



Predicting Heart Failure Mortality Using Registry Data: A Novel Data-to-Image Transformation and Ensemble of CNNs

Sabahi, Hadi¹ / Vali, Mansour^{2*} / Shafie, Davood³

¹ - Ph.D. Student, Department of Biomedical Engineering, K. N. Toosi University of Technology, Tehran, Iran

² - Associate Professor, Department of Biomedical Engineering, K. N. Toosi University of Technology, Tehran, Iran

³ - Assistant Professor, Heart Failure Research Center, Cardiovascular Research Institute, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

ARTICLE INFO

DOI: 10.22041/ijbme.2025.2047242.1936

Received: 2/12/2024

Revised: 3/2/2025

Accepted: 6/3/2025

KEY WORDS

Heart Failure Mortality prediction
Imbalanced data
Ensemble model of CNNs
Data-to-image transformation
Self-Organizing Maps (SOM)

ABSTRACT

Heart failure (HF) is a cardiovascular disorder with a substantial mortality rate, which can be assessed using registry data. This work aims to predict 6-month mortality (6-MM) and 12-month mortality (12-MM) of HF patients using registry data from before hospitalization, during hospitalization, and discharge phase. The data comprise 3968 HF records sourced from Persian Registry Of cardioVascular disease (PROVE)/HF registry.

We proposed an ensemble model employing popular Convolutional Neural Networks (CNNs) to predict the patients' survival status. However, the HF registry, being tabular data, isn't suitable for leveraging the benefits of CNNs. To address this challenge, we introduced a novel data-to-image transformation using self-organizing maps (SOMs) to convert HF data samples into images. We compared our proposed model with an existing data-to-image transformation method, as well as with multiple baseline classifiers that utilize the HF tabular data along with down-sampling.

The proposed model, using SOM for data-to-image transformation, outperformed all others, achieving the highest area under receiver operating characteristic (ROC) curve for both 6-MM and 12-MM predictions, with rates of 74.22% and 75.2%, respectively. In conclusion, the proposed model, along with SOM for data-to-image transformation, effectively predicts the survival status of HF patients utilizing registry data.



پیش بینی مرگ و میر بیماران نارسایی قلبی با استفاده از داده های رجیستری: تبدیل جدید داده به تصویر و مدل تجمیعی از CNN ها

صباحی، هادی^۱ / ولی، منصور^{۲*} / شفیع، داود^۳

- ^۱ - دانشجوی دکتری، گروه مهندسی پزشکی، دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، دانشگاه صنعتی خواجه نصیرالدین طوسی، تهران، ایران
^۲ - دانشیار، گروه مهندسی پزشکی، دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، دانشگاه صنعتی خواجه نصیرالدین طوسی، تهران، ایران
^۳ - استادیار، مرکز تحقیقات نارسایی قلب، پژوهشکده قلب و عروق، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی اصفهان، اصفهان، ایران

مشخصات مقاله

شناسه‌ی دیجیتال: 10.22041/ijbme.2025.2047242.1936

پذیرش: ۱۴۰۳/۱۲/۱۶

بازنگری: ۱۴۰۳/۱۱/۱۵

ثبت در سامانه: ۱۴۰۳/۹/۱۲

چکیده

واژه‌های کلیدی

نارسایی قلبی (HF یا Heart Failure) یک اختلال قلبی با میزان مرگ و میر قابل توجه است که با استفاده از داده های رجیستری، میزان بقای بیماران قابل ارزیابی می باشد. هدف این پژوهش پیش بینی مرگ و میر ۶ ماهه (6-MM) و ۱۲ ماهه (12-MM) بیماران HF با استفاده از داده‌های رجیستری است که قبل از بستری شدن در بیمارستان، در طول مدت بستری و همچنین هنگام ترخیص جمع آوری شده‌اند. این مجموعه داده شامل ۳۹۶۸ رجیستری از بیماران HF می‌باشد که در دانشگاه علوم پزشکی اصفهان جمع آوری شده است. یکی از چالش‌های مربوط به دادگان رجیستری، نامتعادل بودن تعداد بیماران در قید حیات و فوت شده است. لذا در این تحقیق یک مدل تجمیعی از شبکه‌های عصبی پیچشی (CNN) برای پیش بینی وضعیت بقای بیماران پیشنهاد شده است. شبکه های عصبی پیچشی، کاربرد زیادی در شناسایی الگوها از روی تصاویر دارند اما در اینجا با یک بردار داده برای هر بیمار مواجه هستیم، به همین منظور از مزایای شبکه عصبی پیچشی نمی توان بهره برد. لذا در این تحقیق، یک تبدیل جدید بردار داده به تصویر با استفاده از نقشه‌های خود سازمان دهنده (SOM یا self-organizing maps) طراحی شده است. در ادامه روش پیشنهادی خود را با روش تبدیل داده به تصویر DeepInsight و همچنین با چندین طبقه بند پایه که از داده‌های رجیستری HF به همراه نمونه برداری کاهشی استفاده می‌کنند، مقایسه کردیم. بر اساس نتایج، مدل پیشنهادی، با استفاده از SOM در تبدیل داده به تصویر، عملکرد بهتری نسبت به سایر روش‌ها دارد و به بالاترین میزان ناحیه زیر منحنی مشخصه عملکرد گیرنده (ROC) برای هر دو پیش بینی 6-MM و 12-MM، به ترتیب با نرخ‌های ۷۴٫۲۲٪ و ۷۵٫۲٪ دست یافته است. بنابراین، مدل پیشنهادی به طور موثری وضعیت بقای بیماران HF را با استفاده از داده‌های رجیستری پیش بینی می‌کند.

پیش‌بینی مرگ و میر نارسایی قلبی
داده‌های نامتعادل
مدل تجمیعی از شبکه‌های عصبی پیچشی (CNN)
تبدیل داده به تصویر
نقشه‌های خود سازمان دهنده (SOM).

۱- مقدمه

بیماری‌های قلبی-عروقی عامل اصلی مرگ و میر در جهان هستند [۱]. نارسایی قلبی^۱ (HF) یکی از علل اصلی بستری شدن در بیمارستان و مرگ و میر در سراسر جهان است. در بیماری HF قلب قادر به پمپاژ کافی خون به سراسر بدن نمی‌باشد، که اغلب ناشی از عواملی مانند دیابت، فشار خون بالا، یا سایر شرایط و بیماری‌های مرتبط با قلب است [۲]. علی‌رغم پیشرفت در روش‌های تشخیصی و درمانی، این بیماری نرخ مرگ و میر قابل توجهی دارد که بار فزاینده‌ای را بر ارائه دهندگان مراقبت‌های بهداشتی تحمیل می‌کند [۳]. شواهد نشان می‌دهد که ۴۰٪ از بیماران HF که در بیمارستان‌ها بستری می‌شوند دچار مرگ و میر می‌شوند یا نیاز به بستری مجدد در طی یک سال آینده خواهند داشت [۴]. پیش‌بینی دقیق مرگ و میر، طبقه‌بندی ریسک را تسهیل می‌کند و تضمین‌کننده ارائه خدمات پزشکی مناسب است. در این زمینه، داده‌های پرونده الکترونیک سلامت^۲، سوابق بالینی و داده‌های رجیستری می‌توانند منابع اطلاعاتی ارزشمندی برای پیش‌بینی مرگ و میر باشند. میرو و همکاران مرگ و میر ۳۰ روزه بیماران HF را با استفاده از داده‌های رجیستری اپیدمیولوژی نارسایی حاد قلبی در بخش اورژانس پیش‌بینی کردند [۵]. آنها موفق به ارائه یک سیستم امتیازدهی برگرفته از عوامل خطر مرتبط شدند. در سال‌های اخیر، استفاده از یادگیری ماشین^۳ (ML) در سوابق بالینی نشان داده است که ابزار ارزشمندی برای پیش‌بینی بقای بیمارانی می‌باشد که علائم HF را نشان می‌دهند [۶]. تیان و همکاران شش مدل ML با کارایی بالا را برای پیش‌بینی مرگ و میر بیماران مبتلا به HF و کسر جهشی خفیف کاهش یافته^۴ در طول یک پیگیری طولانی مدت با استفاده از داده‌های بالینی ارائه کردند [۷]. تانگ و همکاران رگرسیون سنتی کاکس را با سه مدل ML برای پیش‌بینی HF مقایسه کردند و نشان دادند که مدل‌های ML دارای دقت بیشتری هستند [۸]. نقطه ضعف اولیه این تحقیقات در ماهیت دستی آنها نهفته است که منجر به از دست رفتن اطلاعات در طول استخراج و انتخاب ویژگی می‌شود [۹].

یادگیری عمیق نوع خاصی از ML است که از شبکه‌های عصبی مصنوعی^۵ (ANN) برای تقلید از نحوه تصمیم‌گیری انسان

استفاده می‌کند و به ویژه برای کارهای پیچیده مانند تشخیص تصویر و گفتار موثر است. در یادگیری عمیق، لایه‌های عمیق‌تر به طور خودکار ویژگی‌ها را از داده‌های خام استخراج می‌کنند و قابلیت تشخیص الگوها را فراهم می‌کنند. در این زمینه، محبوبیت مطالعات مربوط به پیش‌بینی و طبقه‌بندی بر اساس شبکه‌های عصبی پیچشی^۶ (CNN) در سال‌های اخیر افزایش یافته است [۱۰]. در حالی که شبکه‌های عصبی عمیق مبتنی بر CNN در تشخیص الگو از روی تصاویر بسیار پرکاربرد هستند، اما برای داده‌های رجیستری که شامل یک بردار از ویژگی‌های مختلف برای هر بیمار است، کارایی لازم را نخواهند داشت. داده‌های رجیستری را می‌توان در یک فضای دو بعدی به گونه‌ای بازآرایی کرد تا روابط بین ویژگی‌ها، از جمله دسته بندی‌ها و شباهت‌ها به وضوح نشان داده شود [۱۱]. در حقیقت این موضوع انگیزه اصلی این مقاله می‌باشد تا با تبدیل داده‌های رجیستری به تصاویر و بکارگیری شبکه‌های CNN، روابط بهتری بین ویژگی‌ها پیدا شود و دقت پیش‌بینی در مقایسه با مدل‌های آموزش دیده بر روی داده‌های رجیستری خام افزایش یابد. این تبدیل، بردار داده هر بیمار را به یک تصویر متناظر تبدیل می‌کند که در آن مکان ویژگی‌ها و مقادیر آنها به ترتیب با پیکسل‌ها و شدت پیکسل‌ها نشان داده می‌شوند. چندین روش برای اینگونه تبدیل‌ها ابداع شده است [۱۲-۱۴]. شارما روش DeepInsight را پیشنهاد کرد، که از تکنیک‌های کاهش ابعاد^۷ برای مرتب کردن ویژگی‌ها در پیکسل‌های یک تصویر استفاده می‌کند. این روش بر اساس مختصات X و Y بدست آمده از ویژگی‌ها در یک فضای دو بعدی است و روابط بین ویژگی‌ها را منعکس می‌کند [۱۵]. بازگیر^۸ روش REFINED^۹ را معرفی کرد که از مقیاس‌بندی چند بعدی بیزی برای ترسیم ویژگی‌ها بر روی یک فضای فشرده دو بعدی استفاده می‌کند [۱۶]. همچنین زو^{۱۰} و همکارانش روش IGTD^{۱۱} را طراحی کردند که ویژگی‌ها را از طریق بهینه‌سازی رتبه بندی فاصله بین ویژگی‌ها و پیکسل‌های متناظر، به پیکسل‌های خاص تخصیص می‌دهد [۱۷].

سیستم‌های رجیستری، با وجود اطلاعات فراوان، اغلب با چالش کلاس‌های نامتعادل مواجه می‌شوند که منجر به کاهش حساسیت در هنگام استفاده از الگوریتم‌های استاندارد یادگیری

^۷ Dimension Reduction^۸ Bazgir^۹ REpresentation of Features as Images with NEighborhood

Dependencies

^{۱۰} Zhu^{۱۱} Image Generator for Tabular Data^۱ Heart Failure^۲ Electronic Health Records (EHR)^۳ Machine Learning^۴ Mildly Reduced Ejection Fraction^۵ Artificial Neural Networks^۶ Convolutional Neural Networks

- پیشنهاد یک روش جدید تبدیل داده به تصویر با استفاده از شبکه عصبی SOM برای استفاده از مزایای CNN در تشخیص الگو از روی تصاویر.

- پیش بینی مرگ و میر ۶ ماهه و ۱۲ ماهه بیماران HF با استفاده از داده های رجیستری آنها.

در ادامه این مقاله ابتدا داده های رجیستری و روش پیشنهادی که شامل یک مدل تجمیعی از CNNها به همراه تبدیل داده به تصویر مبتنی بر شبکه SOM است، معرفی می شود و به دنبال آن نتایج و بحث مربوطه ارائه می گردد که به ارزیابی مدل پیشنهادی و مقایسه آن با سایر روش ها با استفاده از معیارهای مختلف پرداخته می شود و در نهایت نتیجه گیری تحقیق بیان خواهد شد.

۲- مواد و روش ها

به منظور نشان دادن فرآیند استفاده شده در این مطالعه، شکل (۱) چارچوبی از روش پیشنهادی را ارائه می دهد. این روش شامل جمع آوری و پیش پردازش داده های بیماران HF، تبدیل داده ها و یا بردارهای ویژگی بیماران به تصاویر متناظر، توسعه یک مدل تجمیعی برای پیش بینی مرگ و میر بیماران در ۶ و ۱۲ ماه پس از ترخیص و در نهایت ارزیابی مدل است. در ادامه، هر مرحله به تفصیل توضیح داده می شود.

۲-۱- پایگاه داده

داده های این مطالعه شامل سوابق پزشکی بیماران بستری شده به دلیل HF جبران نشده^{۱۶} یا حاد^{۱۷} است که از مارس ۲۰۱۵ تا اکتبر ۲۰۱۸ جمع آوری شده است. داده ها از رجیستری بیماری های قلبی عروقی فارسی^{۱۸} (PROVE) تهیه شده است. این رجیستری که در سال ۱۳۹۳ در اصفهان (ایران) راه اندازی شد، اولین برنامه رجیستری بیماری های قلبی و عروقی می باشد. از همه بیماران فرم رضایت آگاهانه دریافت شده است [۲۱].

ماشین می شود. استراتژی های متعددی برای طبقه بندی داده های نامتعادل وجود دارد، که رایج ترین آن ها نمونه برداری افزایشی^{۱۲} و نمونه برداری کاهش^{۱۳} (DS) است که عملکرد طبقه بند را افزایش می دهند. روش نمونه برداری کاهش به همراه گروه بندی، به طور قابل توجهی مؤثر می باشد که شامل آموزش چند طبقه بند با نمونه های کلاس اقلیت و بخشی از نمونه های کلاس اکثریت است که یک مدل تجمیعی را تشکیل می دهند [۱۸]. با این وجود، این رویکرد عملکرد بهینه را در تمام مجموعه داده های نامتعادل نشان نمی دهد و عملکرد آن در مجموعه داده های رجیستری همچنان قابل بهبود است، به ویژه زمانی که با یادگیری عمیق ادغام شود.

در این پژوهش، هدف پیش بینی مرگ و میر ۶ ماهه^{۱۴} (6-MM) و ۱۲ ماهه (12-MM) بیماران HF با استفاده از داده های رجیستری آنها قبل از بستری، در طول مدت زمان بستری در بیمارستان و مرحله ترخیص است.

برای حل مشکل عدم تعادل بین دادگان دو کلاس، یک مدل تجمیعی پیشنهاد می شود که از طبقه بندهای مبتنی بر CNN برای پیش بینی وضعیت بقای بیماران HF در ۶ و ۱۲ ماه پس از ترخیص استفاده می کند. همچنین، برای استفاده از مزایای CNN، یک تبدیل جدید داده به تصویر با استفاده از نقشه های خود سازمان دهنده^{۱۵} (SOM) برای تبدیل بردار داده هر بیمار به تصویر جهت ورود به شبکه های CNN معرفی می شود. SOM یک مدل بدون نظارت است که به صورت غیرخطی الگوهای با ابعاد بالا را به یک نمایش دو بعدی گسسته (نقشه ویژگی) نگاشت می کند [۱۹، ۲۰]. بنابراین مدل پیشنهادی شامل یک مدل تجمیعی از CNNها به همراه تبدیل داده به تصویر مبتنی بر شبکه SOM است.

برای مقایسه مدل پیشنهادی، از روش تبدیل داده به تصویر DeepInsight به همراه مدل تجمیعی از CNNها که یک مدل عمیق می شود و چهار طبقه بند مختلف همراه با نمونه برداری کاهش جهت مقایسه استفاده شده است. نوآوری های مهم این تحقیق به شرح زیر می باشند:

- معرفی یک مدل تجمیعی با استفاده از شبکه های عصبی مبتنی بر CNN برای آنالیز داده های نامتعادل.

^{۱۶} Decompensated

^{۱۷} Acute

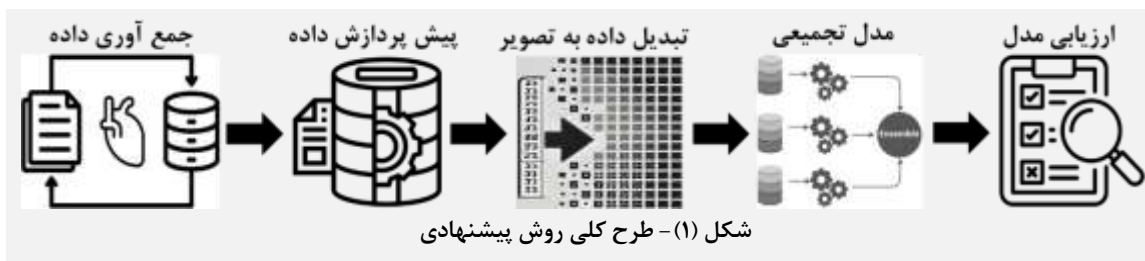
^{۱۸} Persian Registry Of cardiovascular diseasesE

^{۱۲} Oversampling

^{۱۳} Down-Sampling (DS)

^{۱۴} 6-Month Mortality

^{۱۵} Self-Organizing Maps



اعداد صحیح بودند. همانطور که قبلاً ذکر شد، برخی از بیماران چند بار بستری شدند و بمنظور جلوگیری از هرگونه پیچیدگی صرفاً آخرین بستری از هر بیمار انتخاب شد. ویژگی‌ها به دو نوع کلی تقسیم می‌شوند: نوع اول، ویژگی‌های گروهی که دسته‌ها یا گروه‌ها را مشخص می‌کند، مانند "وضعیت سیگار" بیمار. نوع دوم ویژگی‌های عددی است و مقادیری را در بر می‌گیرد که نشان دهنده اندازه می‌باشند، مانند "وزن" بیمار. ما برخی از ویژگی‌های گروهی را که دارای مقدار ثابت برای همه بیماران بودند را حذف کردیم.

علاوه بر این، ویژگی‌های دارای حداقل ۵۰٪ مقادیر مفقود حذف شدند [۲۲]. توزیع مقادیر مفقود در داده‌های بالینی می‌تواند با الگوهای مختلفی مطابقت داشته باشد: مقادیر مفقود تصادفی^{۲۰} (MAR)، مقادیر مفقود به طور کاملاً تصادفی^{۲۱} (MCAR) و مقادیر مفقود بطور غیر تصادفی^{۲۲} (NMAR) [۲۳]. برای اطمینان از تجزیه و تحلیل دقیق، هر الگو به روش‌های مدیریت خاصی نیاز دارد [۲۴]. روش‌های انتساب مقادیر مفقود مرسوم ممکن است در چنین مواردی جهت‌گیری خاصی ایجاد نکنند. مدیریت دقیق مقادیر مفقود برای یک تحلیل قابل اعتماد و دقیق ضروری است [۲۵]. مطالعه حاضر از رویکرد رمزگذاری آگاه از ارزش مفقود^{۲۳} (MVAE) استفاده کرده است و مقادیر مفقود را به عنوان اطلاعات ارزشمند تلقی می‌کند [۲۶]. مقادیر مفقود در ویژگی‌های گروهی ممکن است نشان دهنده وجود الگوهای معنادار باشد. معرفی یک مقدار جدید برای این مقادیر مفقود، امکان رمزگذاری از طریق رمزگذاری تک-داغ^{۲۴} را فراهم می‌کند، که معمولاً در پردازش زبان طبیعی استفاده می‌شود [۲۷]. در ویژگی‌های عددی نرمال شده بین ۰ و ۱، مقادیر مفقود با ۱- نشان داده شده است. در نهایت، به هر نمونه یا بردار ویژگی بیمار یک برچسب مربوط به وضعیت مرگ و میر بیمار در طی ۶ ماه (6-MM) و ۱۲ ماه (12-MM) پس از ترخیص اختصاص داده می‌شود. اگر بیمار در طی ۶ ماه (یا ۱۲ ماه) فوت کرده باشد، برچسب "۱" و در غیر این صورت "۰"

PROVE/HF بخشی از رجیستری گسترده PROVE را تشکیل می‌دهد که به مستندسازی اطلاعات بیماران HF بستری در بیمارستان اختصاص دارد. داده‌های جمع‌آوری شده شامل اطلاعات دموگرافیک، اتیولوژی، تاریخچه پزشکی، علائم حیاتی، معاینات فیزیکی، نتایج رویه‌ها، داروها و نشانگرهای زیستی است. رجیستری PROVE/HF شامل ۳۹۶۸ پرونده از ۲۹۱۸ بیمار است که ۶۰٫۳۲٪ آنها مرد (سن: ۶۹٫۱۱±۱۳٫۲۶ سال) و ۳۹٫۳۱٪ زن (سن: ۷۳٫۳۶±۱۱٫۶۷ سال) هستند. قابل ذکر است، برخی از بیماران چندین بستری را در زمان‌های مختلف تجربه کردند. پرونده هر بیمار در مجموع شامل ۶۰۶ ویژگی مربوط به قبل از بستری شدن، در طول بستری، ترخیص و سه پیگیری^{۱۹} متوالی در ۳، ۶ و ۱۲ ماه پس از پذیرش است. در راستای هدف این مطالعه، ویژگی‌های مربوط به قبل و در طول مدت زمان بستری در بیمارستان و ترخیص برای پیش بینی مرگ و میر ۶ ماهه (6-MM) و ۱۲ ماهه (12-MM) بیماران HF مورد استفاده قرار گرفت.

۲-۲- پیش پردازش داده‌ها

پس از جمع‌آوری داده‌ها، پیش‌پردازش بسیار مهم می‌شود زیرا داده‌های خام را به فرمت‌های مناسب برای مراحل بعدی تبدیل می‌کند. شکل (۲) مراحل پیش‌پردازش برای داده‌های خام رجیستری PROVE/HF را نشان می‌دهد. همانطور که قبلاً بیان شد، این مطالعه تنها از ویژگی‌های قبل و در طول مدت زمان بستری و مرحله ترخیص استفاده کرده است و بقیه ویژگی‌ها حذف شدند. علاوه بر این، بسیاری از ویژگی‌های غیر ضروری مانند آدرس‌ها و تاریخ‌ها وجود داشت که آنها نیز حذف شدند. به دلیل وجود مقادیر مفقود در اشکال مختلف، یکسان‌سازی آنها برای ارزیابی بعدی اجتناب‌ناپذیر است. همچنین داروهای خاصی که متعلق به یک دسته بودند در یک ویژگی واحد ادغام شدند. برخی از ویژگی‌ها، به ویژه پارامترهای اکوکاردیوگرافی، برای تجزیه و تحلیل نیازمند به کدگذاری با

^{۲۰} Not Missing at Random

^{۲۱} Missing Value Aware Encoding

^{۲۲} One-hot Encoding

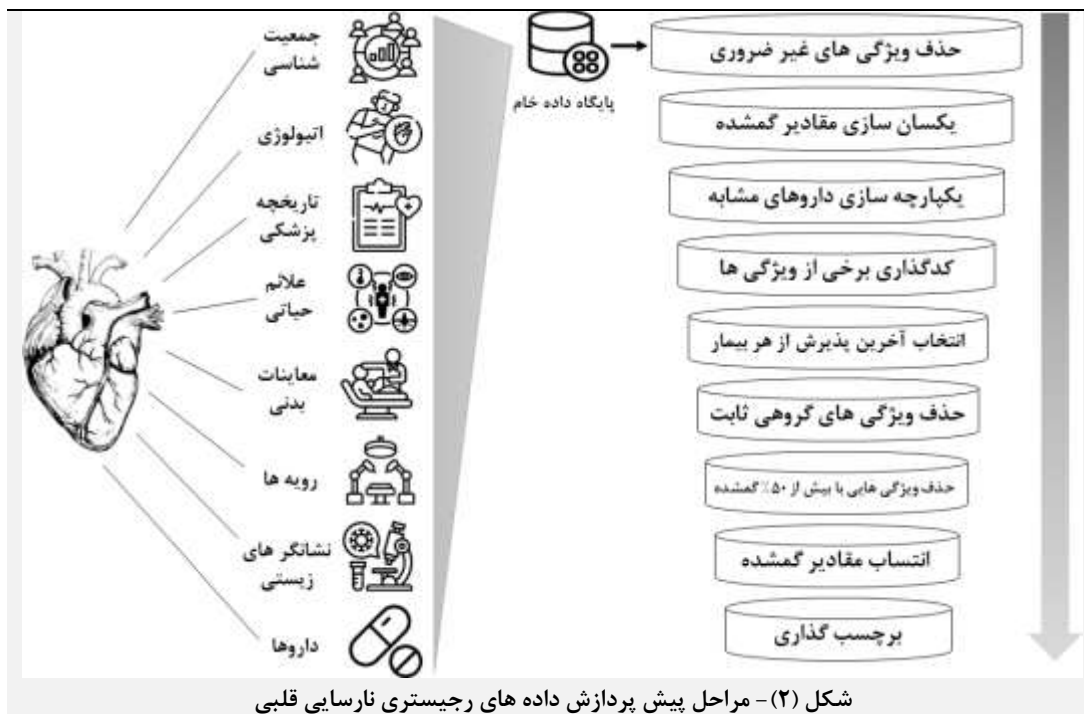
^{۱۹} Follow up

^{۲۰} Missing at Random

^{۲۱} Missing Completely at Random

در مرگ و میر ۱۲ ماهه: class'1'=22.8% و class'0'=77.2% (جدول (۱) و ۱۰۲ ویژگی (گروهی: ۷۹، عددی: ۲۳) شدند. جدول (۲) به ترتیب ویژگی‌های گروهی و عددی را نشان می‌دهند که پس از پیش پردازش باقی مانده‌اند.

اختصاص داده می‌شود. هر کدام از برجسب گذاری‌ها برای پیش بینی وضعیت مرگ و میر بیماران در آینده، ۶ و یا ۱۲ ماه پس از ترخیص، استفاده می‌شود. پس از پیش پردازش، داده‌های باقیمانده شامل ۲۹۱۸ نمونه (در مرگ و میر ۶ ماهه: class'1'=16.1% و class'0'=83.9%.



جدول (۱) - ویژگی‌های گروهی داده پیش پردازش شده رجیستری نارسایی قلب.

F: First, L: Last, B: Before Hospitalization, H: During Hospitalization, D: Discharge Phase, M: Missing Value, COPD: Chronic Obstructive Pulmonary Disease, JVP: Jugular Venous Pulse, CABG: Coronary Artery Bypass Grafting, PCI: Percutaneous Coronary Intervention, ICD: Implantable Cardioverter Defibrillator, CRT_CRTD: Cardiac Resynchronization Therapy-Defibrillator, NIV: Non-Invasive Ventilation, VAS: Vascularization, NYHA: New York Heart Association.

ویژگی‌ها	(%) درصد: گروه	توضیحات
Admission Reason	1:87.6, 2:1.9, 3:0.5, 4:0.2, M:9.8	1: Deterioration, 2: New HF, 3: Checkup, 4: Others
Previous Admission	1:15.5, 2:84.5	
Primary Hypertension	1:65.8, 2:33.2, M:1	
Primary Ischemic	1:80.9, 2:15.8, M:3.3	
Primary Heart Valve	1:39.9, 2:59.2, M:0.9	
On Childbirth	1:0.1, 2:99.6, M:0.3	
History Hypertension	1:65.6, 2:33.7, M:0.7	
History Arrhythmia	1:19.9, 2:79.9, M:0.2	
History Diabetes	1:46.1, 2:53.7, M:0.3	
History COPD	1:14, 2:85.7, M:0.3	
History Thyroid	1:7.5, 2:92.4, M:0.1	
History Stroke	1:4.9, 2:95.0, M:0.1	
History Anemia	1:12.7, 2:86.9, M:0.4	1: Yes, 2: No
History Kidney	1:26.2, 2:73.0, M:0.8	
Chest Pain	1:35.3, 2:45.2, M:19.5	
Angiography	1:10.7, 2:89.3	
Pace Devices	1:10.2, 2:89.2, M:0.7	
Pacemaker	1:4.0, 2:96	
F. Edema	1:49.0, 2:26.1, M:24.9	
F. Pulmonary Rales	1:65, 2:24.3, M:10.7	
Hemodialysis	1:3.4, 2:96.6	
F. JVP	1:18.7, 2:41.4, M:39.9	
CABG	1:12.9, 2:87.1	

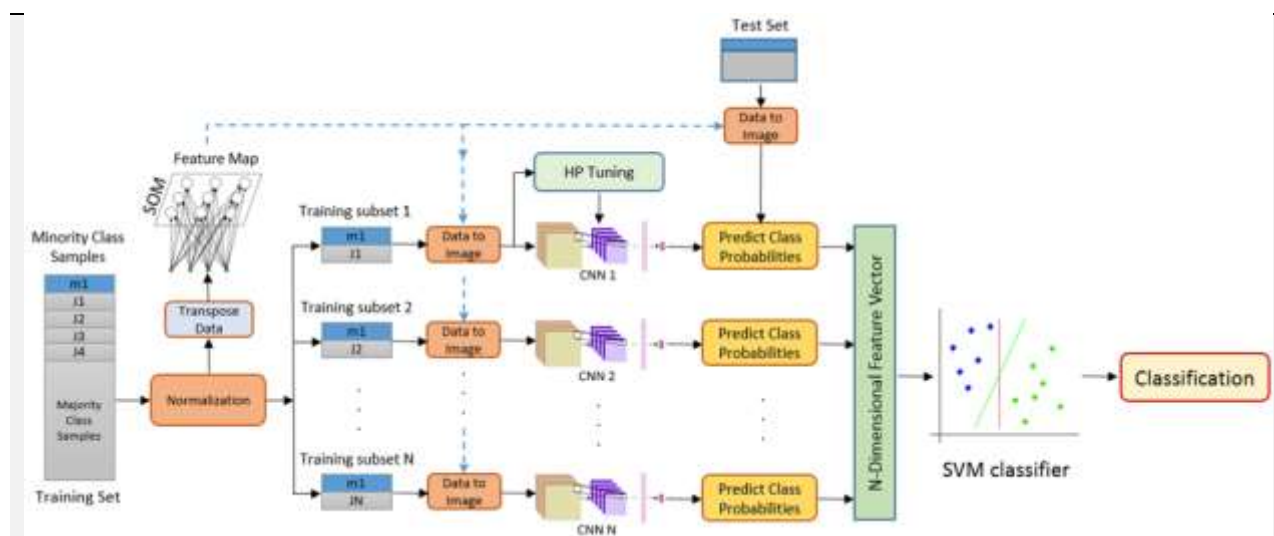


PCI	1:22.3, 2:77.7		
CRT_CRTD	1:1.4, 2:98.6		
ICD	1:4.9, 2:95.1		
NIV	1:5.2, 2:94.8		
VAS	1:49.8, 2:50.2		
Smoking	1:16.3, 2:52.2, 3:5.1, M:26.4	1: Active, 2: Previous Smoker, 3: Never	
Ejection Fraction	1:52.2, 2:18.2, 3:8.3, 4:9.2, M:12.2	1:<30, 2:30-39, 3:40-49, 4:>49	
Mitral Regurgitation	1:22.9, 2:24, 3:14.5, 4:1, M:37.5	1: Mild, 2: Moderate, 3: Severe, 4: Not	
NYHA Classification	1:0.4, 2:0.4, 3:10.6, 4:54.4, M:34.2	1: I, 2: II, 3: III, 4: IV	
B. Enalapril	1:12, 2:88	Medication Usage Before Hospitalization, 1: Yes, 2: No	
B. Losartan	1:41.2, 2:58.8		
B. Atenolol	1:43, 2:57		
B. Triamterene	1:5.5, 2:94.5		
B. Furosemide	1:42.1, 2:51.9, M:6		
B. Spironolactone	1:22.3, 2:77.7		
B. Digitalis	1:23.6, 2:70.4, M:5.9		
B. Atorvastatin	1:40.8, 2:59.2		
B. Nitrocountine	1:40.6, 2:59.4		
B. Dabigatran	1:18.4, 2:81.6		
B. Asa	1:54.1, 2:40.5, M:5.4		
B. Clopidogrel	1:13.6, 2:86.4		
H. Enalapril	1:29.4, 2:70.6		Medication Usage During Hospitalization, 1: Yes, 2: No
H. Losartan	1:53.7, 2:46.3		
H. Atenolol	1:63.1, 2:36.9		
H. Triamterene	1:7.1, 2:92.9		
H. Furosemide	1:88.2, 2:11.6, M:0.1		
H. Spironolactone	1:50.6, 2:49.4		
H. Digitalis	1:47.3, 2:52.5, M:0.1		
H. Atorvastatin	1:68.8, 2:31.2		
H. Dopamine	1:7.2, 2:92.7, M:0.1		
H. Dobutamine	1:6.8, 2:93.1, M:0.1		
H. Milrinone	1:0.3, 2:99.6, M:0.1		
H. Epinephrine	1:5.7, 2:94.2, M:0.1		
H. Norepinephrine	1:0.1, 2:99.8, M:0.1		
H. Nitrocountine	1:60.2, 2:39.8		
H. Dabigatran	1:21.4, 2:78.6		
H. Asa	1:76.8, 2:23.1, M:0.1		
H. Clopidogrel	1:36.9, 2:63.1	Medication Usage in Discharge Phase, 1: Yes, 2: No	
D. Enalapril	1:16.2, 2:83.8		
D. Losartan	1:35.9, 2:64.1		
D. Atenolol	1:41.1, 2:58.9		
D. Triamterene	1:4.2, 2:95.8		
D. Furosemide	1:56.8, 2:36.9, M:6.4		
D. Spironolactone	1:34.7, 2:65.3		
D. Digitalis	1:31.8, 2:61.7, M:6.5		
D. Atorvastatin	1:49.9, 2:50.1		
D. Epinephrine	1:0, 2:93.5, M:6.4		
D. Nitrocountine	1:42.1, 2:57.9		
D. Dabigatran	1:18.2, 2:81.8		
D. Asa	1:59.2, 2:34.4, M:6.4		
D. Clopidogrel	1:20, 2:80		
F. Troponin	0:19.3, 1:13.2, 2:67, M:0.5		0: Not, 1: Positive, 2: Negative
L. Troponin	0:91.1, 1:2.1, 2:6.9, M:0	0: Not, 1: Positive, 2: Negative	
Education	1:38, 2:23, 3:3, 4:5, 5:3, 6:0, M:28	1: Preprimary, 2: Elementary, 3: Middle School, 4: High School, 5: Bachelor, 6: Master	
Sex	1:60.3, 2:39.3, M:0.4	1: Male, 2: Female	
Marital Status	1:65.1, 2:1.9, 3:1, 4:0, M:31.9	1: Married, 2: Single, 3: Widowed, 4: Divorced	

جدول (۲) - ویژگی‌های عددی داده‌ی پیش‌پردازش شده رجیستری نارسایی قلب. F: First, L: Last, SD: Standard Deviation.

ویژگی‌ها	Mean±SD	(%) مقادیر گمشده	توضیحات
Index	0.2±0.7	0.03	The number of Heart Attacks in One Year

F. SBP	130.4±28.7	0.14	Systolic Blood Pressure
F. DBP	80.6±16.4	5.55	Diastolic Blood Pressure
L. SBP	115.8±19.5	7.09	Systolic Blood Pressure
L. DBP	71.1±12.2	8.91	Diastolic Blood Pressure
F. Heart Rate	89.1±21.4	1.23	
L. Heart Rate	78.6±11.2	8.77	
Weight (kg)	72.5±15.5	47.43	Weight of The Patient
Height (cm)	164.9±10.6	49.79	Height of The Patient
F. Hb	13.0±2.3	10.73	Hemoglobin
F. Creatinine	1.6±1.0	5.83	
L. Creatinine	1.8±1.0	45.37	
F. BUN	30.0±20.0	11.24	Blood Urea Nitrogen
L. BUN	37.6±22.3	48.66	Blood Urea Nitrogen
F. Potassium	5.5±11.2	7.81	
L. Potassium	5.1±9.4	46.57	
F. Sodium	137.3±14.4	10.35	
L. Sodium	137.9±12.5	48.9	
F. WBC	8686.0±4632.1	13.98	White Blood Cell
F. PT	17.4±11.5	28.75	Prothrombin Time Test
F. PTT	34.7±15.5	29.68	Partial Thromboplastin Time Test
F. INR	1.7±2.4	23.47	International Normalized Ratio
Age	70.8±12.8	0.34	Age of The Patients



شکل (۳) - ساختار مدل تجمیعی پیشنهاد شده از CNN ها به همراه تبدیل داده به تصویر مبتنی بر شبکه SOM، SOM+E_CNN

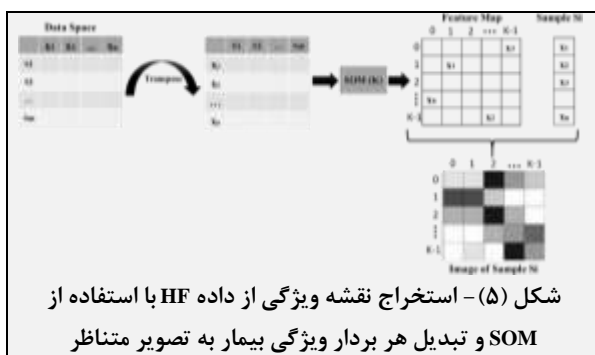
۳-۲- روش پیشنهادی

در ابتدا داده ها به مجموعه های آموزشی (۸۰٪) و آزمون (۲۰٪) تقسیم می شوند. مدل پیشنهادی بر روی مجموعه آموزشی توسعه و آموزش داده می شود و سپس بر روی مجموعه آزمون ارزیابی می شود. داده های HF ویژگی هایی با محدوده های متنوع را در بر می گیرند. در نتیجه، نرمال سازی این داده ها در یک محدوده، نه تنها برای افزایش کارایی تکنیک های یادگیری ماشین، بلکه برای تبدیل داده ها به تصاویر نیز ضروری است. تکنیک های مختلفی برای نرمال سازی ویژگی ها وجود

در این بخش، مدل پیشنهادی برای پیش بینی مرگ و میر ۶ ماهه و ۱۲ ماهه بیماران HF با استفاده از ویژگی های پیش پردازش شده ارائه می شود که شامل یک مدل تجمیعی از CNN ها به همراه تبدیل داده به تصویر مبتنی بر شبکه SOM است. دیاگرام بلوکی کلیه مراحل روش پیشنهادی در شکل (۳) نشان داده شده است و بصورت SOM+E_CNN^{۲۵} نام گذاری می شود.

^{۲۵} SOM + Ensemble CNN

از ارائه‌ها (P) ادامه دارد. این فرآیند تکراری یک نقشه کوهونن آموزش دیده (خود سازماندهی شده) تولید می‌کند که با یک ماتریس وزن خاص مشخص می‌شود. هر گره در نقشه کوهونن مربوط به الگوی خاصی است که قبلاً آموخته شده و همه عناصر آن الگو را مشخص می‌کند. فرآیند آموزش SOM حفظ خواص توپولوژیکی در فضای ورودی را تضمین می‌کند و گره‌های همسایه، الگوهایی با ویژگی‌های مشابه، را شناسایی می‌کنند. در این مطالعه، از SOM برای تبدیل هر بردار ویژگی بیمار به یک تصویر استفاده شده است. شکل (۵) تبدیل فضای داده به نقشه ویژگی با استفاده از SOM و تبدیل هر بردار ویژگی بیمار به تصویر متناظر را نشان می‌دهد. با ارائه ترانهاده فضای داده به یک SOM با اندازه k ، SOM موقعیتی را به هر ویژگی اختصاص می‌دهد. در نتیجه، پس از اتمام آموزش، یک نقشه ویژگی تولید خواهد شد که در آن مکان همه ویژگی‌ها مشخص شده است. از این رو با استفاده از نقشه ویژگی، تبدیل هر بردار ویژگی بیمار به تصویر متناظر با ابعاد $K \times K$ امکان پذیر می‌شود. شدت هر پیکسل به مقدار ویژگی مربوط به آن بستگی دارد. هر چه مقدار بزرگتر باشد، پیکسل روشن تر است. لازم به ذکر است که ممکن است به برخی از پیکسل‌ها هیچ ویژگی اختصاص داده نشود. در چنین مواردی مقادیر آنها صفر خواهد بود. همچنین این امکان وجود دارد که چندین ویژگی به یک پیکسل اختصاص داده شود. در این حالت، شدت پیکسل برابر با مقدار متوسط ویژگی‌ها خواهد بود.



۲-۳-۲ مدل تجمیعی با استفاده از شبکه‌های CNN

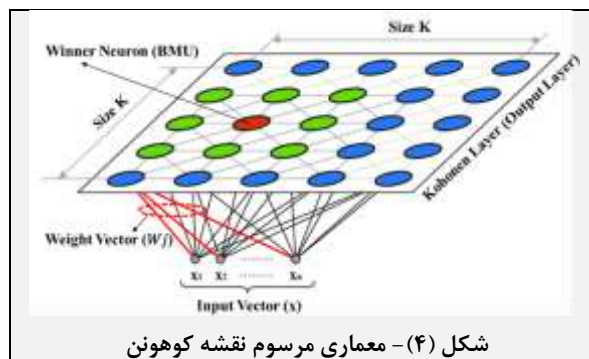
این تحقیق با هدف پیش بینی مرگ و میر ۶ ماهه و ۱۲ ماهه بیماران HF با میزان مرگ و میر پایین به ترتیب ۱۶٫۱٪ و ۲۲٫۸٪ انجام شده است. در اینجا با یک مسئله طبقه‌بندی نامتعادل شامل دو کلاس و با اکثریت بیماران زنده روبرو هستیم. مشکلات عدم تعادل یک اتفاق مکرر در حوزه پردازش داده‌های

دارد، و روش مورد استفاده در این مطالعه، min-max است که همه ویژگی‌ها را بین ۰ و ۱ بر اساس مقادیر حداکثر (x_{max}) و حداقل (x_{min}) بصورت رابطه (۱) نرمال می‌کند.

$$\hat{x} = \frac{x - x_{min}}{x_{max} - x_{min}} \quad (1)$$

۱-۳-۲ تبدیل داده به تصویر با استفاده از شبکه SOM

برای استفاده از مزایای شبکه‌های عصبی مبتنی بر CNN به عنوان طبقه‌بند، از یک مدل شبکه عصبی SOM برای تبدیل هر بردار داده بیمار به یک تصویر استفاده می‌کنیم. SOM یک نگاشت از یک فضای ورودی با ابعاد بالاتر به یک فضای جدید با ابعاد پایین تر با استفاده از یک شبکه کاملاً متصل دو لایه است. لایه ورودی از یک آرایه خطی با تعدادی نورون (اجزای اصلی ANN) برابر با بعد بردار ورودی (n) تشکیل شده است. لایه خروجی که به عنوان لایه کوهونن نیز شناخته می‌شود، شامل نورون‌هایی است که هر یک دارای یک بردار وزن مرتبط با ابعاد بردار ورودی (n) و مکانی معین در یک شبکه مربع با اندازه دلخواه (k) هستند. این وزن‌ها در یک ماتریس $n \times k \times k$ به نام ماتریس وزن سازماندهی می‌شوند. شکل (۴) یک معماری مرسوم نقشه کوهونن را نشان می‌دهد.

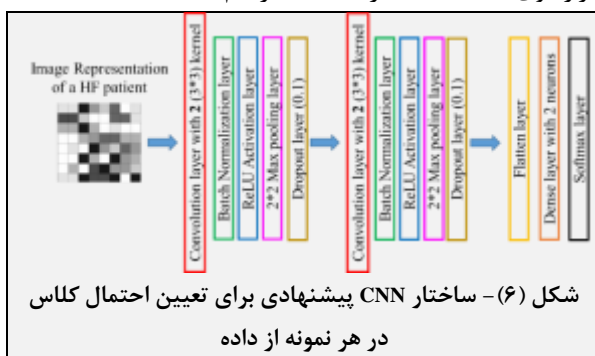


تعلیم شبکه SOM دارای فرآیندی است که به شرح زیر توضیح داده می‌شود. یک بردار n بعدی از فضای داده ورودی (X) به شبکه معرفی می‌شود. نورونی که نزدیکترین بردار وزنی را دارد به عنوان بهترین واحد تطبیق^{۲۶} (BMU) یا نورون برنده در نظر گرفته می‌شود که از طریق تابع فاصله اقلیدسی و مکانیزم رقابتی "برنده همه چیز را می‌گیرد" محاسبه می‌شود. سپس، الگوریتم آموزشی بدون نظارت، بردار وزن نورون برنده را بر اساس شباهت آن به بردار ورودی به روز رسانی می‌کند. ارائه بردارهای ورودی و فرآیند یادگیری تا رسیدن به تعداد مشخصی

^{۲۶} Best Matching Unit

نرخ یادگیری و تعداد لایه‌های کانولوشن و غیره است. این فرآیندها با استفاده از تکنیک جستجوی شبکه‌ای بر روی یک مجموعه اعتبارسنجی تنظیم شده‌اند، که خود بخشی از داده‌های آموزشی می‌باشد.

همانطور که شکل (۳) نشان می‌دهد، احتمالات خروجی مربوط به کلاس "۱" از همه CNN ها برای تشکیل بردارهای ویژگی N بعدی ترکیب می‌شوند. این بردارها برای آموزش یک طبقه‌بند ماشین بردار پشتیبان^{۲۸} (SVM) استفاده می‌شوند. به دلیل وجود چالش در تشخیص الگوها در خروجی CNN ها، ما یک ابزار قوی، مانند SVM را انتخاب کردیم.



برای ارزیابی مدل تجمیعی پیشنهادی، مجموعه آزمایشی با استفاده از نقشه ویژگی بدست آمده به تصاویر متناظر تبدیل می‌شوند. متعاقباً، CNN ها احتمالات کلاس "۱" را برای تصاویر آزمایشی پیش‌بینی می‌کنند و سپس برای طبقه‌بندی با استفاده از SVM به بردار تبدیل می‌شوند. برای ارزیابی عملکرد مدل پیشنهادی از معیارهای زیر استفاده می‌کنیم:

$$\text{Accuracy} = \frac{TN+TP}{TN+TP+FN+FP} \quad (۲)$$

$$\text{Sensitivity} = \frac{TP}{TP+FN} \quad (۳)$$

$$\text{Specificity} = \frac{TN}{TN+FP} \quad (۴)$$

$$\text{F1-score} = \frac{2TP}{2TP+FP+FN} \quad (۵)$$

$$\text{Precision} = \frac{TP}{TP+FP} \quad (۶)$$

$$\text{MCC}^{۲۹} = \frac{TP \times TN - FP \times FN}{\sqrt{(TP+FP)(TP+FN)(TN+FP)(TN+FN)}} \quad (۷)$$

بطوری که $TP^{۳۰}$ ، $TN^{۳۱}$ ، $FP^{۳۲}$ و $FN^{۳۳}$ به ترتیب مثبت واقعی، منفی واقعی، مثبت کاذب و منفی کاذب هستند. علاوه بر این، ما از معیارهای ROC_auc و PR_auc استفاده کردیم که به ترتیب ناحیه زیر منحنی^{۳۴} های ROC^{۳۵} و PR^{۳۶} هستند [۳۰].

بالینی است [۲۸]. عدم تعادل کلاس‌ها، بسیاری از الگوریتم‌ها را به دسته بندی همه نمونه‌ها در کلاس اکثریت سوق می‌دهد تا به دقت بالایی دست یابند [۲۹]. مدل پیشنهادی این تحقیق دارای ساختار تجمیعی برای پیش‌بینی مرگ و میر بیماران HF با استفاده از داده‌های نامتعادل است که از تکنیک «نمونه برداری کاهشی و گروه بندی کردن» برای نمونه برداری از کلاس اکثریت، همراه با کلاس اقلیت در مجموعه آموزشی، برای آموزش چندین طبقه بند CNN استفاده می‌کند [۱۸]. در این تکنیک، نمونه‌هایی از کلاس اکثریت برای مطابقت با اندازه کلاس اقلیت، نمونه برداری می‌شوند و داده‌های نمونه برداری شده از کلاس اکثریت مجدداً به داده آموزش باز نمی‌گردند. بنابراین، ساختار مدل تجمیعی با ترکیب زیرمجموعه‌های نمونه برداری شده از کلاس اکثریت به همراه تمام نمونه‌های کلاس اقلیت ساخته می‌شود. اگر در انتها، نمونه‌های کلاس اکثریت برای نمونه برداری کافی نباشند، تعدادی نمونه مورد نیاز از زیر مجموعه‌های کلاس اکثریت به طور تصادفی انتخاب می‌شوند. تعداد کل زیر مجموعه‌های آموزشی تولید شده برابر است با $N = \left\lfloor \frac{n_j}{n_m} \right\rfloor$ که در آن n_m و n_j به ترتیب تعداد نمونه‌ها در کلاس های اکثریت و اقلیت مجموعه آموزشی را نشان می‌دهند و [] نشان دهنده تابع سقف است.

مطابق شکل (۳)، نمونه‌های هر زیر مجموعه با استفاده از نقشه ویژگی تولید شده توسط SOM به تصاویر متناظر تبدیل می‌شوند. سپس، تمام تصاویر هر زیر مجموعه برای طبقه بندی به یک CNN وارد می‌شود. CNN ها احتمال تعلق هر نمونه به هر کلاس را مشخص می‌کنند. معماری CNN پیشنهادی در شکل (۶) نشان داده شده است. CNN پیشنهادی شامل دو لایه است که در آن هر لایه به ترتیب دارای یک لایه کانولوشن دو بعدی، یک لایه نرمال سازی دسته‌ای، یک تابع فعال سازی $ReLU^{۲۷}$ ، یک لایه تجمیع حداکثری، و یک لایه حذف تصادفی است. نرمال سازی دسته‌ای و حذف تصادفی برای جلوگیری از برازش بیش از حد در طول فرآیند آموزش استفاده می‌شود. تجمیع حداکثری در هر لایه نیز برای نمونه برداری از ابعاد تصویر استفاده می‌شود. خروجی مسطح شده لایه دوم به یک لایه کاملاً متصل با دو نورون وارد می‌شود. در نهایت، یک لایه Softmax برای محاسبه احتمالات کلاس‌ها اعمال می‌شود. CNN پیشنهادی دارای فرآیندهای زیادی مانند اندازه فیلتر،

^{۲۷} False Positive

^{۲۸} False Negative

^{۲۹} Area Under Curve

^{۳۰} Receiver Operating Characteristic

^{۳۱} Precision-Recall

^{۲۷} Rectified Linear Unit

^{۲۸} Support Vector Machine

^{۲۹} Matthews Correlation Coefficient

^{۳۰} True Positive

^{۳۱} True Negative

در این بخش، نتایج پیش بینی مرگ و میر ۶ ماهه (6-MM) و ۱۲ ماهه (12-MM) بیماران HF پس از ترخیص از بیمارستان را شرح داده می شود. بر اساس تعداد نمونه‌های مجموعه آموزشی، در مدل پیشنهادی (SOM+E_CNN) شش زیر مجموعه برای پیش بینی 6-MM و چهار زیر مجموعه برای پیش بینی 12-MM تولید می شود.

جدول (۳) - فرآپارامترهای مدل‌های بکاربرده شده	
مدل‌ها	فرآپارامترها
CNN	Convolutional layers: number of layers, kernel size, number of kernels Pooling layer: Type, size Batch Normalization layer drop out: rate Dense layer: number of layers, number of neurons Activation functions optimizer Batch size Learning rate Epochs
Decision Tree	Minimum number of samples to split a node
Random Forest	Minimum number of samples to split a node, Number of trees
XGBoost	Number of trees, Maximum depth of individuals learners
SVM	Kernel

هر زیر مجموعه آموزشی شامل تعداد مساوی نمونه از هر دو کلاس است. در شکل (۷)، تصاویر متعددی از داده HF به تصویر کشیده شده اند که از طریق تبدیل داده به تصویر SOM و DeepInsight تولید شده اند. هر ردیف مربوط به تصاویر یک داده است. در مطالعه حاضر، تمام تصاویر را در اندازه ۱۰۰×۱۰۰ در نظر گرفته‌ایم.

در جدول (۴) و جدول (۵) عملکرد مدل پیشنهادی (SOM+E_CNN) و مدل عمیق DeepInsight+E_CNN و همچنین سایر مدل‌ها در مجموعه‌های آزمایشی برای پیش بینی 6-MM و 12-MM بصورت میانگین و انحراف استاندارد (Mean±SD) نشان داده شده است. بر اساس نتایج پیش بینی 6-MM، روش DS + SVM بالاترین میزان دقت و

در این مطالعه از روش اعتبارسنجی متقاطع^{۳۷} ۵ تایی برای ارزیابی مدل خود استفاده کردیم [۳۱]. نتایج نهایی به صورت میانگین و انحراف استاندارد^{۳۸} (Mean±SD) تمام معیارها ارائه شده است.

۳-۳-۲ مقایسه با سایر روش‌ها

در این تحقیق، بمنظور مقایسه روش پیشنهادی (SOM+E_CNN) که شامل یک مدل تجمیعی از CNNها به همراه تبدیل داده به تصویر مبتنی بر شبکه SOM است از پیشرفته ترین الگوریتم های تبدیل داده به تصویر، مانند DeepInsight، به همراه مدل تجمیعی از CNNها، اشاره شده در قسمت قبل، استفاده شده است که مدل عمیق DeepInsight+E_CNN را تشکیل می‌دهد [۱۵]. DeepInsight یک تکنیک کاهش ابعاد مانند آنالیز مؤلفه اصلی (PCA^{۳۹}) را بر روی مجموعه داده ترانهاده شده برای تعیین مکان ویژگی‌ها در صفحه دکارتی اعمال می کند. سپس با یافتن مکان ویژگی‌ها در صفحه دکارتی، هر نقطه داده را به یک تصویر مربوطه تبدیل می کند. ما همچنین مدل پیشنهادی خود را با مدل‌های پیش بینی کننده پایه بر روی داده‌های اصلی (بدون تبدیل داده به تصویر) مقایسه کردیم. چهار مدل پایه، یعنی درخت تصمیم^{۴۰}، جنگل تصادفی^{۴۱}، تقویت گرادیان شدید^{۴۲} (XGBoost) و SVM برای این منظور انتخاب شدند [۲۸]. همچنین در این مدل‌ها، برای حل مشکل عدم تعادل در داده های HF برای پیش بینی مرگ و میر ۶ ماهه و ۱۲ ماهه، نمونه برداری کاهشی از کلاس اکثریت را در مجموعه آموزشی پس از نرمال سازی انجام دادیم. این کار مانع از جهت گیری مدل‌ها به سمت طبقه اکثریت خواهد شد. تمامی مدل‌های رقیب با استفاده از روش اعتبارسنجی متقاطع ۵ تایی مورد ارزیابی قرار گرفتند. فرآپارامترهای مدل‌های رقیب از طریق تکنیک جستجوی شبکه‌ای تنظیم شدند. جدول (۳) فرآپارامترهای همه مدل‌ها را نشان می دهد. کل فرآیند آموزش مطالعه حاضر با استفاده از نوت بوک پایتون موجود در Google Colaboratory یا Colab انجام شد که یک GPU Nvidia T4 را فراهم می کند.

۳- نتایج

^{۳۰} Decision Tree

^{۳۱} Random Forest

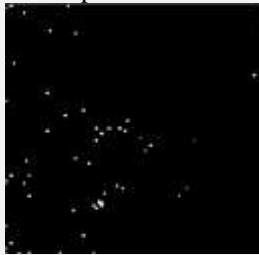
^{۳۲} Extreme Gradient Boosting

^{۳۷} Cross Validation

^{۳۸} Standard Deviation (SD)

^{۳۹} Principle Component Analysis

SOM Image Representation



DeepInsight Image Representation



شکل (۷) - بازنمایی تصویری از داده HF با ابعاد 100×100 . هر ردیف متعلق به یک داده است. هر ستون مربوط به یک روش تبدیل داده به تصویر می باشد.

اختصاصیت را به دست آورده است (به ترتیب $64/63\%$ و $63/77\%$). علاوه بر این، DS + Decision Tree به بالاترین مقدار معیار PR_{auc} ($45,84\%$) رسیده است. با این حال، مدل پیشنهادی SOM+E_CNN دارای معیار برتر بیشتری است و عملکرد بهتری از خود نسبت به تمام مدل‌های دیگر نشان می دهد. در مورد نتایج پیش بینی 12-MM، DS + Decision Tree به بالاترین میزان PR_{auc} با $50,96\%$ می رسد.

اما در سایر معیارها، مدل پیشنهادی SOM+E_CNN به عنوان مدل برتر ظاهر شده است. از این رو، در هر دو پیش بینی 6-MM و 12-MM بیماران HF، مدل پیشنهادی به عنوان مدل برتر ظاهر می شود. میانگین منحنی‌های ROC و PR با اعتبار سنجی متقاطع ۵ تایی در شکل (۸) و شکل (۹) نشان داده شده است. مدل پیشنهادی SOM+E_CNN به بالاترین مقادیر Roc_{auc} برای پیش بینی 6-MM و 12-MM (به ترتیب $74/22\%$ و $75/2\%$) دست میابد. منحنی‌های تلفات و دقت یکی از CNNها در مدل پیشنهادی در شکل (۱۰) نشان داده شده است. معیار توقف برای آموزش CNNها شامل رسیدن به ۲۰۰ دوره ارائه کل داده آموزش است و پس از آن انتخاب وزن‌های متناظر با کمینه خطای داده اعتبارسنجی می باشد.

جدول (۴) - نتایج مقایسه مدل پیشنهادی با سایر مدل‌ها برای پیش بینی 6-MM، Mean±SD (%)

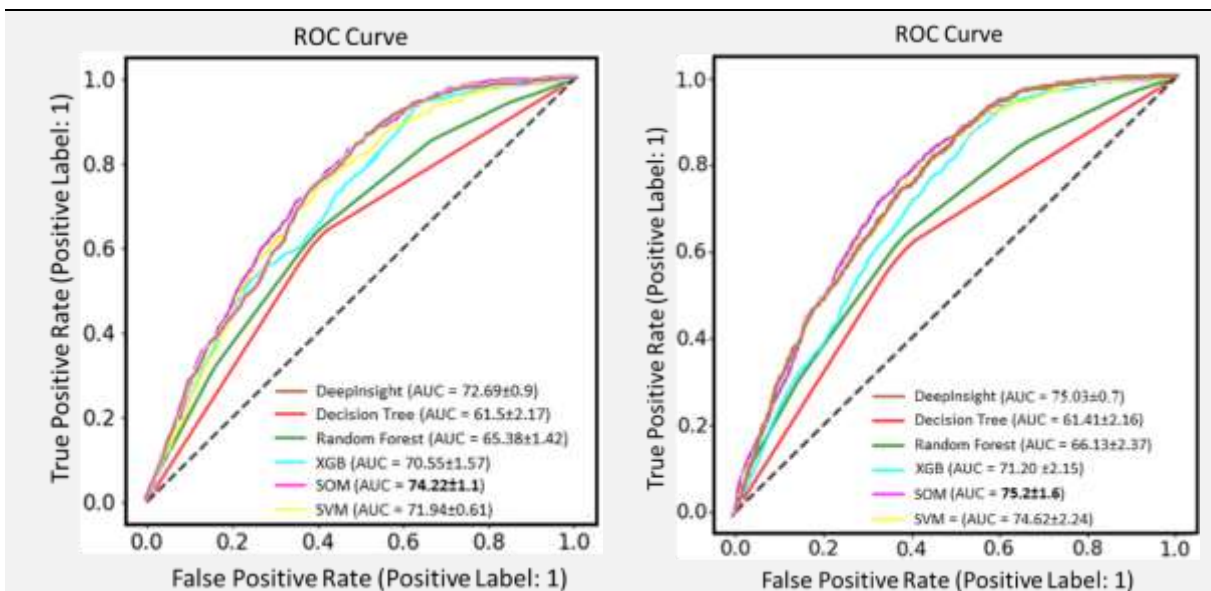
E_CNN: Ensemble CNN, DI: DeepInsight, DS: Down-Sampling, DT: Decision Tree, RF: Random Forest, Acc: Accuracy, Sens: Sensitivity, Spec: Specificity, Prec: Precision

Model	Acc.	Sens.	Spec.	Prec.	F1-score	Roc_auc	PR_auc	MCC
SOM+E_CNN	64.57±1.2	71.91±4.3	63.15±1.7	27.26±1.1	39.52±1.6	74.22±1.1	32.59±2.9	26.09±2.7
DI+E_CNN	64.5±1.1	71.06±4.1	63.23±1.6	27.06±1	39.18±1.5	72.69±0.9	29.59±2.2	25.53±2.5
DS +DT	60.93±1.1	62.34±6.5	60.66±2.4	23.27±1	33.86±2	61.5±2.2	45.84±3.2	17.08±3.1
DS +RF	61.31±1.3	63.62±1.4	60.87±1.6	23.81±0.9	34.64±0.9	65.38±1.4	28.24±3.3	18.19±1.5
DS +XGB	63.33±2.5	61.7±2.8	63.64±3.3	24.66±1.3	35.19±1.4	70.55±1.6	30.93±3.3	19.04±2.1
DS +SVM	64.63±0.8	69.15±2.7	63.77±1.1	26.81±0.6	38.64±0.9	71.94±0.6	29.43±2.2	24.56±1.6

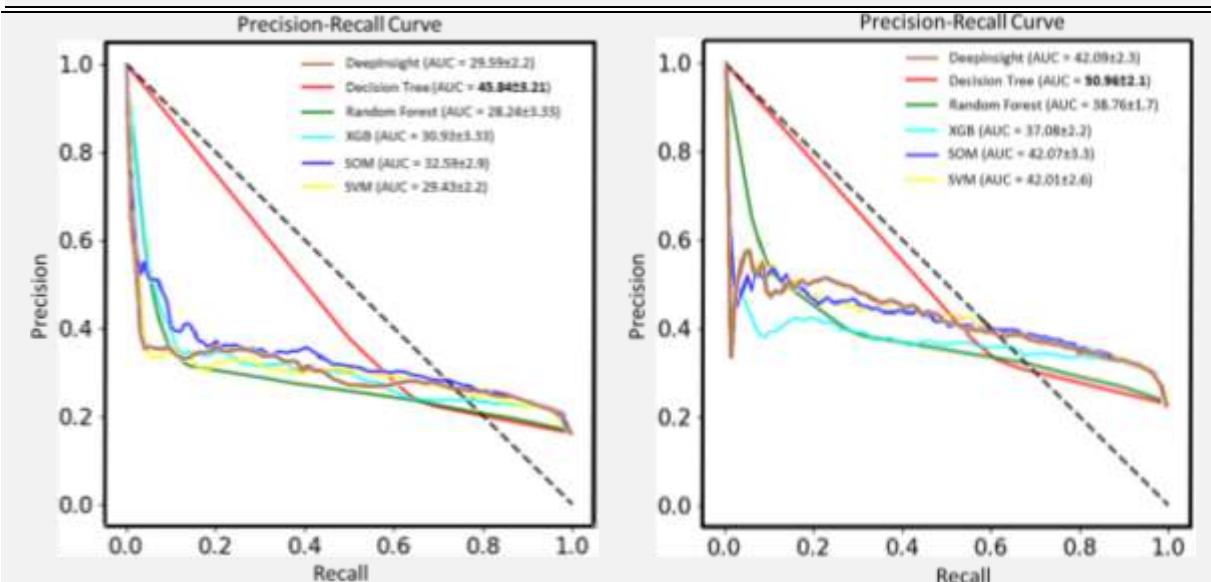
جدول (۵) - نتایج مقایسه مدل پیشنهادی با سایر مدل‌ها برای پیش بینی 12-MM، Mean±SD (%)

E_CNN: Ensemble CNN, DI: DeepInsight, DS: Down-Sampling, DT: Decision Tree, RF: Random Forest, Acc: Accuracy, Sens: Sensitivity, Spec: Specificity, Prec: Precision

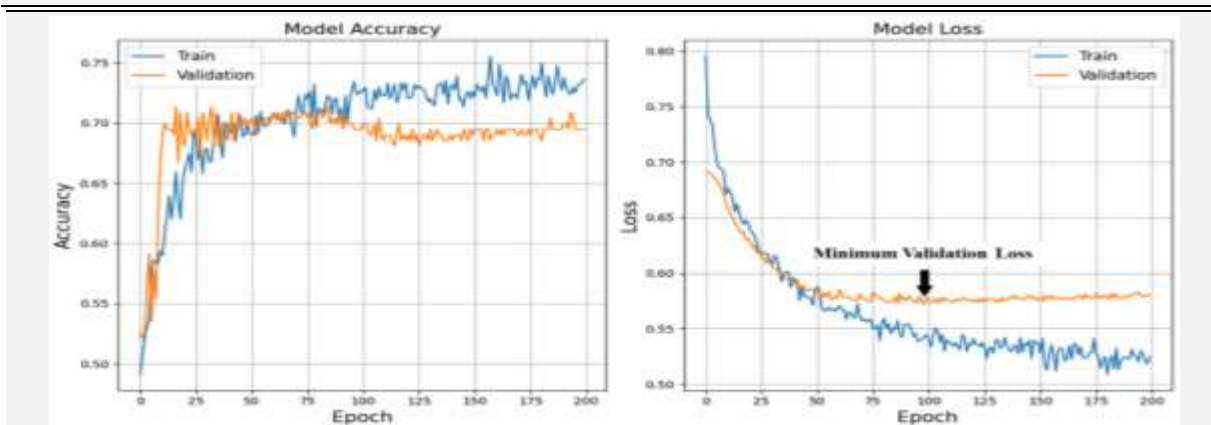
Model	Acc.	Sens.	Spec.	Prec.	F1-score	Roc_auc	PR_auc	MCC
SOM+E_CNN	66.55±2.1	73.53±2.4	64.49±3	38.02±1.7	50.08±1.5	75.2±1.6	42.07±3.3	32.17±2.4
DI+E_CNN	65.97±1.0	72.63±2.4	64.0±1.1	37.33±1	49.31±1.4	75.03±0.7	42.09±2.3	30.94±2.2
DS +DT	61.69±2.1	60.9±3.4	61.92±2.5	32.12±2	42.03±2.3	61.41±2.2	50.96±2.1	19.35±3.7
DS +RF	62.51±1.3	63.16±4.3	62.32±1.3	33.08±1.6	43.41±2.4	66.13±2.4	38.76±1.7	21.56±3.6
DS +XGB	63.95±2.1	66.47±6.1	63.21±3	34.79±2.1	45.62±3	71.2±2.2	37.08±2.2	25.14±4.6
DS +SVM	65.63±1.8	71.28±3.1	63.96±2.6	36.91±1.5	48.6±1.7	74.62±2.2	42.01±2.6	29.81±2.7



شکل (۸) - منحنی‌های ROC پیش‌بینی‌های 6-MM و 12-MM از بیماران HF. Mean±SD (%).



شکل (۹) - منحنی‌های Precision-Recall پیش‌بینی‌های 6-MM و 12-MM از بیماران HF. Mean±SD (%).



شکل (۱۰) - منحنی‌های تلفات و دقت یکی از CNN ها در مدل پیشنهادی (SOM+E_CNN)

۴- بحث و بررسی

در این مطالعه، روشی را برای پیش بینی مرگ و میر ۶ ماهه (6-MM) و ۱۲ ماهه (12-MM) بیماران HF با استفاده از داده‌های رجیستری معرفی شده است. با توجه به چالش داده‌های نامتعادل که پس از پیش پردازش ایجاد می‌شود، ما یک مدل تجمیعی با استفاده از شبکه‌های CNN ابداع کردیم. برای استفاده از مزایای CNN در استخراج خودکار ویژگی‌ها از تصاویر خام از طریق لایه‌های پیچشی [۱۳]، یک تبدیل مبتکرانه داده به تصویر با استفاده از SOM را پیشنهاد کردیم. این تبدیل امکان تبدیل بردارهای ویژگی به تصاویر را فراهم می‌کند و امکان طبقه‌بندی را بدون مداخله دستی تسهیل می‌نماید. برای تبدیل بردارهای ویژگی به تصاویر متناظر، ابتدا باید هر ویژگی به مکان خاصی در تصویر اختصاص داده شود. SOM داده‌های ورودی را به صورت سازماندهی شده به یک آرایه دو بعدی تبدیل می‌کند و همچنین شباهت بین ویژگی‌های ورودی را حفظ می‌کند [۳۲]. داده‌های ورودی بصورت ترانهاده وارد SOM می‌گردند. این روش تضمین می‌کند که هر ویژگی به مکان مشخصی در تصویر اختصاص یابد، و همچنین ویژگی‌های مشابه را در فواصل نزدیک به هم و ویژگی‌های غیر مشابه را دورتر از هم سازماندهی می‌کند. تعیین مکانی مناسب برای ویژگی‌ها بر اساس شباهت آنها می‌تواند نتایج طبقه‌بندی بهتری را در مقایسه با تبدیل DeepInsight و سایر طبقه‌بندی‌های پایه که شباهت ویژگی‌ها را در نظر نمی‌گیرند، به همراه داشته باشد.

DeepInsight یک روش تبدیل داده به تصویر پیشرفته است که از تکنیک کاهش ابعاد مانند PCA استفاده می‌کند. در PCA، ۲ مولفه اصلی ممکن است تغییرپذیری را به طور کامل توضیح ندهند، اما یک شبکه SOM می‌تواند یک نمایش دو بعدی دقیق‌تری از روابط درون داده‌ها ارائه دهد. علاوه بر این، در SOM، با وجود اینکه نگاشت می‌تواند از داده‌های اصلی به شبکه خروجی بصورت چند به یک باشد، روابط بین خوشه‌ها حفظ می‌شود [۳۲]. از این رو، SOM ابزاری برتر برای تجسم و تفسیر مجموعه داده‌های با ابعاد بالا در مقایسه با DeepInsight ارائه می‌دهد.

این مطالعه به ما کمک می‌کند تا با استفاده از تبدیل داده به تصویر SOM از ظرفیت‌های مختلف شبکه‌های عصبی CNN برای داده‌های غیر تصویری استفاده کنیم. CNN ها دارای مزایای بسیاری هستند که برخی از آنها عبارتند از: ثبت الگوهای پیچیده، یادگیری سلسله مراتبی، سازگاری با اندازه ورودی،

استخراج خودکار ویژگی‌ها، کاهش ابعاد و یادگیری ابتدا تا انتها [۳۳]. این ویژگی‌های CNN به همراه استفاده از GPU آن را به ابزاری قدرتمند برای تجزیه و تحلیل و طبقه‌بندی تبدیل می‌کند. ما در این مطالعه از CNN برای پیش بینی مرگ و میر ۶ و ۱۲ ماهه بیماران HF استفاده کردیم. عملکرد بهتر مدل پیشنهادی SOM+E_CNN بوسیله تعداد بیشتر معیار برتر در مقایسه با طبقه‌بندی‌های پایه و روش DeepInsight+E_CNN به اثبات می‌رسد.

با توجه به عدم تعادل کلاس‌ها در داده HF، برای ارزیابی جامع تر، از معیار دقت متوازن^{۴۳} (BA) و میانگین هندسی^{۴۴} (GM) استفاده کردیم. BA و GM به ترتیب نشان دهنده میانگین حسابی و هندسی دو معیار حساسیت و اختصاصیت هستند. این معیارها برای ارزیابی مدل‌ها در مجموعه داده‌های نامتعادل بکار می‌روند [۳۴]. مقادیر BA و GM برای همه مدل‌ها در شکل (۱۱) برای پیش بینی 6-MM و 12-MM بیماران HF نشان داده شده است. نتایج بدست آمده برتری مدل پیشنهادی را بر سایرین نشان می‌دهد.

۵- نتیجه گیری

نارسانی قلبی یک چالش مهم در حوزه سلامتی است که فعالیت‌های روزانه را مختل می‌کند و شیوع آن در سراسر جهان رو به افزایش است. در تحقیقات گذشته، پیش بینی مرگ و میر بیماران HF اغلب با استفاده از داده‌های رجیستری و روش‌های آماری و یادگیری ماشین انجام شده است. شبکه‌های عصبی پیچشی (CNN) یکی از ابزارهای قدرتمند یادگیری ماشین در زمینه پردازش تصاویر است که ماهیت عددی داده‌های رجیستری HF، بکارگیری آنها را در این حوزه محدود کرده است. هدف این مطالعه، پیش بینی مرگ و میر ۶ و ۱۲ ماهه بیماران HF با استفاده از داده‌های رجیستری قبل از بستری، در طول مدت زمان بستری در بیمارستان و مرحله ترخیص می‌باشد. برای استفاده از مزایای CNN ها، بردارهای ویژگی بیماران HF از طریق شبکه عصبی SOM به تصاویر متناظر تبدیل می‌شوند. سپس با استفاده از مدل تجمیعی از شبکه‌های CNN، مرگ و میر بیماران برای ۶ و ۱۲ ماه آینده پیش بینی می‌شود. در مقایسه با روش DeepInsight+E_CNN و طبقه‌بندی‌های پایه که از داده‌های HF به همراه نمونه‌برداری کاهشی استفاده می‌کنند، مدل پیشنهادی، SOM+E_CNN، در اکثر معیارها از بقیه مدل‌ها پیشی گرفت و به بیشترین تعداد معیار برتری برای مرگ و میر ۶ و ۱۲ ماهه دست یافت. مدل

^{۴۴} Geometric Mean^{۴۳} Balanced Accuracy

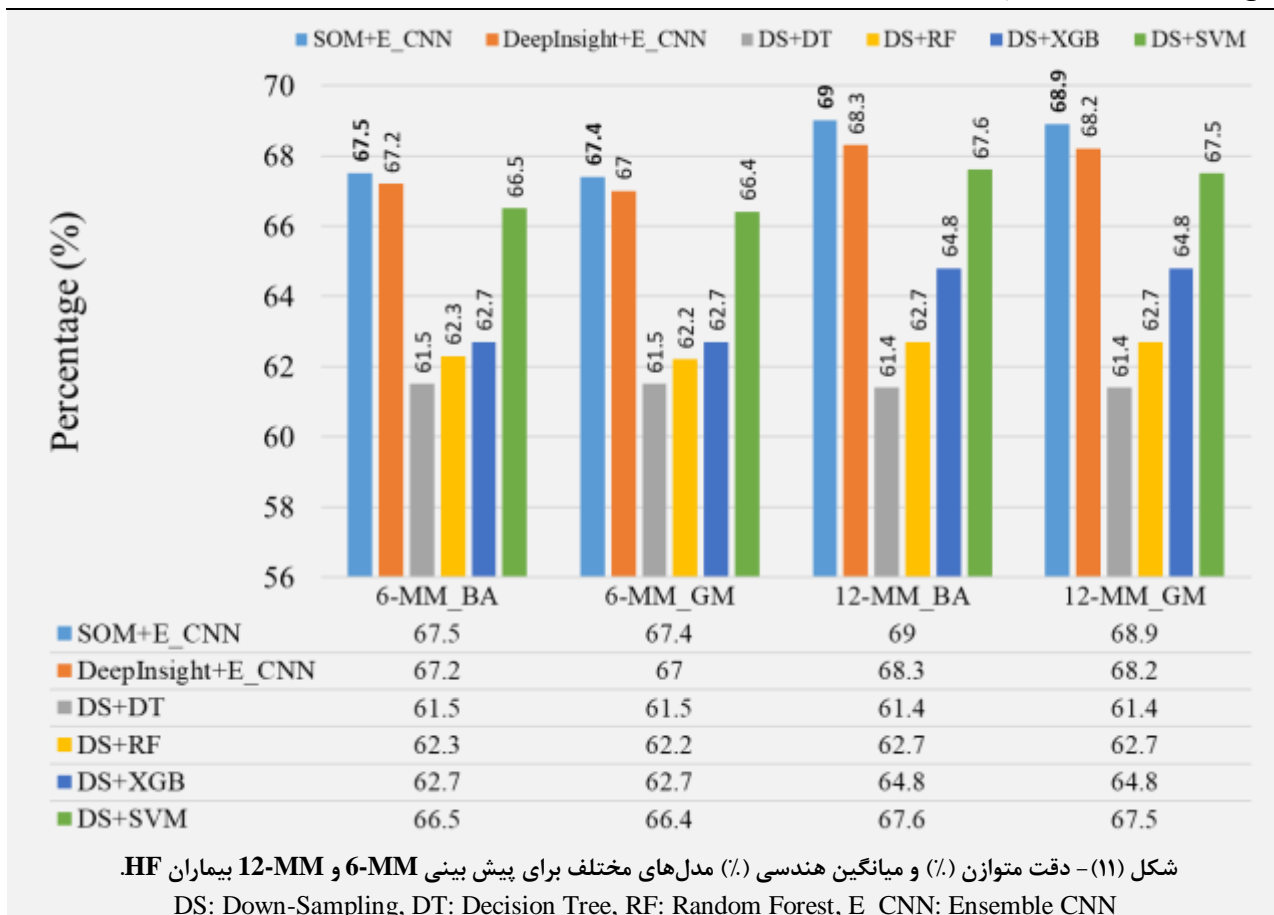
CNN را برای پیش بینی مؤثرتر وضعیت بقای بیماران HF با استفاده از داده‌های رجیستری از طریق یک مدل تجمیعی، امکان‌پذیر می‌سازد.

مشارکت نویسندگان

هادی صباحی و منصور ولی: ایده‌پردازی و طراحی تحقیق، تجزیه و تحلیل داده‌ها، نگارش، ویرایش و بازبینی مقاله.

داود شفیعی: جمع‌آوری داده، مشاوره پزشکی و نحوه استفاده از دادگان.

پیشنهادی در هر دو پیش بینی ۶ و ۱۲ ماهه به بالاترین میزان معیار ROC_auc، به ترتیب ۷۴٫۲٪ و ۷۵٫۲٪ دست یافت. همچنین معیار دقت متوازن مدل پیشنهادی در هر دو پیش بینی ۶ و ۱۲ ماهه به بیشترین مقدار، به ترتیب ۶۷٫۵٪ و ۶۹٪ رسید که از سایر مدل‌ها بیشتر است. افزون بر این، نتایج بیشترین میزان حساسیت را در مدل پیشنهادی نسبت به سایر مدل‌ها برای هر دو پیش بینی مرگ و میر ۶ و ۱۲ ماهه نشان می‌دهند، به ترتیب ۷۱٫۹۱٪ و ۷۳٫۵۳٪. بنابراین، بر اساس نتایج، تبدیل داده به تصویر پیشنهادی، استفاده از شبکه‌های



heart failure: a report of the American College of Cardiology Foundation/American Heart Association Task Force on Practice Guidelines,” Journal of the American college of cardiology, vol. 62, no. 16, pp. e147-e239, 2013.

- [4] S. J. Pocock, D. Wang, M. A. Pfeffer, S. Yusuf, J. J. McMurray, K. B. Swedberg, J. Ostergren, E. L. Michelson, K. S. Pieper, and C. B. Granger, “Predictors of mortality and morbidity in patients with chronic heart failure,” European heart journal, vol. 27, no. 1, pp. 65-75, 2006.
- [5] Ó. Miró, X. Rossello, V. Gil, F. J. Martín-Sánchez, P. Llorens, P. Herrero-Puente, J. Jacob, H. Bueno, and S. J. Pocock, “Predicting 30-day mortality for patients with acute heart failure in the emergency department: a cohort study,” Annals of internal medicine, vol. 167, no. 10, pp. 698-705, 2017.

۶- مراجع

- [1] M. Amini, F. Zayeri, and M. Salehi, “Trend analysis of cardiovascular disease mortality, incidence, and mortality-to-incidence ratio: results from global burden of disease study 2017,” BMC public health, vol. 21, pp. 1-12, 2021.
- [2] D. Chicco and G. Jurman, “Machine learning can predict survival of patients with heart failure from serum creatinine and ejection fraction alone,” BMC medical informatics and decision making, vol. 20, no. 1, pp. 1-16, 2020.
- [3] C. W. Yancy, M. Jessup, B. Bozkurt, J. Butler, D. E. Casey, M. H. Drazner, G. C. Fonarow, S. A. Geraci, T. Horwich, and J. L. Januzzi, “2013 ACCF/AHA guideline for the management of



- deep learning with convolutional neural networks,” *Scientific reports*, vol. 11, no. 1, pp. 11325, 2021.
- [18] B. C. Wallace, K. Small, C. E. Brodley, and T. A. Trikalinos, “Class imbalance, redux,” 2011 IEEE 11th international conference on data mining, pp. 754-763, 2011.
- [19] T. Kohonen, “Self-organized formation of topologically correct feature maps,” *Biological cybernetics*, vol. 43, no. 1, pp. 59-69, 1982.
- [20] Á. J. García-Tejedor and A. Nogales, “An open-source Python library for self-organizing-maps,” *Software Impacts*, vol. 12, pp. 100280, 2022.
- [21] M. Givi, N. Sarrafzadegan, M. Garakyaraghi, G. Yadegarfar, M. Sadeghi, A. Khosravi, A. H. Azhari, M. R. Samienasab, D. Shafie, and M. Saadatnia, “Persian Registry of cardiovascular diseases (PROVE): Design and methodology,” *ARYA atherosclerosis*, vol. 13, no. 5, pp. 236, 2017.
- [22] A. S. Mohd Faizal, W. Y. Hon, T. M. Thevarajah, S. M. Khor, and S. W. Chang, “A biomarker discovery of acute myocardial infarction using feature selection and machine learning,” *Medical & biological engineering & computing*, vol. 61, no. 10, pp. 2527-2541, 2023.
- [23] M. Liu, S. Li, H. Yuan, M. E. H. Ong, Y. Ning, F. Xie, S. E. Saffari, Y. Shang, V. Volovici, and B. Chakraborty, “Handling missing values in healthcare data: A systematic review of deep learning-based imputation techniques,” *Artificial Intelligence in Medicine*, vol. 142, pp. 102587, 2023.
- [24] M. Le Morvan, N. Prost, J. Josse, E. Scornet, and G. Varoquaux, “Linear predictor on linearly-generated data with missing values: non consistency and solutions,” *International Conference on Artificial Intelligence and Statistics*, pp. 3165-3174, 2020.
- [25] S. E. Saffari, V. Volovici, M. E. H. Ong, B. A. Goldstein, R. Vaughan, R. Dammers, E. W. Steyerberg, and N. Liu, “Proper use of multiple imputation and dealing with missing covariate data,” *World neurosurgery*, vol. 161, pp. 284-290, 2022.
- [26] H. Kia, M. Vali, and H. Sabahi, “Enhancing Mortality Prediction in Heart Failure Patients: Exploring Preprocessing Methods for Imbalanced Clinical Datasets,” 2023 30th National and 8th International Iranian Conference on Biomedical Engineering (ICBME). IEEE, 2023.
- [27] L. Yu, R. Zhou, R. Chen, and K. K. Lai, “Missing data preprocessing in credit classification: One-hot encoding or imputation?,” *Emerging Markets Finance and Trade*, vol. 58, no. 2, pp. 472-482, 2022.
- [28] H. Sabahi, M. Vali, and D. Shafie, “In-hospital mortality prediction model of heart failure patients using imbalanced registry data: A machine learning approach,” *Scientia Iranica*, 2023, doi:10.24200/sci.2023.61637.7412.
- [29] Y. Wang, D. Wang, X. Ye, Y. Wang, Y. Yin, and Y. Jin, “A tree ensemble-based two-stage model
- [6] H. Takahama, K. Nishimura, B. Ahsan, Y. Hamatani, Y. Makino, S. Nakagawa, Y. Irie, K. Moriuchi, M. Amano, and A. Okada, “Clinical application of artificial intelligence algorithm for prediction of one-year mortality in heart failure patients,” *Heart and Vessels*, vol. 38, no. 6, pp. 785-792, 2023.
- [7] P. Tian, L. Liang, X. Zhao, B. Huang, J. Feng, L. Huang, Y. Huang, M. Zhai, Q. Zhou, and J. Zhang, “Machine Learning for Mortality Prediction in Patients With Heart Failure With Mildly Reduced Ejection Fraction,” *Journal of the American Heart Association*, vol. 12, no. 12, pp. e029124, 2023.
- [8] R. Tong, Z. Zhu, and J. Ling, “Comparison of linear and non-linear machine learning models for time-dependent readmission or mortality prediction among hospitalized heart failure patients,” *Heliyon*, vol. 9, no. 5, 2023.
- [9] M. F. Aslan, K. Sabanci, and A. Durdu, “A CNN-based novel solution for determining the survival status of heart failure patients with clinical record data: numeric to image,” *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 68, pp. 102716, 2021.
- [10] H. Ahmed, H. Shedeed, S. Hamad, and A. Saad, “Convolutional neural network models for cancer treatment response prediction,” *International Journal of Intelligent Computing and Information Sciences*, vol. 23, no. 1, pp. 98-105, 2023.
- [11] S. Ma and Z. Zhang, “OmicsMapNet: Transforming omics data to take advantage of Deep Convolutional Neural Network for discovery,” *arXiv preprint arXiv:1804.05283*, 2018, doi:10.48550/arXiv.1804.05283.
- [12] L. M. Neto and P. T. Endo, “The use of Convolutional Neural Network to classify Congenital Syphilis with image representations of tabular data,” 2023, doi:10.21203/rs.3.rs-3286893/v1.
- [13] Y. S. Lee and C. C. Bang, “Framework for the classification of imbalanced structured data using under-sampling and convolutional neural network,” *Information Systems Frontiers*, vol. 24, no. 6, pp. 1795-1809, 2022.
- [14] A. Sharma and D. Kumar, “Classification with 2-D Convolutional Neural Networks for breast cancer diagnosis,” *Scientific Reports*, vol. 12, no. 1, pp. 21857, 2022, doi:10.1038/s41598-022-26378-6.
- [15] A. Sharma, E. Vans, D. Shigemizu, K. A. Boroovich, and T. Tsunoda, “DeepInsight: A methodology to transform a non-image data to an image for convolution neural network architecture,” *Scientific reports*, vol. 9, no. 1, pp. 11399, 2019.
- [16] O. Bazgir, R. Zhang, S. R. Dhruva, R. Rahman, S. Ghosh, and R. Pal, “Representation of features as images with neighborhood dependencies for compatibility with convolutional neural networks,” *Nature communications*, vol. 11, no. 1, pp. 4391, 2020.
- [17] Y. Zhu, T. Brettin, F. Xia, A. Partin, M. Shukla, H. Yoo, Y. A. Evrard, J. H. Doroshov, and R. L. Stevens, “Converting tabular data into images for



- for advanced-stage colorectal cancer survival prediction,” *Information Sciences*, vol. 474, pp. 106-124, 2019.
- [30] P. Flach and M. Kull, “Precision-recall-gain curves: PR analysis done right,” *Advances in neural information processing systems*, vol. 28, 2015.
- [31] T. A. Daghistani, R. Elshawi, S. Sakr, A. M. Ahmed, A. Al-Thwayee, and M. H. Al-Mallah, “Predictors of in-hospital length of stay among cardiac patients: A machine learning approach,” *International journal of cardiology*, vol. 288, pp. 140-147, 2019.
- [32] M. Rahmatbakhsh, A. Gagarinova, and M. Babu, “Bioinformatic analysis of temporal and spatial proteome alternations during infections,” *Frontiers in Genetics*, vol. 12, pp. 667936, 2021.
- [33] I. Goodfellow, Y. Bengio, and A. Courville, “Deep learning,” MIT press, 2016.
- [34] I. M. De Diego, A. R. Redondo, R. R. Fernández, J. Navarro, and J. M. Moguerza, “General Performance Score for classification problems,” *Applied Intelligence*, vol. 52, no. 10, pp. 12049-12063, 2022.