رکوردهایی که به غلط، منفی تشخیص داده می‌شوند.

شکل ۵: پارامترهای مورد نیاز برای ارتباط بین کلاس‌های واقعی و کلاس‌های پیش‌بینی شده

یافته‌ها

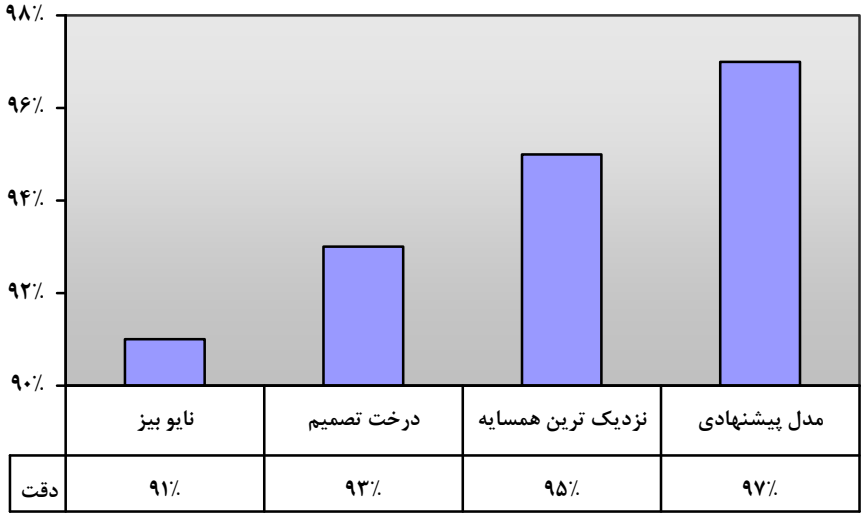
داده‌های موجود در پرونده بیماران با استفاده از نرم‌افزار Matlab (R2013b, The Mathworks Inc., USA) توصیف، شبیه‌سازی و تحلیل شده است. در شکل ۶ درصد خطا برای پیش‌بینی بیماری در الگوریتم پیشنهادی در ۴۰ نسل نمایش داده شده است.

شکل ۷ نشان‌دهنده نمودار نتایج تشخیص روش‌های مختلف با معیار Accuracy است. همان‌گونه که مشاهده می‌شود مدل پیشنهادی دقت بیش‌تری نسبت به سایر روش‌ها دارد. هم‌چنین مقایسه نتایج پیش‌بینی بیماری با معیارهای Sensitivity و Specificity به ترتیب در جدول‌های ۴ و ۵ نمایش داده شده‌است. جدول ۶ و ۷ نتایج روش‌ها به ترتیب با معیار Precision و F-Measure مورد مقایسه قرار گرفته است. نتایج مقایسه نشان‌دهنده برتری عملکرد مدل پیشنهادی می‌باشد. در جدول ۸، روش پیشنهادی توسط معیارهای F-Measure، Precision، Sensitivity، Specifity با سایر روش‌ها مقایسه شده است. مقادیر جدول نشان دهنده عملکرد بهتر روش پیشنهادی است.



شکل ۶: درصد خطا برای پیش‌بینی بیماری در الگوریتم پیشنهادی

DOR: 20.1001.1.17359406.1395.9.1.6.8]



شکل ۷: نمودار نتایج با معیار Accuracy

جدول ۴: مقایسه نتایج با معیار Sensitivity

	نایو بیز	درخت تصمیم	نزدیک‌ترین همسایه	مدل پیشنهادی
سالم	۰/۸۳۳	۰/۸۳۳	۰/۸۵۰	۰/۹۴۸
بدخیمی درجه یک	۰/۹۸۱	۰/۹۵۴	۰/۹۷۲	۰/۹۸۱
بدخیمی درجه دو	۰/۹۲۵	۰/۹۵۳	۰/۹۶۷	۰/۹۸۰
بدخیمی درجه سه	۰/۹۲۵	۰/۹۲۳	۰/۹۸۱	۰/۹۸۰
بدخیمی درجه‌چهار	۰/۸۹۹	۰/۸۹۹	۰/۹۶۱	۰/۹۶۱
بدخیمی درجه پنج	۰/۸۳۱	۰/۹۳۱	۰/۹۸۱	۰/۹۸۲

جدول ۵: مقایسه نتایج با معیار Specificity

	نایو بیز	درخت تصمیم	نزدیک‌ترین همسایه	مدل پیشنهادی
سالم	۰/۹۶۸	۰/۹۶۰	۰/۹۷۵	۰/۹۷۸
بدخیمی درجه یک	۰/۹۳۴	۰/۹۶۵	۰/۹۸۰	۰/۹۸۰
بدخیمی درجه دو	۰/۹۷۸	۰/۹۷۴	۰/۹۸۱	۰/۹۸۲
بدخیمی درجه سه	۰/۹۸۰	۰/۹۷۸	۰/۹۸۰	۰/۹۸۰
بدخیمی درجه چهار	۰/۹۶۸	۰/۹۶۲	۰/۹۵۳	۰/۹۷۵
بدخیمی درجه پنج	۰/۹۷۵	۰/۹۷۸	۰/۹۸۱	۰/۹۸۱

جدول ۶: مقایسه نتایج با معیار Precision

	نایو بیز	درخت تصمیم	نزدیک‌ترین همسایه	مدل پیشنهادی
سالم	۰/۹۱۰	۰/۸۹۸	۰/۹۴۵	۰/۹۶۴
بدخیمی درجه یک	۰/۸۸۱	۰/۹۴۶	۰/۹۸۰	۰/۹۸۱
بدخیمی درجه دو	۰/۹۶۷	۰/۹۵۳	۰/۹۸۱	۰/۹۸۰
بدخیمی درجه سه	۰/۹۸۱	۰/۹۶۱	۰/۹۸۰	۰/۹۸۰
بدخیمی درجه چهار	۰/۸۹۹	۰/۸۶۳	۰/۸۲۳	۰/۹۴۱
بدخیمی درجه پنج	۰/۸۷۶	۰/۹۳۱	۰/۹۸۲	۰/۹۸۱

جدول ۷: مقایسه نتایج با معیار F-Measure

	نایو بیز	درخت تصمیم	نزدیک‌ترین همسایه	مدل پیشنهادی
سالم	۰/۸۷۰	۰/۸۹۰	۰/۸۹۵	۰/۹۵۶
بدخیمی درجه یک	۰/۹۳۰	۰/۹۵۰	۰/۹۷۷	۰/۹۸۱
بدخیمی درجه دو	۰/۹۴۶	۰/۹۵۳	۰/۹۷۴	۰/۹۸۰
بدخیمی درجه سه	۰/۹۵۱	۰/۹۴۲	۰/۹۸۱	۰/۹۸۰
بدخیمی درجه چهار	۰/۸۹۹	۰/۸۸۱	۰/۸۸۷	۰/۹۵۱
بدخیمی درجه پنج	۰/۸۵۳	۰/۹۳۱	۰/۹۸۱	۰/۹۸۲

جدول ۸: مقایسه کلی روش‌های داده‌کاوی

	F-Measure	Specifity	Sensitivity	Precision
نایو بیز	۰/۹۰۸	۰/۹۶۷	۰/۸۹۹	۰/۹۱۹
درخت تصمیم	۰/۹۲۵	۰/۹۷۰	۰/۹۲۴	۰/۹۲۵
نزدیک‌ترین همسایه	۰/۹۴۹	۰/۹۷۵	۰/۹۵۲	۰/۹۴۹
مدل پیشنهادی	۰/۹۷۲	۰/۹۷۹	۰/۹۷۲	۰/۹۷۲

بحث

در این مطالعه، مجموعه‌ای از الگوهای کمتر شناخته شده و موثر در بروز سرطان پستان بر اساس یک پایگاه داده بومی مورد پردازش قرار گرفته است. طراحی و تکمیل پرسش‌نامه‌ها، ثبت علایم بالینی و نتایج آزمایشگاهی در مجموعه داده‌های مورد استفاده، توسط نویسندگان این مقاله در بیمارستان فوق تخصصی مرتاض یزد جمع‌آوری شده است. پژوهش‌های مربوط به پیش‌بینی سرطان پستان محدودیت‌هایی از قبیل تعداد کم بیماران برای ایجاد مدل، داده‌های از دست رفته و متغیرهای ناقص را دارا می‌باشند. در این پژوهش تعداد قابل قبولی از بیماران با متغیرهای مناسب با حداقل داده‌های ازدست رفته به کار گرفته شده است. مطالعه حاضر با به‌کارگیری ویژگی‌های بالینی و آزمایشگاهی بیماران با استفاده الگوریتم ژنتیک و داده‌کاوی، سرطان پستان را پیش‌بینی می‌کند. مدل پیشنهادی این مطالعه شامل نرمال‌سازی ویژگی‌ها، انتخاب ویژگی‌ها، وزن‌دهی به ویژگی‌ها و معرفی روشی برای پیش‌بینی سرطان پستان با استفاده از ویژگی‌های وزن‌دار است.

DOR: 20.1001.1.17359406.1395.9.1.6.8]

ویژگی‌های توده، اندازه تومور، سابقه فامیلی، میزان تغییر تصویر ماموگرافی قبلی نسبت به کنونی بیمار بالاترین کارایی در دسته‌بندی مدل پیشنهادی دارا بودند. همچنین ویژگی‌هایی نوع زایمان، درد پستان و سن اولین سقط جنین حدقل تاثیر در دسته‌بندی را داشتند. متغیرهای نوع روغن خوراکی مصرفی، جنس پارچه سوتین و استفاده از اسپری زیر بغل هیچ تاثیری در تشخیص و پیش‌بینی درجه بدخیمی سرطان پستان را نداشتند. در این مطالعه علاوه بر شناسایی مهم‌ترین ویژگی‌ها، با استفاده از انتخاب ویژگی‌ها بر اساس الگوریتم ژنتیک به عملکردی بهتر بر حسب شاخص‌های دقت، حساسیت و ویژگی دست یافتیم.

آرونا و همکاران با استفاده از دسته‌بندی کننده‌های با ناظر مانند روش نایو بیز و درخت تصمیم برروی مجموعه داده‌های پایگاه داده WBCD به پیش‌بینی سرطان پستان پرداختند. بر اساس معیارهای Accuracy، Sensitivity، Specificity، Precision، Recall و F-Measure در نتایج شبیه‌سازی، مدل پیشنهادی نتایج بهتری نسبت به این مقاله دارد (۲۴). لند و ورهگن از استفاده از ماشین بردار پشتیبان بر روی مجموعه داده‌های سرطان پستان برای پیش‌بینی استفاده کردند (۲۵). نتایج آزمایشات نشان داد که ماشین بردار پشتیبان دقت ۹۶/۷٪ را دارد. کیان و همکارن با به‌کارگیری روش RBF و MLP برای پیش‌بینی سرطان پستان به ترتیب به دقت ۹۶/۱۸٪ و ۹۵/۷۴٪ رسیدند (۲۶). چاراسیا و همکاران در (۲۷) با استفاده از روش SVM به دقت ۹۶/۴٪ دست یافتند. سروستانی و همکان برای پیش‌بینی درجه بدخیمی سرطان پستان به مقایسه میانگین مربع خطا در شبکه‌های عصبی چند لایه، رقابتی و پایه شعاع پرداختند که بهترین دقت را شبکه عصبی پایه شعاعی داشت (۲۸). لاوانیا و همکارن با استفاده داده‌های پایگاه داده WBCD و درخت تصمیم با دسته‌بندی دو مرحله‌ای به دقت ۹۴/۸۴٪ رسیدند (۲۹).

طلوعی و همکاران در (۳۰) پیش بینی عود مجدد سرطان پستان به کمک سه تکنیک داده کاوی را ارایه دادند. بررسی‌های صورت گرفته نشان می‌دهد که دقت در سه الگوریتم داده کاوی، یعنی درخت تصمیم گیری، ANN و SVM به ترتیب برابر ۰/۹۳۶، ۰/۹۴۷، ۰/۹۵۷ بوده است. کیانی و همکاران در مدل توسعه یافته (۳۱) به ویژگی و حساسیت به ترتیب ۶۵٪ و ۹۶٪ رسیدند. در این مطالعه گذشته‌نگر، از داده‌های ۸۰۹ بیمار مبتلا به سرطان پستان و ۸۹ ویژگی از هر بیمار، استفاده شد. آتشی و همکاران در (۳۲) تعداد ۱۰۰ رابطه انجمنی با ضرایب اطمینان بالاتر از ۹۰٪ کشف کردند. تعداد ۱۰ رابطه از این روابط معنی‌دار گزارش شد. کاوراسیا و همکاران در (۳۲) از درخت تصمیم جهت پیش‌بینی سرطان پستان با دقت ۷۴٪ استفاده کردند. دقت ۸۷٪ در تشخیص سرطان پستان با استفاده از درخت C4.5 نتیجه کار سوریا و همکاران بود (۳۳).

سلاما و همکاران روش شبکه فازی- عصبی را برای پیش‌بینی سرطان پستان به کار بردند. دقت پیش‌بینی این روش ۹۵/۰۶٪ بود (۳۴). در حالی که مدل پیشنهادی با دقت ۹۷/۳٪، حساسیت ۹۷/۹٪ و ویژگی ۹۷/۲٪ دارای عملکرد بهتری نسبت به روش نایو بیز، درخت تصمیم و نزدیک‌ترین در تشخیص سرطان پستان است.

در روش پیشنهادی با استفاده از کاهش تعداد متغیرها و وزن‌دار کردن ویژگی‌ها با به‌کارگیری الگوریتم ژنتیک برای افزایش دقت با هدف طراحی و ارزیابی یک مدل پزشک‌یار در تعیین درجه بدخیمی سرطان پستان انجام شد. مدل پزشک‌یار طراحی شده در این پژوهش در تشخیص درجه بدخیمی موفق بوده است و دسته‌بندی را با دقت قابل قبولی انجام می‌گردد. آزمایشات و شبیه‌سازی نشان داد سیستم پزشک‌یار معرفی شده در این پژوهش بر روی مجموعه داده بیماران بومی مبتلا به سرطان پستان بیمارستان مرتاض یزد به دقت ۹۷/۳٪ رسیده است که بالاتر از تحقیقات مشابه بر روی مجموعه دادهای متفاوت بوده است.

نتیجه‌گیری

پیش‌بینی و تشخیص صحیح سرطان پستان با استفاده از هوش مصنوعی و یادگیری ماشین، شانس درمان موفق را بالا می‌برد. در این مقاله برای پیش‌بینی و تشخیص سرطان پستان، از الگوریتم ژنتیک برای بهینه‌سازی نتایج داده‌کاوی استفاده شد و یک مدل جدید ارایه گردید. نتایج شبیه‌سازی نشان می‌دهد که مدل پیشنهادی با دقت پیش‌بینی ۰/۹۷۳ از روش‌های نایو بیز، درخت‌تصمیم و نزدیک‌ترین همسایه دقت بیش‌تری دارد. دقت بالا در تشخیص سرطان حاکی از برتری رهیافت پیشنهادی است. پیچیدگی و زمان‌بر بودن مدت اجرا از نقاط ضعف این روش می‌باشد.

[DOR: 20.1001.1.17359406.1395.9.1.6.8]

References

1. Parkin DM. Estimates of the worldwide Incidence of Major Cancer in 1990. International Journal of Cancer 1999; 80: 827-41.
2. David J, Ashly. Evan's histological appearance of toumors. Tumours of mammary gland, Forth Ed Edingburgh, Churcill Livingstone 1990;440-55.
3. A. Patrick Forrest, et al, Randomised controlled trial of conservation therapy for breast cancer: 6-year analysis of the Scottish trial 1996; 348(9029):708-13.
4. Milovic B. Prediction and decision making in Health Care using Data Mining. Int J Publ Health Sci (IJPHS) 2012; 1(2): 69-78.
5. Hariz M, Adnan M, Husain W, Rashid N. A. Data Mining for Medical Systems: A Review. Int Conf Adv Comput Inform Tech - ACIT 2012; 17-22.
6. Richie RC, Swanson JO. Breast Cancer: A Review of the Literature. J Insur Med 2003; 35:85 -101.
7. Sheikhpour R, Ghasemi N, Yaghmaei P, Mohiti J. Immunohistochemical assessment of p53 protein and its correlation with clinicopathological parameters in breast cancer patients. Indian J Sci Tech 2014; 7(4): 472-9.
8. Cios KJ, Moore, Uniqueness of medical data mining, Artificial intelligence in medicine, 2002; Vol. 26, No. 1: 1-24.
9. Sheikhpour R, et al, Breast Cancer Detection Using Two-Step Reduction of Features Extracted From Fine Needle Aspirate and Data Mining Algorithms, Iranian Quarterly Journal of Breast Disease 2015; 7(4).
10. Delen D, Walker G, A. Kadam, Predicting breast cancer survivability: a comparison of three data mining methods, Artificial Intelligence in Medicine, 34(2) , 2005, 113–127.
11. Aruna S, Rajagopalan DS, Nandakishore LV. Knowledge based analysis of various statistical tools in detecting breast cancer. Comput Sci Inform Tech 2011; 2: 37-45.
12. Ster B, Dobnikar A. Neural networks in medical diagnosis: Comparison with other methods. Proc Int Conf Eng Appl neural networks; 427-30.
13. Holland J. H. Adaptation in natural and artificial systems: an introductory analysis with applications to biology, control, and artificial intelligence, U Michigan Press; 1975.
14. Frank, Asuncion, UCI Machine Learning Repository, University of California; 2010.
15. Dodge, Y the Oxford Dictionary of Statistical Terms, OUP; 2003.
16. Han J, Kamber M, Pei J, Data Mining: Concepts and Techniques, 3rd edition, Morgan Kaufmann; 2011.
17. Goldberg D, Holland J. Genetic algorithms and machine learning. Machine learning 1961,3(2): 95-99.
18. Talbi E G, Metaheuristics: From Design to Implementation, Wiley 2009.
19. Alpaydin, Voting over Multiple Condensed Nearest Neighbors, Artif. Intell. Rev., 1997; 11: 115-132.
20. Kohavi, Ron A study of cross-validation and bootstrap for accuracy estimation and model selection. Proceedings of the Fourteenth International Joint Conference on Artificial Intelligence (San Mateo, CA: Morgan Kaufmann) 1995; 2(12):1137-43.
21. Jong D, An Analysis of the Behavior of a Class of Genetic Adaptive Systems, Ph.D. dissertation, University of Michigan, Ann Arbor, MI, 1975.
22. Rish I. An empirical study of the naive Bayes classifier, IJCAI-01 Workshop on Empirical Methods in Artificial Intelligence; 2001.
23. Rokach L, Maimon O. Data Mining with Decision Trees: Theory and Applications, World Scientific Publishing; 2008.
24. Aruna S, Rajagopalan DS, Nandakishore LV. Knowledge based analysis of various statistical tools in detecting breast cancer. Computer Science & Information Technology 2011; 2: 37-45.

DOR: 20.1001.1.17359406.1395.9.1.6.8]

۳۱. کیانی بهزاد، آتشی علیرضا. ایجاد یک مدل پیش آگهی مبتنی بر داده‌کاوی برای پیش بینی عود مجدد سرطان پستان. مجله انفورماتیک سلامت و زیست پزشکی. ۱۳۹۳؛ ۱(۱) :۲۶-۳۱.

۳۲. آتشی علیرضا، کیانی بهزاد. کشف الگوهای پنهان در مجموعه داده های واقعی بیماران مبتلا به سرطان پستان با استفاده از تکنیک داده‌کاوی. مجله انفورماتیک سلامت و زیست پزشکی، ۱۳۹۴؛ ۸(۱)، ۶۵-۶۰.

33. Vikas C, Saurabh P. Data Mining Techniques: To Predict and Resolve Breast Cancer Survivability. IJCSMC 2014; 3(1): 10-22.

34. Emina A, Abdulhamit S. Comparison Of Decision Tree Methods For Breast Cancer Diagnosis. ICIT 2013 The 6th International Conference on Information Technology, 8(1), 2013:12-130.

35. Lavanya D and Usha R. Ensemble Decision Tree Classifier For Breast Cancer Data. International Journal of Information Technology Convergence and Services (IJITCS) 2012;2(1):268-74.

36. GI Salama, M Abdelhalim. Breast cancer diagnosis on three different datasets using multi-classifiers, Breast Cancer (WDBC) 2012; 190-6.

25. Land WH, Verheggen EA. Multiclass Primal Support Vector Machines For Breast Density Classification. Int J Comput Biol Drug Des 2009; 2(1):21-57.

26. Kiyan T, Yildirim T. Breast cancer diagnosis using statistical neural networks. IU-Journal of Electrical & Electronics Engineering 2011; 4(2): 1149-53.

27. Chaurasia S, Chakrabarti P. An Approach with Support Vector Machine using Variable Features Selection on Breast Cancer Prognosis. International Journal of Advanced Research in Artificial Intelligence 2013; 2(9): 38-42.

28. Sarvestan Soltani A, Safavi AA, Parandeh MN, Salehi M. Predicting Breast Cancer Survivability using data mining techniques. Software Technology and Engineering (ICSTE). 2nd International Conference 2010; 2: 227-31.

29. Lavanya D, Rani KU. Ensemble decision tree classifier for breast cancer data. International Journal of Information Technology Convergence and Services 2012; 2(1): 17-24.

۳۰. طلوعی اشلقی عباس، پورابراهیمی علی، ابراهیمی ماندانا، قاسم احمد لیلا. پیش بینی عود مجدد سرطان پستان به کمک سه تکنیک داده‌کاوی. فصلنامه بیماریهای پستان ایران، ۱۳۹۱؛۵ (۴): ۳۴-۲۳.