Semnan University

Journal of Modeling in Engineering

Journal homepage: https://modelling.semnan.ac.ir/

ISSN: 2783-2538



Research Article

Classification of Monkeypox based on Skin Images Using Deep Neural Network and XGBoost with Explainable Artificial Intelligence Method

Sharif Hasani [a], Mostafa Borhani [a], Morteza Dorrigiv [a,*], Hamid Nasiri [a, b]

[a] *Electrical and Computer Engineering Department, Semnan University, Semnan, Iran.*
[b] *School of Computing and Communications, Lancaster University, Lancaster, UK.*

UNCORRECTED PROOF

PAPER INFO

Paper history:

Received:
Revised:
Accepted:

Keywords:

Monkeypox;
VGG19;
EfficientNetB4;
XGBoost;
Transfer Learning;

ABSTRACT

Monkeypox has recently emerged as a significant public health challenge, necessitating efficient diagnostic methods for timely detection. This study addresses the critical need for rapid and accurate diagnosis of monkeypox by leveraging artificial intelligence and transfer learning techniques, aiming to overcome limitations in current diagnostic methods. A publicly available dataset from Kaggle, comprising 228 original images labeled as monkeypox and other skin conditions, was augmented to 3192 images to address data scarcity and enhance model robustness. Pre-trained deep learning models, VGG19 and EfficientNetB4, were employed to extract image features, which were then classified using the XGBoost algorithm, known for its effectiveness in structured data classification. The proposed approach achieved high accuracy rates of 100% and 97.02% for the original and augmented datasets, respectively. Additionally, 5-fold cross-validation results demonstrated accuracies of 85.98% for the original dataset and 93.42% for the augmented set, highlighting the model's strong generalization capabilities. The proposed approach combines transfer learning with ensemble classification, providing a scalable solution that shows improved performance over several existing diagnostic methods in terms of accuracy and computational efficiency. The findings underscore the transformative potential of AI-driven diagnostic tools in public health, paving the way for more rapid, accessible, and accurate detection strategies for monkeypox and other emerging infectious diseases.

DOI:

© 2025 Published by Semnan University Press.
This is an open access article under the CC-BY 4.0 license.(https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)

*** Corresponding author.**
E-mail address: dorrigiv@semnan.ac.ir

How to cite this article:

مقاله پژوهشی

شناسایی و طبقه‌بندی آبله میمون بر اساس تصاویر پوستی با بهره‌گیری از شبکه‌های عصبی عمیق و الگوریتم XGBoost در چارچوب هوش مصنوعی توضیح پذیر

شریف حسنی[۱]، مصطفی برهانی[۱]، مرتضی دری‌گیو[۱،*]، حمید نصیری[۲،۱]

اطلاعات مقاله

دریافت مقاله:
بازنگری مقاله:
پذیرش مقاله:

واژگان کلیدی:
آبله میمون،
شبکه VGG19،
شبکه EfficientNetB4،
الگوریتم XGBoost،
یادگیری انتقالی.

چکیده

بیماری آبله میمون به‌تازگی به یکی از چالش‌های مهم سلامت عمومی بدل شده و نیاز به روش‌های تشخیصی سریع و دقیق را برجسته کرده است. این پژوهش با هدف ارائه راهکاری مؤثر، از تکنیک‌های هوش مصنوعی و یادگیری انتقالی بهره گرفته است تا محدودیت‌های روش‌های موجود برطرف شود. در این راستا، از پایگاه داده‌ای در وب‌سایت Kaggle[۱] شامل ۲۲۸ تصویر پوستی با برچسب آبله میمون و سایر بیماری‌ها استفاده شد و به‌منظور افزایش حجم داده، مجموعه‌داده افزایش‌یافته[۲] با ۳۱۹۲ تصویر نیز به‌کار گرفته شد. در این مقاله از شبکه‌های از پیش‌آموزش‌دیده VGG19 و EfficientNetB4 جهت استخراج ویژگی‌های تصویری استفاده شد و سپس طبقه‌بندی داده‌ها با الگوریتم XGBoost، که کارایی بالایی در تحلیل داده‌های ساختاریافته دارد، انجام گرفت. نتایج نشان دادند روش پیشنهادی در مجموعه‌داده اصلی به دقت ٪۱۰۰ و در مجموعه افزایش‌یافته به ٪۹۷/۰۲ دست یافت. همچنین، اعتبارسنجی متقابل پنج‌لایه[۳] دقت ٪۸۵/۹۸ را برای داده‌های اصلی و ٪۹۳/۴۲ را برای داده‌های افزایش‌یافته ثبت کرد که نشان‌دهنده توان مدل در تعمیم‌پذیری است. روش ارائه‌شده با ترکیب یادگیری انتقالی و طبقه‌بند تجمیعی، یک راهکار قابل‌گسترش ارائه می‌دهد که در مقایسه با روش‌های موجود روی مجموعه‌داده یکسان، عملکرد بهتری از نظر دقت و کارایی محاسباتی نشان داده است. در مجموع، این یافته‌ها نشان می‌دهد که ابزارهای تشخیصی مبتنی بر هوش مصنوعی می‌توانند در بهبود سلامت عمومی نقش مؤثری ایفا کرده و مسیر توسعه راهکارهای سریع، دقیق و در دسترس برای شناسایی آبله میمون و دیگر بیماری‌های عفونی نوظهور را هموار سازند.

DOI:

© 2025 Published by Semnan University Press.
This is an open access article under the CC-BY 4.0 license.(https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)

* پست الکترونیک نویسنده مسئول: dorrigiv@semnan.ac.ir
۱. دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، دانشگاه سمنان، سمنان، ایران
۲. دانشکده محاسبات و ارتباطات، دانشگاه لنکستر، لنکستر، بریتانیا

[1] https://www.kaggle.com/datasets/nafin59/monkeypox-skin-lesion-dataset

[2] Data Augmentation

[3] 5-fold Cross-Validation

استناد به این مقاله: نحوه استناد فارسی در اینجا درج گردد.

UNCORRECTED PROOF

۱-مقدمه

شیوع سریع بیماری آبله میمون[۴] در سال ۲۰۲۲ در بیش از ۴۰ کشور خارج از قاره آفریقا، همه‌گیری یک ویروس جهانی دیگر را پس از کووید-۱۹ نشان می‌دهد که موجب افزایش نگرانی‌های بهداشت عمومی شده است [۱]. با توجه به تعداد نگران‌کننده موارد ابتلا، سازمان جهانی بهداشت[۵](WHO) این بیماری را یک وضعیت اضطراری بهداشت عمومی در سطح بین‌المللی اعلام کرده و آن را تهدیدی با مخاطره قابل توجه برای سلامت جهانی دانسته است؛ نهادهایی مانند شبکه جهانی سلامت[۶](WHN) نیز بر لزوم اقدام فوری و هماهنگ تأکید کرده‌اند. تاکنون، این بیماری با ثبت بیش از ۱۰۰,۰۰۰ مورد ابتلا در ۱۲۲ کشور، از جمله ۱۱۵ کشوری که پیش‌تر سابقه‌ای از گزارش ابتلا نداشتند، در سطح جهان گسترش یافته است [۲].

آبله میمون یک بیماری و یک عفونت ویروسی مشترک بین انسان و دام است که توسط ویروس آبله میمون ایجاد می‌شود. این ویروس شباهت زیادی با آبله مرغان، سرخک، آبله گاوی و آبله دارد و امکان سرایت از حیوانات به انسان یا انسان به انسان را دارد [۳ و ۴]. ویروس آبله میمون از جنس Orthopox virus متعلق به خانواده Poxviridae است که علائمی مشابه علائم آبله را نشان می‌دهد [۵].

در سال ۱۹۵۸، این ویروس برای نخستین‌بار در یک میمون در آزمایشگاهی واقع در کپنهاگ، دانمارک شناسایی شد و نام آن نیز از همان‌جا برگرفته شده است [۶]. در میان تلاش‌های فراوان برای از بین بردن آن، ویروس آبله میمون برای نخستین‌بار در سال ۱۹۷۰ در جمهوری دموکراتیک کنگو از حیوانات به انسان منتقل شد [۵]. در همان زمان، جامعه جهانی به طور گسترده درگیر مبارزه با بیماری آبله انسانی (Smallpox) بود؛ بیماری‌ای که با ادامه برنامه‌های جهانی واکسیناسیون، سرانجام در سال ۱۹۸۰ ریشه‌کن شد [۷]. از آن زمان، آبله میمون به عنوان مهم‌ترین ویروس Orthopox که سلامتی انسان را مورد هدف قرار می‌دهد شناخته شده است.

اگرچه قبلاً باور بر این بود که آبله میمون منحصراً در آفریقا رخ می‌دهد، اما امروزه بسیاری از کشورهای غیر آفریقایی از جمله کشورهای اروپایی و همچنین ایالات متحده گزارش‌هایی مبنی بر شناسایی عفونت آبله میمون ارائه کرده‌اند. در مقایسه با گذشته، در سال ۱۹۹۰، تنها ۵۰ نفر در غرب و مرکز آفریقا به آبله میمون مبتلا شدند؛ اما این رقم تا سال ۲۰۲۰ به بیش از ۵۰۰۰ مورد افزایش یافت. با وجود روند صعودی موارد گزارش‌شده، آبله میمون همچنان به اندازه ویروس کووید-۱۹ عفونی نیست. با این حال، افزایش تدریجی شیوع این بیماری موجب تشدید نگرانی‌های جامعه جهانی در خصوص سلامت عمومی شده است [۶].

آبله میمونی با علائم متنوعی شناخته می‌شود که برخی از آن‌ها می‌توانند شدید باشند. به‌گزارش سازمان جهانی بهداشت، تب، سردرد، درد عضلانی، کمردرد، کاهش سطح انرژی، تورم غدد لنفاوی و مهم‌تر از همه، بروز بثورات پوستی در نواحی صورت، کف دست و پا، چشم‌ها، دهان، گلو، کشاله ران، اندام تناسلی و ناحیه مقعد از علائم شایع این بیماری هستند [۸]. بیماران مبتلا به آبله میمون علائمی مانند درد، تب، خستگی و برجستگی های قرمز روی پوست را در دراز مدت تجربه می‌کنند [۶]. دوره نهفتگی این بیماری بین ۵ تا ۲۱ روز است؛ بثورات پوستی اغلب ۱ تا ۳ روز پس از شروع تب ظاهر می‌شوند و علائم بیماری معمولاً بین ۲ تا ۴ هفته ادامه دارند [۳]. در اغلب موارد، بیماران با استفاده از داروهای کاهش‌دهنده تب و درد بهبود می‌یابند. با این حال، نوزادان، کودکان، افراد دارای نقص ایمنی یا بیماری‌های زمینه‌ای ممکن است علائم شدیدتری را تجربه کرده و حتی بر اثر بیماری جان خود را از دست بدهند [۸]. در شیوع اخیر آبله میمون، حدود ۳ تا ۶ درصد از مبتلایان جان خود را از دست داده‌اند؛ بنابراین شناسایی ناقلان بیماری در جامعه و درمان آن‌ها از اهمیت بسیار بالایی برخوردار است [۹].

با توجه به شدت و امکان مرگ و میر ناشی از آبله میمون، وجود گزینه‌های درمانی مؤثر از اهمیت بالایی برخوردار است. بنا بر توصیه‌های مرکز کنترل و پیشگیری از بیماری‌ها[۷](CDC)، در حال حاضر درمان قطعی برای آبله میمون وجود ندارد. دو داروی خوراکی، Brincidofovir و Tecovirimat، که قبلا فقط برای درمان ویروس آبله استفاده می‌شدند، مجوز درمان ویروس آبله میمون را از

[4] Monkeypox

[5] World Health Organization

[6] World Health Network

[7] Centers for Disease Control and Prevention

UNCORRECTED PROOF

مراکز کنترل و پیشگیری از بیماری دریافت کرده‌اند. این داروها با مهار تکثیر ویروس عمل می‌کنند و تا حدی امیدهایی برای درمان ایجاد کرده‌اند؛ با این حال، پیشگیری همچنان مؤثرترین و اصلی‌ترین راهبرد برای مقابله با گسترش آبله میمون به شمار می‌رود. این ویروس می‌تواند از طریق تماس فیزیکی با فرد، حیوان یا اشیای آلوده منتقل شود و راه‌های انتقال آن شامل بزاق دهان، ترشحات بینی، قطرات تنفسی و حتی گزش حشرات است [۶]. این ویژگی‌ها آبله میمون را به تهدیدی جدی برای بهداشت عمومی تبدیل کرده و بر لزوم هوشیاری و اقدامات پیشگیرانه تأکید می‌کند. تشخیص زودهنگام نیز در کنترل شیوع بیماری اهمیت بالایی دارد، زیرا امکان درمان به‌موقع و قرنطینه افراد مبتلا را فراهم می‌سازد.

تشخیص آبله میمون از طریق بررسی سابقه پزشکی بیمار و ویژگی‌های ضایعات پوستی او انجام می‌شود. همچنین، این بیماری با استفاده از روش واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR)[8] که امروزه در تشخیص بیماران مبتلا به کووید-۱۹ نیز کاربرد گسترده‌ای دارد، قابل شناسایی است [۶]. از آنجا که ویژگی‌های بالینی آبله میمون شباهت زیادی به بیماری‌هایی مانند آبله‌مرغان، آبله و سرخک دارد، تشخیص زودهنگام آن برای متخصصان بهداشت و درمان با چالش‌هایی همراه است؛ از جمله این چالش‌ها می‌توان به تفاوت‌های جزئی در بثورات پوستی این بیماری‌ها، شیوع نسبتاً پایین آبله میمون و نبود آزمون تأییدی PCR در تمامی مراکز درمانی اشاره کرد. با گسترش جهانی آبله میمون و افزایش طبیعی تقاضا برای درمان آن، یکی از چالش‌هایی که با آن مواجه خواهیم بود، کمبود تجهیزات پیشرفته و متخصصان لازم برای تشخیص این بیماری است. از این‌رو، نیاز به بهره‌گیری از سیستم‌های شناسایی بیمار با کمک هوش مصنوعی روزبه‌روز بیشتر احساس می‌شود [۱].

با توجه به اینکه روش‌های مبتنی بر هوش مصنوعی در سال‌های اخیر نقش مهم و مؤثری در شناسایی و تشخیص بیماری‌های مختلف ایفا کرده‌اند، پژوهشگران پس از شیوع آبله میمون، تحقیقات خود را برای شناسایی و تشخیص این بیماری با استفاده از تصاویر پوست بیماران و از طریق روش‌های مبتنی بر هوش مصنوعی آغاز کرده‌اند. این پژوهش‌ها از روش‌های متنوع یادگیری ماشین[9]، به‌ویژه الگوریتم‌های یادگیری عمیق[10] نظیر شبکه‌های عصبی پیچشی (CNNs)[11]، برای طبقه‌بندی داده‌ها و تحلیل تصاویر پزشکی بیماران بهره گرفته‌اند [۱ و ۵]. همچنین، روش‌هایی مانند افزایش داده، یادگیری انتقالی[12] و هوش مصنوعی توضیح پذیر[13] به‌منظور بهبود عملکرد تشخیصی مورد استفاده قرار گرفته‌اند. با وجود این تلاش‌ها، چالش‌هایی نظیر محدودیت داده‌ها، هزینه بالای محاسباتی و سرعت پایین پیش‌بینی همچنان پابرجاست و عملکرد مدل‌ها در شرایط واقعی می‌تواند با افت دقت مواجه شود. مطالعه حاضر با هدف رفع این محدودیت‌ها، روشی را معرفی می‌کند که ضمن افزایش پایداری و دقت سیستم در شرایط متنوع، کارایی محاسباتی را نیز بهبود می‌بخشد و در نتیجه برای کاربردهای پزشکی سریع و دقیق مناسب خواهد بود.

برای دستیابی به این هدف، از تکنیک یادگیری انتقالی بهره گرفته‌ایم که از قابلیت‌های شبکه‌های عصبی پیچشی از پیش آموزش‌دیده[14] بر روی مجموعه‌داده‌های بزرگ استفاده می‌کند. این شبکه‌ها، پس از آموزش با داده‌های حجیم، قادرند ویژگی‌های سطح بالا و معناداری را از تصاویر استخراج کنند که برای عملکرد دقیق در وظایف خاص بسیار مؤثرند. یادگیری انتقالی معمولاً در مسائل نظارت‌شده به‌کار می‌رود و این امکان را فراهم می‌سازد تا از دانش مدل‌های آموزش‌دیده برای تحلیل مجموعه‌داده‌های جدید و کوچک‌تر استفاده شود [۱]. در این مطالعه، از مدل‌های شبکه عصبی عمیق که پیش‌تر روی مجموعه‌داده‌های بزرگ آموزش دیده‌اند، برای استخراج ویژگی از تصاویر مرتبط با بیماری آبله میمون بهره گرفته‌ایم. یافته‌های ما نشان می‌دهند که این رویکرد می‌تواند موجب بهبود دقت و کارایی در فرآیند تشخیص این بیماری شود.

در این پژوهش از مجموعه‌داده، موجود در وب‌سایت Kaggle[15] استفاده شده است. این مجموعه‌داده توسط علی شمس نفیسا و همکاران [۱] گردآوری شده و شامل

[8] Polymerase Chain Reaction
[9] Machine Learning
[10] Deep Learning
[11] Convolutional Neural Networks
[12] Transfer Learning
[13] Explainable AI
[14] Pre-trained CNNs
[15] https://www.kaggle.com/datasets/nafin59/monkeypox-skin-lesion-dataset

استناد به این مقاله: نحوه استناد فارسی در اینجا درج گردد.

UNCORRECTED PROOF

تصاویری از نواحی مختلف بدن بیماران، از جمله پاها، دست‌ها، گردن، صورت و سایر نواحی بدن، مربوط به افراد مبتلا به بیماری آبله میمون و همچنین بیماران مبتلا به سایر بیماری‌ها مانند سرخک و آبله‌مرغان است. برای شناسایی بیماری آبله میمون با استفاده از تصاویر موجود در این مجموعه‌داده، از تکنیک یادگیری انتقالی بهره گرفته شد تا ابتدا ویژگی‌های تصاویر استخراج شده و سپس با استفاده از یک الگوریتم طبقه‌بند، ویژگی‌های استخراج‌شده طبقه‌بندی شوند.

در این مطالعه، از تکنیک‌های پیشرفته‌ای برای کاهش ابعاد داده و افزایش تفسیرپذیری مدل در مرحله بررسی اولیه و آماده‌سازی داده استفاده شده است. در مرحله پیش‌پردازش، روش‌هایی مانند تحلیل مؤلفه‌های اصلی (PCA)[16] و الگوریتم t-SNE[17] به‌منظور ارزیابی اولیه ابعاد ویژگی‌ها و درک بهتر ساختار داده پیش از استفاده از طبقه‌بند XGBoost به کار گرفته شدند. این رویکرد به شناخت بهتر الگوهای موجود در داده کمک می‌کند. همچنین، از تکنیک‌های تفسیرپذیری مدل مانند SHAP[18] و LIME[19] برای تحلیل کیفی رفتار مدل و فهم منطق تصمیم‌گیری آن استفاده شده است؛ رویکردی که برای کاربردهای پزشکی اهمیت ویژه‌ای دارد.

به‌عنوان بخش نوآورانه این پژوهش، یک چارچوب ترکیبی پیشنهاد می‌شود که با ساده‌سازی لایه‌های انتهایی شبکه عمیق پایه، مسئله بیش‌برازش در شرایط کمبود داده‌های پزشکی را کاهش داده و امکان بهره‌گیری مؤثرتر از ویژگی‌های استخراج‌شده را فراهم می‌کند. در این ساختار، به‌جای استفاده از لایه‌های پرپارامتر شبکه برای طبقه‌بندی، بازنمایی فشرده‌تری از ویژگی‌ها استخراج شده و به طبقه‌بندهای کم‌هزینه اما دقیق سپرده می‌شود. ارزیابی‌های تجربی نشان می‌دهد که به‌کارگیری این بازنمایی فشرده همراه با طبقه‌بندهای گرادیان‌تقویتی، در شرایط داده‌های محدود عملکرد مناسبی دارد. این رویکرد با کاهش وابستگی به بخش‌های محاسباتی سنگین شبکه و استفاده از ساختاری کم‌هزینه‌تر برای طبقه‌بندی، ضمن ارائه کارایی مناسب در شرایط داده‌های محدود، با سرعت پردازش مطلوب خود امکان به‌کارگیری در محیط‌های بالینی و بیمارستانی را که نیازمند تشخیص سریع و قابل‌اعتماد هستند فراهم می‌کند.

افزون‌براین، بهره‌گیری هدفمند از روش‌های هوش مصنوعی توضیح‌پذیر در تحلیل خروجی مدل، امکان ارزیابی دقیق‌تر منطق تصمیم‌گیری و سنجش سازگاری آن با معیارهای بالینی را فراهم کرده و به‌عنوان یکی از مؤلفه‌های نوآورانه پژوهش، نقشی اساسی در افزایش شفافیت و اعتمادپذیری مدل در کاربردهای واقعی تشخیصی ایفا می‌کند.

ساختار این مقاله به شرح زیر است: در بخش ۲، پژوهش‌های پیشین بررسی می‌شوند. بخش ۳ به روش تحقیق اختصاص دارد. در بخش ۴، یافته‌ها و نتایج گزارش و تحلیل می‌شوند. در نهایت، بخش ۵ به جمع‌بندی یافته‌ها و نتیجه‌گیری اختصاص دارد.

۲-پژوهش‌های پیشین

در سال‌های اخیر، با گسترش دانش هوش مصنوعی و افزایش کاربرد آن در حوزه پزشکی، روش‌های موفقی برای شناسایی بیماری‌های مختلف با دقت بالا و در مدت‌زمان کوتاه، ارائه شده است که امکان تشخیص افراد مبتلا به بیماری‌های خاص را فراهم می‌سازد. با توجه به این پیشینه و کاربرد گسترده هوش مصنوعی در پزشکی، بسیاری از پژوهشگران با ظهور بیماری‌های جدید و ناشناخته، به‌سرعت در پی ارائه روش‌هایی مبتنی بر هوش مصنوعی و یادگیری ماشین برآمده‌اند؛ به امید آن‌که راهکارهایی سریع و کارآمد برای شناسایی یا حتی درمان این بیماری‌ها پیدا کنند.

در پژوهش علی شمس نفیسا و همکاران [۱]، مجموعه‌داده‌ای از ضایعات پوستی شامل تصاویر آبله مرغان، سرخک و آبله میمون گردآوری شده است. از آن‌جایی که داده‌ها محدود بودند، از تکنیک تقویت داده برای افزایش حجم نمونه‌ها و بهبود دقت تشخیص استفاده شده است. پس از آن‌که این تصاویر توسط شبکه‌های از پیش آموزش‌دیده‌ی VGG-16، ResNet50 و InceptionV3 پردازش شدند، داده‌ها به دو دسته‌بندی، تصاویر مربوط به آبله میمون و تصاویر مربوط به سایر بیماری‌ها تقسیم می‌شوند. شبکه‌ی ResNet50 با دقت ۸۲/۹۶٪ (±۴/۵۷) بهترین عملکرد را از خود نشان داده‌است؛ در حالی‌که مدل

[16] Principal Component Analysis

[17] t-Distributed Stochastic Neighbor Embedding

[18] SHapley Additive exPlanations

[19] Local Interpretable Model-agnostic Explanations

UNCORRECTED PROOF

VGG16 و سیستم ترکیبی به ترتیب به دقت‌های ٪۸۱/۴۸ (±۶/۸۷) و ٪۷۹/۲۶ (±۱/۰۵) دست یافتند.

عبدالحمید و همکاران [۶]، دو الگوریتم مبتنی بر یادگیری انتقالی برای استخراج ویژگی‌ها و بهینه سازی شبکه‌عصبی چندلایه ارائه کردند. در پژوهش آن‌ها از شبکه یادگیری عمیق GoogleNet و همچنین سه الگوریتم بهینه‌سازی شامل الگوریتم شعاع زمین البیرونی[۲۰]، الگوریتم سینوسی-کسینوسی و الگوریتم بهینه‌سازی ازدحام ذرات[۲۱] (PSO) استفاده شده است. نتایج به‌دست‌آمده صحت و اثربخشی روش پیشنهادی آن‌ها را تأیید کرد و میانگین دقت طبقه‌بندی حاصل ٪۹۸/۸ گزارش شده است.

ایسلام و همکاران [۱۰] در پژوهش خود امکان استفاده از تکنیک‌های پیشرفته هوش مصنوعی برای طبقه‌بندی انواع مختلف آبله از تصاویر دیجیتالی ضایعات پوستی را مورد آزمایش قرار دادند. داده‌های پژوهش آن‌ها شامل تصاویر ضایعات پوستی ۵ بیماری آبله میمون، آبله مرغان، آبله، آبله گاوی، سرخک و تصاویر پوست سالم است که نسبت به پژوهش‌های دیگر تعداد بیماری بیشتری را پوشش داده است. در این مدل شبکه‌های ResNet50، DenseNet121، Inception-V3، SqueezeNet، MnasNet-A1، MobileNet-V2 و ShuffleNet-V2 مورد آزمایش قرار گرفتند که بهترین دقت توسط شبکه ShuffleNet-V2 (٪۷۹) به دست آمده است.

از آنجایی که آبله میمون شباهت زیادی با زگیل دارد و تشخیص اشتباه روند درمان را دچار اشکال می‌کند، آلاکاوس و همکاران [۳]، توالی‌های DNA ویروس HPV ایجادکننده زگیل و ویروس MPV عامل آبله میمون را مورد تجزیه و تحلیل قرار دادند و این توالی‌ها را با الگوریتم یادگیری عمیق طبقه‌بندی کردند. با مقایسه دقت و امتیاز F1 حاصل از نتایج این پژوهش، میانگین دقت ٪۹۶/۰۸ و امتیاز F1، ٪۹۹/۸۳ به دست آمد که کارایی روش طبقه‌بندی این دو بیماری بر اساس DNA را نشان می‌دهد.

در پژوهش کومار [۹]، مدل‌های مختلف CNNs با طبقه‌بندهای متعدد یادگیری ماشین که برای تشخیص آبله میمون از تصاویر پوست بیماران استفاده می‌شوند مورد بررسی قرار گرفتند. برای این کار ویژگی‌های سه مدل CNN یعنی AlexNet، GoogleNet و Vgg16Net با طبقه‌بندهایی مانند SVM، KNN، Naïve Bayes، Decision Tree و Random Forest آزمایش شدند. بالاترین دقت به دست آمده در این پژوهش مربوط به شبکه Vgg16Net و طبقه‌بند Naïve Bayes با مقدار ٪۹۱/۱۱ است.

یکی دیگر از روش‌های پیشنهادی برای تشخیص آبله میمون به‌کارگیری هوش مصنوعی توضیح‌پذیر به کمک شبکه عصبی پیچشی می باشد. آکین و همکاران [۸]، در تحقیق خود با استفاده از این تکنیک، ۱۲ مدل مختلف CNN را برای طبقه‌بندی تصاویر آبله میمون و پوست معمولی به‌کار بردند. مدل MobileNet-V2 بهترین عملکرد را با امتیاز F1 و دقت ٪۹۸/۲۵ به دست آورد.

با توجه به این‌که کوچک‌ترین خطاها در علم پزشکی ممکن است جان انسان‌ها را با تهدیدهای جدی مواجه کند، دقت[۲۲] به عنوان یکی از مهم‌ترین معیارها در روش‌های پیشنهادی در این حوزه باید مورد توجه ویژه قرار گیرد. با مطالعه و بررسی پژوهش‌های مطرح‌شده می‌توان دریافت که در برخی از آن‌ها، دقت روش ارائه‌شده کمتر مورد توجه قرار گرفته و بهینه‌سازی آن به‌صورت محدود انجام شده است. عواملی همچون محدود بودن حجم داده‌ها، که می‌تواند منجر به بیش‌برازش[۲۳] یا کم‌برازش[۲۴] مدل‌ها شود، استفاده از روش‌های سنتی استخراج ویژگی که توانایی کافی در درک پیچیدگی تصاویر را ندارند، و بهره‌گیری از مدل‌های ساده که در شناسایی الگوهای پیچیده کارایی لازم را نداشته‌اند، از جمله چالش‌هایی بوده‌اند که می‌توانند بر عملکرد و دقت نهایی مدل‌ها تأثیرگذار باشند.

روش ما با بهره‌گیری از یادگیری انتقالی با مدل‌های از پیش آموزش‌دیده‌شده (VGG19 و EfficientNetB4) برای استخراج مؤثر ویژگی‌ها و استفاده از طبقه‌بند XGBoost به‌منظور پردازش الگوهای پیچیده، این چالش‌ها را برطرف کرده است. همچنین، استفاده از تکنیک افزایش داده موجب بهبود توانایی تعمیم مدل و در نتیجه افزایش قابل‌توجه دقت شده‌است. سرعت پیش‌بینی و پاسخ‌گویی مدل آموزش‌دیده نیز از دیگر معیارهایی بوده که مورد توجه قرار گرفته تا این

[20] Al-Biruni
[21] Particle Swarm Optimization
[22] Accuracy
[23] Overfitting
[24] Underfitting

UNCORRECTED PROOF

روش به‌عنوان روشی دقیق، سریع و کارآمد در حوزه پزشکی مطرح شود.

۳- روش تحقیق

روش پیشنهادی از شبکه‌های عصبی عمیق VGG19 و EfficientNetB4، در کنار فرایند انتخاب ویژگی[۲۵] و الگوریتم یادگیری جمعی[۲۶] استفاده می‌کند که در بخش بعدی مورد بحث قرار خواهند گرفت.

۳-۱-مجموعه‌داده استفاده‌شده

در این پژوهش، برای تشخیص آبله میمون از مجموعه‌داده‌ی ارائه‌شده توسط علی شمس نفیسا و همکاران [۱] استفاده شده است. این مجموعه‌داده شامل تصاویر در دو دسته‌بندی، «اصلی» و «افزایش‌یافته» است که در هر دو دسته، تصاویر با دو برچسب «آبله میمون» و «سایر» مشخص شده‌اند. تصاویر موجود در مجموعه‌داده شامل تصاویری از نقاط مختلف بدن می‌باشد و تنوع آن گروه‌های سنی مختلف از جمله کودکان، نوجوانان و بزرگسالان، همچنین افراد با رنگ پوست متفاوت از جمله سفیدپوستان و رنگین‌پوستان را در بر می‌گیرد. این گوناگونی در مجموعه‌داده سبب جامعیت روش ارائه شده برای طیف‌های مختلف می‌شود. جزئیات مجموعه‌داده‌ی استفاده شده در جدول ۱ ذکر شده‌است.

این مجموعه‌داده با عنوان MSLD نیز شناخته می‌شود و نسخه افزایش‌یافته آن با اعمال ۱۳ تبدیل مختلف و متداول مانند چرخش‌های تصادفی، وارون‌سازی، تغییرات رنگ و روشنایی و افزودن نویز بر هر تصویر اصلی تولید شده است.

جدول ۱- اطلاعات مجموعه‌داده استفاده شده در روش پیشنهادی

برچسب	تصاویر اصلی	تصاویر افزایش‌یافته
برچسب آبله میمون	۱۰۲	۱۴۲۸
برچسب سایر	۱۲۶	۱۷۶۴
مجموع	۲۲۸	۳۱۹۲

روش پیشنهادی در این مطالعه، استفاده از یادگیری انتقالی برای شناسایی و طبقه‌بندی تصاویر است. ابتدا مجموعه‌داده با نسبت ۸۰، ۱۰ و ۱۰ به سه بخش آموزش[۲۷]، آزمون[۲۸] و اعتبارسنجی[۲۹] تقسیم می‌شوند و سپس ویژگی‌های تصاویر با بهره‌گیری از شبکه‌های از پیش آموزش‌دیده استخراج می‌گردد. از آنجا که استخراج ویژگی پس از فرایند تقسیم داده انجام شده است امکان نشت داده[۳۰] میان بخش‌های آموزش و آزمون وجود نخواهد داشت. در ادامه، این ویژگی‌ها به‌عنوان ورودی به طبقه‌بند XGBoost جهت انجام فرایند طبقه‌بندی تصاویر داده می‌شوند. جزئیات مربوط به تعداد تصاویر هر بخش در جدول ۲ ارائه شده است.

جدول ۲- نحوه تقسیم بندی داده‌های آموزش، آزمون و اعتبارسنجی

نوع داده	تصاویر اصلی	تصاویر افزایش‌یافته
داده‌های آموزش	۱۸۲	۲۵۵۳
داده‌های آزمون	۲۳	۳۱۹
داده‌های اعتبارسنجی	۲۳	۳۲۰

برای هر دو نوع تصاویر اصلی و افزایش‌یافته، مراحل پردازش در دو مرحله و با استفاده از تکنیک یادگیری انتقالی و استخراج ویژگی از طریق شبکه‌های از پیش آموزش‌دیده انجام شده است:

الف) شناسایی بهترین شبکه برای استخراج ویژگی‌های تصاویر

ب) بهینه‌سازی و تنظیم پارامترهای طبقه‌بند، برای بهترین شبکه انتخاب شده در مرحله الف و بهبود دقت پیش‌بینی.

در گام نخست، برای هر دو نوع مجموعه‌داده، تصاویر به شبکه‌های از پیش آموزش‌دیده شامل ۲۴ شبکه از کتابخانه یادگیری عمیق Keras داده شدند. سپس ویژگی‌های استخراج‌شده توسط هر شبکه به طبقه‌بندهای XGBoost، CatBoost و LightGBM با مقادیر پیش‌فرض آن‌ها اختصاص یافتند.

[25] Feature Selection
[26] Ensemble Learning
[27] Training
[28] Testing
[29] Validation
[30] Data Leakage

UNCORRECTED PROOF

۳-۲- الگوریتم XGBoost

در این پژوهش از الگوریتم Extreme Gradient Boosting (XGBoost) استفاده شده است؛ الگوریتمی کارآمد و مقیاس‌پذیر مبتنی بر تقویت درخت[۳۱] که در سال ۲۰۱۶ توسط چن و گسترین معرفی شده است [۱۱]. درواقع XGBoost نسخه‌ای بهبودیافته از روش تقویت گرادیان درخت تصمیم (GBDT)[۳۲] است که محدودیت‌های محاسباتی GBDT را برطرف کرده است [۱۲ و ۱۳]. XGBoost از جهاتی با روش تقویت گرادیان درخت تصمیم تفاوت دارد. اول آن‌که GBDT از بسط تیلور مرتبه اول بهره می‌برد، در حالی که در تابع زیان XGBoost از بسط تیلور مرتبه دوم استفاده می‌شود [۱۴]. علاوه بر این، در XGBoost تابع هدف نرمال‌سازی می‌شود تا پیچیدگی مدل کاهش یافته و از بروز بیش‌برازش جلوگیری شود [۱۵].

به بیان ریاضی، همان‌طور که در معادله (۱) آمده است؛ خروجی پیش‌بینی شده توسط مدل XGBoost $(\hat{y}_i)$، مجموع تمام امتیازات پیش‌بینی شده توسط K درخت است.

$$\hat{y}_i = \sum_{k=1}^{K} f_k(\boldsymbol{x}_i) \quad f_k \in \Gamma \qquad (۱)$$

که در آن $\boldsymbol{x}_i$ بردار ویژگی ورودی است. f_k نشان دهنده امتیاز kامین درخت است که تحت عنوان امتیاز برگ[۳۳] نیز شناخته می‌شود. K تعداد درخت‌های رگرسیون و Γ فضای تابعی[۳۴] است که شامل تمام درخت‌های رگرسیون ممکن می‌باشد [۱۶ و ۱۷].

به منظور یادگیری مجموعه توابع به کار رفته در مدل، XGBoost سعی می‌کند تابع هدف تنظیم‌شده را که در معادله (۲) آمده است، کمینه کند.

$$\phi = \sum_{i=1}^{n} l(y_i\ \hat{y}_i) + \sum_{j=1}^{k} \Omega(f_j) \qquad (۲)$$

که در آن $l(\hat{y}_i, y_i)$ اختلاف بین مقدار هدف y_i و مقدار پیش‌بینی شده $\hat{y}_i$ را اندازه‌گیری می‌کند و $\Omega(f)$ عبارت تنظیم‌کننده است که مدل‌های پیچیده را جریمه می‌نماید تا از بیش‌برازش جلوگیری کند [۱۸]. $\Omega(f)$ توسط معادله (۳) محاسبه می‌شود:

$$\Omega(f) = \gamma T + \frac{1}{2}\lambda\|\omega\| \qquad (۳)$$

که در آن T تعداد گره‌های برگ و ω امتیاز هر برگ است. γ و λ ضرایب ثابت هستند که γ هزینه پیچیدگی و λ یک فوق پارامتر است که میزان تنظیم مدل را معین می‌کند [۱۷ و ۱۹].

در مرحله دوم پژوهش، با بهره‌گیری از بهترین شبکه شناسایی‌شده در مرحله نخست، با تنظیم پارامترهای طبقه‌بند، بر بهبود دقت مدل ارائه‌شده تمرکز شد. در این راستا، دقت پیش‌بینی مدل با تنظیم پارامترهای نرخ یادگیری[۳۵] و تعداد دورهای تقویتی[۳۶] در طبقه‌بند XGBoost بهبود یافت [۲۰].

شبکه‌های از پیش‌آموزش‌دیده انتخاب‌شده در این پژوهش VGG19 و EfficientNetB4 هستند، که در ادامه به بررسی هرکدام از آن‌ها می‌پردازیم.

۳-۳- الگوریتم CatBoost

CatBoost یک الگوریتم تقویت گرادیان پرکاربرد است که توسط شرکت Yandex توسعه یافته است [۲۱]. CatBoost مخفف «Categorical Boosting» است، زیرا ویژگی‌های دسته‌بندی را به‌طور مؤثری مدیریت می‌کند، بدون آن‌که نیازی به پیش‌پردازش صریح ویژگی‌ها یا کدگذاری یک‌باره باشد. این الگوریتم از ترکیب نوآورانه‌ای به نام تقویت ترتیبی[۳۷] بهره می‌برد که با بهینه‌سازی ترتیب ویژگی‌ها در درخت‌ها، ساختار جدیدی از درخت‌های متقارن ایجاد می‌کند و وابستگی به ترتیب ویژگی‌ها را کاهش می‌دهد [۲۲]. هم‌چنین استفاده از درخت‌های متقارن، احتمال بیش‌برازش را کاهش می‌دهد و CatBoost را به گزینه‌ای مناسب برای کاربردهای متنوع تبدیل می‌کند [۲۱].

۳-۴- الگوریتم LightGBM

[31] Tree Boosting
[32] Gradient-Boosted Decision Tree
[33] Leaf Score
[34] Function Space
[35] Learning rate
[36] n_estimators
[37] Ordered boosting

UNCORRECTED PROOF

الگوریتم LightGBM[۳۸] که توسط شرکت مایکروسافت توسعه یافته است، یک چارچوب تقویت گرادیان است که از الگوریتم‌های یادگیری مبتنی بر درخت استفاده می‌کند. مزیت اصلی این الگوریتم، سرعت بالای آن است که امکان آموزش مدل‌ها بر روی داده‌های حجیم با تعداد ویژگی‌های زیاد را فراهم می‌کند. از دیگر ویژگی‌های مهم LightGBM توانایی آن در مدیریت ویژگی‌های دسته‌بندی‌شده است. این الگوریتم از تکنیک نمونه‌برداری یک‌طرفه مبتنی بر گرادیان (GOSS)[۳۹] برای انتخاب مهم‌ترین ویژگی‌های طبقه‌بندی استفاده می‌کند و در فرایند آموزش تنها مقادیر غیر صفر را در نظر می‌گیرد؛ از این رو مصرف حافظه را کاهش داده و سرعت را افزایش می‌دهد [۲۳]. همچنین، الگوریتم شامل چندین بهینه‌سازی دیگر مانند «بسته‌بندی انحصاری ویژگی‌ها (EFB)» و «درخت‌های تصمیم مبتنی بر گرادیان (GBDT)» است که موجب افزایش دقت و کاهش زمان آموزش می‌شوند [۲۴].

۳-۴-۱- تکنیک نمونه‌برداری یک‌طرفه مبتنی بر گرادیان (GOSS)

الگوریتم GOSS یکی از مهم‌ترین و مؤثرترین اجزای الگوریتم LightGBM است. هدف از طراحی این تکنیک، تسریع فرایند آموزش و بهبود کارایی مدل‌های تقویت گرادیان است. GOSS در طول محاسبه گرادیان با تاثیر داده‌های خاص بر محاسبه گرادیان مقابله می‌کند و با انجام یک فرآیند نمونه برداری دو مرحله‌ای به این امر دست می‌یابد. در ابتدا، نمونه‌های آموزشی را بر اساس شیب آن‌ها مرتب می‌کند و زیرمجموعه‌ای از نمونه‌ها با گرادیان کمتر را انتخاب می‌کند. سپس این زیرمجموعه را با در نظر گرفتن نسبت شیب‌ها به جای شیب واقعی، نمونه‌برداری می‌کند. این روش با تمرکز بر نمونه‌هایی که بیشترین سهم را در تابع خطا دارند، بار محاسباتی را کاهش می‌دهد، بدون آن‌که به عملکرد مدل آسیب وارد شود. این الگوریتم در چارچوب LightGBM برای افزایش مقیاس‌پذیری آن معرفی شده است که از نظر سرعت و دقت، نسبت به سایر تکنیک‌های نمونه‌برداری بهتر عمل می‌کند [۲۴].

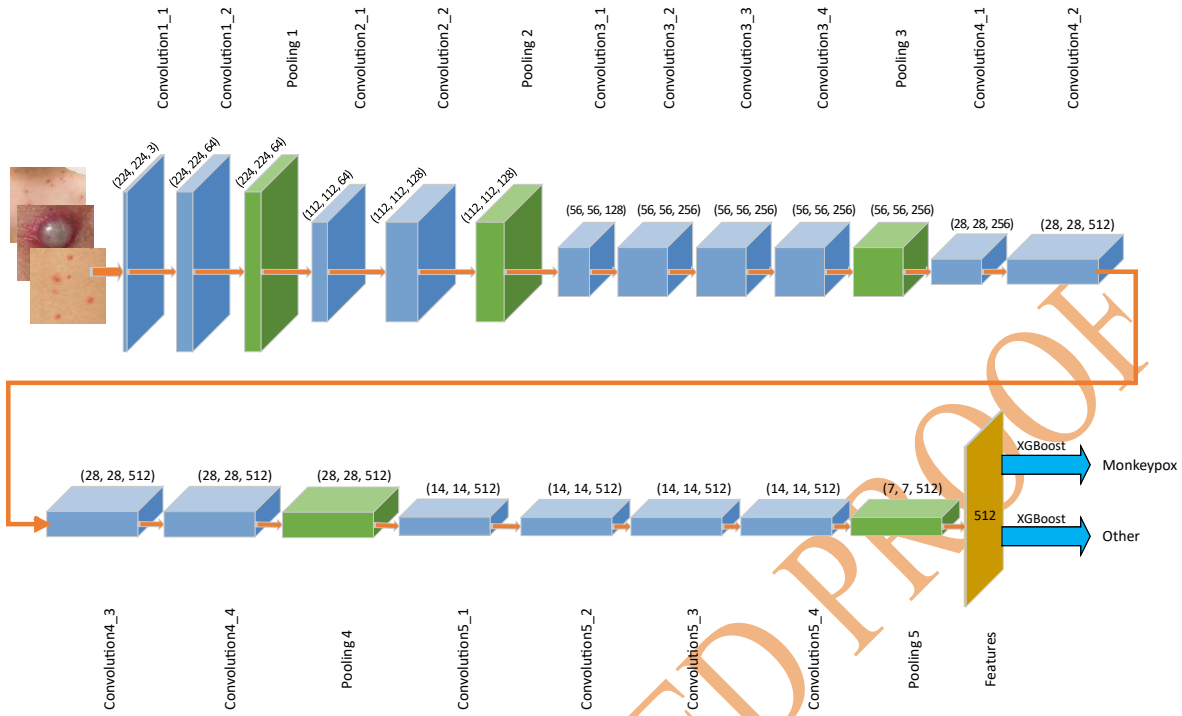
۳-۵- شبکه از پیش آموزش‌دیده VGG19

شبکه VGG بر اساس معماری ConvNet طراحی شده است و دو مدل VGG16 و VGG19 بر پایه این ساختار ارائه شده‌اند. ورودی این شبکه، تصاویر رنگی (RGB) با ابعاد ۲۲۴×۲۲۴ پیکسل است که پس از پیش‌پردازش، از چندین لایه وزنی کانولوشن[۴۰] عبور داده می‌شوند [۲۵]. مطابق با شکل ۱، در معماری VGG19 مجموعاً ۱۶ لایه کانولوشن، ۳ لایه کاملاً متصل[۴۱] و ۵ لایه ادغام[۴۲] وجود دارد. در این شبکه، به‌جای استفاده از فیلترهای بزرگ، از فیلترهای کوچکتر ۳×۳ با عمق بیشتر استفاده شده است که در نهایت میدان دریافت مؤثری معادل با یک لایه کانولوشن ۷×۷ ایجاد می‌کند. شبکه VGGNet از دو لایه کاملاً متصل با ۴۰۹۶ کانال تشکیل شده است که توسط یک لایه کاملاً متصل دیگر با ۱۰۰۰ کانال برای پیش‌بینی ۱۰۰۰ برچسب دنبال می‌شود. آخرین لایه کاملاً متصل از لایه softmax برای طبقه‌بندی استفاده می‌کند [۲۶].

از ویژگی‌های مؤثر شبکه VGG19 که سبب انتخاب آن برای این پژوهش شده است، وجود تعداد بالای لایه‌های کانولوشن در این شبکه است که باعث استخراج بهتر ویژگی‌های تصاویر می‌شود. لازم به ذکر است که در این پژوهش از لایه‌های انتهایی شبکه VGG19 صرف‌نظر شده و ویژگی‌های استخراج‌شده از تصاویر، به‌جای ۴۰۹۶ ویژگی، ۵۱۲ ویژگی است. این حذف لایه‌های انتهایی موجب افزایش دقت مدل پیشنهادی شده است.

[38] Light Gradient Boosting Machine
[39] Gradient-based One-Side Sampling
[40] Convolution
[41] Fully Connected
[42] Pooling

UNCORRECTED PROOF



شکل ۱- معماری پیشنهادی شبکه VGG19

۳-۶- شبکه از پیش آموزش‌دیده EfficientNetB4

مجموعه شبکه‌های EfficientNet از تکنیکی به نام ضریب مرکب[۴۳] برای مقیاس‌پذیری مدل‌ها به شیوه‌ای ساده و مؤثر استفاده می‌کند. در روش ضریب مرکب به جای افزایش تصادفی عرض، عمق یا وضوح، به طور یکنواخت و ترکیبی هر بعد را با مجموعه‌ای ثابت از ضرایب مقیاس‌بندی افزایش می‌دهد [۲۷]. در این پژوهش، نسخه EfficientNetB4 از این خانواده انتخاب شده است که تعادلی مناسب میان دقت، سرعت و پیچیدگی محاسباتی ارائه می‌دهد. این نسخه با بهره‌گیری از ضریب مرکب، نسبت به مدل‌های بزرگ‌تر مانند B7، سبک‌تر بوده و به دلیل کارایی بالا در استخراج ویژگی‌ها از تصاویر پزشکی، برای استفاده در سیستم‌های طبقه‌بندی پوستی مانند تشخیص آبله میمون، گزینه‌ای بهینه محسوب می‌شود. انتخاب EfficientNetB4 بر اساس موازنه‌ای بین نیاز به دقت بالا و محدودیت منابع پردازشی صورت گرفته است [۲۸].

۳-۷- اعتبارسنجی متقابل پنج‌لایه

به‌دلیل محدود بودن مجموعه‌داده مورد استفاده، برای ارزیابی دقیق‌تر روش پیشنهادی، از روش اعتبارسنجی متقابل k-لایه (KCV)[۴۴] بهره گرفتیم. در روش ارائه شده از k با مقدار ۵ استفاده شده است. تکنیک اعتبارسنجی متقابل k-لایه از رویکردهای پرکاربرد برای انتخاب مدل و تخمین خطای طبقه‌بندها است. در این روش مجموعه‌داده به k زیرمجموعه تقسیم می‌شود. سپس، از مجموعه‌های کوچک‌شده برای یادگیری مدل استفاده می‌شود [۲۹]. این رویکرد احتمال بیش‌برازش مدل را کاهش داده و امکان پیش‌بینی قابل‌اطمینان‌تری را هنگام مواجهه با داده‌های نادیده فراهم می‌کند.

۳-۸- الگوریتم Grad-CAM

در پژوهش حاضر، برای ارزیابی دقت و کارایی شبکه‌های ازپیش‌آموزش‌دیده و طبقه‌بند XGBoost از الگوریتم نگاشت فعال‌سازی کلاس با وزن گرادیان[۴۵] (Grad-CAM) استفاده شد. Grad-CAM تکنیکی است که در زمینه بینایی کامپیوتر برای درک و تفسیر تصمیم‌های گرفته‌شده

[43] Compound Coefficient

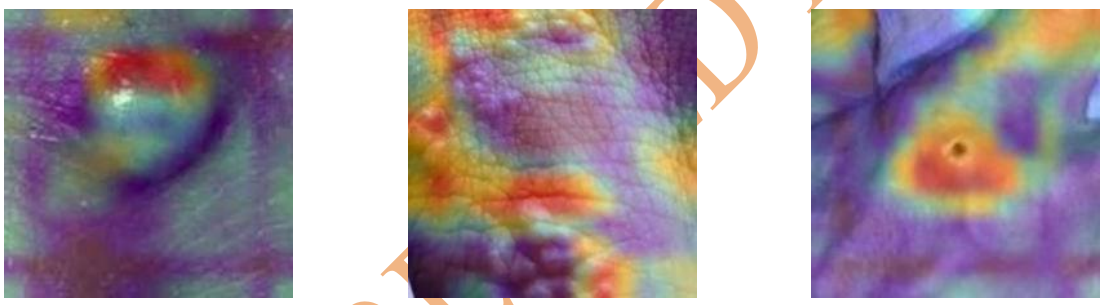
[44] K-fold Cross-Validation

[45] Gradient-weighted Class Activation Mapping

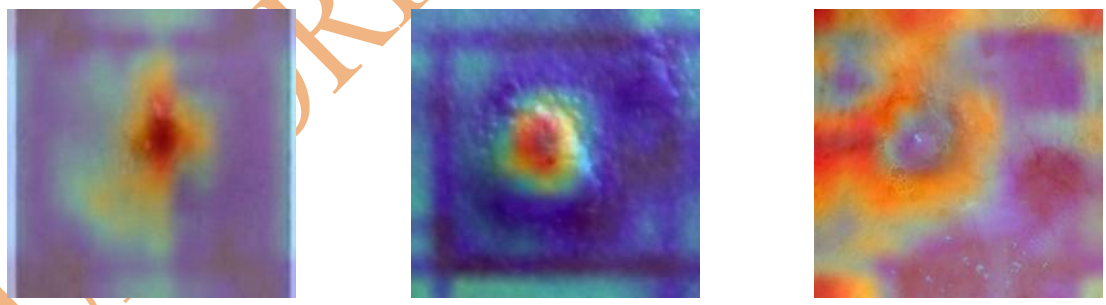
UNCORRECTED PROOF

توسط یک شبکه عصبی عمیق استفاده می‌شود. در این روش، نواحی‌ای از تصویر که برای پیش‌بینی مدل اهمیت بیشتری دارند، نمایش داده می‌شود. Grad-CAM با برجسته‌سازی مناطق مهم تصویر ورودی که بیشترین نقش را در تصمیم‌گیری شبکه داشته‌اند، توضیح بصری از شبکه عصبی به‌کاررفته ارائه می‌دهد. این تفسیرپذیری به درک این‌که چرا مدل یک پیش‌بینی خاص را انجام داده است کمک می‌کند و موجب شفافیت و افزایش اعتماد به مدل می‌شود. همچنین، با نمایش مناطق مهم تصویر در Grad-CAM، می‌توان دریافت که آیا مدل بر ویژگی‌های صحیح از مسئله تمرکز دارد یا خیر. در صورتی که مدل نواحی نامرتبط یا نادرست را برجسته کند، این مسئله می‌تواند نشانه‌ای از ضعف در معماری یا فرایند آموزش شبکه باشد. این اطلاعات در جهت رفع اشکالات و بهبود عملکرد مدل قابل استفاده است. از دیگر مزایای Grad-CAM، کاربرد آن در حوزه‌هایی مانند تشخیص پزشکی است که در آن نقش پزشکان و متخصصان حائز اهمیت است. تصاویر حاصل از این روش می‌توانند به بهبود همکاری میان مدل پیشنهادی و پزشکان کمک کنند. این تصاویر به پزشکان امکان می‌دهد تا بر نواحی مورد توجه مدل تمرکز بیشتری داشته باشند و از آن در تصمیم‌گیری‌های خود بهره ببرند [۳۰].

در شکل ۲ چند نمونه از تصاویر تولیدشده توسط مدل با نمودار Grad-CAM نمایش داده شده است که نقاط پررنگ‌تر بیانگر بخش‌هایی از تصویر است که مدل تمرکز بیشتری برای شناسایی آبله میمون بر روی آن داشته است. این موضوع، در کنار دقت بالای مدل و روش ارائه‌شده، کمک مؤثری در شناسایی آبله میمون در زمان بسیار کوتاه با دقت بالا می‌کند.



نمونه تصاویر Grad-CAM با برچسب آبله میمون



نمونه تصاویر Grad-CAM با برچسب سایر

شکل ۲- نمونه تصاویر Grad-CAM با برچسب آبله میمون و سایر

۴- یافته‌ها و نتایج

روش استفاده‌شده در این پژوهش با هدف شناسایی سریع و با دقت بالای بیماری آبله میمون ارائه شده است. با توجه به نتایج به‌دست‌آمده در این پژوهش که در ادامه به آن پرداخته می‌شود، دستیابی به این دو هدف میسر شده است و مدل ارائه‌شده، پیش‌بینی بیماری آبله میمون را با دقت

UNCORRECTED PROOF

بالا و در زمان بسیار کوتاه انجام می‌دهد. تمامی آزمایش‌ها در محیط Google Colab و بر روی سخت‌افزار استاندارد این محیط اجرا شده‌اند. با توجه به آزمایش‌های انجام‌شده، روش ارائه‌شده در این پژوهش از سرعت بالایی برخوردار است، به‌طوری که تمام فرایند طبقه‌بندی داده‌ها، که شامل استخراج ویژگی‌های تصاویر با استفاده از مدل از پیش آموزش‌دیده، ارسال ویژگی‌ها به طبقه‌بند و یادگیری طبقه‌بند است، در کمتر از یک دقیقه انجام می‌شود. این عملکرد بیانگر کارایی محاسباتی بالای روش و توانایی آن در تولید خروجی سریع بدون اتکا به منابع سخت‌افزاری پیشرفته است.

در این پژوهش، برای اطمینان از درستی طبقه‌بند انتخاب‌شده و همچنین افزایش دقت و بازدهی، روش پیشنهادی با سه نوع طبقه‌بند XGBoost، LightGBM و CatBoost با پارامترهای پیش‌فرض آن‌ها آزمایش کردیم. با توجه به نتایج به‌دست‌آمده در جدول ۳ و توضیحات ذکرشده در بخش قبل، طبقه‌بند XGBoost بهترین عملکرد را نسبت به سایر طبقه‌بندها داشته است.

جدول ۳- نتایج به‌دست آمده از آزمایش طبقه بندهای مختلف بر روی شبکه‌های از پیش آموزش‌دیده

شبکه از پیش آموزش‌دیده	XGBoost		CatBoost		LightGBM	
	دقت (٪) (مجموعه‌داده اصلی)	دقت (٪) (مجموعه‌داده افزایش‌یافته)	دقت (٪) (مجموعه‌داده اصلی)	دقت (٪) (مجموعه‌داده افزایش‌یافته)	دقت (٪) (مجموعه‌داده اصلی)	دقت (٪) (مجموعه‌داده افزایش‌یافته)
Xception	۷۱/۷۳	۸۱/۳۷	۷۶/۰۸	۸۴/۹۷	۷۳/۹۱	۸۴/۸۲
VGG16	۸۶/۹۵	۹۰/۷۶	۸۹/۱۳	۹۳/۴۲	۸۶/۹۵	۹۲/۹۵
VGG19	**۸۹/۱۳**	۹۰/۱۴	۸۴/۷۸	۹۲/۳۳	۸۹/۱۳	۹۲/۸
ResNet50	۷۸/۲۶	۸۹/۶۷	۸۴/۷۸	۹۱/۳۹	۸۰/۴۳	۹۰/۶۱
ResNet152	۷۱/۷۳	۹۲/۱۷	۸۴/۷۸	۹۴/۵۲	۷۶/۰۸	۹۳/۸۹
ResNet50V2	۶۵/۲۱	۷۹/۳۴	۷۳/۹۱	۸۴/۶۶	۷۶/۰۸	۸۴/۹۷
ResNet101V2	۶۳/۰۴	۸۰/۴۳	۶۹/۵۶	۸۵/۲۸	۶۷/۳۹	۸۵/۷۵
ResNet152V2	۶۵/۲۱	۷۹/۴۹	۶۹/۵۶	۸۳/۰۹	۶۷/۳۹	۸۳/۲۵
InceptionV3	۷۳/۹۱	۸۱/۰۶	۷۱/۷۳	۸۳/۵۶	۷۳/۹۱	۸۴/۵
InceptionResNetV2	۶۰/۸۶	۷۸/۵۶	۶۷/۳۹	۷۹/۰۲	۶۰/۸۶	۸۱/۶۹
MobileNet	۶۳/۰۴	۷۱/۵۱	۶۳/۰۴	۷۶/۲۱	۵۴/۳۴	۷۷/۳
MobileNetV2	۷۳/۹۱	۷۶/۰۵	۷۶/۰۸	۷۹/۶۵	۷۱/۷۳	۷۹/۳۴
DenseNet121	۶۷/۳۹	۸۰/۱۲	۷۳/۹۱	۸۱/۳۷	۷۶/۰۸	۸۱/۳۷
DenseNet169	۶۷/۳۹	۸۰/۴۳	۷۳/۹۱	۸۳/۷۲	۶۷/۳۹	۸۵/۹۱
DenseNet201	۶۵/۲۱	۷۹/۴۹	۷۱/۷۳	۸۴/۶۶	۶۵/۲۱	۸۴/۵
NASNetMobile	۶۷/۳۹	۷۳/۲۳	۷۶/۰۸	۷۸/۸۷	۶۵/۲۱	۸۰/۹
EfficientNetB0	۸۴/۷۸	۹۰/۱۴	۸۲/۶	۹۰/۶۱	۸۴/۷۸	۹۲/۳۳
EfficientNetB1	۷۸/۲۶	۸۹/۸۲	۷۸/۲۶	۹۱/۳۹	۶۹/۵۶	۹۱/۰۷
EfficientNetB2	۸۰/۴۳	۹۰/۴۵	۸۲/۶	۹۳/۲۷	۸۲/۶	۹۳/۱۱
EfficientNetB3	۷۶/۰۸	۹۱/۳۹	۸۲/۶	۹۲/۶۴	۷۶/۰۸	۹۱/۳۹
EfficientNetB4	۷۶/۰۸	**۹۳/۱۱**	۷۸/۲۶	۹۳/۲۷	۸۰/۴۳	۹۲/۹۵
EfficientNetB5	۷۸/۲۶	۹۰/۹۲	۷۶/۰۸	۹۲/۶۴	۷۶/۰۸	۹۲/۸
EfficientNetB6	۷۱/۷۳	۹۲/۱۷	۷۸/۲۶	۹۳/۷۴	۸۰/۴۳	۹۳/۷۴
EfficientNetB7	۷۶/۰۸	۹۰/۹۲	۸۲/۶	۹۳/۵۸	۸۶/۹۵	۹۳/۵۸

بر اساس جدول ۳ و برتری طبقه‌بند XGBoost نسبت به سایر طبقه‌بندها، تمرکز بیشتری در این پژوهش بر این طبقه‌بند صورت گرفته‌است. علاوه بر شبکه‌های پیشنهادی در این مطالعه، ۲۲ شبکه‌ی از پیش آموزش‌دیده‌ی دیگر نیز مورد آزمایش و ارزیابی قرار گرفتند که نتایج آن‌ها در جدول ۳ ارائه شده است.

پس از اطمینان از شبکه‌های انتخاب‌شده، فرایند بهینه‌سازی و تنظیم پارامترهای طبقه‌بند XGBoost انجام

UNCORRECTED PROOF

شد که دقت‌ها را به‌ترتیب برای تصاویر اصلی و تصاویر افزایش‌یافته تا ٪۱۰۰ و ٪۹۷ بهبود داد.

نتایج تنظیم پارامترها در جدول ۴ نمایش داده شده‌اند.

جدول ۴- پارامترهای طبقه بند XGBoost و دقت نهایی پس از تنظیم و بهینه سازی

پارامتر	نرخ یادگیری	تعداد درخت	گاما[۴۶]	سایر پارامترها	دقت (٪)
VGG19 + XGBoost	۰/۰۰۱	۱۰	۰	پیش‌فرض	۱۰۰
EfficientNetB4 + XGBoost	۰/۳۶	۵۰۰	۰	پیش‌فرض	۹۷/۰۲

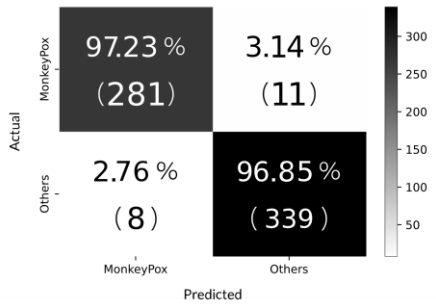
سایر معیارهای ارزیابی پس از بهینه‌سازی و تنظیم پارامترهای طبقه‌بند و دستیابی به بیشترین دقت ممکن در روش ارائه‌شده، در جدول ۵ فهرست شده‌اند.

همچنین، ماتریس‌های پیچیدگی[۴۷] مربوط به مجموعه‌داده‌های تصاویر افزایش‌یافته و تصاویر اصلی به‌ترتیب در شکل‌های ۳ و ۴ نمایش داده شده‌اند.

جدول ۵- نتایج سایر معیارهای ارزیابی به‌دست‌آمده پس از تنظیم و بهینه‌سازی طبقه‌بند

مجموعه‌داده	امتیاز F1 (٪)	صحت[۴۸] (٪)	تشخیص[۴۹] (٪)	حساسیت[۵۰] (٪)
اصلی	۱۰۰	۱۰۰	۱۰۰	۱۰۰
افزایش‌یافته	۹۷	۹۷/۰۴	۹۷/۶۹	۹۶/۲۳

همان‌طور که در بخش قبل بیان شد، در این پژوهش به‌منظور ارزیابی دقیق‌تر و جلوگیری از بیش‌برازش در مدل ارائه‌شده، از روش KCV برای هر دو نوع مجموعه‌داده‌ی اصلی و افزایش‌یافته استفاده شده است. نتایج به‌دست‌آمده در هر بخش (fold) با استفاده از روش اعتبارسنجی متقابل پنج‌لایه برای مجموعه‌داده‌ی اصلی با شبکه‌ی از پیش آموزش‌دیده‌ی VGG19 و طبقه‌بند XGBoost در جدول ۶ ارائه شده است. نتایج همین روش برای مجموعه‌داده‌ی افزایش‌یافته با شبکه‌ی از پیش آموزش‌دیده‌ی EfficientNetB4 و طبقه‌بند XGBoost در جدول ۷ ارائه شده است.



شکل ۳- ماتریس پیچیدگی مجموعه‌داده افزایش‌یافته



شکل ۴- ماتریس پیچیدگی مجموعه‌داده اصلی

[۴۶] حداقل کاهش در تابع خطا برای انجام تقسیم بیشتر روی یک گره برگ در درخت

[47] confusion matrices

[48] Precision

[49] Specificity

[50] Sensitivity

CORRECTED PROOF

جدول ۶- نتایج به‌دست‌آمده با روش 5 Fold Cross Validation بر روی مجموعه‌داده اصلی

شماره بخش	صحت (٪)	امتیاز F1 (٪)	دقت (٪)
۱	۷۵/۶۵	۶۸/۱۱	۷۶/۰۸
۲	۹۸/۷۶	۹۷/۸۰	۹۷/۸۲
۳	۸۰/۹۵	۷۹/۹۷	۸۰/۴۳
۴	۸۸/۹۳	۸۸/۸۸	۸۸/۸۸
۵	۸۸/۳۶	۸۵/۴۵	۸۶/۶۶
میانگین	**۸۶/۵۳**	**۸۴/۰۴**	**۸۵/۹۸**

جدول ۷- نتایج به‌دست‌آمده با روش 5 Fold Cross Validation بر روی مجموعه‌داده افزایش‌یافته

شماره بخش	صحت (٪)	امتیاز F1 (٪)	دقت (٪)
۱	۹۵/۰۱	۹۴/۸۶	۹۴/۹۹
۲	۹۴/۹۳	۹۴/۴۶	۹۴/۵۲
۳	۹۱/۹۶	۹۱/۶۳	۹۱/۶۹
۴	۹۴/۲۸	۹۴/۱۶	۹۴/۲۰
۵	۹۱/۱۸	۹۱/۳۹	۹۱/۶۹
میانگین	**۹۶/۱۸**	**۹۶/۳۹**	**۹۳/۴۲**

همان‌طور که در جدول ۴ ذکر شد، در این پژوهش برای مجموعه‌داده‌ی اصلی به دقت ٪۱۰۰ و برای مجموعه‌داده‌ی تصاویر افزایش‌یافته به دقت ٪۹۷/۰۲ دست یافته‌ایم. این دقت بالا در مجموعه‌داده‌ی اصلی نشان‌دهنده‌ی عملکرد خوب مدل در داده‌های آموزشی است، اما برای اطمینان از تعمیم‌پذیری و جلوگیری از بیش‌برازش، از اعتبارسنجی متقابل پنج‌لایه نیز استفاده شده است. در این ارزیابی، برای مجموعه‌داده‌ی اصلی و افزایش‌یافته به‌ترتیب دقت‌های ٪۸۵/۹۸ و ٪۹۳/۴۲ به‌دست آمد.

نتایج به‌دست‌آمده در این پژوهش نشان می‌دهد که در مقایسه با پژوهش‌هایی که از مجموعه‌داده یکسان با این مطالعه استفاده کرده‌اند، روش پیشنهادی دقت بالاتری ارائه می‌کند و از این نظر نسبت به رویکردهای پیشین برتری دارد. جمع‌بندی نتایج پژوهش‌های انجام‌شده در حوزه تشخیص آبله میمون در جدول ۸ ارائه شده است.

در مقایسه نتایج این پژوهش با مطالعات اخیر باید توجه داشت که کارهای پیشین از مجموعه‌داده‌هایی با ویژگی‌های متفاوت استفاده کرده‌اند و از این نظر شرایط داده‌ها در این مطالعات یکسان نبوده است. بنابراین، تمرکز بر مقایسه با پژوهش‌هایی قرار گرفته که از مجموعه‌داده‌های یکسان با این مطالعه بهره برده‌اند. در این پژوهش از مجموعه‌داده MSLD استفاده شده است و به همین دلیل، برای ارزیابی منصفانه عملکرد، نتایج روش پیشنهادی با آن بخش از پژوهش‌های جدول ۸ مقایسه شده است که آن‌ها نیز از مجموعه‌داده یکسان با پژوهش ما استفاده کرده‌اند. تفاوت دقت با برخی مطالعات دیگر موجود در جدول به دلیل استفاده آن‌ها از مجموعه‌داده‌های متفاوت است. در مقایسه با مطالعات مبتنی بر MSLD، روش پیشنهادی دقت بالاتری ارائه کرده و در شرایط داده‌ای مشابه عملکرد برتری داشته است.

UNCORRECTED PROOF

جدول ۸- مقایسه‌ی نتایج پژوهش فعلی با سایر پژوهش‌های پیشین

پژوهشگر	مدل پیشنهادی	مجموعه‌داده	دقت به‌دست‌آمده (٪)
علی شمس نفیسا و همکاران [۱]	ResNet50	MSLD	۸۲/۹۶
عبدالحمید و همکاران [۶]	GoogleNet	MSID	۹۸/۸
ایسلام و همکاران [۱۰]	ShuffleNet-V2	Web-Scraped	۷۹
آلاکاوس و همکاران [۳]	DNA Mapping	MPV & HPV	۹۶/۰۸
کومار [۹]	VGG16	MSLD	۹۱/۱۱
آکین و همکاران [۸]	MobileNet-V2	MSID	۹۸/۲۵
روش ارائه‌شده	**EfficientNetB4**	**MSLD**	**۹۳/۴۲**

برای توجیه دقت بهبودیافته در نتایج این پژوهش، چند عامل کلیدی در عملکرد بهتر روش پیشنهادی نقش داشته‌اند:

۱- استفاده از مدل‌های از پیش آموزش‌دیده

به‌کارگیری یادگیری انتقالی همراه با مدل‌های از پیش آموزش‌دیده‌ای مانند VGG19 و EfficientNetB4 روشی مؤثر برای استخراج ویژگی‌های عمیق و سطح‌بالا از تصاویر فراهم کرده است. این مدل‌ها پیش‌تر بر روی مجموعه‌داده‌های بزرگ و متنوع آموزش دیده‌اند و توانایی شناسایی الگوهای پیچیده در ضایعات پوستی را دارند؛ الگوهایی که ممکن است توسط روش‌های سنتی یا مدل‌های کم‌عمق نادیده گرفته شوند. این موضوع منجر به بهبود بازنمایی ویژگی‌ها و در نتیجه افزایش دقت در طبقه‌بندی شده است.

مدل VGG19 به‌دلیل معماری عمیق خود (۱۹ لایه) و استفاده یکنواخت از فیلترهای کانولوشن ۳×۳ عملکرد برتری از خود نشان داده است. این فیلترها به استخراج ویژگی‌های فضایی دقیق کمک کرده و هم‌زمان اطلاعات بافتی مهم را حفظ می‌کنند. ساختار دنباله‌وار و عمیق این مدل باعث تقویت یادگیری سلسله‌مراتبی ویژگی‌ها می‌شود که آن را برای طبقه‌بندی تصاویر پزشکی بسیار مناسب می‌سازد. علاوه بر این، لایه‌های max pooling با کاهش ابعاد و حفظ ویژگی‌های کلیدی، به بهبود دقت طبقه‌بندی کمک می‌کنند.

مدل EfficientNetB4 با بهره‌گیری از مقیاس‌بندی مرکب[51]، که به‌صورت بهینه عمق، عرض و وضوح تصویر را متوازن می‌سازد، عملکرد بهتری نسبت به بسیاری از مدل‌های مرسوم نشان داده است. برخلاف معماری‌هایی که به‌طور دلخواه یکی از این عوامل را افزایش می‌دهند، EfficientNetB4 آن‌ها را به‌صورت متناسب مقیاس‌بندی می‌کند و در نتیجه با تعداد پارامتر کمتر، دقت بالاتری حاصل می‌شود. همچنین، استفاده از بلوک‌های فشرده‌سازی و تحریک[52] موجب تقویت توجه کانال‌محور شده و شبکه را قادر می‌سازد تا بر نواحی مهم تصویر تمرکز کند. این ویژگی‌ها به بهبود تعمیم‌پذیری، کاهش بیش‌برازش و افزایش پایداری مدل، به‌ویژه در مجموعه‌داده‌های افزایش‌یافته با تنوع ویژگی‌های ضایعات، کمک می‌کند.

۲- ادغام با یک طبقه‌بند قدرتمند

پس از استخراج ویژگی‌ها، به‌کارگیری XGBoost به‌عنوان طبقه‌بند نقش تعیین‌کننده‌ای داشت. XGBoost به دلیل توانایی در مدیریت روابط

[51] Compound Scaling

[52] Squeeze-and-Excitation

UNCORRECTED PROOF

غیرخطی پیچیده و مقاومت در برابر بیش‌برازش، به‌ویژه در مجموعه‌داده‌های کوچک، شناخته شده است. ماهیت تجمعی آن، سازوکار تقویتی[۵۳] و قابلیت تطبیق با اهمیت ویژگی‌ها در هر تکرار، موجب شد که پیش‌بینی‌های دقیق‌تری نسبت به LightGBM و CatBoost ارائه دهد. این ویژگی‌های تطبیقی به عملکرد بالاتر مدل منجر شدند.

۳- مدیریت داده‌های نامتوازن با افزایش داده‌ها

افزایش داده‌ها نقش قابل‌توجهی در افزایش مصنوعی حجم مجموعه‌داده، کاهش تأثیر نامتوازنی کلاس‌ها و ارائه مجموعه‌ای متنوع‌تر از ویژگی‌ها به مدل ایفا کرد. این رویکرد علاوه بر بهبود قابلیت تعمیم مدل، خطر بیش‌برازش را نیز کاهش داده و در نتیجه موجب بهبود عملکرد مدل در هر دو مجموعه‌داده اصلی و افزایش‌یافته شد.

۴- اعتبارسنجی متقابل برای پایداری

استفاده از اعتبارسنجی متقابل پنج‌لایه موجب شد عملکرد مدل در زیرمجموعه‌های مختلف داده پایدار و یکنواخت باقی بماند، احتمال تأثیر نوسانات تصادفی کاهش یابد و نتایج به‌دست‌آمده قابل‌اطمینان‌تر باشند.

ترکیب این عوامل، همراه با انتخاب دقیق تکنیک‌ها و بهره‌گیری هم‌افزا از ابزارهای پیشرفته یادگیری ماشین، منجر به بهبود عملکرد و دقت نسبت به رویکردهای پیشین شد.

روش ارائه‌شده در کنار عملکرد مناسب خود، با برخی محدودیت‌ها همراه است. مجموعه‌داده مورد استفاده، اگرچه شامل تصاویر افزایش‌یافته و متنوع است، اما ممکن است مدل در مواجهه با تصاویر جدید با ویژگی‌های متفاوت، مانند تفاوت در شرایط نور یا وضوح، یا در شرایط بالینی خاص، عملکرد متفاوتی نشان دهد. اتکا به شبکه‌های از پیش‌آموزش‌دیده برای استخراج ویژگی‌ها نیز باعث می‌شود بخشی از رفتار مدل به داده‌هایی وابسته باشد که این شبکه‌ها پیش‌تر بر اساس آن‌ها آموزش دیده‌اند و در نتیجه، در برابر تغییرات غیرمعمول در ورودی‌ها حساسیت ایجاد شود. علاوه بر این، عملکرد طبقه‌بند XGBoost وابسته به تنظیم دقیق پارامترها است و در شرایطی که توزیع داده‌ها تغییر کند، امکان نوسان در نتایج وجود دارد. این موارد از جمله محدودیت‌هایی هستند که در تحلیل نتایج این روش باید مدنظر قرار گیرند.

۵- نتیجه‌گیری

در این پژوهش، روشی برای تشخیص بیماری آبله میمون از روی تصاویر با هدف شناسایی سریع و دقیق ارائه شده است. یادگیری انتقالی تکنیک اصلی مورد استفاده در این تحقیق است. در این تکنیک، با استفاده از شبکه‌های عصبی عمیق از پیش آموزش‌دیده و الگوریتم طبقه‌بندی XGBoost، ویژگی‌های مهم از تصاویر استخراج و توسط طبقه‌بند XGBoost طبقه‌بندی می‌شوند. در فرآیند یادگیری انتقالی، از شبکه VGG19 برای استخراج ویژگی‌های تصاویر مجموعه‌داده اصلی و از شبکه EfficientNetB4 برای تصاویر مجموعه‌داده افزایش‌یافته استفاده شده است. ویژگی‌های استخراج‌شده به الگوریتم XGBoost برای طبقه‌بندی منتقل می‌شوند. به‌منظور اطمینان از نتایج به‌دست‌آمده، از روش اعتبارسنجی متقابل پنج‌لایه و نگاشت فعال‌سازی کلاس با وزن گرادیان (Grad-CAM) استفاده شده است. نتایج به‌دست‌آمده برتری قابل‌قبولی نسبت به روش‌های پیشین نشان می‌دهند.

با توجه به عملکرد مطلوب مدل، در ادامه این پژوهش و در چارچوب کارهای آینده می‌توان مسیرهای زیر را برای توسعه این خط تحقیقاتی مدنظر قرار داد.

گسترش مجموعه‌داده و ارزیابی مدل در شرایط بالینی متنوع‌تر و با پوشش طیف گسترده‌تری از الگوهای بروز ضایعات پوستی، همراه با به‌کارگیری رویکرد پیشنهادی بر مجموعه‌داده‌های دیگر، می‌تواند به سنجش دقیق‌تر قابلیت تعمیم آن در کاربردهای واقعی کمک کند. توسعه نسخه چندکلاسه برای تفکیک دقیق‌تر آبله میمون از سایر بیماری‌ها، از جمله آبله‌مرغان و سرخک، و ادغام داده‌های تصویری با اطلاعات بالینی بیمار، از مسیرهای مؤثر برای ارتقای کارایی سامانه به شمار می‌رود. پیاده‌سازی نسخه‌های عملیاتی و تحت وب و بررسی عملکرد آن‌ها در مراکز درمانی نیز می‌تواند زمینه کاربردی و قابل‌اعتماد مدل را فراهم کند. بهره‌گیری از روش‌های پیشرفته توضیح‌پذیری و ارزیابی

[53] Boosting

UNCORRECTED PROOF

میزان تطابق نواحی برجسته‌شده با یافته‌های متخصصان پوست نیز نقش مهمی در افزایش اعتماد بالینی و بهبود کارایی سامانه در فرآیندهای تشخیصی خواهد داشت.

تعارض منافع

نویسندگان اعلام می کنند که در مورد انتشار این مقاله تعارض منافع وجود ندارد.

تاییدیه اخلاقی

نویسندگان متعهد می‌شوند که مطالب این مقاله را در هیچ مجله دیگری به چاپ نرسانده اند.

منابع مالی

در انجام پژوهش هیچ منابع مالی مورد استفاده قرار نگرفته است.

دسترسی به مجموعه‌داده

در این مطالعه از مجموعه‌داده عمومی ضایعات پوستی مرتبط با بیماری آبله میمون استفاده شده است که به‌صورت عمومی در دسترس می‌باشد.
https://www.kaggle.com/datasets/nafin59/monkeypox-skin-lesion-dataset

دسترسی به کد

در این مطالعه از کد منبع روش پیشنهادی استفاده شده است که برای بازتولید پیش‌بینی‌ها و نتایج به‌صورت عمومی در دسترس می‌باشد.
https://github.com/sharifhasani/Monkeypox-prediction

مراجع

[1] Ali, Shams Nafisa, Md Tazuddin Ahmed, Joydip Paul, Tasnim Jahan, S. M. Sani, Nawsabah Noor, and Taufiq Hasan. "Monkeypox skin lesion detection using deep learning models: A feasibility study." *arXiv preprint arXiv:2207.03342* (2022).

[2] Centers for Disease Control and Prevention. "Monkeypox in the United States and Around the World: Current Situation." May 16, 2025. https://www.cdc.gov/mpox/situation-summary/index.html.

[3] Alakus, Talha Burak, and Muhammet Baykara. "Comparison of monkeypox and wart DNA sequences with deep learning model." *Applied Sciences* 12, no. 20 (2022): 10216.

[4] Farzipour, Alireza, Roya Elmi, and Hamid Nasiri. "Detection of Monkeypox cases based on symptoms using XGBoost and Shapley additive explanations methods." *Diagnostics* 13, no. 14 (2023): 2391.

[5] Islam, Towhidul, Mohammad Arafat Hussain, Forhad Uddin Hasan Chowdhury, and B. M. Riazul Islam. "A web-scraped skin image database of monkeypox, chickenpox, smallpox, cowpox, and measles." *biorxiv* (2022): 2022-08.

[6] Abdelhamid, Abdelaziz A., El-Sayed M. El-Kenawy, Nima Khodadadi, Seyedali Mirjalili, Doaa Sami Khafaga, Amal H. Alharbi, Abdelhameed Ibrahim, Marwa M. Eid, and Mohamed Saber. "Classification of monkeypox images based on transfer learning and the Al-Biruni Earth Radius Optimization algorithm." *Mathematics* 10, no. 19 (2022): 3614.

[7] Taube, Juliana C., Eva C. Rest, James O. Lloyd-Smith, and Shweta Bansal. "The global landscape of smallpox vaccination history and implications for current and future orthopoxvirus susceptibility: a modelling study." *The Lancet Infectious Diseases* 23, no. 4 (2023): 454-462.

[8] Akın, Korhan Deniz, Caglar Gurkan, Abdulkadir Budak, and Hakan Karataş. "Classification of monkeypox skin lesion using the explainable artificial intelligence assisted convolutional neural networks." *Avrupa Bilim ve Teknoloji Dergisi* 40 (2022): 106-110.

[9] Kumar, Vidit. "Analysis of CNN features with multiple machine learning classifiers in diagnosis of monkeypox from digital skin images." *MedRxiv* (2022): 2022-09.

[10] Hussain, Mohammad Arafat, Towhidul Islam, Forhad Uddin Hasan Chowdhury, and BM Riazul Islam. "Can artificial intelligence detect monkeypox from digital skin images?." *BioRxiv* (2022): 2022-08.

[11] Tianqi, Chen, and Guestrin Carlos. "Xgboost: A scalable tree boosting system In Proceedings of the 22nd acm sigkdd international conference on knowledge discovery and data mining." (2016): 785-794.

[12] Xu, Yonghui, Xi Zhao, Yinsheng Chen, and Zixuan Yang. "Research on a mixed gas classification algorithm based on extreme random tree." *Applied Sciences* 9, no. 9 (2019): 1728.

UNCORRECTED PROOF

[13] Ogunleye, Adeola, and Qing-Guo Wang. "XGBoost model for chronic kidney disease diagnosis." *IEEE/ACM transactions on computational biology and bioinformatics* 17, no. 6 (2019): 2131-2140.

[14] Chelgani, S. Chehreh, Hamid Nasiri, Arash Tohry, and Hassan Reza Heidari. "Modeling industrial hydrocyclone operational variables by SHAP-CatBoost-A “conscious lab” approach." *Powder Technology* 420 (2023): 118416.

[15] Song, Kai, Feng Yan, Ting Ding, Liang Gao, and Songbao Lu. "A steel property optimization model based on the XGBoost algorithm and improved PSO." *Computational Materials Science* 174 (2020): 109472.

[16] Sheridan, Robert P., Wei Min Wang, Andy Liaw, Junshui Ma, and Eric M. Gifford. "Extreme gradient boosting as a method for quantitative structure–activity relationships." *Journal of chemical information and modeling* 56, no. 12 (2016): 2353-2360.

[17] Zhang, Wengang, Chongzhi Wu, Haiyi Zhong, Yongqin Li, and Lin Wang. "Prediction of undrained shear strength using extreme gradient boosting and random forest based on Bayesian optimization." *Geoscience Frontiers* 12, no. 1 (2021): 469-477.

[18] Fatahi, Rasoul, Hamid Nasiri, Arman Homafar, Rasoul Khosravi, Hossein Siavoshi, and Saeed Chehreh Chelgani. "Modeling operational cement rotary kiln variables with explainable artificial intelligence methods–a “conscious lab” development." *Particulate Science and Technology* 41, no. 5 (2023): 715-724.

[19] Ma, Jun, Yuexiong Ding, Jack CP Cheng, Yi Tan, Vincent JL Gan, and Jingcheng Zhang. "Analyzing the leading causes of traffic fatalities using XGBoost and grid-based analysis: a city management perspective." *IEEE Access* 7 (2019): 148059-148072.

[20] Alghamdi, Jawaher, and Thair Al-Dala’in. "Towards spatio-temporal crime events prediction." *Multimedia Tools and Applications* 83, no. 7 (2024): 18721-18737.

[21] Prokhorenkova, Liudmila, Gleb Gusev, Aleksandr Vorobev, Anna Veronika Dorogush, and Andrey Gulin. "CatBoost: unbiased boosting with categorical features." *Advances in neural information processing systems* 31 (2018).

[22] Maleki, Alireza, Mohammad Raahemi, and Hamid Nasiri. "Breast cancer diagnosis from histopathology images using deep neural network and XGBoost." *Biomedical Signal Processing and Control* 86 (2023): 105152.

[23] Nasiri, Hamid, Ghazal Kheyroddin, Morteza Dorrigiv, Mona Esmaeili, Amir Raeisi Nafchi, Mohsen Haji Ghorbani, and Payman Zarkesh-Ha. "Classification of COVID-19 in chest X-ray images using fusion of deep features and LightGBM." In *2022 IEEE world AI IoT congress (AIIoT)*, pp. 201-206. IEEE, 2022.

[24] Ke, Guolin, Qi Meng, Thomas Finley, Taifeng Wang, Wei Chen, Weidong Ma, Qiwei Ye, and Tie-Yan Liu. "Lightgbm: A highly efficient gradient boosting decision tree." *Advances in neural information processing systems* 30 (2017).

[25] Varde, Aparna S., Divydharshini Karthikeyan, and Weitian Wang. "Facilitating COVID recognition from X-rays with computer vision models and transfer learning." *Multimedia Tools and Applications* 83, no. 1 (2024): 807-838.

[26] Simonyan, Karen, and Andrew Zisserman. "Very deep convolutional networks for large-scale image recognition." *arXiv preprint arXiv:1409.1556* (2014).

[27] Marques, Gonçalo, Antonio Ferreras, and Isabel de la Torre-Diez. "An ensemble-based approach for automated medical diagnosis of malaria using EfficientNet." *Multimedia tools and applications* 81, no. 19 (2022): 28061-28078.

[28] Tan, Mingxing, and Quoc Le. "Efficientnet: Rethinking model scaling for convolutional neural networks." In *International conference on machine learning*, pp. 6105-6114. PMLR, 2019.

[29] Anguita, Davide, Luca Ghelardoni, Alessandro Ghio, Luca Oneto, and Sandro Ridella. "The'K'in K-fold Cross Validation." In *Esann*, vol. 102, pp. 441-446. 2012.

[30] Selvaraju, Ramprasaath R., Michael Cogswell, Abhishek Das, Ramakrishna Vedantam, Devi Parikh, and Dhruv Batra. "Grad-cam: Visual explanations from deep networks via gradient-based localization." In *Proceedings of the IEEE international conference on computer vision*, pp. 618-626. 2017.

UNCORRECTED PROOF