



تشخیص زودهنگام دیابت با کمک اینترنت اشیاء و الگوریتم‌های گرگ خاکستری و ژنتیک و یادگیری عمیق (G2DL plus ABI-LSTM)

پریسا حسینی^(۱) سید ابراهیم دشتی^{(۲)*}

(۱) گروه مهندسی کامپیوتر، واحد شیراز، دانشگاه آزاد اسلامی، شیراز، ایران

(۲) گروه مهندسی کامپیوتر، واحد جهرم، دانشگاه آزاد اسلامی، جهرم، ایران*

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۱۰/۲۶ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۴/۱۶)

چکیده

بیماری‌های مزمن مانند دیابت به دلیل تأثیرات طولانی مدت بر سلامت و کیفیت زندگی، چالش‌های جدی در سراسر جهان ایجاد می‌کنند. دیابت نیاز به مدیریت مداوم دارد تا از عوارضی مانند نارسایی کلیه، کاهش بینایی و بیماری‌های قلبی جلوگیری شود. استفاده از فناوری‌های پیشرفته، به ویژه دستگاه‌های اینترنت اشیا (IoT)، پتانسیل بالایی برای بهینه‌سازی شناسایی و مدیریت دیابت نشان داده است. این دستگاه‌ها، شامل مانیتورهای هوشمند گلوکز و حسگرهای پوشیدنی، داده‌های لحظه‌ای از شاخص‌های کلیدی سلامت ارائه می‌دهند و امکان مداخله زودهنگام و پایش پیشگیرانه را فراهم می‌کنند. این مقاله روش جدید برای شناسایی زودهنگام بیماری‌های مزمن ارائه داده است که می‌تواند روشی برای خود مدیریتی با رویکردهای پیشرفته‌تر برای تشخیص زودهنگام و برنامه‌های درمانی شخصی‌سازی شده به بیماران ارائه دهد، که در نهایت منجر به بهبود نتایج بلندمدت سلامتی و کاهش بار دیابت خواهد شد. این روش از رویکرد انتخاب ویژگی برپایه بهینه‌سازی گرگ خاکستری برای کاهش ابعاد داده‌ها استفاده می‌کند. سپس با استفاده از یادگیری عمیق و مدل انتقالی، با رویکرد ترکیب سه بعد ویژگی، زمینه و زمان داده‌ها تحلیل و پردازش می‌شوند. علاوه بر این، تشخیص دیابت از طریق مدل واحد بازگشتی دوطرفه توجه (ABI-LSTM) انجام می‌شود. برای بهبود عملکرد شبکه ABI-LSTM، مدل انتخاب ابرپارامتر مبتنی بر الگوریتم بهینه‌سازی ژنتیک GA اضافه شده است. برای ارزیابی و تست مدل‌های پیشنهادی، داده‌های Kaggle مورد استفاده قرار گرفته است تا الگوریتم‌های مختلف مقایسه شوند. در نهایت، هدف از این تحقیق پیاده‌سازی روشی است که به کمک دستگاه‌های اینترنت اشیا (IoT) به افراد و مکان‌ها این امکان را بدهد که به سادگی از این سیستم برای پیش‌بینی دیابت استفاده کرده و به دقت بالایی در مدیریت و پیشگیری از دیابت دست یابند. شبیه‌سازی‌های انجام شده بر روی مجموعه داده‌های Kaggle دقتی بیش از ۹۷٫۵۰٪ را نشان داده‌اند که نسبت به تکنیک‌های موجود بهبود چشم‌گیری دارد.

کلمات کلیدی: اینترنت اشیا، دیابت، الگوریتم بهینه‌سازی گرگ خاکستری، یادگیری عمیق، الگوریتم بهینه‌سازی ژنتیک.

*عهده‌دار مکاتبات:

سید ابراهیم دشتی

نشانی: گروه مهندسی کامپیوتر، واحد جهرم، دانشگاه آزاد اسلامی، جهرم، ایران

پست الکترونیکی: sayed.dashty@gmail.com

با افزایش جمعیت سالمندان و شیوع بیماری‌های مزمن مثل دیابت، نظارت از راه دور بر سلامت به یک راهکار اساسی برای بهبود مراقبت از بیماران و کاهش هزینه‌های بهداشت و درمان تبدیل شده است [1]. فناوری اینترنت اشیا IoT به عنوان یک راهکار بالقوه برای نظارت از راه دور بر سلامت، اخیراً مورد توجه بسیاری قرار گرفته است.

اینترنت اشیا IoT را می‌توان شبکه‌ای گسترده در نظر گرفت که در آن دستگاه‌ها و واحدهای متصل، قادر به تعامل با یکدیگر هستند و اطلاعات لازم را برای تصمیم‌گیری‌های سریع و دقیق ارسال می‌کنند [2]. این فناوری، یکی از ارکان اصلی تحول دیجیتال به شمار می‌رود و به‌ویژه در حوزه‌های حساس نظیر پزشکی، نقش حیاتی ایفا می‌کند. IoT بستری مناسب برای توسعه راهکارهای نوین و هوشمند در مراقبت‌های پزشکی فراهم کرده است [3]. این پیشرفت تکنولوژیک به‌خصوص برای نسل جدید که در دنیای پس از جهانی شدن زیسته‌اند، اهمیت ویژه‌ای دارد. یادگیری ماشین ML، یکی از زیرشاخه‌های هوش مصنوعی [4] (AI)، به دلیل دیجیتالی شدن داده‌های مرتبط با سلامت، به ابزار مؤثری برای شناسایی بیماری‌ها تبدیل شده است. در سال‌های اخیر، متخصصان حوزه سلامت کاربردهای متنوع یادگیری ماشین را در بهبود خدمات درمانی مورد بررسی قرار داده‌اند [5]. ادغام فناوری IoT و ML امروزه زمینه‌ساز نوآوری‌های بسیاری در عرصه‌های مختلف شده است. در زمینه پزشکی، ترکیب قابلیت‌های IoT و ML می‌تواند محیطی پویا و کارآمد ایجاد کند [6]. این تعامل باعث می‌شود که هم بیماران و هم متخصصان از خدمات بهتری بهره‌مند شوند. IoT عمده‌تاً بر جمع‌آوری و انتقال داده‌ها تمرکز دارد، درحالی‌که ML با تحلیل داده‌ها و یادگیری الگوها به تصمیم‌گیری‌های هوشمند کمک می‌کند [7]. هدف‌نهایی IoT، هوشمندتر کردن فرآیندهای جاری از طریق مدیریت اطلاعات و بهره‌گیری از تکنیک‌های یادگیری ماشین و هوش مصنوعی برای اتخاذ تصمیمات مؤثر است [8]. در شرایط کنونی، بیماری‌های مزمنی مانند سکتة مغزی، سرطان، بیماری‌های قلبی، بیماری‌های مزمن تنفسی و دیابت، چالش‌های بزرگی در حوزه سلامت ایجاد کرده‌اند. دیابت، که یکی از عوامل اصلی مرگ‌ومیر در جهان شناخته می‌شود، نیازمند پایش دقیق و مستمر است [9]. این بیماری ناشی از عدم توانایی بدن در تولید کافی انسولین یا مقاومت به انسولین است که می‌تواند به نوسانات خطرناک گلوکز خون منجر شود. بنابراین، حفظ سطوح گلوکز در محدوده‌ای مشخص، اولویت اصلی بیماران دیابتی است [10]. برای برخی از بیماران، ارائه مراقبت فوری به‌منظور جلوگیری از تشدید وضعیت ضروری است. رشد فناوری‌های پزشکی منجر به گسترش استفاده از دستگاه‌های نظارت مداوم گلوکز CGM شده است. این دستگاه‌ها به ابزاری نوین در مدیریت دیابت تبدیل شده و امکان مشاهده لحظه‌ای سطح گلوکز را فراهم می‌کنند [11]. به همین دلیل، نظارت پیوسته و روزانه بروضعیت بیماران دیابتی از اهمیت بالایی برخوردار است. با این وجود، نرم‌افزارهای

موجود برای پایش سلامت و مدیریت بیماری‌ها هنوز نیاز به بهبود دارند تا بتوانند اطلاعات دقیق و کاربردی‌تری در اختیار متخصصان قرار دهند [12]. استفاده از یادگیری عمیق DL در تشخیص دیابت به دلیل توانایی آن در شناسایی الگوهای پیچیده و وابستگی‌های زمانی در داده‌های سلامت، باعث افزایش دقت در تشخیص شده است. در کنار آن، روش‌های کاهش ابعاد نیز با تمرکز بر ویژگی‌های مهم، به مقابله با چالش‌های مربوط به داده‌های حجیم کمک کرده و تفسیر مدل‌ها را در کاربردهای پزشکی آسان‌تر کرده‌اند. این رویکردها با هدف ساده‌سازی فرآیندهای پزشکی و بهبود نتایج بیماران طراحی و اجرا می‌شوند [13]. این مطالعه یک رویکرد نوین برای شناسایی زودهنگام بیماری‌های مزمن، برپایه فناوری اینترنت اشیا IoT و استفاده از یادگیری عمیق چندوجهی همراه با کاهش ابعاد داده ارائه کرده است. هدف این روش، بهره‌گیری از دستگاه‌های IoT برای جمع‌آوری اطلاعات پزشکی بیماران و استفاده از مدل MDL جهت تشخیص اولیه دیابت است. در این فرآیند، ابتدا داده‌ها از طریق IoT گردآوری و سپس با نرمال‌سازی Z-score استانداردسازی می‌شوند. همچنین، الگوریتم گرگ خاکستری GWO برای انتخاب ویژگی و کاهش ابعاد داده به کار گرفته شده است. تحلیل و پردازش داده‌ها نیز با استفاده از یادگیری عمیق چندوجهی و مدل‌های انتقالی انجام می‌شود. برای مرحله نهایی تشخیص، از مدل ABI-LSTM با مکانیزم توجه دوطرفه استفاده شده است. علاوه بر این، بهینه‌سازی عملکرد این مدل از طریق الگوریتم ژنتیک GA انجام گرفته است. این روش با مجموعه‌ای جامع از شبیه‌سازی‌ها بر روی داده‌های Kaggle ارزیابی شده و نتایج عملکرد آن مورد بررسی قرار گرفته است. نوآوری‌های کلیدی این پژوهش شامل موارد زیر است: مهم‌ترین مشارکت‌های این تکنیک به شرح زیر است:

- جمع‌آوری داده‌ها با استفاده از IoT:

این مدل با استفاده از دستگاه‌ها و حسگرهای مختلف متصل از طریق IoT، داده‌ها را به صورت لحظه‌ای جمع‌آوری می‌کند. این روش باعث غنی‌تر شدن و تنوع بیشتر داده‌ها می‌شود و پایه‌ای برای ارزیابی‌های بعدی فراهم می‌کند.

- پیش‌پردازش داده‌ها با نرمال‌سازی Z-score:

داده‌های جمع‌آوری شده به‌عنوان یک گام پیش‌پردازش تحت نرمال‌سازی Z-score قرار می‌گیرند. این روش ویژگی‌ها را با حذف میانگین و مقیاس‌بندی به انحراف معیار استاندارد می‌کند. این فرآیند باعث بهبود استحکام داده‌ها شده و تضمین می‌کند که هر ویژگی به‌طور مساوی در تحلیل مشارکت دارد، که در نهایت کارایی مدل‌های یادگیری ماشین را افزایش می‌دهد.

- انتخاب ویژگی با استفاده از GWO:

از الگوریتم گرگ خاکستری GWO، یک الگوریتم فراابتکاری الهام‌گرفته از رفتار جستجوی غذا توسط گرگ‌ها،

برای انتخاب ویژگی‌های مرتبط استفاده می‌کند. این روش بر ویژگی‌های اطلاعاتی تمرکز کرده و با کاهش ابعاد داده‌ها، ضمن حفظ یا بهبود عملکرد پیش‌بینی، کارایی و قابلیت تفسیر مدل را افزایش می‌دهد.

- پردازش داده‌ها با یادگیری عمیق و مدل‌های انتقال:

در این رویکرد، داده‌ها به سه وجه تقسیم شده و برای تحلیل ویژگی‌ها، از مدل انتقالی پیشرفته مانند ResNet و DenseNet استفاده می‌شود.

- تشخیص دیابت با استفاده از ABI-LSTM:

این مطالعه از مدل ABI-LSTM برای تشخیص دیابت استفاده می‌کند که مکانیزم توجه را با واحدهای بازگشتی دوطرفه LSTM ترکیب کرده است. این مدل، با تحلیل ویژگی‌های زمانی پیچیده پردازش دوطرفه به مدل اجازه می‌دهد تا به‌طور همزمان زمینه‌های گذشته و آینده را در داده‌های ترتیبی مانند تشخیص دیابت بررسی کند.

- نوآوری در استفاده از GA برای انتخاب ابرپارامترها:

این مدل از الگوریتم بهینه‌سازی ژنتیک GA، که فرآیند تکامل طبیعی و انتخاب طبیعی در زیست‌شناسی الهام گرفته است، برای بهینه‌سازی ابرپارامترهای روش ABI-LSTM استفاده می‌کند. این رویکرد عملکرد و ظرفیت تعمیم مدل را بهبود می‌بخشد. این روش کارایی ترکیب روش‌های بهینه‌سازی زیست‌شناسی الهام گرفته با تکنیک‌های DL را نشان می‌دهد و به پیشرفت در استراتژی‌های بهینه‌سازی و طراحی الگوریتم برای کاربردهای بهداشتی مانند شناسایی دیابت کمک می‌کند.

۲- مرور ادبیات

میرجلالی و همکاران [14] انواع مختلف حسگرهای پوشیدنی و کاربردهای بالقوه آن‌ها در سیستم‌های نظارت از راه دور سلامت را بررسی کردند که می‌توانند با تخمین علائم حیاتی مانند نرخ تنفس، دمای بدن و سطح اکسیژن خون، نشانگرهای فیزیولوژیکی و بیوشیمیایی را شناسایی کنند. این بررسی بر جدیدترین پیشرفت‌ها در تکنیک‌های حسگرهای پوشیدنی که قادر به تخمین دقیق سیگنال‌های حیاتی مطابق با آزمایش‌های نقطه‌ای Point-of-Care Tests هستند، متمرکز بود و استفاده از این حسگرها برای ارزیابی وضعیت تنفسی را برجسته کرد. این مقاله راهبردهای مبتنی بر مواد متنوع و ابزارهای عملکردی را خلاصه کرده و بر کاربرد بالقوه حسگرهای پوشیدنی برای تشخیص غیرتهاجمی و زودهنگام بسیاری از شرایط پزشکی، از جمله COVID-19، تأکید کرد.

حماد و همکاران [15] روشی را برای شناسایی خودکار آریتمی در برنامه‌های IoT با استفاده از شبکه عصبی

پیش‌بینی CNN و تکنیک بلندمدت-کوتاه‌مدت ConvLSTM پیشنهاد کردند. چادیا و همکاران [16] رویکرد ترکیبی هوش انسانی-ماشینی را برای ایجاد مدل‌های پیش‌بینی در مراقبت‌های بهداشتی پیشنهاد کردند. با ترکیب تخصص و استدلال پزشکان متخصص و استفاده از داده‌های با کیفیت بالا، مطالعه آن‌ها بر پیش‌بینی مسیر بیماری ام‌اس MS تمرکز داشت. این رویکرد ترکیبی که روش‌های متعارف را پشت سر گذاشت، پتانسیل ادغام هوش انسانی و مصنوعی را برای بهبود مدل‌های یادگیری ماشینی و تسهیل تصمیم‌گیری بالینی شخصی‌شده نشان می‌دهد. اسلام و همکاران [17] یک روش مبتنی بر IoT ارائه کردند که داده‌های جمع‌آوری‌شده را از طریق پروتکل MQTT به سرور منتقل می‌کند. تکنیک یادگیری عمیق به کار گرفته شده براساس CNN با لایه توجه بوده که در سرور برای طبقه‌بندی بیماری‌های احتمالی استفاده می‌شود. جوتپا و همکاران [18] مدلی جدید با یک تکنیک متوالی منحصر به فرد برای یافتن مقادیر گمشده و بهبود نتایج ارائه کردند. در مرحله طبقه‌بندی، از m-Xception بهره گرفته شد که شامل لایه کانولوشنی در یک زیرلایه عمقی مرتبط با تسهیل‌های خطی است. برای انتخاب مقادیر کرنل مناسب در نمونه‌های بزرگ‌تر، یک الگوریتم فراابتکاری به نام بهینه‌ساز چرخ جیغ‌دار SWO پیشنهاد شد.

ونکتراو و کریموللا [19] یک روش شبکه ترکیبی یادگیری عمیق HDLNet توسعه دادند. این مدل از CNN جداشونده عمیق DSCNN برای تشخیص زودهنگام بیماری مزمن کلیوی CKD استفاده می‌کند. CapsNet بسیاری از ویژگی‌های پردازشی را حذف کرده و الگوریتم بهینه‌سازی عقاب AOA برای انتخاب ویژگی‌های مرتبط به کار گرفته شده است. علاوه بر این، مدل DSCNN با استفاده از الگوریتم بهینه‌سازی پرنده‌ترن دودی STOA برای طبقه‌بندی CKD و غیر CKD بهبود یافت. در [20] تکنیکی برای تحلیل بیماری با ترکیب یادگیری عمیق و IoT ارائه شد. مراحل شامل:

الف) جمع‌آوری داده‌ها از دستگاه‌های IoT، جایی که حسگرها داده‌ها را جمع‌آوری و منتقل می‌کنند.

ب) پیش‌پردازش داده‌ها به دلیل نویز موجود.

ج) استفاده از جنگل ایزوله iForest برای تشخیص ناهنجاری با پیچیدگی زمانی خطی و دقت بالا.

د) ترکیب بهینه‌سازی ازدحام ذرات PSO با مدل DenseNet-169 برای تحلیل بیماری و تنظیم پارامترها برای افزایش دقت.

ونکتراو و شیخ [21] یک تکنیک جدید حذف نقاط پرت با یک فرآیند خوشه‌بندی سه‌مرحله‌ای ارائه کردند. به جای استفاده از تراکم یا فاصله برای خوشه‌بندی، از نسبت تراکم جهت‌دار استفاده شد. ویژگی‌های جمع‌آوری‌شده به عنوان ورودی به شبکه‌های عصبی عمیق جدید که سیستم‌های Bi-GRU و فشرده‌سازی-برانگیزش را ترکیب می‌کند،

ارسال شدند. الگوریتم بهینه‌ساز شغال چندجهانی MJO برای افزایش دقت پیش‌بینی و کاهش آنتروپی متقاطع در الگوریتم طبقه‌بندی به کار گرفته شد. اشرف و همکاران [22] تکنیک‌هایی را برای طبقه‌بندی و تحلیل وظایف یادگیری مدل‌های تأثیرگذار یادگیری عمیق مانند CNN و روش TL بر روی داده‌های ترکیبی تصویر مغزی اوتیسم ارائه کردند. داده‌های rs-fMRI به دلیل ماهیت چهاربعدی (D^3 مکانی و D^1 زمانی) برای توسعه بیومارکرهای تحلیلی اختلالات مغزی استفاده شدند. سانداس و همکاران [23] مدل پایش هوشمند بیمار و توصیه SPMR را معرفی کردند که با بهره‌گیری از یادگیری عمیق و تحلیل مبتنی بر ابر، اقدامات پیشگیرانه خودکار را ممکن می‌سازد. کائو و همکاران [24] مدل شبکه حافظه بلندمدت کوتاه‌مدت دوطرفه تقویت‌شده با توجه ABi-LSTM را پیشنهاد کردند که شامل شبکه استخراج ویژگی مکانی، LSTM دوطرفه، و یک زیرشبکه توجه زمانی است. این مدل برای استخراج ویژگی‌های فضایی-زمانی و تنظیم سطوح توجه در توالی‌های تصویر طراحی شده است. کائو و همکاران [25] چارچوب RmLR را پیشنهاد کردند که یک استراتژی بازکاوی برای نمایش کلی بصری و مدل‌های هم‌ترازی دقیق برای حل مسائل هم‌ترازی چند به چند بین تعاملات و توضیحات متنی ارائه می‌دهد.

احمد و همکاران [26] مدلی مبتنی بر CNN برای استخراج ویژگی‌های عمیق از فریم‌های ویدئویی و انتخاب ویژگی‌ها ارائه کردند. سپس، از مدل Bi-GRU برای یادگیری دینامیک‌های زمانی دوطرفه از ویژگی‌های انتخاب‌شده استفاده شد.

گناسونداری و همکاران [27] راه‌حلی مبتنی بر یادگیری عمیق و IoT ارائه دادند که داده‌های مرتبط با سلامت را بدون افشای اطلاعات شخصی مصرف‌کنندگان با استفاده از مدل شبکه عصبی مصنوعی ANN تحلیل می‌کند. کومار و همکاران [28] روش TOPSIS فازی را با مدل بهینه‌سازی جستجوی طلایی GSO بهبود دادند. همچنین، مدل شبکه عصبی کانولوشنی کرنل مورب با کرنل سازگار DKCNN-AK برای بهبود تشخیص ارائه شد. روش GSO برای طبقه‌بندی رتبه‌های امنیتی روش TOPSIS فازی به اصول ایمن و غیرایمن بهینه‌سازی شد.

مطالعات مرجع شامل کاربردهای مختلف در حوزه بهداشت و تحلیل داده‌ها با بهره‌گیری از یادگیری عمیق DL، ادغام IoT، و رویکردهای الگوریتمی نوآورانه هستند. این مطالعات به تهدیدهای مهم، شناسایی بیماری‌ها، نظارت بر بیماران و بهبود تصمیم‌گیری با استفاده از مدل‌های محاسباتی پیشرفته مانند CNN، RNN، و تکنیک‌های ترکیبی DL می‌پردازند.

با این حال، محدودیت‌های ذاتی در این روش‌ها وجود دارد. از جمله این محدودیت‌ها می‌توان به مشکلات مقیاس‌پذیری با مجموعه داده‌های بزرگ، نگرانی‌های مربوط به حریم خصوصی در انتقال داده‌های IoT، دشواری در

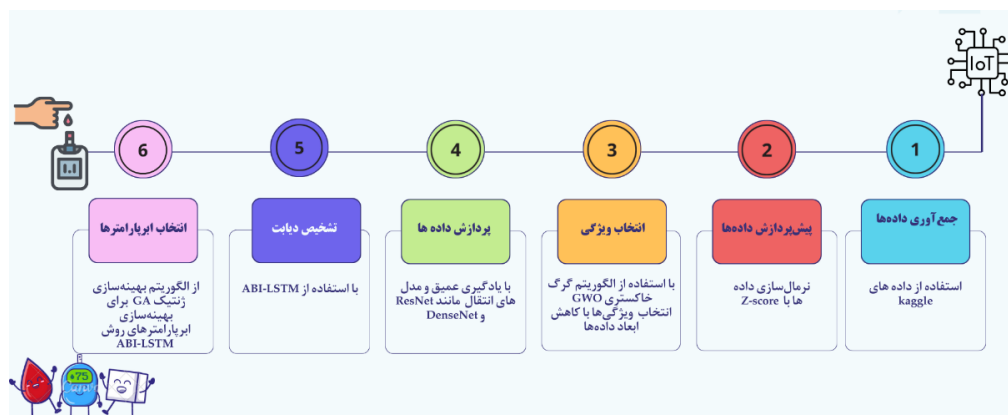
تفسیر خروجی‌های DL در محیط‌های بالینی، و پیچیدگی‌های محاسباتی مرتبط با آموزش و اجرای مدل اشاره کرد. پرداختن به این چالش‌ها برای تضمین قابلیت اطمینان، اجرای اخلاقی، و کاربرد عملی این فناوری‌ها در سناریوهای واقعی بهداشت و درمان و کاربردهای IoT بسیار مهم است.

مطالعه حاضر به شکاف‌های مهم در استفاده مؤثر از داده‌های IoT و ناوبری روابط کانولوشنی در انتخاب ویژگی در زمینه‌های بهداشت و درمان پاسخ می‌دهد. این مطالعه مشکلات مربوط به ثبت پویایی‌های زمانی دوطرفه که برای مدل‌سازی دقیق تشخیص بیماری ضروری هستند را مورد بررسی قرار می‌دهد. علاوه بر این، با بهینه‌سازی سیستماتیک پارامترهای مدل، به ویژه در کاربردهای پزشکی، این چارچوب بهبود دقت و کاربردپذیری سیستم‌های تشخیص دیابت را هدف قرار داده است و در نهایت منجر به ارتقای نتایج سلامت می‌شود. فرآیند جمع‌آوری و انتقال داده‌های خودکار، هشدارها و اعلان‌های به موقع را برای ارائه‌دهندگان خدمات بهداشتی تسهیل می‌کند و امکان مداخله پیشگیرانه براساس وضعیت بیمار را فراهم می‌سازد، صرف‌نظر از موقعیت جغرافیایی بیمار، چه در خانه و چه در بیمارستان. این ادغام بدون وقفه، با اطمینان از نظارت مداوم و پاسخ سریع پزشکی در مواقع ضروری، مراقبت از بیمار را بهبود می‌بخشد.

۳- روش پیشنهادی

این پژوهش یک رویکرد جدید - ارائه می‌دهد که بر پایه اینترنت اشیا IoT طراحی شده است. این روش به دستگاه‌های IoT اجازه می‌دهد داده‌های پزشکی بیماران را جمع‌آوری کرده و با روش‌هایی به شناسایی زود هنگام دیابت کمک کند. کار پیشنهادی در شش مرحله اصلی پیاده‌سازی شده است: جمع‌آوری داده‌ها، نرمال‌سازی داده‌ها، انتخاب ویژگی، تحلیل و پردازش داده‌ها، تشخیص دیابت، و تنظیم ابرپارامترها که در شکل ۱ نشان داده شده است. این روش با G2DL¹ plus ABI-LSTM نامگذاری شده است.

¹ Gray Wolf Genetic Deep Learning



شکل ۱: روش پیشنهادی برای تشخیص زود هنگام دیابت

۳-۱- جمع‌آوری داده‌های پزشکی مبتنی بر IoT

دستگاه‌های IoT فناوری پرکاربردی برای نظارت بر بیماران دیابتی هستند. هر فرد می‌تواند با ثبت‌نام در برنامه‌ای که با حسگرهای IoT ارتباط برقرار می‌کند، وضعیت دیابت خود را کنترل کند. این فرآیند نظارت را برای همه افراد علاقه‌مند، از جمله بیماران دیابتی، اعضای جدید و خانواده‌های آن‌ها، در دسترس‌تر می‌کند. برای دسترسی به داده‌ها، استفاده از نام کاربری و رمز عبور ضروری است. پس از تأیید اعتبار کاربر، ثبت‌نام تکمیل شده و فرد می‌تواند وارد سیستم شده و از خدمات اضافی بهره‌مند شود. هنگام ورود به سیستم، پایش پروفایل کاربر ضروری است. همچنین، خوانش حسگرها باید به طور خودکار ثبت شود. استفاده از حسگرهایی که علاوه بر داده‌های فیزیکی، جنبه‌های روانی مانند تأثیر استرس یا افسردگی روی مصرف قند را ثبت می‌کنند. این داده‌ها برای شناسایی روابط پیچیده میان عوامل مختلف و ابتلا به دیابت تحلیل می‌شوند. تگ RFID باید به حسگرهای متصل به بیمار متصل شود. این حسگرها به IoT امکان می‌دهند که بیمار را به صورت از راه دور نظارت کند، چه بیمار در بیمارستان باشد و چه در خانه. از آنجایی که آردوینو به عنوان یک میکروکنترلر منبع باز به راحتی در دسترس و انعطاف‌پذیر است، امکان توسعه پروژه‌های میان‌رشته‌ای را فراهم می‌کند. حسگرهای سلامت از جمله حسگر فشار خون، دمای بدن، و OPS2 اکسیژن و ضربان نبض، حسگرهایی هستند که در آردوینو به کار می‌روند. حسگر گلوکومتر برای اندازه‌گیری سطح گلوکز خون بیمار استفاده می‌شود. یک قطره کوچک خون که با لانس از پوست گرفته می‌شود، برای اندازه‌گیری سطح گلوکز کافی است. حسگرهای ذکرشده باید به بدن بیمار متصل شوند تا خوانش‌ها از طریق حسگرهای سلامت پیگیری شوند. جزئیات ورود به سیستم هر بار که بیمار با استفاده از تگ RFID وارد می‌شود، تأیید می‌شوند. سپس، اطلاعات بیمار به صورت لحظه‌ای به روزرسانی می‌شود. حسگرهای متصل به بدن داده‌ها را ثبت کرده و از طریق دستگاه‌های IoT انتقال

می‌دهند و پیام وضعیت بیمار را به سرعت به پزشکان ارسال می‌کنند.

در این فرآیند، IoT نقشی حیاتی در نظارت از راه دور و مدیریت بیماران دیابتی ایفا می‌کند. دستگاه‌های IoT که با حسگرهایی نظیر فشار خون، دمای بدن، و گلوکومترها ادغام شده‌اند، داده‌های بیماران را به طور پیوسته و در زمان واقعی جمع‌آوری و انتقال می‌دهند. این داده‌ها از طریق تأیید اعتبار کاربر با تگ RFID به صورت ایمن دسترسی‌پذیر هستند و به بیماران و مراقبان مجاز امکان می‌دهد تا معیارهای سلامت را به راحتی کنترل کنند.

جمع‌آوری و انتقال خودکار داده‌ها هشدارها و اعلان‌های به موقع را برای ارائه‌دهندگان خدمات بهداشتی تسهیل می‌کند و امکان مداخله پیشگیرانه بر اساس وضعیت بیمار را فراهم می‌سازد، بدون توجه به اینکه بیمار در خانه یا بیمارستان باشد. این ادغام بدون وقفه، با اطمینان از نظارت مداوم و پاسخ پزشکی سریع در مواقع ضروری، مراقبت از بیمار را بهبود می‌بخشد.

۲-۳- نرمال‌سازی داده‌ها

نرمال‌سازی Z-score یا استانداردسازی، داده‌ها را به یک توزیع یکنواخت با واریانس ۱ و میانگین ۰ تبدیل می‌کند [29]. این روش با کسر میانگین داده‌ها از هر نقطه داده و تقسیم آن بر واریانس محاسبه می‌شود (۱). این فرآیند شکل توزیع داده را حفظ کرده و امکان مقایسه بین مجموعه داده‌های مختلف را فراهم می‌کند.

نرمال‌سازی Z-score در شناسایی نقاط پرت مؤثر بوده و مقایسه بین مجموعه داده‌هایی با مقیاس‌های مختلف را تسهیل می‌کند. این تکنیک به عنوان یکی از گام‌های پیش‌پردازش در الگوریتم‌های یادگیری ماشین و بسیاری از تحلیل‌های آماری مورد استفاده قرار می‌گیرد.

$$Z = \frac{x - \mu}{\sigma} \quad (1)$$

۳-۳- انتخاب ویژگی با استفاده از مدل GWO

برای کاهش ابعاد، از رویکرد انتخاب ویژگی مبتنی بر بهینه‌سازی گرگ GWO استفاده می‌کند. GWO به طور کامل بر اساس رفتار گرگ در طبیعت طراحی شده است [30]. رویکرد الگوریتم گرگ خاکستری GWO با روش‌های سنتی بهینه‌سازی متفاوت است زیرا از یک جستجوی فراابتکاری الهام گرفته از رفتار اجتماعی و شکار گرگ‌های خاکستری استفاده می‌کند. این الگوریتم با تقلید از سلسله مراتب اجتماعی گرگ‌ها و استراتژی شکار آنها، به دنبال یافتن بهترین راه‌حل ممکن در فضای جستجو است. این تکنیک، به طور پویا بین اکتشاف Exploration و بهره‌برداری

Exploitation تعادل برقرار کرده و به صورت مؤثری فضای جستجو را پوشش می‌دهد. در نتیجه، الگوریتم گرگ خاکستری تطبیق‌پذیری و کارایی بالایی را در مسائل بهینه‌سازی نشان داده است، به‌ویژه در شرایطی که روش‌های سنتی ممکن است با محدودیت‌های کارایی مواجه شوند. GWO از ساختار سلسله‌مراتبی شامل سه نوع گرگ (آلفا، بتا، و دلتا) برای هدایت جمعیت و گرگ‌های امگا برای پشتیبانی از جستجو استفاده می‌کند. هر کدام از این نقش‌ها، عملکرد الگوریتم را در جهت یافتن پاسخ بهینه تسهیل می‌کنند. الگوریتم گرگ خاکستری شامل سه مرحله کلیدی است [30]:

۳-۳-۱- محاصره طعمه Encircling Prey

گرگ‌ها ابتدا طعمه را شناسایی کرده و موقعیت خود را نسبت به طعمه تنظیم می‌کنند. موقعیت هر گرگ به کمک بردارهای کنترل $\vec{A}$ و $\vec{C}$ تنظیم می‌شود. این مرحله به صورت زیر مدل‌سازی شده است (۲) و (۳):

$$\vec{D} = |\vec{C} \cdot \vec{X}_{best} - \vec{X}| \quad (2)$$

$$\vec{X}_{new} = \vec{X}_{best} - \vec{A} \cdot \vec{D} \quad (3)$$

که در آن $\vec{X}_{best}$ موقعیت طعمه (بهترین راه حل فعلی) و $\vec{D}$ فاصله گرگ از طعمه را نشان می‌دهد. بردارهای کنترل $\vec{A}$ و $\vec{C}$ به صورت تصادفی تولید می‌شوند.

۳-۳-۲- حمله به طعمه Attacking Prey

زمانی که گرگ‌ها به طعمه نزدیک می‌شوند، مقدار $\vec{A}$ کاهش یافته و حرکت آن‌ها به سمت بهترین موقعیت ادامه می‌یابد (۴). مقدار a به صورت خطی از ۲ به ۰ کاهش می‌یابد که T تعداد کل تکرارها و t شماره تکرار فعلی است و فرمول آن بدین صورت است:

$$\vec{A} = 2 \cdot \vec{a} \cdot \vec{r}_1 - \vec{a} \quad \vec{a} = 2 - \frac{2t}{T} \quad (4)$$

$\vec{a}$ به صورت خطی از ۲ به ۰ کاهش می‌یابد.

$\vec{r}_1$ عدد تصادفی بین ۰ و ۱ می‌باشد.

۳-۳-۳- اکتشاف محیط Exploration

گرگ‌های امگا به بررسی فضای جستجو می‌پردازند تا موقعیت‌های جدید و بهتری را پیدا کنند. برای افزایش تنوع و جلوگیری از گیر افتادن در بهینه محلی، موقعیت‌های جدید گرگ‌ها به صورت تصادفی حول بهترین موقعیت‌ها تنظیم می‌شود (۵):

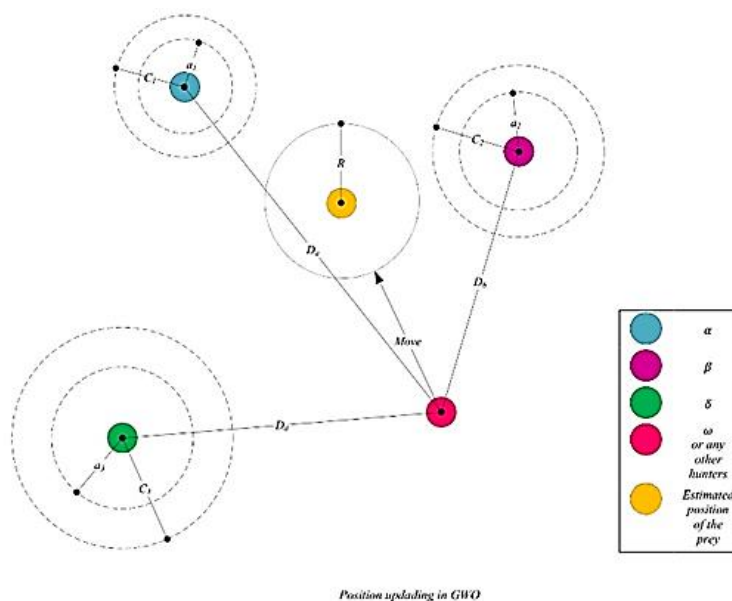
$$\vec{X}(t+1) = \frac{\vec{X}_\alpha + \vec{X}_\beta + \vec{X}_\delta}{3} \quad (5)$$

که در آن موقعیت‌های آلفا، بتا و دلتا (سه بهترین راه فعلی) $\vec{X}_\alpha$ و $\vec{X}_\beta$ و $\vec{X}_\delta$ هستند.



شکل ۲: موقعیت گرگ‌ها

موقعیت به روزرسانی شده $\vec{X}(t+1)$ در شکل ۳ نشان داده شده است.



شکل ۳: موقعیت به روزرسانی شده گرگ‌ها

۳-۳-۴- تابع برازندگی

تابع برازندگی در GWO معیاری برای ارزیابی کیفیت هر موقعیت (گرگ) است. برای مسائل انتخاب ویژگی، این تابع به صورت زیر تعریف می‌شود:

$$\text{Fitness} = \alpha \cdot \text{ErrorRate} + (1 - \alpha) \cdot \frac{\# \text{ SelectedFeatures}}{\# \text{ TotalFeatures}} \quad (6)$$

که در این معادله نرخ خطای طبقه‌بندی کننده با ErrorRate، تعداد ویژگی‌های انتخاب شده با #SelectedFeatures، تعداد کل ویژگی‌ها با #TotalFeatures و α وزنی که اهمیت دقت طبقه‌بندی را در مقابل تعداد ویژگی‌ها مشخص می‌کند.

این الگوریتم در مسائل بهینه‌سازی پیچیده با فضای جستجو بزرگ عملکرد مناسبی نشان می‌دهد. Pseudo کد الگوریتم گرگ خاکستری برای انتخاب ویژگی به صورت زیر است:

```

Initialize the grey wolf population  $X_i (i = 1.2. .... n)$ 
Initialize  $a, A$ , and  $C$ 
Calculate the fitness of each search agent
 $X_\alpha$  = the best search agent
 $X_\beta$  = the second best search agent
 $X_\delta$  = the third best search agent
while (  $t < \text{Max number of iterations}$ )
    for each search agent
        Update the position of the current search agent
    end for
    Update  $a, A$ , and  $C$ 
    Calculate the fitness of all search agents
    Update  $X_\alpha, X_\beta$ , and  $X_\delta$ 
     $t = t + 1$ 
end while
return  $X_\alpha$ 

```

۳-۴- پردازش داده ها با یادگیری عمیق و مدل های انتقال

در این رویکرد، داده ها به سه وجه تقسیم می شوند:

- ویژگی ها Feature: داده های حسگرها مانند گلوکز خون و فشار خون.
- زمان Temporal: الگوهای زمانی در داده ها (مثلاً تغییرات روزانه یا هفتگی گلوکز).
- زمینه Context: اطلاعات شخصی و سابقه بیمار.

۳-۴-۱- استخراج ویژگی ها

برای تحلیل ویژگی ها، از مدل های انتقالی پیشرفته مانند ResNet و DenseNet استفاده می شود. این مدل ها به طور خودکار ویژگی های پیچیده و معنادار را از داده های حسگرها استخراج می کنند.

الف. ResNet (Residual Networks):

ResNet با استفاده از بلوک های باقیمانده Residual Blocks به عمق شبکه اجازه می دهد بدون از دست دادن

گرادیان افزایش یابد. معادله کلی بلوک باقیمانده به صورت زیر است:

$$y = F(x, \{W_i\}) + x \quad (7)$$

که در آن x نشان دهنده ورودی و $F(x, \{W_i\})$ تابع یادگیری ویژگی و y خروجی است.

ب. DenseNet (Dense Convolutional Networks):

DenseNet با اتصال چگال Dense Connectivity تمامی لایه‌ها به یکدیگر، ویژگی‌های استخراج شده در هر

لایه را به اشتراک می‌گذارد. معادله کلی آن:

$$x_l = H_l([x_0, x_1, \dots, x_{l-1}]) \quad (8)$$

که در آن $[x_0, x_1, \dots, x_{l-1}]$ خروجی لایه‌های قبلی می‌باشد.

۳-۴-۲- تحلیل زمانی

برای تحلیل روابط زمانی، از مدل‌های بازگشتی مانند GRU یا LSTM استفاده می‌شود. این مدل‌ها با حفظ حافظه

کوتاه‌مدت و بلندمدت، تغییرات داده‌های حسگرها را در طول زمان بررسی می‌کنند

دروازه بازنشانی (Reset Gate):

$$r_t = \sigma(W_r \cdot [h_{t-1}, x_t]) \quad (9)$$

دروازه به روزرسانی (Update Gate):

$$z_t = \sigma(W_z \cdot [h_{t-1}, x_t]) \quad (10)$$

حالت کاندید:

$$\tilde{h}_t = \tanh(W \cdot [r_t * h_{t-1} - 1, x_t]) \quad (11)$$

حالت نهایی:

$$h_t = (1 - z_t) * h_{t-1} + z_t * \tilde{h}_t \quad (12)$$

۳-۴-۳- تحلیل زمینه‌ای

این وجه اطلاعاتی مانند سن، جنسیت، و سبک زندگی بیمار را تحلیل می‌کند. از شبکه‌های عصبی متراکم^۱ برای

^۱ Fully Connected Neural Networks

تحلیل این داده‌ها استفاده می‌شود.

۴-۴-۳- ادغام داده‌ها

خروجی سه‌وجه (ویژگی، زمان، زمینه) در یک لایه ترکیب ادغام می‌شوند. مکانیزم توجه Attention Mechanism به این لایه اضافه شده است تا بر داده‌هایی که بیشترین تأثیر را در تشخیص دیابت دارند، تمرکز کند. امتیاز توجه:

$$e_i = v^T \tanh(Wh_i + b) \quad (13)$$

نرمال سازی امتیازات:

$$a_i = \frac{\exp(e_i)}{\sum_{j=1}^n \exp(e_j)} \quad (14)$$

خروجی لایه توجه:

$$V = \sum_{i=1}^n a_i h_i \quad (15)$$

۵-۳- تشخیص دیابت با استفاده از ABI-LSTM

مدل ABI-LSTM، با تحلیل ویژگی‌های زمانی پیچیده، توانایی تشخیص تغییرات سریع یا غیرمعمول در قند خون و سایر شاخص‌های مرتبط با دیابت را دارد. این مدل از ترکیب شبکه‌های بازگشتی دوطرفه LSTM و مکانیزم توجه Attention بهره می‌برد تا ویژگی‌های زمانی مهم را از داده‌های بیماران استخراج کرده و دقت تشخیص را افزایش دهد. [31] مدل ABI-LSTM شامل سه بخش اصلی است:

۱- استخراج ویژگی‌های فضایی:

داده‌های پزشکی نظیر تغییرات قندخون، فشارخون، و سایر شاخص‌های بالینی، از طریق شبکه عصبی پیچشی CNN پردازش و به ویژگی‌های فضایی تبدیل می‌شوند. هر نمونه به صورت بردار زمانی x_t در باره $t=1,2,\dots,T$ تعریف می‌شود که نشان دهنده ویژگی‌های مختلف در زمان است.

۲- پردازش دوطرفه توسط LSTM:

مدل LSTM دوطرفه به صورت هم‌زمان داده‌ها را رو به جلو و بالعکس پردازش می‌کند. این ساختار باعث می‌شود مدل بتواند روابط پیچیده و متقابل میان ویژگی‌های زمانی را استخراج کند. در جهت رو به جلو اطلاعات زمانی از $t=1$ تا T تحلیل می‌شوند و جهت رو به عقب اطلاعات زمانی از T تا $t=1$ تحلیل می‌شوند.

- دروازه فراموشی Forget Gate:

این دروازه تعیین می‌کند که چه مقدار از اطلاعات قبلی باید حذف شود. مقدار f_t که بین صفر و یک است، نشان‌دهنده میزان اهمیت اطلاعات قبلی است.

$$f_t = \sigma(W_f \cdot [h_{t-1}, x_t] + b_f) \quad (16)$$

اگر f_t نزدیک به صفر باشد، مدل اطلاعات مربوط به حالت قبلی h_{t-1} را نادیده می‌گیرد و اگر f_t نزدیک به یک باشد، مدل این اطلاعات را حفظ می‌کند.

- دروازه ورودی Input Gate:

این دروازه مشخص می‌کند که چه مقدار از اطلاعات جدید باید به وضعیت سلول اضافه شود.

$$i_t = \sigma(W_i \cdot [h_{t-1}, x_t] + b_i) \quad (17)$$

مقدار i_t نشان‌دهنده تاثیر ورودی جدید x_t بر وضعیت سلول C_t است.

- وضعیت سلول کاندید Candidate Cell State:

$$\tilde{h}_t = \tanh(W \cdot [r_t^* h_{t-1}, x_t]) \quad (18)$$

اینجا مقدار جدید پیشنهادی برای وضعیت سلول محاسبه می‌شود. تابع $\tanh$ مقدار کاندید را در بازه $[-1, 1]$ محدود می‌کند تا نوسانات بزرگ در داده‌ها کنترل شود.

- به‌روزرسانی وضعیت سلول Cell State:

$$C_t = f_t * C_{t-1} + i_t * \tilde{C} \quad (19)$$

وضعیت نهایی سلول C_t ترکیبی از اطلاعات قدیمی و جدید است. در اینجا:

$f_t * C_{t-1}$ نشان‌دهنده اطلاعات گذشته است که حفظ شده است و $i_t * \tilde{C}$ نشان‌دهنده اطلاعات جدیدی است

که اضافه می‌شود.

• خروجی نهایی Output:

در اینجا خروجی نهایی ht به عنوان وضعیت پنهان در هر زمان t محاسبه می شود.

$$h_t = o_t * \tanh(C_t) \quad (20)$$

o_t یک دروازه خروجی است که اهمیت را مشخص می کند و $\tanh(C_t)$ وضعیت سلول به خروجی مدل تبدیل می شود.

۳- مکانیزم توجه:

برای تشخیص دیابت، برخی ویژگی های زمانی مانند تغییرات سریع سطح گلوکز ممکن است اهمیت بیشتری داشته باشند. مکانیزم توجه به مدل اجازه می دهد تا تمرکز بیشتری بر این ویژگی ها داشته باشد. این مکانیزم با استفاده از معادلات زیر بدست خواهد آمد:

محاسبه نمره توجه:

$$e_i = v^T \tanh(W \cdot h_i + b) \quad (21)$$

در اینجا e_i نشان دهنده اهمیت وضعیت h_i است و W وزن هایی که نشان دهنده روابط خطی، همچنین $\tanh$ برای اضافه کردن غیرخطیت و محدود کردن مقادیر است.

نرمال سازی نمرات با Softmax:

$$a_i = \frac{\exp(e_i)}{\sum_{j=1}^n \exp(e_j)} \quad (22)$$

a_i به عنوان وزن نرمال شده برای هر حالت i استفاده می شود.

Softmax اطمینان می دهد که مجموع وزن ها برابر ۱ باشد، بنابراین هر a_i به صورت نسبی محاسبه می شود.

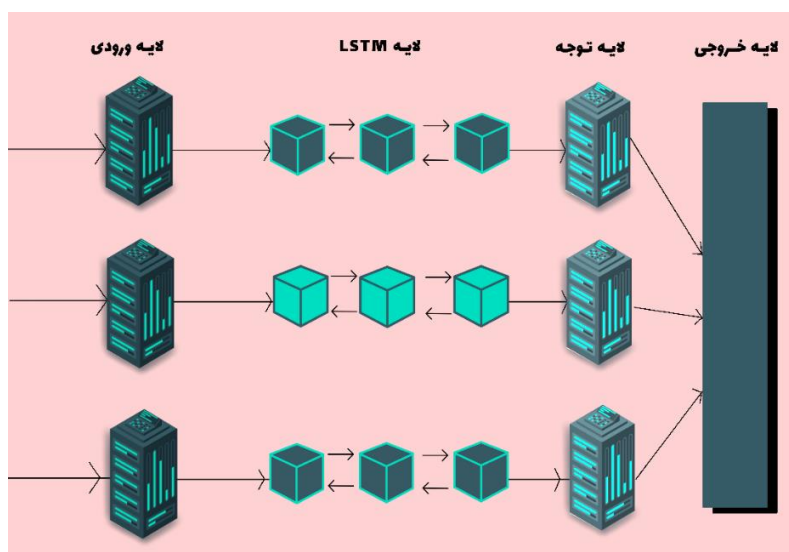
وزن دهی خروجی ها:

$$V = \sum_{i=1}^n a_i h_i \quad (23)$$

خروجی نهایی مکانیزم توجه V ترکیبی از وضعیت های h_i است که بر اساس وزن های a_i محاسبه شده اند. این

مقدار به لایه های بعدی مدل داده می شود.

معماری مدل ABI-LSTM در شکل ۴ نشان داده شده است.



شکل ۴: معماری مدل ABI-LSTM

۳-۶- تنظیم ابرپارامترها با الگوریتم ژنتیک

در نهایت، مدل تنظیم ابرپارامتر مبتنی بر الگوریتم ژنتیک GA، عملکرد مدل ABI-LSTM را بهبود می‌بخشد. GA یک مدل نوآورانه بهینه‌سازی مبتنی بر تکامل طبیعی و انتخاب طبیعی است که به دلیل توانایی بی‌نظیر خود در جستجوی بهینه جهانی شناخته می‌شود [32].

این الگوریتم با شبیه‌سازی فرآیند تکامل زیستی، شامل تولید، ترکیب، و جهش کروموزوم‌ها، راه‌حل‌هایی بهینه برای مسائل پیچیده ارائه می‌دهد. هر کروموزوم به‌عنوان یک کاندیدای راه‌حل برای مسئله در نظر گرفته می‌شود. فرآیند بهینه‌سازی از طریق انتخاب والدین، ترکیب ژن‌ها Crossover و جهش Mutation انجام می‌شود.

مانند سایر مدل‌های بهینه‌سازی هوش ازدحامی یا تکاملی، جمعیت اولیه کروموزوم‌ها با استفاده از یک روش استاندارد مقداردهی اولیه می‌شوند که در فرمول زیر نشان داده شده است:

$$x_{i,j} = l_j + \text{rand} \cdot (u_j - l_j), \quad i = 1..N, j = 1..K \quad (24)$$

در اینجا :

- مقدار ژن j -ام در کروموزوم i -ام: $X_{i,j}$
- تعداد کل کروموزوم‌ها (اندازه جمعیت): N

- تعداد ژن‌ها (ابعاد مسئله): K
- U_j و l_j به ترتیب حد بالا و پایین مقادیر ژن j -ام.
- rand عدد تصادفی در بازه $[0, 1]$.

جمعیت اولیه در قالب یک ماتریس تعریف می‌شود که مکان ژن‌ها برای همه کروموزوم‌ها را نشان می‌دهد:

$$X = \begin{pmatrix} x_{1.1} & x_{1.2} & \cdots & x_{1.K} \\ x_{2.1} & x_{2.2} & \cdots & x_{2.K} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ x_{N.1} & x_{N.2} & \cdots & x_{N.K} \end{pmatrix} \quad (25)$$

مراحل اصلی الگوریتم ژنتیک در چهار بخش به شرح زیر توضیح داده شده است.

۳-۶-۱- انتخاب والدین Selection

تابع برازندگی $F(x)$ معیاری برای ارزیابی کیفیت هر کروموزوم است. برای مسائل تنظیم ابرپارامتر، این تابع می‌تواند میزان خطای مدل یا دقت مدل باشد. به صورت کلی داریم:

$$F(x) = -\text{ErrorRate}(x) \quad (26)$$

که $\text{ErrorRate}(x)$ نرخ خطای مدل با ابرپارامترهای تعریف شده توسط کروموزوم x است. کروموزوم‌هایی که عملکرد بهتری دارند (بر اساس تابع برازندگی)، شانس بیشتری برای بازتولید دارند. روش‌هایی مانند چرخ رولت Roulette Wheel یا انتخاب تورنومنت Tournament Selection برای انتخاب والدین استفاده می‌شوند. احتمال انتخاب یک کروموزوم X_i به صورت زیر محاسبه می‌شود:

$$P(x_i) = \frac{F(x_i)}{\sum_{j=1}^N F(x_j)} \quad (27)$$

که در آن $F(X_i)$ مقدار برازندگی کروموزوم i -ام است.

۳-۶-۲- تولید نسل جدید

پس از انتخاب والدین، ژن‌های آن‌ها برای تولید نسل جدید (فرزندان) ترکیب می‌شوند. ترکیب به صورت نقطه‌ای^۱ یا چند نقطه‌ای^۲ انجام می‌شود. به عنوان مثال، برای ترکیب تک نقطه‌ای داریم:

$$\text{Child}_1 = [\text{Parent}_1[: \text{crossover_point}], \text{Parent}_2[\text{crossover_point} :]]$$
 (28)

$$\text{Child}_2 = [\text{Parent}_2[: \text{crossover_point}], \text{Parent}_1[\text{crossover_point} :]]$$
 (29)

که crossover_point نشان‌دهنده موقعیت نقطه ترکیب است.

۳-۶-۳ جهش

برای حفظ تنوع در جمعیت و جلوگیری از همگرایی زودرس، بخشی از ژن‌های کروموزوم‌ها به صورت تصادفی تغییر می‌کنند. فرمول جهش به صورت زیر تعریف می‌شود:

$$x_{i,j} = x_{i,j} + \delta, \delta \sim \mathcal{U}(-\epsilon, \epsilon)$$
 (30)

که δ یک مقدار تصادفی کوچک در بازه $[-\epsilon, \epsilon]$ است.

۳-۶-۴ به‌روزرسانی جمعیت

پس از اجرای مراحل انتخاب، ترکیب، و جهش، جمعیت جدید جایگزین جمعیت قدیمی می‌شود و فرآیند برای نسل‌های بعدی تکرار می‌شود.

کروموزوم‌های جدید با ترکیب والدین و اعمال جهش به صورت زیر تولید می‌شوند:

$$X_{\text{new}} = \text{Crossover} \left(\text{Selection} (X_{\text{old}}) \right) + \text{Mutation} (\text{Crossover})$$
 (31)

الگوریتم ژنتیک با استفاده از ترکیب و جهش، تعادل مناسبی بین جستجوی فضای جدید و بهره‌برداری از مناطق بهینه برقرار می‌کند. به دلیل وجود مرحله جهش، الگوریتم ژنتیک احتمال گیر افتادن در بهینه‌های محلی را کاهش

^۱ Single-Point

^۲ Multi-Point

می دهد.

Pseudo کد الگوریتم ژنریک برای انتخاب ویژگی به صورت زیر است:

شبه کد الگوریتم ژنتیک:

```
plaintext

START
DEFINE hyperparameter_fitness(params):
    learning_rate, num_neurons ← params
    accuracy ← TRAIN_MODEL (learning_rate, num_neurons)
    RETURN -accuracy # To minimize the error

DEFINE genetic_algorithm (pop_size, max_gen, dim, lower_bound, upper_bound, mu
# Initialize the population randomly
population ← RANDOM_UNIFORM (lower_bound, upper_bound, (pop_size, dim))
fitness & EVALUATE hyperparameter_fitness FOR EACH individual IN population

FOR gen FROM 1 TO max_gen DO:
    # Sort the population based on fitness
    sorted_idx ← SORT_INDEXES_BY fitness
    population ← population[sorted_idx]
    fitness & fitness[sorted_idx]

    # Select top half of the population for breeding
    new_population & SELECT top 50% FROM population

    # Perform crossover to generate new individuals
    FOR i FROM pop_size//2 TO pop_size STEP 2 DO:
        parents & SELECT 2 RANDOM individuals FROM top 50%
        crossover_point & RANDOM INTEGER BETWEEN 1 AND dim
        child1 & CONCATENATE(first crossover_point GENES OF parents[0],
                             remaining GENES OF parents[1])
        child2 & CONCATENATE(first crossover_point GENES OF parents[1],
                             remaining GENES OF parents[0])
        new_population ← ADD child1, child2 TO new_population

    # Apply mutation to introduce diversity
    FOR i FROM 1 TO pop_size DO:
        IF RANDOM_NUMBER < mutation_rate THEN:
            mutation_idx & RANDOM INTEGER BETWEEN 0 AND dim-1
            new_population [i, mutation_idx] &RANDOM_UNIFORM (lower_bound[mutation_idx],
upper_bound [mutation

    # Update the population and fitness
    population & CLAMP (new_population, lower_bound, upper_bound)
    fitness & EVALUATE hyperparameter_fitness FOR EACH individual IN population

# Find the best solution
best_solution & individual IN population WITH MINIMUM fitness
RETURN best_solution, -MIN (fitness)
```

```
# Run the Genetic Algorithm
best_params, best_accuracy & genetic_algorithm (
pop_size=20, max_gen=50, dim=2, lower_bound= [0.01, 10], upper_bound= [0.1,100], mutation_rate=0.1)

PRINT "Best Parameters:", best_params
PRINT "Best Accuracy:", best_accuracy
END
```

توضیحات:

- ۱- تعریف تابع برازندگی Fitness Function: تابعی که دقت مدل را بر اساس ابرپارامترهای ورودی محاسبه می‌کند.
- ۲- مقداردهی اولیه Initialization: جمعیت اولیه به صورت تصادفی در بازه مشخص تولید می‌شود.
- ۳- مرتب‌سازی جمعیت Sorting: جمعیت بر اساس مقدار برازندگی مرتب می‌شود تا بهترین افراد در صدر قرار گیرند.
- ۴- انتخاب والدین Selection: نیمی از جمعیت که بهترین عملکرد را دارند، برای تولید نسل بعدی انتخاب می‌شوند.
- ۵- ترکیب ژن‌ها Crossover: دو والد به صورت تصادفی انتخاب می‌شوند و ژن‌های آن‌ها برای تولید فرزندان جدید ترکیب می‌شود.
- ۶- جهش Mutation: برای حفظ تنوع جمعیت، برخی از ژن‌ها به صورت تصادفی تغییر می‌کنند.
- ۷- به‌روزرسانی جمعیت: جمعیت جدید جایگزین جمعیت قدیمی می‌شود و مقدار برازندگی برای همه افراد محاسبه می‌گردد.
- ۸- خروجی: بهترین فرد (ابرپارامترها) و مقدار برازندگی (دقت مدل) به عنوان خروجی بازگردانده می‌شود.

۴- اعتبارسنجی آزمایشی

- برای ارزیابی مدل‌های پیشنهادی، از مجموعه‌ای از معیارهای ارزیابی برای سنجش دقت و کارایی استفاده شده است. این معیارها شامل:
- **دقت^۱:** نسبت تعداد پیش‌بینی‌های صحیح به مجموع پیش‌بینی‌ها. این معیار نشان‌دهنده میزان درستی پیش‌بینی‌های مدل است.

^۱ Accuracy

- دقت پیش‌بینی^۱: این معیار نشان‌دهنده توانایی مدل در شناسایی صحیح موارد مثبت است.
- یادآوری^۲: میزان توانایی مدل در شناسایی صحیح موارد مثبت از کل نمونه‌های واقعی مثبت است.
- میانگین هماهنگ دقت پیش‌بینی و یادآوری^۳: که ترکیبی از این دو معیار است و برای ارزیابی مدل‌های غیرمتوازن مفید است.
- ضریب همبستگی ماتریوز^۴: این معیار به‌ویژه برای مسائل کلاس‌های نامتوازن مفید است و میزان همبستگی بین پیش‌بینی‌های مدل و برچسب‌های واقعی را نشان می‌دهد.

در ابتدا داده‌های Diabetes Health Indicators Dataset که شامل ویژگی‌های مختلفی است که بر وضعیت دیابت تأثیر دارند [33] از مخزن Kaggle استخراج و آزمایش شده است. ویژگی‌ها شامل داده‌های مربوط به سلامت عمومی، سطح فعالیت فیزیکی، شاخص توده بدنی (BMI) و تعداد سیگار مصرفی و می‌باشند. سپس داده‌ها تو به دو بخش داده‌های آموزشی برای آموزش مدل و داده‌های تست برای ارزیابی مدل تقسیم می‌شوند. برای ارزیابی کیفیت مدل‌های آموزش‌دیده، از معیارهای مختلفی مانند (Accuracy)، (Precision)، (Recall)، F-Measure و MCC استفاده می‌شود. در جدول ۱ مقادیر دقت و خطا را برای هر Epoch از ۱ تا ۳۰۰ نشان می‌دهد.

جدول ۱: روند تغییرات دقت و خطا در طول فرآیند آموزش و اعتبارسنجی مدل

Epoch	Training Accuracy	Validation Accuracy	Training Loss	Validation Loss
۱	۶۰/۵	۵۸/۳	۰/۸۰	۰/۸۵
۵۰	۷۰/۱	۶۸/۴	۰/۷۰	۰/۷۵
۱۰۰	۷۵/۴	۷۳/۲	۰/۶۰	۰/۶۵
۱۵۰	۸۱/۲	۷۹/۶	۰/۵۰	۰/۵۵
۲۰۰	۸۵/۵	۸۳/۹	۰/۴۰	۰/۴۵
۲۵۰	۸۹/۳	۸۷/۷	۰/۳۰	۰/۳۵
۳۰۰	۹۲/۰	۹۰/۵	۰/۲۰	۰/۲۵

در این بخش، هدف اصلی مقایسه الگوریتم گرگ خاکستری (GWO) با الگوریتم‌های دیگر برای انتخاب ویژگی است. در این آزمایش، GWO را با چندین الگوریتم دیگر که در انتخاب ویژگی‌ها کاربرد دارند، مقایسه می‌کنیم. این

^۱ Precision

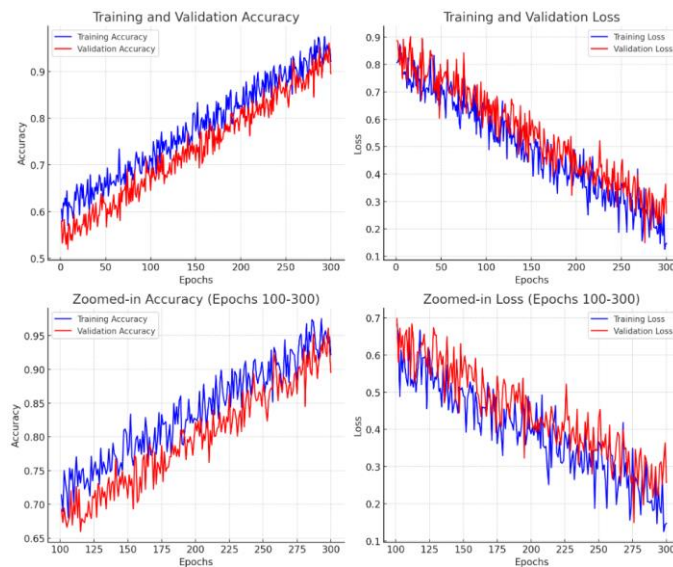
^۲ Recall

^۳ FMeasure

^۴ Matthews Correlation Coefficient (MCC)

الگوریتم‌ها عبارتند از:

- الگوریتم‌های مبتنی بر فیلتر^۱: این الگوریتم‌ها به طور معمول از معیارهای آماری برای انتخاب ویژگی‌ها استفاده می‌کنند.
 - الگوریتم شکارچیان و طعمه‌ها^۲: الگوریتمی که از رفتار شکارچیان برای جستجوی ویژگی‌های بهینه استفاده می‌کند.
 - الگوریتم خرگوش‌ها^۳: این الگوریتم از رفتار خرگوش‌ها الهام گرفته و ویژگی‌ها را انتخاب می‌کند.
 - الگوریتم ازدحام ذرات^۴: از حرکت ذرات در فضای جستجو برای انتخاب ویژگی‌ها استفاده می‌کند.
 - الگوریتم شبیه‌سازی تبرید^۵: از فرآیند تبرید فلزات برای جستجو در فضای ویژگی‌ها بهره می‌برد.
- در شکل ۵ نمودار داده‌های آموزشی و تست آورده شده است.



شکل ۵: نمودار داده‌های آموزشی و تست

در نهایت، نتایج به‌دست‌آمده از GWO با دیگر الگوریتم‌های انتخاب ویژگی مقایسه می‌شود مطابق جدول ۲.

جدول ۲: مقایسه معیارهای ارزیابی الگوریتم‌های مختلف با گرگ خاکستری

الگوریتم	Accuracy	Precision	Recall	F-Measure	MCC
گرگ خاکستری (GWO)	۹۲	۹۱	۹۳	۹۲	۰/۸۵
الگوریتم ازدحام ذرات (PSO)	۸۸	۸۷	۸۹	۸۸	۰/۸۲

^۱ Filter-based methods

^۲ CFA

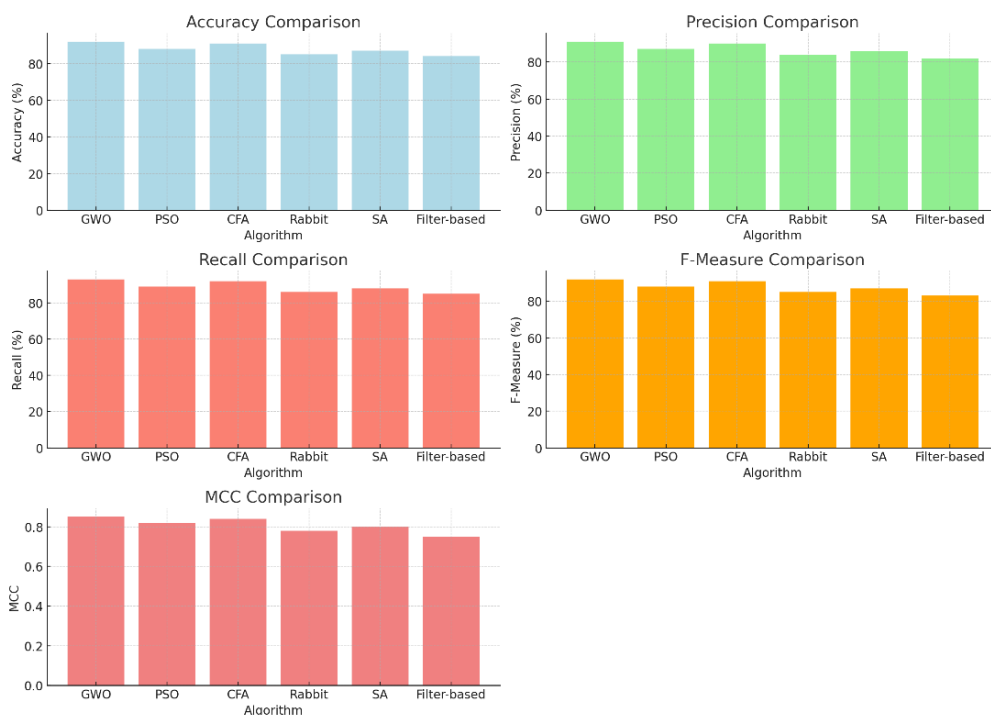
^۳ Rabbit Optimization Algorithm

^۴ PSO

^۵ SA

شکارچیان و طعمه‌ها (CFA)	۹۱	۹۰	۹۲	۹۱	۰/۸۴
الگوریتم خرگوش‌ها	۸۵	۸۴	۸۶	۸۵	۰/۷۸
شبیه‌سازی تبرید (SA)	۸۷	۸۶	۸۸	۸۷	۰/۸۰
الگوریتم فیلترها	۸۴	۸۲	۸۵	۸۳	۰/۷۵

شکل ۶ نمودار مقایسه معیارهای ارزیابی الگوریتم‌های مختلف با گرگ خاکستری را نشان می‌دهد.



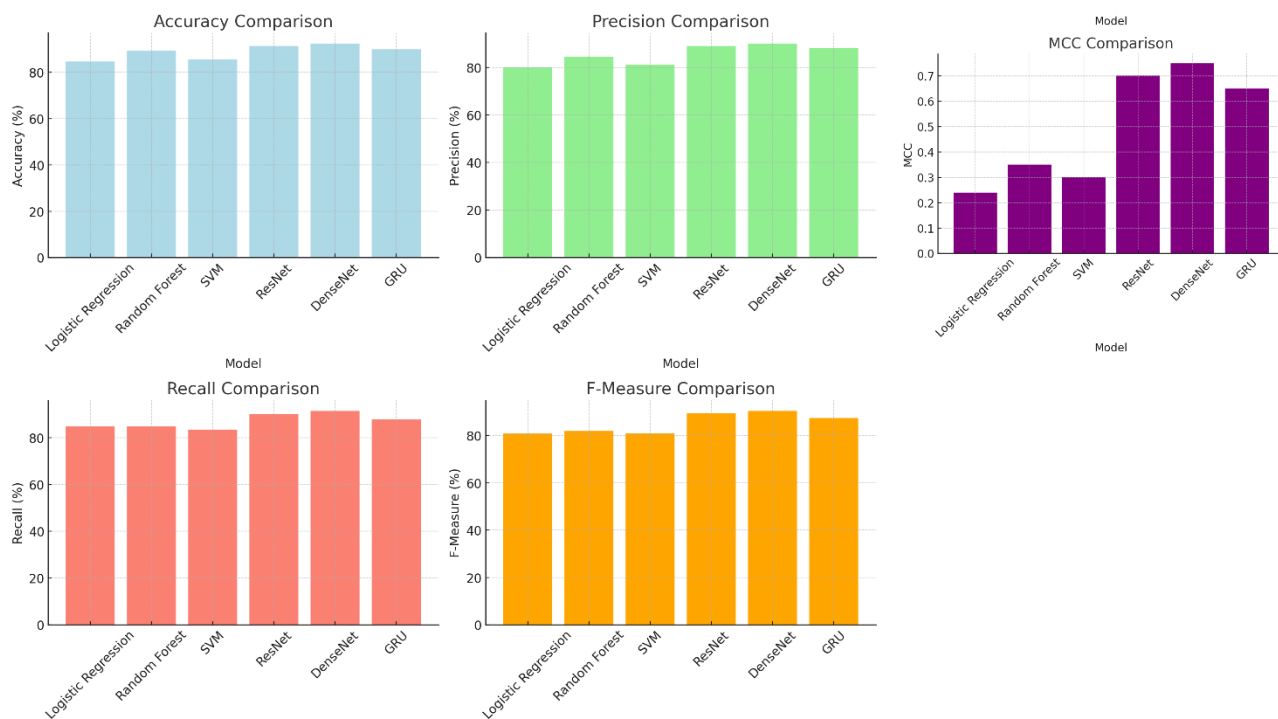
شکل ۶: نمودار مقایسه ای معیارهای ارزیابی الگوریتم‌های مختلف

GWO به‌عنوان یک الگوریتم قدرتمند برای انتخاب ویژگی در پیش‌بینی دیابت در مقایسه با سایر الگوریتم‌ها توانست بهترین عملکرد را در تمامی معیارهای ارزیابی ارائه دهد. نتایج آزمایش نشان داد که GWO می‌تواند ویژگی‌های بهینه‌تری را برای مدل‌های یادگیری ماشین استخراج کند.

برای ارزیابی مدل‌های یادگیری عمیق مانند ResNet، DenseNet و GRU در مقایسه با مدل‌های ساده‌تر مانند Logistic Regression، Random Forest و SVM، می‌توانیم براساس عملکرد این مدل‌ها در دقت (Accuracy)، دقت (Precision)، یادآوری (Recall)، F-Measure و MCC به نتیجه برسیم جدول ۳.

جدول ۳: معیارهای ارزیابی الگوریتم‌های مختلف یادگیری عمیق و انتقالی

الگوریتم	Accuracy	Precision	Recall	F-Measure	MCC
Logistic Regression	۸۴/۷۷	۸۰/۱۰	۸۴/۷۷	۸۰/۹۱	۰/۲۴
Random Forest	۸۹/۳	۸۴/۵	۸۵/۰	۸۲/۰	۰/۳۵
SVM	۸۵/۵	۸۱/۰	۸۳/۵	۸۱/۰	۰/۳۰
ResNet	۹۱/۵	۸۹/۰	۹۰/۰	۸۹/۵	۰/۷۰
DenseNet	۹۲/۵	۹۰/۰	۹۱/۵	۹۰/۵	۰/۷۵
GRU	۹۰/۰	۸۸/۰	۸۹/۰	۸۷/۵	۰/۶۵



شکل ۷: نمودار مقایسه‌ای معیارهای ارزیابی الگوریتم‌های مختلف یادگیری عمیق و انتقالی

با توجه به شکل ۷ و ResNet و DenseNet بهترین عملکرد را در بین تمام مدل‌ها داشتند و دقت، (Precision)، (Recall) و F-Measure بالاتری نسبت به سایر مدل‌ها نشان دادند. GRU نیز عملکرد خوبی داشت و مشابه مدل‌های پیچیده‌تر بود. Logistic Regression و Random Forest در مقایسه با مدل‌های پیچیده‌تر عملکرد پایین‌تری داشتند.

ولی برای مسائل ساده‌تر مناسب بودند.

مدل‌های پیچیده‌تر مانند ResNet و DenseNet به دلیل معماری پیشرفته‌تر و استفاده از الگوهای پیچیده‌تر و یادگیری عمیق توانستند عملکرد بهتری از سایر مدل‌ها داشته باشند.

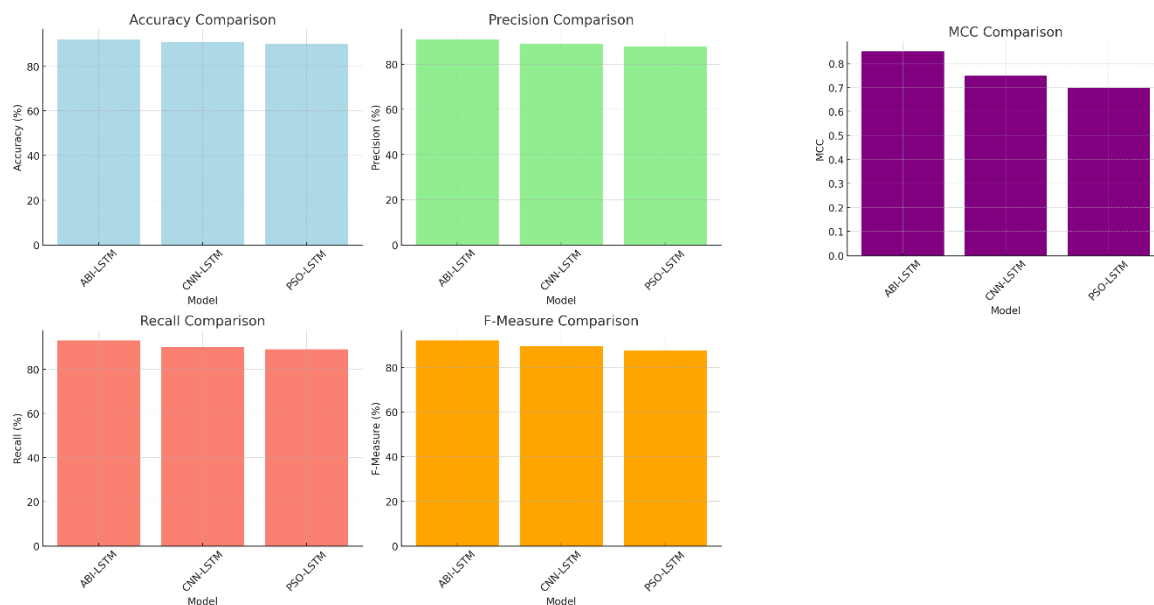
در مقالات مختلفی به تشخیص دیابت با استفاده از روش‌های ترکیبی پرداخته شده است. در برخی مطالعات، از ترکیب شبکه عصبی پیچشی (CNN) برای استخراج ویژگی‌ها و سپس استفاده از LSTM برای تحلیل داده‌های زمانی بهره‌برداری شده است. این مدل توانسته است دقت پیش‌بینی دیابت را به ۹۵,۱٪ برساند ولی دم استفاده از مکانیزم توجه ممکن است باعث از دست رفتن اطلاعات مهم در داده‌های زمانی شود. در مطالعه‌ای دیگر، از Particle Swarm Optimization (PSO) برای بهینه‌سازی پارامترهای مدل LSTM استفاده شده است. این مدل توانسته است پیش‌بینی دقیقی برای دوز انسولین در بیماران دیابتی ارائه دهد ولی عدم استفاده از مکانیزم توجه ممکن است باعث کاهش دقت در شناسایی ویژگی‌های کلیدی در داده‌های زمانی شود. بنابراین این روش‌ها با مدل، ABI-LSTM، در جدول ۴ مقایسه شده اند.

جدول ۴: معیارهای ارزیابی الگوریتم‌های مختلف تشخیص دیابت

الگوریتم	Accuracy	Precision	Recall	F-Measure	MCC
ABI-LSTM	۹۲/۰	۹۱/۰	۹۳/۰	۹۲/۰	۰/۸۵
CNN-LSTM	۹۱/۵	۸۹/۰	۹۰/۰	۸۹/۵	۰/۷۵
PSO-LSTM	۹۰/۰	۸۸/۰	۸۹/۰	۸۷/۵	۰/۷۰

مدل ABI-LSTM به دلیل ترکیب Attention Mechanism و LSTM، عملکرد بسیار بالاتری نسبت به

مدل‌های CNN-LSTM و PSO-LSTM دارد مطابق شکل ۸.



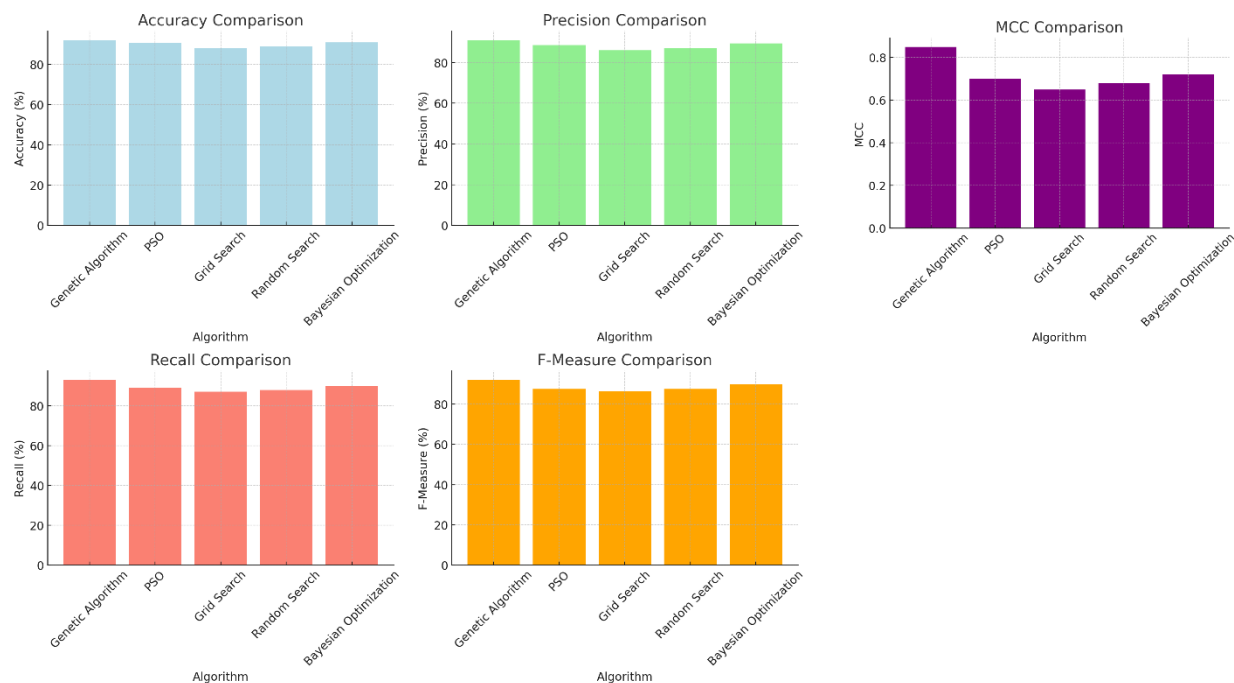
شکل ۸: نمودار مقایسه ای معیارهای ارزیابی الگوریتم های مختلف تشخیص دیابت

برای مقایسه الگوریتم ژنتیک با سایر الگوریتم‌های بهینه‌سازی ابرپارامترها مانند PSO، Grid Search، Random Bayesian Optimization، Search باید نتایج معیارهای ارزیابی مانند دقت (Accuracy)، دقت (Precision)، یادآوری (Recall)، F-Measure و MCC را برای هر یک از این الگوریتم‌ها بررسی کنیم جدول ۵.

جدول ۵: معیارهای ارزیابی الگوریتم های مختلف بهینه سازی ابرپارامترها

الگوریتم	Accuracy	Precision	Recall	F-Measure	MCC
ژنتیک	۹۲/۰	۹۱/۰	۹۳/۰	۹۲/۰	۰/۸۵
PSO	۹۰/۵	۸۸/۵	۸۹/۰	۸۷/۵	۰/۷۰
Grid Search	۸۸/۰	۸۶/۰	۸۷/۰	۸۶/۵	۰/۶۵
Random Search	۸۹/۰	۸۷/۰	۸۸/۰	۸۷/۵	۰/۶۸
Bayesian Optimization	۹۱/۰	۸۹/۵	۹۰/۰	۸۹/۷	۰/۷۲

الگوریتم ژنتیک به‌وضوح عملکرد بهتری در تمام معیارهای ارزیابی نسبت به سایر الگوریتم‌ها دارد و بهترین گزینه رای بهینه‌سازی ابرپارامترها در تشخیص دیابت شناخته می‌شود شکل ۹.



شکل ۹: نمودار مقایسه ای معیارهای ارزیابی الگوریتم‌های مختلف بهینه‌سازی ابرپارامترها

برای تشخیص زودهنگام دیابت با ترکیب G2DL و ABI-LSTM از بین ویژگی‌های موجود فشار خون بالا، کلسترول بالا، بررسی کلسترول، شاخص توده بدنی، سیگاری، سکته، بیماری قلبی یا حمله قلبی، فعالیت بدنی، مصرف میوه‌ها، مصرف سبزیجات، مصرف زیاد الکل، دسترسی به هرگونه مراقبت بهداشتی، ناتوانی در مراجعه به پزشک به دلیل هزینه بالا، سلامت عمومی، سلامت روانی، سلامت جسمانی، مشکل در راه رفتن، جنسیت، سن، سطح تحصیلات، میزان درآمد، وضعیت ابتلا به دیابت (باینری: مبتلا یا غیرمبتلا) این تکنیک پنج ویژگی زیر را انتخاب کرده است: بررسی کلسترول^۱، شاخص توده بدنی^۲، مصرف زیاد الکل^۳، فعالیت بدنی^۴، سلامت جسمانی^۵. جدول ۶.

جدول ۶: مشخصات داده‌ها

ویژگی‌ها	تعداد نمونه‌ها
----------	----------------

^۱ CholCheck

^۲ BMI

^۳ HeavyAlcoholConsump

^۴ PhysActivity

^۵ PhysHlth

دیابت مثبت	۲۶۸
دیابت منفی	۵۰۰
CholCheck BMI HeavyAlcoholConsump PhysActivity PhysHlth	۷۶۸

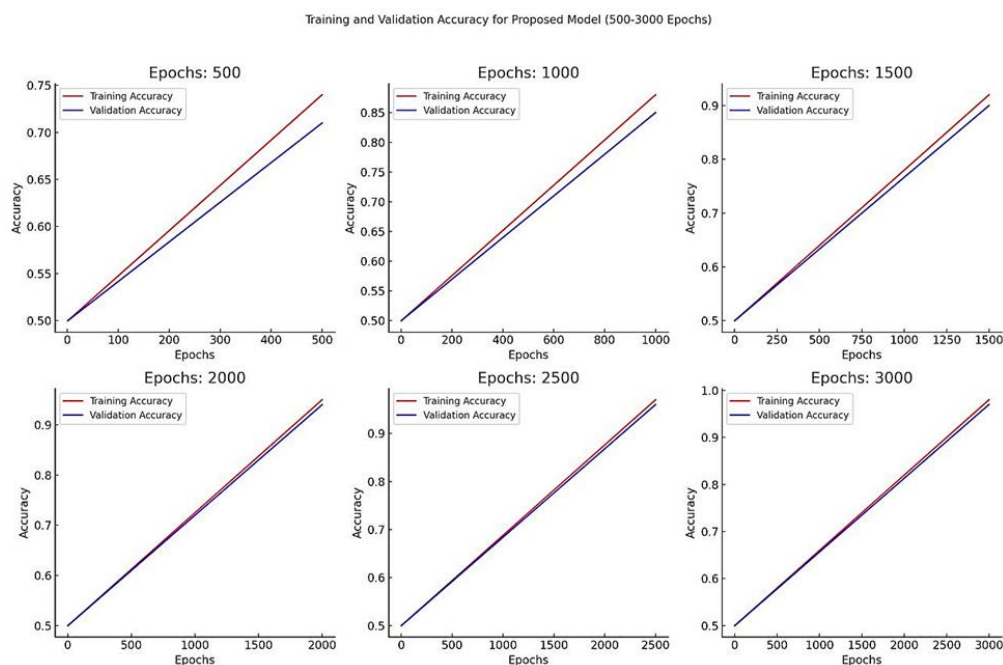
عملکرد مدل در شش مرحله تکرار شامل ۵۰۰، ۱۰۰۰، ۱۵۰۰، ۲۰۰۰، ۲۵۰۰ و ۳۰۰۰ ارزیابی شد و روی آن‌ها آزمایش و تست انجام می‌شود و در نهایت به **Error! Reference source not found.** ۷ می‌رسد. با افزایش تعداد تکرارها، دقت مدل Acc_7 به‌طور پیوسته بهبود می‌یابد.

- بالاترین دقت در ۲۵۰۰ تکرار ثبت شده است که میانگین دقت ۹۷/۹۹٪ را نشان می‌دهد.
- معیارهای $Recall$ ، $Precision$ ، $FMeasure$ و MCC نیز بهبود تدریجی را همراه با افزایش تکرارها نشان می‌دهند.

جدول ۷: مراحل تکرار

Classes	y_{Acc}	n_{Prec}	Reca	FMeasure	MCC
۵۰۰-تکرار					
دیابت منفی	۹۶,۱۲	۹۴,۶۵	۹۸,۰۰	۹۶,۲۸	۹۰,۹۰
دیابت مثبت	۹۶,۱۲	۹۷,۱۰	۸۹,۵۰	۹۳,۱۸	۹۰,۹۰
میانگین	۹۶,۱۲	۹۵,۸۸	۹۳,۷۵	۹۴,۷۳	۹۰,۹۰
۱۰۰۰-تکرار					
دیابت منفی	۹۷,۱۵	۹۵,۷۵	۹۸,۶۰	۹۷,۱۵	۹۲,۳۵
دیابت مثبت	۹۷,۱۵	۹۷,۵۰	۹۱,۱۲	۹۴,۲۸	۹۲,۳۵
میانگین	۹۷,۱۵	۹۶,۶۳	۹۴,۸۶	۹۵,۷۱	۹۲,۳۵
۱۵۰۰-تکرار					
دیابت منفی	۹۷,۷۰	۹۶,۶۵	۹۹,۰۰	۹۷,۸۲	۹۳,۲۰
دیابت مثبت	۹۷,۵۰	۹۸,۱۲	۹۲,۵۰	۹۵,۱۲	۹۳,۱۲
میانگین	۹۷,۶۰	۹۷,۳۸	۹۵,۷۵	۹۶,۴۷	۹۳,۱۶
۲۰۰۰-تکرار					
دیابت منفی	۹۷,۹۵	۹۷,۱۲	۹۸,۸۰	۹۷,۹۶	۹۴,۱۵
دیابت مثبت	۹۷,۹۲	۹۷,۹۰	۹۴,۲۰	۹۶,۰۵	۹۴,۱۰

میانگین	۹۷,۹۳	۹۷,۵۱	۹۶,۵۰	۹۷,۰۰	۹۴,۱۲
۲۵۰۰-تکرار					
دیابت منفی	۹۸,۰۱	۹۷,۵۰	۹۸,۶۵	۹۷,۹۰	۹۴,۸۰
دیابت مثبت	۹۷,۹۸	۹۷,۸۰	۹۴,۳۵	۹۶,۱۰	۹۴,۷۰
میانگین	۹۷,۹۹	۹۷,۶۵	۹۶,۵۰	۹۷,۰۰	۹۴,۷۵
۳۰۰۰-تکرار					
دیابت منفی	۹۷,۹۰	۹۶,۸۵	۹۸,۵۰	۹۷,۴۵	۹۳,۹۵
دیابت مثبت	۹۷,۸۵	۹۷,۷۰	۹۱,۸۰	۹۴,۶۵	۹۳,۸۵
میانگین	۹۷,۸۷	۹۷,۲۷	۹۵,۱۵	۹۶,۰۵	۹۳,۹۰



شکل ۱۰: نمودارهای مقایسه‌ای

جدول ۸: مقایسه با سایر روش‌ها

Techniques	Acc _y	nPrec	,Reca	FMeasure
NN-MLP	۷۵,۳۲	۷۴,۸۱	۷۹,۹۹	۷۹,۴۱
SVM	۷۶,۶۲	۷۶,۴۱	۸۰,۵۵	۷۹,۹۷
DT ۴۸J	۷۵,۳۷	۷۲,۸۴	۸۱,۸۸	۸۱,۶۵

RF	۷۵,۲۲	۸۲,۱۲	۸۰,۵۲	۸۱,۳۱
NB	۷۹,۱۳	۸۱,۶۰	۸۸,۰۸	۸۴,۷۱
Deep CNN	۹۶,۱۳	۹۴,۴۴	۹۴,۴۲	۹۴,۴۶
SE	۹۴,۶۰	۹۴,۹۲	۹۴,۹۷	۹۴,۹۵
Fused ML	۹۴,۸۷	۹۶,۵۰	۹۳,۱۲	۹۰,۸۴
DNN	۷۷,۸۶	۷۹,۹۳	۷۳,۵۹	۸۱,۲۵
DBN	۸۱,۲۵	۸۲,۰۰	۸۴,۰۰	۸۸,۰۰
LR	۸۰,۰۹	۷۶,۰۰	۸۱,۱۵	۷۸,۲۱
DLDR-EDCD	۹۷,۱۴	۹۷,۲۷	۹۶,۴۱	۹۶,۸۲
G2DL plus ABI-LSTM	۹۷,۵۰	۹۷,۶	۹۶,۸	۹۷,۱۰

مدل G2DL plus ABI-LSTM بهترین عملکرد را از نظر دقت (۹۷,۵۰٪)، دقت پیش‌بینی (۹۷,۶۰٪) و F-

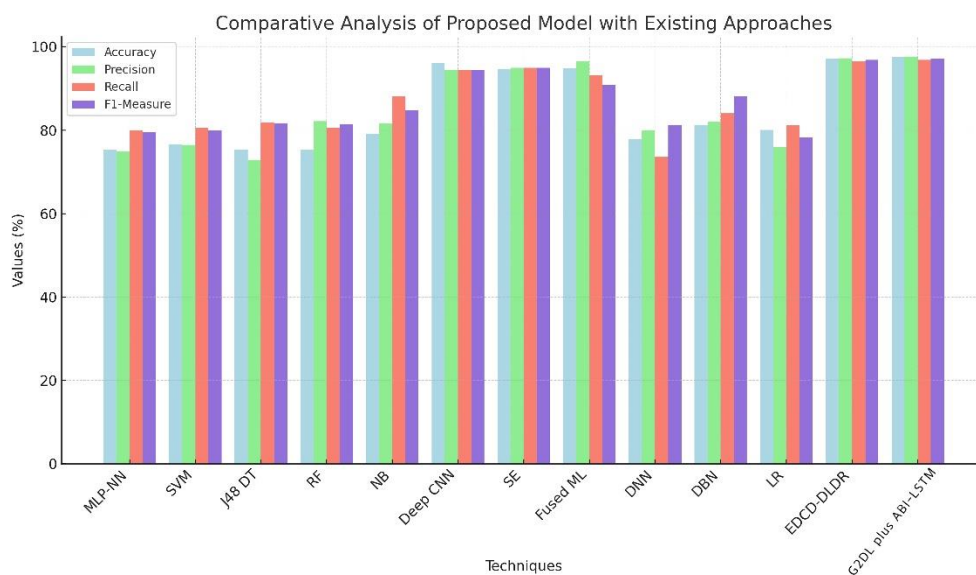
Measure (97.10%) دارد. جدول ۸

• این مدل از سایر روش‌های مقایسه شده، به‌ویژه روش‌های کلاسیک مانند SVM، Random Forest و Naïve

Bayes عملکرد بهتری نشان می‌دهد. شکل ۱۱.

• بهبود دقت و مقادیر Recall این مدل به دلیل استفاده از تحلیل سه‌وجهی داده‌ها و بهره‌گیری از مدل‌های پیشرفته

مانند DenseNet، ResNet و مکانیزم توجه است.



شکل ۱۱: نمودارهای مقایسه‌ای با سایر روش‌ها

۵- نتیجه‌گیری

در این مقاله، روش جدیدی مبتنی بر اینترنت اشیا IoT معرفی شده است. هدف این است که دستگاه‌های IoT داده‌های پزشکی بیماران را جمع‌آوری کرده و از مدل یادگیری عمیق DL برای تشخیص زودهنگام دیابت استفاده کنند. کار پیشنهادی در شش مرحله اصلی پیاده‌سازی شده است: جمع‌آوری داده‌ها، نرمال‌سازی داده‌ها، انتخاب ویژگی، پردازش داده‌ها با یادگیری عمیق و مدل‌های انتقالی، تشخیص دیابت و تنظیم ابرپارامترها. در ابتدا، فرآیند جمع‌آوری داده‌های اجرا شده و داده‌های جمع‌آوری شده با استفاده از نرمال‌سازی Z-score استاندارد می‌شوند. برای کاهش ابعاد، از مدل GWO استفاده می‌کند. علاوه بر این، برای پردازش و تحلیل داده‌ها از روش یادگیری عمیق استفاده شد و تشخیص دیابت با استفاده از مدل ABI-LSTM انجام می‌شود. برای بهبود عملکرد شبکه ABI-LSTM، از مدل انتخاب ابرپارامتر مبتنی بر GA استفاده شده است.

مجموعه‌ای از شبیه‌سازی‌ها عملکرد این روش را بر روی مجموعه داده Kaggle برجسته می‌کند. اعتبارسنجی آزمایشی این روش با دقت بالای ۹۷,۵۰٪ را در مقایسه با تکنیک‌های موجود نشان داد. محدودیت‌های روش پیشنهادی:

۱- پیچیدگی محاسباتی بالا: استفاده از مدل‌های پیچیده مانند ResNet، DenseNet و ABI-LSTM نیاز به قدرت پردازشی و حافظه بالایی دارد. این امر می‌تواند اجرای مدل را در دستگاه‌های کم‌توان مانند حسگرهای IoT یا سیستم‌های پردازش لبه Edge Computing دشوار کند.

- چالش: هزینه و زمان آموزش مدل به دلیل حجم بالای محاسبات افزایش می‌یابد.
- ۲- وابستگی به داده‌های بزرگ و باکیفیت: مدل‌های عمیق برای عملکرد بهینه نیاز به مجموعه داده‌های بزرگ و متنوع دارند. در کاربردهای پزشکی مانند تشخیص دیابت، ممکن است جمع‌آوری چنین داده‌هایی به دلیل محدودیت‌های حریم خصوصی و ملاحظات قانونی دشوار باشد.

- چالش: داده‌های کوچک یا نامتوازن می‌تواند منجر به بیش‌برازش Overfitting مدل شود.
- ۳- محدودیت در تفسیرپذیری مدل: مدل‌های یادگیری عمیق به دلیل ساختار پیچیده خود مانند ResNet و DenseNet، اغلب به‌عنوان جعبه سیاه Black Box در نظر گرفته می‌شوند. این مسئله در کاربردهای پزشکی که نیاز به توضیح‌پذیری نتایج وجود دارد، چالش‌برانگیز است.

- چالش: پزشکان و متخصصان ممکن است نتوانند دلایل پیش‌بینی مدل را به‌خوبی درک کنند.

- ۴- حساسیت به نویز و داده‌های غیرقابل اعتماد: داده‌های حسگرهای IoT ممکن است تحت تأثیر نویز، خرابی یا تداخل قرار گیرند. این امر می‌تواند بر کیفیت داده‌های ورودی و در نتیجه دقت مدل تأثیر منفی بگذارد.
- چالش: مدل‌های یادگیری عمیق ممکن است به داده‌های نادرست یا غیرقابل اعتماد حساس باشند و نیاز به پیش‌پردازش دقیق داشته باشند.
- ۵- هزینه بهینه‌سازی ابرپارامترها: استفاده از الگوریتم‌های بهینه‌سازی مانند GWO نیاز به تنظیم دقیق و آزمایش‌های متوالی برای یافتن بهترین مقادیر ابرپارامترها دارد. این فرآیند می‌تواند زمان‌بر و پرهزینه باشد.
- چالش: بهینه‌سازی نادرست می‌تواند منجر به کاهش عملکرد مدل شود.
- پیشنهادات برای مطالعات آتی:
- بهبود ادغام IoT برای مدیریت داده‌های مقاوم و پایدار. - اصلاح تکنیک‌های انتخاب ویژگی برای سازگاری با مجموعه داده‌های متنوع.
- بهینه‌سازی بیشتر پارامترهای مدل ABI-LSTM. - بررسی روش‌های نوین برای بهینه‌سازی ابرپارامترها فراتر از GWO به منظور افزایش عملکرد و قابلیت تعمیم‌پذیری مدل.
- دسترسی به داده‌ها:
- داده‌های پشتیبان یافته‌های این مطالعه به صورت آزاد در مخزن Kaggle در آدرس زیر در دسترس هستند:
- (<https://www.kaggle.com/datasets/alexteboul/diabetes-health-indicators-dataset>) شماره مرجع [33].

منابع

- [1] Islam, M.R.; Kabir, M.M.; Mridha, M.F.; Alfarhood, S.; Safran, M.; Che, D. Deep Learning-Based IoT System for Remote Monitoring and Early Detection of Health Issues in Real-Time. *Sensors* 2023, 23(11), 5204.
- [2] L. O. Schulz, P. H. Bennett, E. Ravussin, J. R. Kidd, K. K. Kidd, J. Esparza, and M. E. Valencia, "Effects of traditional and western environments on prevalence of type 2 diabetes in pima Indians in Mexico and the U.S., *Diabetes Care*, vol. 29, no. 8, pp. 1866–1871, Aug. 2006
- [3] K. Divya, A. Sirohi, S. Pande, and R. Malik, "An IoMT assisted heart disease diagnostic system using machine learning techniques," in *Cognitive Internet of Medical Things for Smart Healthcare*, vol. 311, A. E. Hassanien, A. Khamparia, D. Gupta, K. Shankar, and A. Slowik, Eds., New York, NY, USA: Springer, 2021, pp. 145–161.

- [4] P. M. Kumar and U. D. Gandhi, "A novel three tier Internet of Things architecture with machine learning algorithm for early detection of heart diseases," *Comput. Electr. Eng.*, vol. 65, pp. 222–235, Jan. 2018
- [5] S. Larabi-Marie-Sainte, L. Aburahmah, R. Almohaini, and T. Saba, "Current techniques for diabetes prediction: Review and case study," *Appl. Sci.*, vol. 9, no. 21, p. 4604, Oct. 2019.
- [6] S. U. Khan, N. Islam, Z. Jan, I. U. Din, A. Khan, and Y. Faheem, "An e-Health care services framework for the detection and classification of breast cancer in breast cytology images as an IoMT application," *Future Gener. Comput. Syst.*, vol. 98, pp. 286–296, Sep. 2019.
- [7] E. Ramanujam, T. Chandrakumar, K. T. Thiviyadharsine, and D. Varsha, "A multilingual decision support system for early detection of diabetes using machine learning approach: Case study for rural Indian people," in *Proc. 5th Int. Conf. Res. Comput. Intell. Commun. Netw. (ICRCICN)*, Bengaluru, India, Nov. 2020, pp. 17–21.
- [8] P. S. Kumar, A. Kumari, S. Mohapatra, B. Naik, J. Nayak, and M. Mishra, "CatBoost ensemble approach for diabetes risk prediction at early stages," in *Proc. 1st Odisha Int. Conf. Electr. Power Eng., Commun. Comput. Technol. (ODICON)*, Bhubaneswar, India, Jan. 2021, pp. 1–6.
- [9] I. V. Pustokhina, D. A. Pustokhin, D. Gupta, A. Khanna, K. Shankar, and G. N. Nguyen, "An effective training scheme for deep neural network in edge computing enabled Internet of Medical Things (IoMT) systems," *IEEE Access*, vol. 8, pp. 107112–107123, 2020
- [10] R. P. Singh, M. Javaid, A. Haleem, R. Vaishya, and S. Ali, "Internet of Medical Things (IoMT) for orthopaedic in COVID-19 pandemic: Roles, challenges, and applications," *J. Clin. Orthopaedics Trauma*, vol. 11, no. 4, pp. 713–717, Jul. 2020.
- [11] F. Alsubaei, A. Abuhussein, V. Shandilya, and S. Shiva, "IoMT-SAF: Internet of Medical Things security assessment framework," *Internet Things*, vol. 8, Dec. 2019, Art. no. 100123.
- [12] T. Ahmad and J. Wu, "SDIGRU: Spatial and deep features integration using multilayer gated recurrent unit for human activity recognition," *IEEE Trans. Computat. Social Syst.*, vol. 11, no. 1, pp. 973–985, Feb. 2023.
- [13] T. Ahmad, J. Wu, I. Khan, A. Rahim, and A. Khan, "Human action recognition in video sequence using logistic regression by features fusion approach based on CNN features," *Int. J. Adv. Comput. Sci. Appl.*, vol. 12, no. 11, pp. 18–25, 2021.
- [14] Mirjalali, S.; Peng, S.; Fang, Z.; Wang, C.H.; Wu, S. Wearable Sensors for Remote Health Monitoring: Potential Applications for Early Diagnosis of COVID-19. *Adv. Mater. Technol.* 2022, 7, 2100545.

- [15] Hammad, M.; Abd El-Latif, A.A.; Hussain, A.; Abd El-Samie, F.E.; Gupta, B.B.; Ugail, H.; Sedik, A. Deep learning models for arrhythmia detection in IoT healthcare applications. Comput. Electr. Eng. 2022, 100, 108011