



International Journal of Multidisciplinary Studies and Innovative Technologies

Year : 2023 | Volume : 7 | Issue : 2



Smart Waste
& Recycling



80%

Info
Comr
Tech



International Journal of Multidisciplinary Studies and Innovative Technologies

Year :2023

Volume : 7

Issue : 2

Editor-in-Chief

Assoc. Prof. Dr. Turgut ÖZSEVEN

Assistant Editor

Asst. Prof. Dr. Ebubekir YAŞAR

Issue Editorial Board

Prof. Dr. Leila Akhvlediani
BAU International University, Georgia

Prof. Dr. Muharrem Düğenci
Karabuk University, Turkey

Prof. Dr. Zakaria Boumerzoug
Université Mohamed Khider De Biskra

Assoc. Prof. Dr. Irada Dadashova
Baku State University, Azerbaijan

International Journal of Multidisciplinary Studies and Innovative Technologies is an online, open access, double-blind, peer-reviewed, international research journal. The language of the journal is English and Turkish. Authors should only submit original work that has not been published and is not currently considered for publication elsewhere.

An expert editor is assigned to a submitted manuscript. The editor appoints reviewers to evaluate the manuscript. As a result of the evaluation of the manuscript by reviewers, the editor decides about the acceptance, modification, or rejection of the manuscript.

CONTENTS

1. Site Classification using Feed Forward Backpropagation Artificial Neural Networks..... 41-46
Ebru EFEOĞLU
 2. Detection of new candidate compounds against four antibiotic targets using explainable artificial intelligence by molecular fingerprints..... 47-52
Kevser Kübra KIRBOĞA, Naeem Abdul GHAFOR, Ömür BAYSAL
 3. COVID-19 and Non-COVID-19 Classification from Lung CT-Scan Images Using Deep Convolutional Neural Networks..... 53-60
Özlu DOLMA
 4. Semantic-Driven Access Control for IoT Systems..... 61-67
Aytuğ TÜRKMEN, Özgü CAN
 5. Yenidoğan Laboratuvar Bulgularında LSTM Tabanlı Derin Öğrenme Ağı ile Zaman Serisi Analizi 68-73
Mahmut ÇEVİK, Mücahit CİHAN, Nezahat YILMAZ, Murat KONAK, Hanifi SOYLU, Murat CEYLAN
 6. Neonatal Hiperspektral Görüntü Sınıflandırması için 3 Boyutlu Evrişimli Sinir Ağları ile Boyut İndirgeme Yöntemlerinin Karşılaştırmalı Analizi 74-83
Mücahit CİHAN, Mahmut ÇEVİK, Nezahat YILMAZ, Murat KONAK, Hanifi SOYLU, Murat CEYLAN
 7. Histopatolojik Görüntülerle Diyabetin Akciğer Dokusundaki Etkisinin Sınıflandırılması: LBP ve GLCM Özellikleri ile Bir Karşılaştırma Çalışması 84-89
Tuğba ŞENTÜRK, Fatma LATİFOĞLU, Demet BOLAT, Arzu YAY, Munevver BARAN
 8. Time Series Anomaly Detection Embedded Systems By Using LSTM 90-96
Gulsum AKKUZUKAYA, Mehmet YILDIZ
-

Site Classification using Feed Forward Backpropagation Artificial Neural Networks.

Ebru Efeoğlu^{1*}

^{1*}Software Engineering/ Engineering Faculty, Kütahya Dumlupınar University, Kütahya, Turkey (ebru.efeoglu@dpu.edu.tr) (ORCID: 0000-0001-5444-6647)

Abstract – Strong rock is less affected by the waves propagating during an earthquake. For this reason, structures on strong rocks are less affected by earthquakes. Identifying strong rocks is important for a safe residential area. There are different earthquake codes declaring the characteristics of strong rocks. In this study, site classification was made according to four different earthquake Provisions Nehr, TBDY, Rm, E code. Feed Forward Backpropagation Artificial Neural Networks was used for site classification. Shear wave velocity (V₃₀), Ground dominant period (T₀) and H/V ratio were selected as input parameters to this network. Performance analysis was performed to determine which regulation of the Feed Forward Backpropagation Artificial Neural Networks algorithm made the classification more successful. The cross-validation method was used for the analysis. Accuracy, Precision Recall, Kappa, Area under the ROC Curve (AUC) and Root Mean Squared Error (RMS) error values were calculated. As a result, 98% accuracy value was obtained after cross validation in strong rock detection according to E-Code-8 regulation. According to this regulation, all metric values calculated in strong rock detection are higher than other regulations. In addition, hard rock was detected with the least error rate according to this regulation.

Keywords – Strong Rock, Nehr, TBDY, Rm, E-code, Feed Forward Backpropagation Artificial Neural Networks.

Citation: Efeoğlu, E., (2023). Site Classification using Feed Forward Backpropagation Artificial Neural Networks. International Journal of Multidisciplinary Studies and Innovative Technologies, 7(2): 41-46.

I. INTRODUCTION

Earthquakes are natural disasters that cause the death of many people and the destruction of buildings. During an earthquake, seismic waves are propagated. Soil characterization is essential in defining the seismic effect. It is necessary to minimize the damage caused by earthquakes. Adequate knowledge of the physical and mechanical properties of the soil is required in order to design buildings both reliably and economically. At the same time, it is necessary to know the structure of the ground well in order to take precautions for problems such as liquefaction, swelling, landslide. Data obtained by using geophysical test methods should be evaluated while making soil classifications. Türkiye is in an earthquake zone. For example, although it was a medium-sized earthquake, many people died in the Dinar earthquake. Many studies were carried out in the earthquake zone. It was concluded that the main causes of damage were poor ground conditions.

The shear wave velocity is used to evaluate the dynamic behavior of shallow underground soil. In soil characterization, near-surface shear wave velocity values are generally used. The average shear wave velocity for the top 30 m of soil is called VS₃₀. VS₃₀ values were calculated using multi-channel surface waves analysis (MASW) in Dinar and a soil classification map was created (1).

Some additional information regarding the properties of passive surface wave data and their use in the H/V spectral ratio technique was discussed (2) Site characterization with

seismic noise in Istanbul, Turkey (3) A preliminary microzonation based on liquefaction potential was performed for Ceyhan District of Adana (4). A local field impact assessment (6) was performed for the Bornova Plain (İzmir, Turkey) and its surroundings (5) using the HVSr (Nakamura technique) and MASW methods for Aliğa/İzmir. The importance of Soil and Geological Features in City Planning was emphasized (7). Turkey's strong movement site conditions (8), geophysical and geotechnical studies were used to determine site classification. (9). Shear wave velocity profiles of the Hatay were determined by MASW and ReMi techniques. Transfer functions (maximum H/V amplitude ratios) and dominant periods were obtained by applying microtremor studies at the same locations (10). After applying the SMOTE (Synthetic Minority Over-Sampling Technique) process to these data, it was used as an input to the neural networks.

Soil classification criteria and local soil classes are defined in various regulations. In this study, NEHRP Provisions (11), Eurocode-8 (12), Turkey Building Earthquake Code (TBDY-2018) (13) and Rodriguez-Marek et al. Soils were classified according to (14). Geophysical Problems and Possible Solutions in Soil Classification Based on Eurocode 8 were discussed (15). Artificial neural networks have previously been used to predict the stability of soil and rock slope (16), to estimate the consolidation coefficient (17), to predict the swelling strength of large soils (18) and to estimate rock tension using deep neural networks (19).

II. MATERIALS AND METHOD

Multilayer perceptron(MLP) networks work according to the learning strategy. In other words, these networks are given both inputs and (expected) outputs that must be produced in response to the inputs during training. The task of the network is to generate the output corresponding to that input for each input. The learning rule of the MLP network is the Delta learning rule based on the least squares method. A set of examples is needed in education. For each sample in this set, both the inputs and the outputs that the network should produce for the inputs must be determined.

The delta rule consists of two phases. These are the forward calculation phase and the backward calculation phase.

In the forward computation phase, a sample in the training set comes to the input layer. There is no information processing in this layer. Inputs are processed in the middleware. The Sigmoid function is generally used as the activation function. The values that come out of the output layer are the outputs of the network. When these outputs are obtained, the advanced calculation is completed. In backward computation, the output produced by the network for the input presented to the network is compared with the expected outputs of the network. The difference between them is considered an error. By distributing this error to the weight values, the error is reduced in the next iteration. The purpose of training the MLP network is to minimize this error. The weights of the process elements are changed to minimize the total error.

In the study, the Sigmoid function was used on the nodes in all networks.

The formulas of the performance metrics used in the study are given in Equation (1,2,3,4,5,6,7), respectively.

$$\text{Accuracy} = \frac{CTP+CTN}{TP+TN+FP+FN} \quad (1)$$

$$\text{Precision} = \frac{CTP}{CTP+CFP} \quad (2)$$

$$\text{Recall} = \frac{CTP}{CTP+CFN} \quad (3)$$

$$F - \text{Measure} = 2 \times \frac{(\text{Precision} \times \text{Recall})}{(\text{Precision} + \text{Recall})} \quad (4)$$

$$\text{TPR} = \frac{CTP}{CFP+CTN} \quad (5)$$

$$\text{TPR} = \frac{CTP}{CTP+CFN} \quad (6)$$

$$\text{Kappa} = \frac{P(i)-P(j)}{1-P(j)} \quad (7)$$

Where, P(i) refers to the accuracy of the algorithm, P(j) refers to the weighted average of the expected accuracy of the algorithm that makes random predictions on the same dataset. The number of samples that Artificial Neural Networks (ANN) predicted correctly in the equations is represented by Classification true positive (CTP) and Classification true negative (CTN), and the number of misclassified samples is represented by Classification false positive (CFP) and Classification false negative (CFN).

TPR and FPR values were used in the drawing of the Roc curve and the area under the ROC curve AUC) value was calculated.

The success of the classification depends on these metrics being close to 1. Because metrics take a maximum value of 1, which means perfect classification.

In the classification, Shear wave velocity (V30), Ground dominant period (To) and H/V ratio were given as input parameters to the network. Then, classes were determined separately according to each regulation.

III. RESULTS

First, three area classes (B, C, D) were determined for site classification according to the NEHRP provisions. The network is then trained. The cross validation method was used to test the algorithm. The generated network model is given in Fig. 1, and the confusion matrices obtained after training and cross-validation are given in Fig. 5.

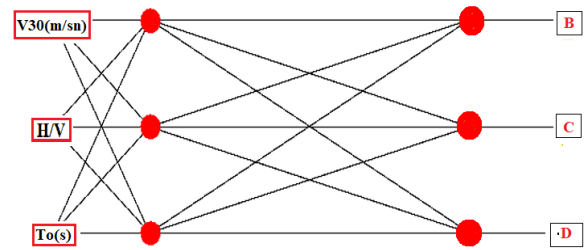


Fig. 1. Network created according to Nehrp

According to TBDY provisions, 3 classes (ZB, ZC, ZD) were determined for site classification. The model of the network is given in Fig.2 and the confusion matrix after training and cross-validation is given in Fig.6.

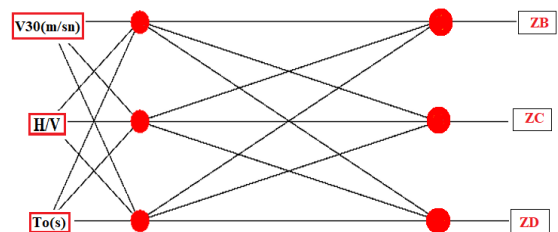


Fig 2. Network created according to TBDY

According to Ecode provisions, 3 classes (A, B,C) were determined for site classification. The model of the network is given in Fig.3 and the confusion matrix after training and cross-validation is given in Fig.7.

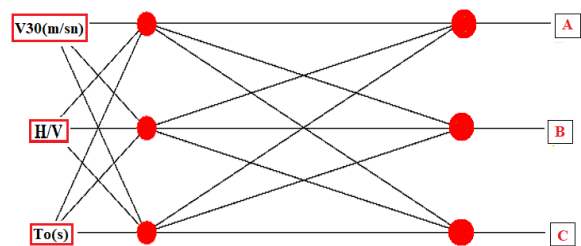


Fig 3. Network created according to Ecode

According to Rm provisions, 6 classes (C-1, C-2, D-1, D-2, D-3) were determined for site classification. The model of the network is given in Fig.4 and the confusion matrix after training and cross-validation is given in Fig.8.

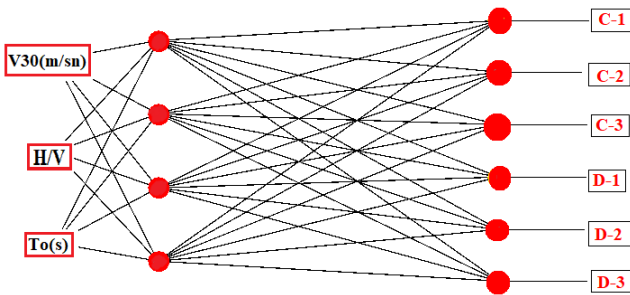


Fig 4. Network created according to Rm

In all earthquake Regulation, the strong site is represented by the first letters of the alphabet. Towards the end of the alphabet, the site is more loose and earthquake-resistant. For example, the strong site is represented by A according to Ecode, ZB according to TBDY, B according to Nehrp, C-1 according to Rm.

		Predicted class					
		Training			Cross validation		
Actual class		B	C	D	B	C	D
	B	16	0	0	16	0	0
	C	0	16	0	0	15	1
	D	0	0	16	0	1	15

Fig 5. The confusion matrix of the network created according to Nehrp

According to Fig 5, all the instances were correctly classified in the training according to the Nehrp provisions. In cross validation, one class C instance and one class D instance were incorrectly classified.

		Predicted class					
		Training			Cross validation		
Actual class		ZB	ZC	ZD	ZB	ZC	ZD
	ZB	16	0	0	16	0	0
	ZC	0	16	0	0	13	3
	ZD	0	0	16	0	1	15

Fig 6. The confusion matrix of the network created according to TBDY

According to Fig 6., all the instances were correctly classified in the training according to the TBDY provisions. In cross validation, one class ZD instance and three class ZC instance were incorrectly classified.

		Predicted class					
		Training			Cross validation		
Actual class		A	B	C	A	B	C
	A	17	0	0	17	0	0
	B	0	17	0	0	16	1
	C	0	0	17	0	0	17

Fig 7. The confusion matrix of the network created according to E-Code

According to Fig 7, all the instances were correctly classified in the training according to the E-Code provisions. In cross validation, only one instance were incorrectly classified.

		Predicted class						
		Training						
Actual class		C-1	C-2	C-3	D-1	D-2	D-3	
	C-1	11	0	0	0	0	0	
	C-2	0	11	0	0	0	0	
	C-3	0	0	11	0	0	0	
	D-1	1	0	0	8	2	0	
	D-2	0	0	0	0	11	0	
	D-3	0	0	0	0	0	11	

		Cross validation						
Actual class		C-1	C-2	C-3	D-1	D-2	D-3	
	C-1	11	0	0	0	0	0	
	C-2	0	11	0	0	0	0	
	C-3	0	0	11	0	0	0	
	D-1	0	0	1	4	3	2	
	D-2	0	0	1	1	8	1	
	D-3	0	0	0	0	0	11	

Fig 8. The confusion matrix of the network created according to Rm

According to Fig 8, In training, two class instances were incorrectly classified. In cross validation, nine instances were incorrectly classified.

Performance evaluation of different classifications in both training and cross validation, Precision, Recall, F-measure, AUC, Kappa and Rms values were calculated. The graphs of these values are given in Fig.9, 10, 11, 12, 13, 14, 15.

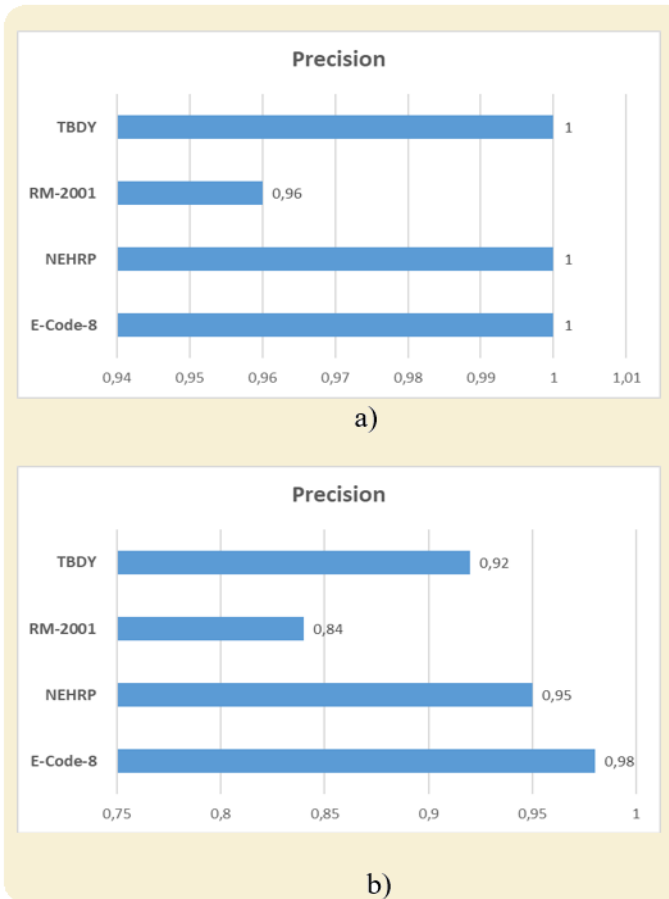


Fig 9. Precision values a)Training b)Cross validation

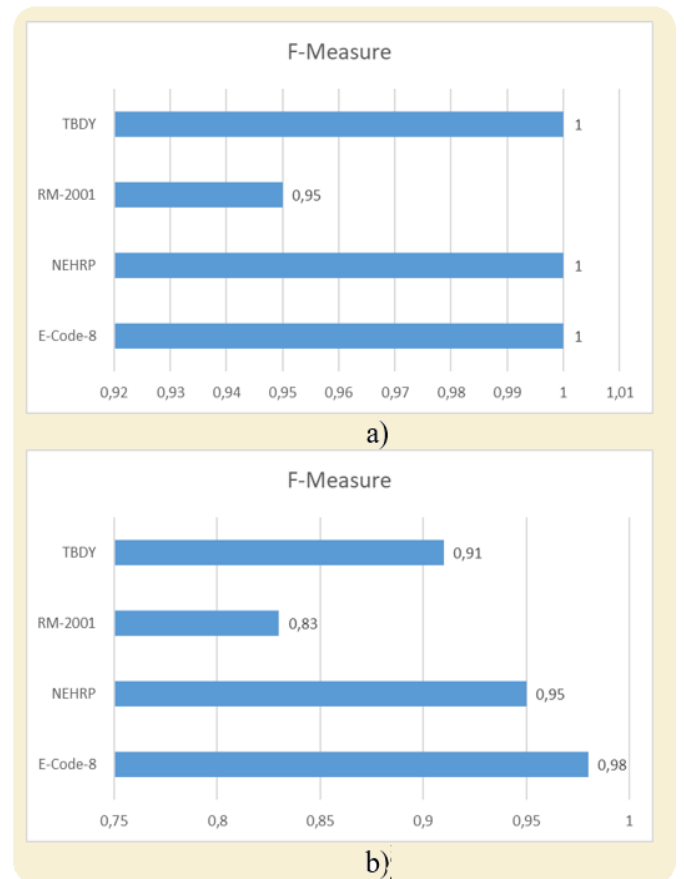


Fig 11. F-Measure values a)Training b)Cross validation

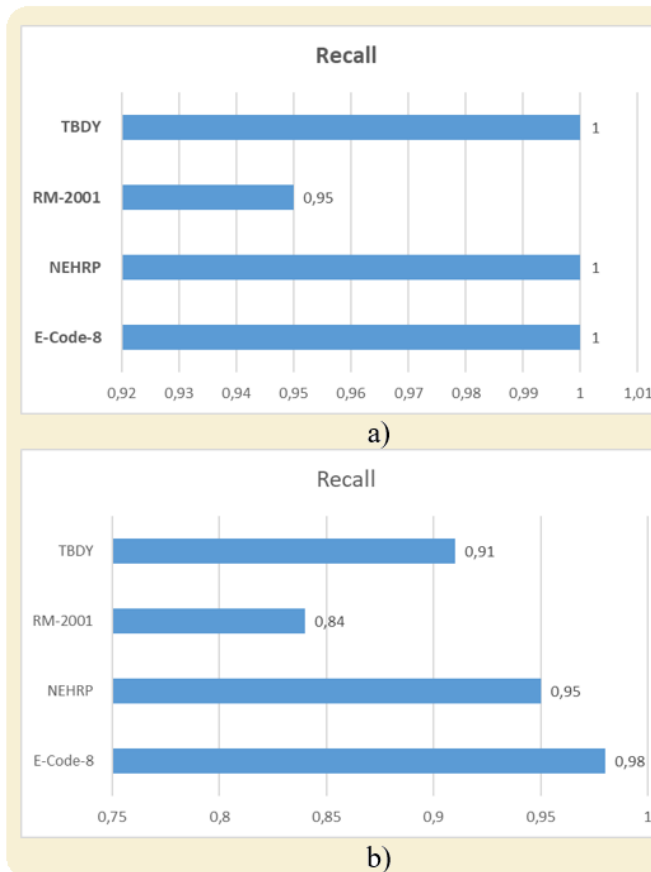


Fig 10. Recall values a)Training b)Cross validation

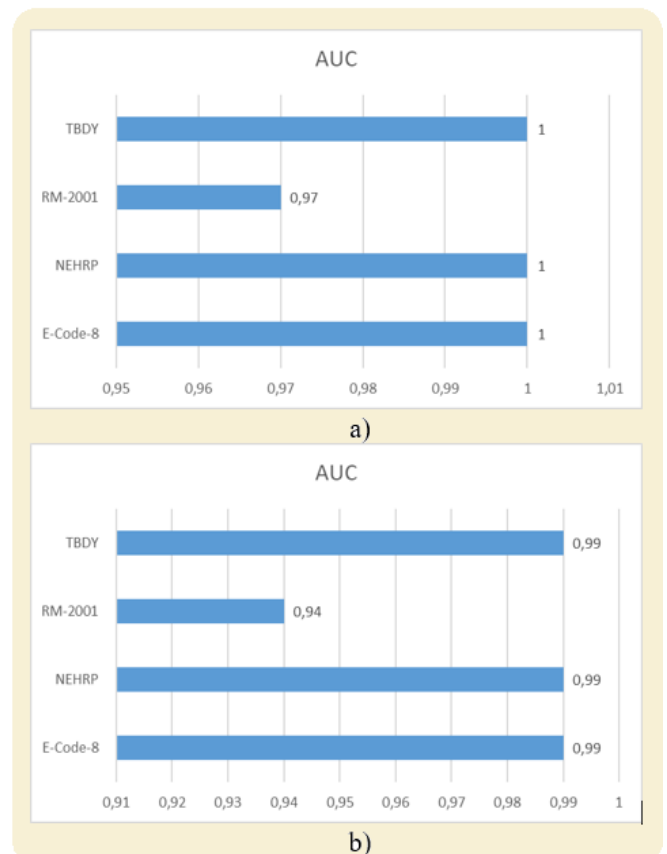


Fig 12. AUC values a)Training b)Cross validation

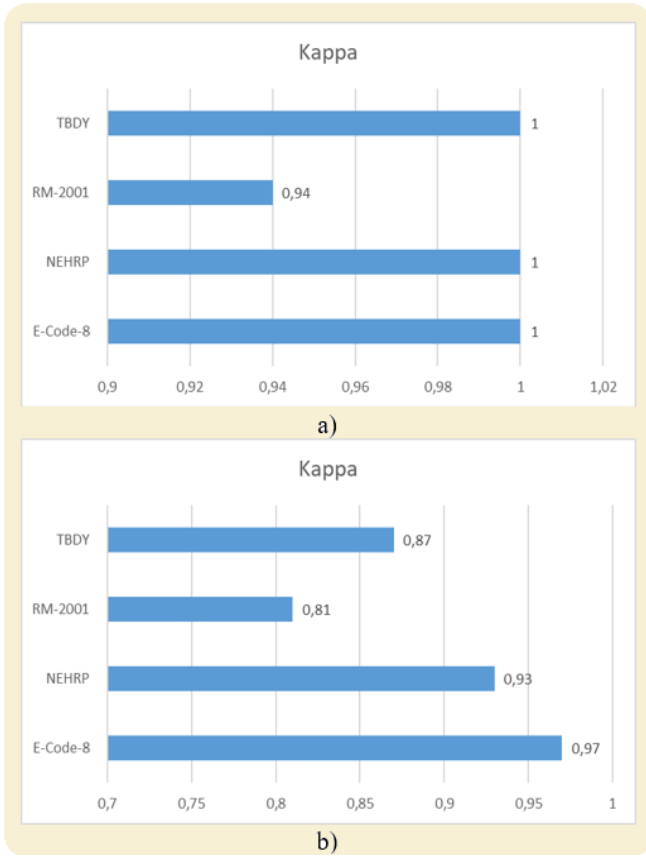


Fig 13. Kappa values a)Training b)Cross validation

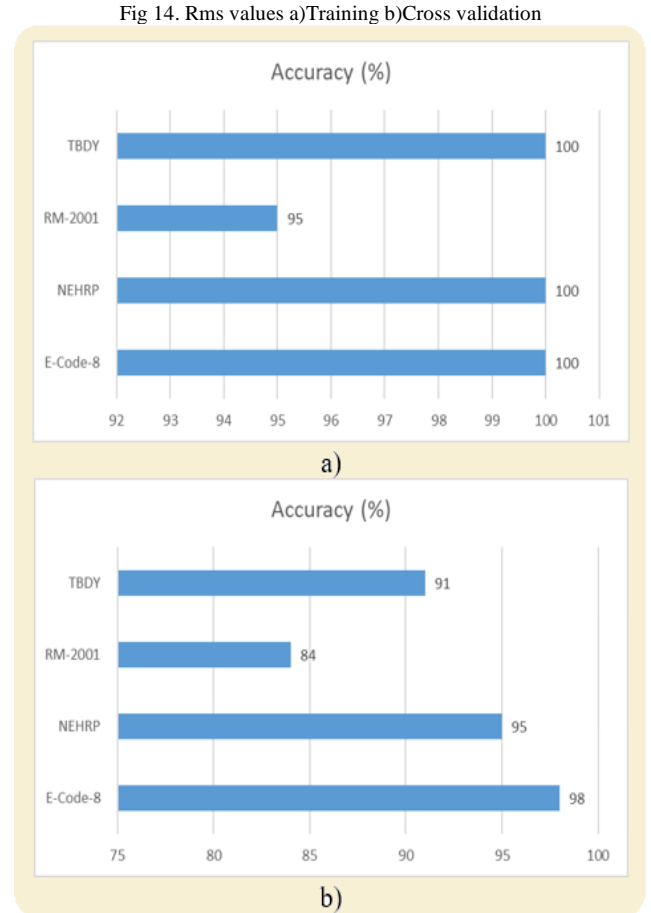
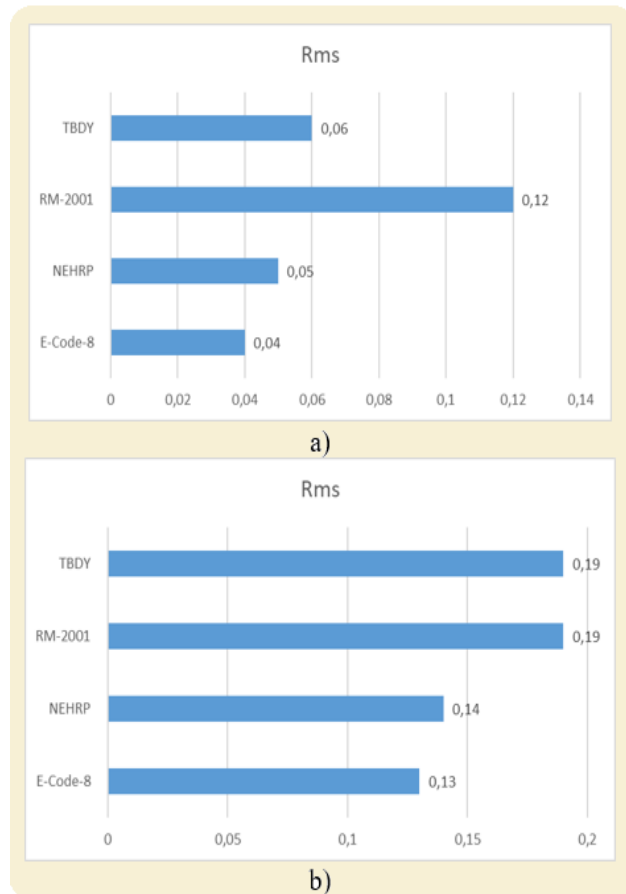


Fig 14. Rms values a)Training b)Cross validation

Fig 15 Accuracy values a)Training b)Cross validation



In successful classification, all other metrics except the Rms value are required to be 1 or close to 1. When the data set was classified according to Rm, the lowest performance metrics were obtained. Higher metric values were calculated when classified according to other regulations. When the Rms values were compared, the highest Rms value was calculated when the data set was classified according to Rm.

IV.DISCUSSION CONCLUSION

Especially in countries located in the earthquake zone, deaths and damages should be prevented. It is possible to prevent these damages by building a structure suitable for the ground. For example, there is a danger of liquefaction during an earthquake in very loose and sandy soils. For this reason, effects such as collapse, sliding and overturning are frequently seen in the structures. Suitable for hard site construction whenever possible.

This study is important for reducing earthquake damage and for a reliable construction. The sites were classified using data obtained by geophysical methods. These classifications were made according to different regulations. Limited data were used. It is planned to carry out a more detailed study by increasing the number of data in future studies. In the study, the site classification of Hatay province was made according to different regulations. Feed Forward Backpropagation Artificial Neural Networks was used. As a result, the highest metric values were calculated in the classifications according to the E-code regulation. Therefore, the most successful classification is configured according to the E-code regulation.

The accuracy of this classification is 100% in training, 98% in cross validation. It was also classified with the lowest error. The Rms error rate is 0.04 in training and 0.13 in cross validation.

Statement of Conflicts of Interest

There is no conflict of interest between the authors.

Statement of Research and Publication Ethics

The authors declare that this study complies with Research and Publication Ethics

REFERENCES

- [1] Kanlı, A. I., Tildy, P., Prónay, Z., Pınar, A., & Hermann, L. (2006). VS 30 mapping and soil classification for seismic site effect evaluation in Dinar region, SW Turkey. *Geophysical Journal International*, 165(1), 223-235.
- [2] Foti, S., Parolai, S., Albarello, D., & Picozzi, M. (2011). Application of surface-wave methods for seismic site characterization. *Surveys in geophysics*, 32, 777-825.
- [3] Picozzi, M., Strollo, A., Parolai, S., Durukal, E., Özel, O., Karabulut, S., ... & Erdik, M. (2009). Site characterization by seismic noise in Istanbul, Turkey. *Soil Dynamics and Earthquake Engineering*, 29(3), 469-482.
- [4] Ulusay, R., & Kuru, T. (2004). 1998 Adana-Ceyhan (Turkey) earthquake and a preliminary microzonation based on liquefaction potential for Ceyhan Town. *Natural Hazards*, 32, 59-88.
- [5] Pamuk, E., Özdağ, Ö. C., & Akgün, M. (2019). Soil characterization of Bornova Plain (Izmir, Turkey) and its surroundings using a combined survey of MASW and ReMi methods and Nakamura's (HVSr) technique. *Bulletin of Engineering Geology and the Environment*, 78, 3023-3035.
- [6] Pamuk, E., Özdağ, Ö. C., Tunçel, A., Özyalın, Ş., & Akgün, M. (2018). Local site effects evaluation for Aliağa/Izmir using HVSr (Nakamura technique) and MASW methods. *Natural Hazards*, 90, 887-899.
- [7] Salata, S., & Uzelli, T. (2022). Are Soil and Geology Characteristics Considered in Urban Planning? An Empirical Study in Izmir (Türkiye). *Urban Science*, 7(1), 5.
- [8] Gülkan, P., Çeken, U., Çolakoğlu, Z., Uğraş, T., Kuru, T., Apak, A., Anderson, J. G., Sucuoğlu, H., Çelebi, M., Akkar, D. S., Yazgan, U. & Denizlioğlu, A. Z. (2007). Enhancement of the national strong-motion network in Turkey. *Seismological Research Letters*, 78(4), 429-438.
- [9] Kurtuluş, C. & Bozkurt, A. (2016). Integration of geophysical and geotechnical investigations for Çayırhan town. *Journal of Applied Earthscience*, 8(2), 15-27.
- [10] Kurtuluş, C., Sertçelik, İ., Sertçelik, F., Livaoğlu, H., & Şaş, C. (2020). Investigation of soil characterization in Hatay Province in Turkey by using Seismic Refraction, Multichannel Analysis of Surface Waves and Microtremor. *Earth Sciences Research Journal*, 24(4), 473-484.
- [11] BSSC (Building Seismic Safety Council) (2003). Recommended Provisions for Seismic Regulations for New Buildings and Other Structures and Accompanying Commentary and Maps. FEMA 450, Chapter 3, 17-49.
- [12] 12) CEN (European Committee for Standardization) (2003). Design of structures for earthquake resistance – part 1: general rules, seismic actions and rules for buildings, EN-1998- 2003, European Committee for Standardization, Brussels
- [13] TDBY Türkiye (2018). Deprem ve Bina Yönetmeliği, Resmî Gazete, Sayı:30364, 18 Mart.
- [14] Rodriguez-Marek, A., Bray, J. D. & Abrahamson, N. A. (2001). An empirical geotechnical site response procedure. *Earthquake Spectra*, 17(1), 65–87.
- [15] Tildy, P., Hermann, L., & Neduzca, B. (2007, September). Problems and Possible Solutions of Geophysics in Eurocode 8 Based Soil Classification. In *Near Surface 2007-13th EAGE European Meeting of Environmental and Engineering Geophysics* (pp. cp-30). European Association of Geoscientists & Engineers.
- [16] Paliwal, M., Goswami, H., Ray, A., Bharati, A. K., Rai, R., & Khandelwal, M. (2022). Stability prediction of residual soil and rock slope using artificial neural network. *Advances in Civil Engineering*, 2022.
- [17] Mittal, M., Satapathy, S. C., Pal, V., Agarwal, B., Goyal, L. M., & Parwekar, P. (2021). Prediction of coefficient of consolidation in soil using machine learning techniques. *Microprocessors and Microsystems*, 82, 103830.
- [18] Jalal, F. E., Xu, Y., Iqbal, M., Javed, M. F., & Jamhiri, B. (2021). Predictive modeling of swell-strength of expansive soils using artificial intelligence approaches: ANN, ANFIS and GEP. *Journal of Environmental Management*, 289, 112420.
- [19] Pradeep, T., Bardhan, A., Burman, A., & Samui, P. (2021). Rock strain prediction using deep neural network and hybrid models of anfis and meta-heuristic optimization algorithms. *Infrastructures*, 6(9), 129.

Detection of new candidate compounds against four antibiotic targets using explainable artificial intelligence by molecular fingerprints

Kevser Kübra Kırboğa^{1,2}, Naeem Abdul Ghafoor³ and Ömür Baysal^{3,*}

¹Bioengineering Department/Bilecik Seyh Edebali University, Bilecik, Türkiye (kubra.kirboga@bilecik.edu.tr) (ORCID: 0000-0000-0000-0000)

²Informatics Institute, Istanbul Technical University, Maslak, Istanbul, 34469, Türkiye

^{3*} Faculty of Science, Department of Molecular Biology and Genetics, Molecular Microbiology Unit, Muğla Sıtkı Koçman University, Kötekli, Türkiye (omurbaysal@mu.edu.tr) (ORCID: 0000-0001-5104-0983, (N.A.G. ORCID ID: 0000-0002-4200-7679)

Abstract – Antibiotic resistance is a threat that renders bacteria ineffective against antibiotics and makes it difficult to treat infections. Therefore, finding new target compounds is essential in discovering and developing new antibiotics. In this study, we developed an artificial intelligence algorithm that can predict and explain the pIC50 values for four antibiotic targets (Penicillin Binding Proteins (PB), β -Lactamase (BL), DNA Gyrase (DG), and Dihydrofolate Reductase (DR)). The algorithm uses molecular fingerprints of the molecules to predict the pIC50 values using the random forest regression method. We created the algorithm in a transparent and interpretable way. We used permutation feature importance (PFI) and Shapley explanations methods to identify the different molecular fingerprints that have the most influence on the pIC50 values. The results obtained from these methods show that different molecular fingerprints are essential for different antibiotic targets. According to the permutation importance results, KRFPC1646 (number of hydrogen bond donors of the compound) for BL and DR targets; 579 (a substructure with 5 bonded radius around the atom) for DG target; SubFPC182 (number of aromatic rings in the molecule) for PB target, are important fingerprints. With explainable artificial intelligence (XAI) (SHAP), KRFPC1646 (the number of hydrogen bond donors of the compound) for BL; KRFPC4274 (C1CCCCC1) for DR; 401 (C1CCCCC1) for DG; SubFPC182 (number of aromatic rings in the molecule) were determined as important fingerprints for PB. These results demonstrate the effectiveness and potential of using molecular fingerprints with explainable artificial intelligence to find new antibiotic candidates.

Keywords – antibiotics, explainable artificial intelligence, shapley explanations, machine learning

Citation: Kırboğa, Kevser., Ghafoor, Naeem., Baysal, Ömür. (2023). Detection of new candidate compounds against four antibiotic targets using artificial intelligence explained by molecular fingerprints. International Journal of Multidisciplinary Studies and Innovative Technologies, 7(2): 47-52

I. INTRODUCTION

Antibiotics have formed the basis of modern medicine since the discovery of Penicillin, and the continued effectiveness of these drugs is uncertain due to the global spread of antibiotic resistance [1]. Furthermore, the development of new antibiotics has been declining due to a lack of economic incentives in the private sector, exacerbating this problem [2, 3]. Antibiotic resistance is a problem that reduces the effectiveness of existing antibiotics and complicates the treatment of infections. Unfortunately, the current antimicrobial crisis, which is to blame for 700,000 deaths globally each year, is the result of the enticing gradual growth of antibiotic resistance [4]. Therefore, discovering new antibiotics can contribute to health by providing alternative options for treating resistant infections. Antibiotics are one of the cornerstones of modern medicine, and bacterial resistance is known to occur to a minimal extent immediately after or immediately after the introduction of an antimicrobial agent [5-9]. It is stated that there are significant differences between organisms and

antibiotics at the time of the emergence of resistance. New antibiotics stimulate innovation in medicine and pharmacology. It allows for the improvement of existing treatment methods and the development of more effective, safer antibiotics. This diversifies treatment options and can help control infections more effectively. In the last two decades, critical perspectives such as resistance gene detection, genome sequencing, and rapid pathogen identification have been developed to develop new antibiotics. But technologies such as artificial intelligence (AI), machine learning (ML), and neural networks (NN) process enormous amounts of data almost instantly, ushering in a new golden age in drug discovery and synthesis [10, 11]. Table 1 summarizes AI's studies on antibiotic drugs. Traditional drug discovery techniques require high costs, long synthesis, testing and application processes, expensive equipment and extensive human resources, which are the most difficult to obtain. Alternatively, automated computer-assisted drug discovery techniques are more economical and rapid, enabling faster progression to preclinical and clinical testing phases [12].

Table 1. Artificial Intelligence technologies used in antibiotics studies.

Highlights	Technology	Ref.
The use of spectroscopy to identify specific biochemical fingerprints and machine learning to evaluate and predict the mode of action and potency of various antibiotics.	ML + high-throughput Fourier-transform infrared spectroscopy(FTIR)	[13]
Estimating phenotypic changes and antibacterial potency of various substances using a random forest model.	ML-random forest model	[14]
Estimation of possible antibacterial agents using DL and NN by searching databases.	DL + NN	[15]
Using ML to search and find possible candidates with beta-lactamase inhibition properties.	ML-random forest model	[16]
Using neural networks to distinguish between bacteriocin-containing sequences and those containing con-bacteriocin.	RNN	[17]
Using ANN to build computational chemistry models, identify and classify antimicrobial compounds.	ANN	[18]
Evaluating antimicrobial susceptibility and phenotypic polymyxin resistance using ML.	ML	[19]
Development of an ML algorithm for identifying toxin-like substances that also function as antimicrobial agents.	ML	[20]

Applying NN to examine the characteristics and composition of amino acids and peptides in order to find fresh antibacterial peptides.	NN	[21]
Using Mask-Loss 1D convolutional neural network (ML-ConvNet) for antibiotic resistance prediction in datasets with missing labels	ML-ConvNet	[22]
Using a ligand-based virtual scanning method, a deep neural network (DNN) model called a multilayer perceptron (MLP) is created to categorize molecules into "active" and "inactive" substances.	DNN, MLP	[23]
Examining the capacity of logistic regression, conditional trees and C5.0 rule-based models to evaluate the impact of critical interpretable prediction approaches using a dataset.	logistics regression	[24]

This study aims to apply an interpretable algorithm that supports the prodrug discovery stage against Penicillin Binding Proteins (PB), β -Lactamase (BL), DNA Gyrase (DG), and Dihydrofolate Reductase (DR) enzymes on the deficiency seen in the literature. Our study offers a transparent and interpretable perspective on new antibiotic discovery based on various molecular fingerprints (Figure 1).

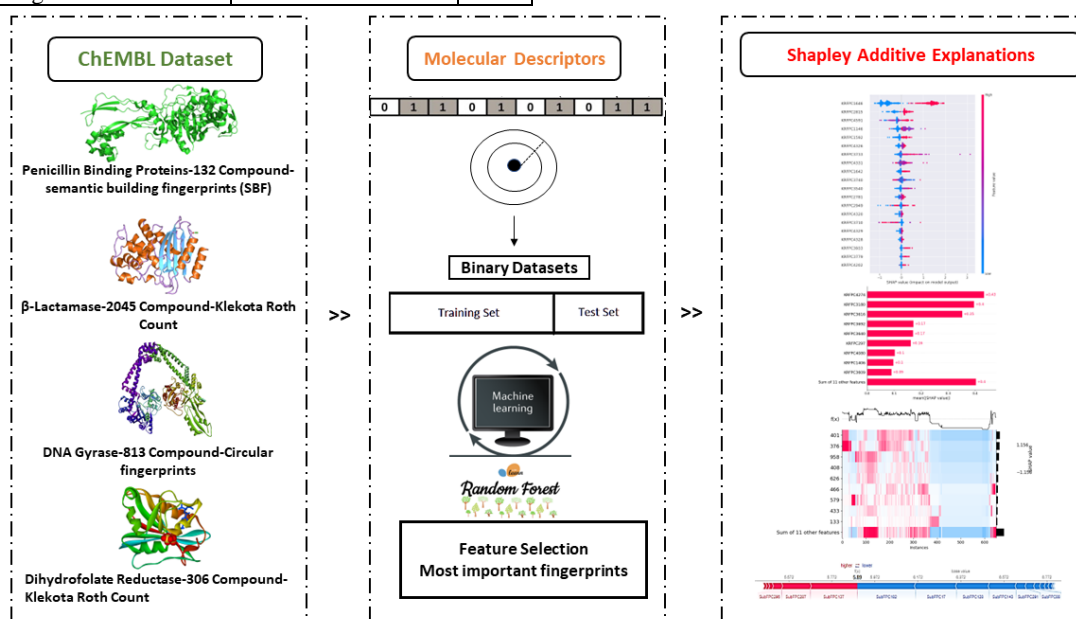


Fig. 1. Workflow of molecular fingerprint similarity study against Penicillin Binding Proteins, β -Lactamase, DNA Gyrase, and Dihydrofolate Reductase enzymes with explainable artificial intelligence methods.

II. MATERIALS AND METHOD

The examination of candidate antibiotics within the framework of molecular fingerprints (Klekota Roth Count, Circular Fingerprint and Infrastructure Fingerprint Number) by XAI is shown in Figure 1. In this study, new Penicillin Binding Proteins (PBP), and β -Lactamase (BL), DNA Gyrase (DG), and Dihydrofolate Reductase (DR) enzymes were analyzed using ChEMBL 32, PubChem, BindingDB

databases. The molecular properties of anti-antibiotic candidates were predicted by XAI with the help of molecular fingerprints [25-27]. The research proceeds in the form of data collection, determination of molecular fingerprints, and application of ML and XAI. Python version 3.11 was used to conduct the research. Matplotlib version 3.7.1, pip version 22.0.4, Sklearn version 1.2.2, Pandas version 2.0.1, RDkit version 2023.3.1, Shap version 0.41.0, eli5 version 0.13.0, scikit-plot version 0.3.7, and NumPy version 1.24.3 were the

libraries used throughout the application. The application was carried out on a computer with Intel(R) Core (TM) i5-8300H CPU 2.30GHz, 64-bit operating system, x64-based processor, and 32 GB RAM.

Data Collection and Preprocessing

According to the results of the preliminary examinations on the ChEMBL and BindingDB databases, since the known inhibitors against the selected target protein were mainly determined based on IC50, the independent variable IC50 was selected in this study, and only compounds with known IC50 values were collected. The prepared library was constructed from the SMILES, ID (ChEMBL or PubChem SID/CID), compound detecting institution, and IC50 values of each compound. Since the library will consist of 4 different sources, in the preprocessing of the libraries, (i) all SMILES were converted to canonical format, (ii) they were free of repetitive compounds/SMILES, (iii) SMILES in crystalline form were desalted, and (iv) IC50 All values were linearized with the $-\log(M)$ transformation (pIC50) by converting Molar units.

Calculation of chemical descriptors and fingerprints

Different sets of "Attributes" were calculated from the SMILES of the compounds in the library to make the compounds in the four libraries suitable for use in machine learning applications. BL and DR are based on the Klekota Roth Count, DG Circular Fingerprint, and SBP Infrastructure Fingerprint Count attributes.

Permutation Feature Importance (PFI)

Due to the increasing complexity of ML models, better explanations are needed on how predictions are made and which input properties are most important in a model's decision. Also known as model explainability, providing clear details and reasons for ML predictions and performance, validating and improving models is essential for the ethical evaluation of model performance and reliability of results [28, 29]. One method that can be used to understand and explain the models' predictions is through the feature importance (FI) calculation, which estimates each feature's contribution to the model's predictions [30]. There are various FI techniques, but this article uses Permutation Feature Importance (PFI), a PFI technique that is very simple to implement and understand. RandomForestRegressor model and PFI method were applied to antibiotic candidates determined against PBP, BL, DG and DR enzymes. Among the data obtained against these enzymes, 20 important molecular fingerprints were identified, and pre-screened features for ML and XAI were used.

Explainable Artificial Intelligence (Shapley Additive exPlanation)

Shapley values are a concept in a collaborative game theory that aims to measure each player's contribution to the game. The method of obtaining Shapley values was proposed by Lioyd Shapley [31] in 1953. Shapley values emerge from the context in which "n" players collectively participate, and each of the "n" earns a "p" reward that is intended to be distributed fairly. Such a contribution is a Shapley value relative to the

individual players' contribution. Shapley Additive Explanations (SHAP) is a method introduced by Lundberg and Lee in 2017 for interpreting the estimations of ML models through Shapely values [32]. The basic idea of SHAP is to calculate Shapley values for each feature of the sample to be interpreted, where each Shapley value represents the effect of the associated feature on the prediction. In this study, the TreeSHAP method was used to determine the molecular properties of chemical compounds. The TreeSHAP method is an effective method for describing the predictions of decision tree-based models. Decision trees to predict the molecular properties of chemical compounds can be annotated with the TreeSHAP method to determine the contribution of specific properties to the prediction [33-35].

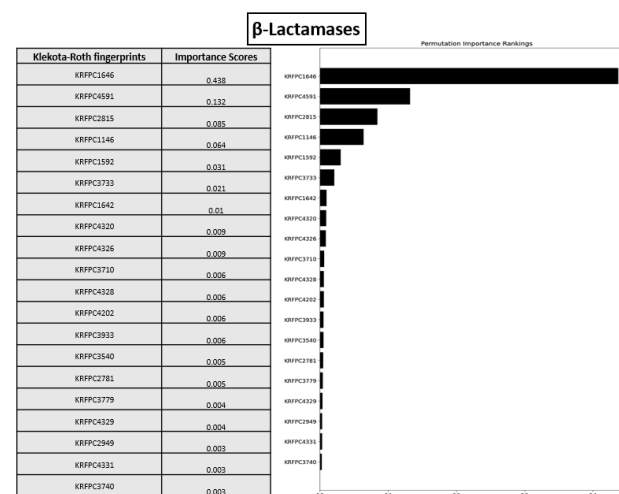
III.RESULTS

Data Collection and Preprocessing

After preprocessing the data in the study, the size of the libraries prepared against each target protein group was finalized as follows: 2045 specific compounds for β -Lactamases (BL), 813 specific compounds for DNA Gyases (DG), 306 specific compounds for Dihydrofolate Reductases (DR), 132 unique compounds for Penicillin Binding Proteins (PB) (**Fig. 2**).

Permutation Feature Importance (PFI)

According to the results of the Permutation Feature Importance (PFI), KRFP1646 (0.438), KKRFP4591 (0.132), and KRFP2815 (0.085) fingerprints have an excellent importance score against the β -Lactamases (BL) target. KRFP1646 (0.438), KRFP3180 (0.133), and KRFP4274(0.133) fingerprints are essential against the target of Dihydrofolate Reductases (DR). 579(0.054), 376 (0.054), and 401 (0.051) circular fingerprints against DNA Gyases (DG) targets are essential. Against Penicillin Binding Proteins (PB) target, SubFPC182 (0.392), SubFPC17 (0.334), and SubFPC291 (0.08) fingerprints are significant (**Fig.2**).



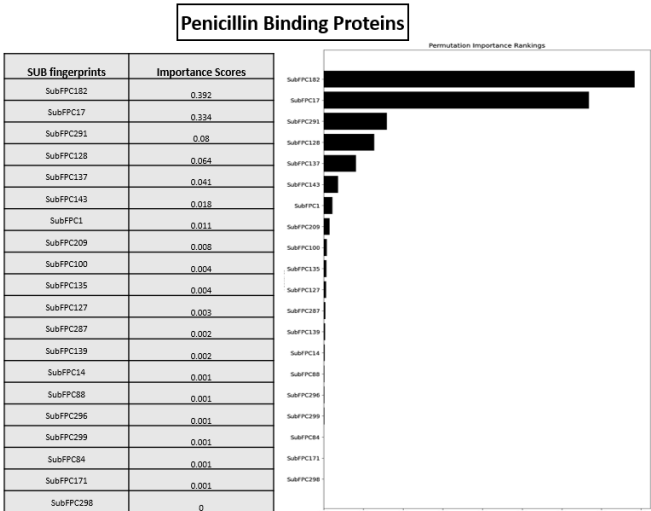
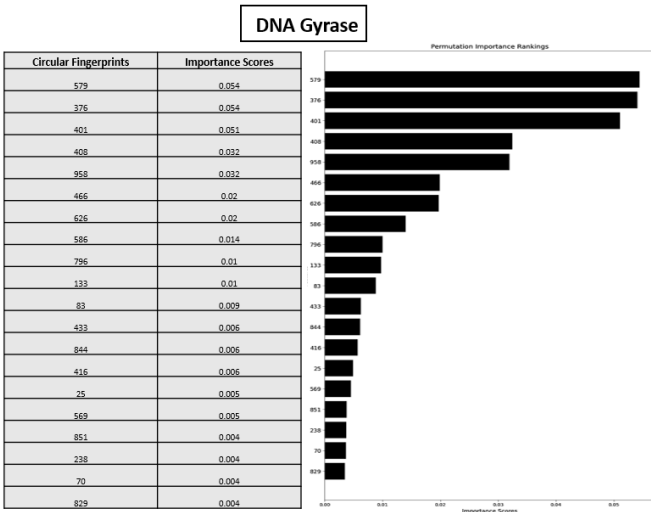
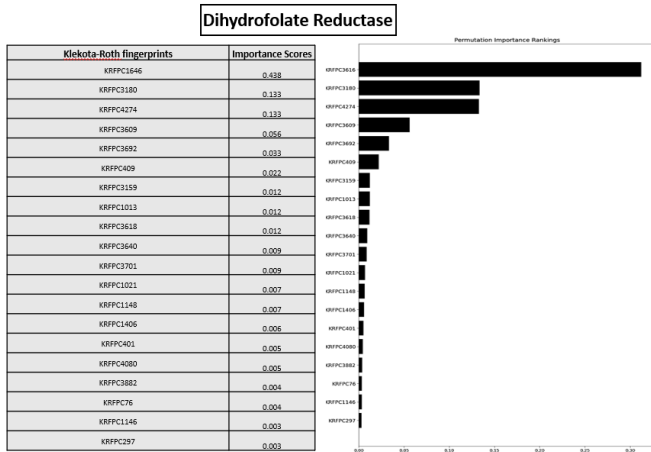


Fig. 2. Ranking of molecular fingerprints by Permutation Feature method.

Explainable Artificial Intelligence (Shapley Additive exPlanation)

When explainable artificial intelligence (SHAP) is applied to the studied data sets, KRFPC1646, KRFPC2815, KRFPC4591 for β -Lactamases (BL); KRFPC4274, KRFPC3180, KRFPC2815, KRFPC3616 for Dihydrofolate Reductases (DR); 401, 376, 958 for DNA Gyrases (DG); For Penicillin Binding Proteins (PB), SubFPC182, SubFPC17 and SubFPC128 were determined to be among the critical fingerprints (Fig.3).

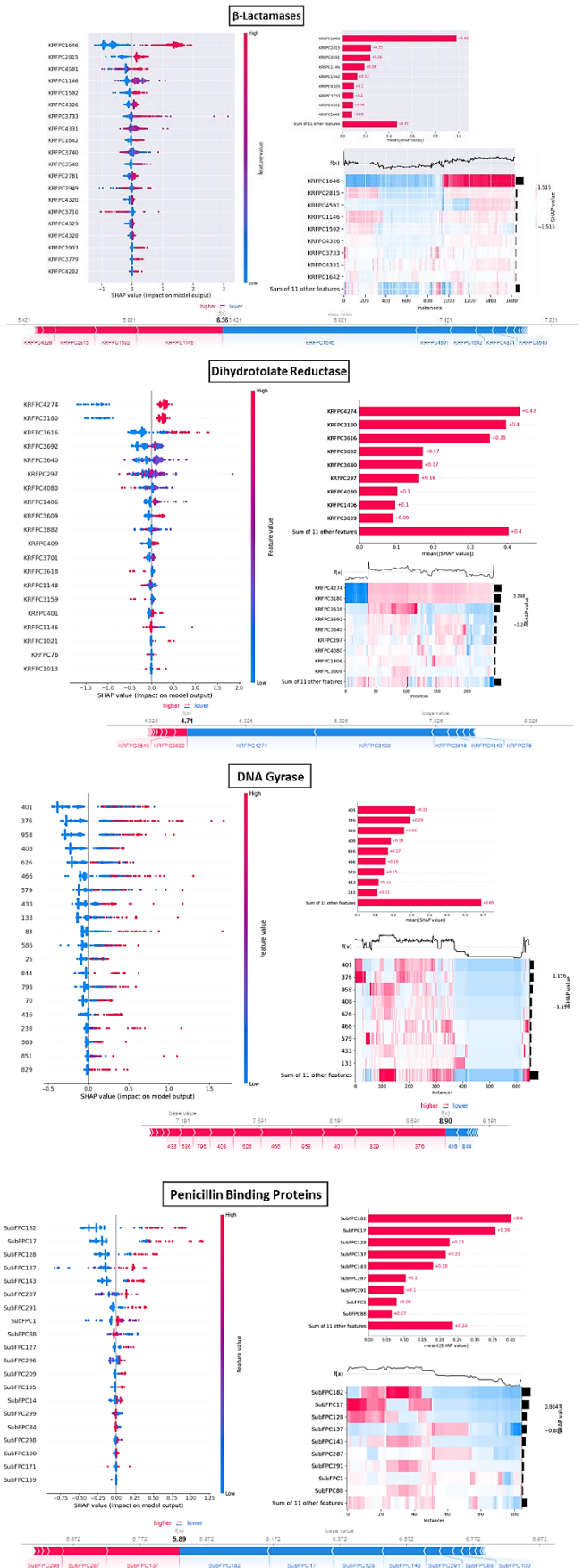


Fig. 3. Beeswarm, bar and heatmap graphics of SHAP analysis, one of the explainable artificial intelligence methods.

IV. DISCUSSION

In this study, we developed an explainable artificial intelligence (XAI) algorithm that can predict the pIC50 values for four antibiotic targets. Using the random forest regression method, the algorithm uses molecular fingerprints of the compounds to predict the pIC50 values. The algorithm also uses permutation feature importance and Shapley explanations methods to identify the molecular fingerprints that have the most influence on the pIC50 values. The results obtained from these methods show that different molecular fingerprints are essential for the four antibiotic targets. These results demonstrate the effectiveness and potential of using molecular fingerprints with XAI to find new antibiotic candidates. Molecular fingerprints are numerical vectors representing chemical compounds' structural or physicochemical properties [36].

The results of ShAP analyses show that different molecular fingerprints play an important role. Both PFI Dihydrofolate Reductases and SHAP β -Lactamases target and methods show KRFP1646 as one of the important fingerprints. KRFP1646 fingerprint indicates the number of hydrogen bond donors of the compound. This result may suggest that compounds with high hydrogen bond donors are more effective against β -Lactamases and Dihydrofolate Reductases. In our Shap results, we present graphs showing the contribution of each molecular fingerprint to the pIC50 value.

On the other hand, we see that the KRFP1146 fingerprint has both the longest and the reddest bar. This indicates that the KRFP1146 fingerprint is the most increasing and the most important fingerprint for the pIC50 value for the BL target. KRFP1146 contains a pyridine ring, an amide group, and a nitrile group. We see that KRFP4274 and KRFP3180 fingerprints have both the longest and the bluest bars for Dihydrofolate Reductases. These fingerprints indicate that they are the most decreasing and the most important fingerprints for pIC50 value. KRFP4274 indicates the number of hydroxyl groups in the molecule; KRFP3180 indicates the number of carbonyl groups in the molecule. For DNA Gyrase, 401-376-958 fingerprints have a red bar. This indicates that these fingerprints are the most increasing and significant for pIC50 value. Circular fingerprints are topological fingerprints that encode substructures with a certain radius around each atom in the molecule [37]. The circular fingerprint 401 represents a substructure with 4 bonded radii around the atom [38]. Circular fingerprints 376 represent a substructure with 3 bonded radii around the atom. Of the circular fingerprints, 958 represent a hydroxyl group found in molecules. The hydroxyl group can affect the solubility and acidity of molecules [39]. For Penicillin Binding Proteins, we found that the SubFPC182, SubFPC17 and SubFPC128 fingerprints had both the longest and the bluest bar. SubFPC182 is the number of aromatic rings in the molecule; SubFPC17 is the number of hydrogen bond donors; SubFPC128 shows the number of carbonyl groups in the molecule [40]. It was seen that the SubFPC137 fingerprint had the reddest bar. This shows that the SubFPC137 fingerprint is the one that reduces the pIC50 value the most. SubFPC137 are fingerprints called substructure fingerprint count. This fingerprint shows the number of vinylog ester groups in the molecule [41]. The vinylog ester group is a functional group with a carbonyl group attached to an alkene. This group may be a property that may affect the interaction of the compound

with penicillin-binding proteins. The SHAP and PFI methods results show that different molecular fingerprints are important for different antibiotic targets. These results demonstrate the efficacy and potential of using molecular fingerprints and XAI to find new antibiotic candidates. In addition to this study, some future studies are to estimate and compare pIC50 values with different molecular fingerprints and different machine learning (ML) methods, to estimate and explain pIC50 values for different antibiotic targets, to design new antibiotic candidates using predicted pIC50 values, and to synthesize, and experimentally confirm the predicted pIC50 values. The limitations of this study are that molecular fingerprints may not reflect all the structural or physicochemical properties of molecules, random forest regression may not be suitable for complex and high-dimensional data, permutation feature significance and Shapley annotations may be computationally costly, and pIC50 values may not be the only determinants of antibiotic efficacy.

V. CONCLUSION

The explainable algorithm estimates pIC50 values by random forest regression method using molecular fingerprints of molecules. The algorithm also uses permutation feature significance and Shapley annotations to identify the molecular fingerprints that have the most influence on pIC50 values. The results obtained with these methods show that different molecular fingerprints are essential for different antibiotic targets. These results demonstrate the efficacy and potential of using molecular fingerprints and XAI to find new antibiotic candidates.

ACKNOWLEDGMENT

This study emerged from the TUBITAK 1002, "Developing a Machine Learning-Based Bioinformatics Framework for the Identification of New Antibacterial Agents, 122E082".

Authors' Contributions

The authors' contributions to the paper are equal.

Statement of Conflicts of Interest

There is no conflict of interest between the authors.

Statement of Research and Publication Ethics

The authors declare that this study complies with Research and Publication Ethics

REFERENCES

- [1] J. M. Stokes *et al.*, "A Deep Learning Approach to Antibiotic Discovery," *Cell*, vol. 180, no. 4, pp. 688-702.e13, 2020/02/20/ 2020, doi: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.01.021>.
- [2] E. D. Brown and G. D. Wright, "Antibacterial drug discovery in the resistance era," *Nature*, vol. 529, no. 7586, pp. 336-343, 2016.
- [3] P. E. W. Trusts. "Five-year analysis shows continued deficiencies in antibiotic development." <https://www.pewtrusts.org/en/research-and-analysis/data-visualizations/2019/five-year-analysis-shows-continued-deficiencies-in-antibiotic-development> (accessed).
- [4] J. O'Neill. "Antimicrobial Resistance:Tackling a crisis for the health and wealth of nations." <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/ecdcemea-joint-technical-report-bacterial-challenge-time-react> (accessed 29.05, 2023).
- [5] A. P. Ball *et al.*, "Future trends in antimicrobial chemotherapy: expert opinion on the 43rd ICAAC," (in eng), *J Chemother*, vol. 16, no. 5, pp. 419-36, Oct 2004, doi: 10.1179/joc.2004.16.5.419.

- [6] R. P. Bax *et al.*, "Antibiotic resistance - what can we do?," *Nature Medicine*, vol. 4, no. 5, pp. 545-546, 1998/05/01 1998, doi: 10.1038/nm0598-545.
- [7] A. R. Coates and Y. Hu, "Novel approaches to developing new antibiotics for bacterial infections," (in eng), *Br J Pharmacol*, vol. 152, no. 8, pp. 1147-54, Dec 2007, doi: 10.1038/sj.bjp.0707432.
- [8] K. Chaibi *et al.*, "What to Do with the New Antibiotics?," *ANTIBIOTICS-BASEL*, vol. 12, no. 4, APR 2023, Art no. 654, doi: 10.3390/antibiotics12040654.
- [9] O. V. Kisil, N. I. Gabrielyan, and V. V. Maleev, "Antibiotic resistance - what can be done? A review," *TERAPEVTICHESKII ARKHIV*, vol. 95, no. 1, pp. 90-95, 2023, doi: 10.26442/00403660.2023.01.202040.
- [10] K. K. Kirboğa, S. Abbasi, and E. U. Küçüksille, "Explainability and white box in drug discovery," *Chemical Biology & Drug Design*, vol. n/a, no. n/a, doi: <https://doi.org/10.1111/cbdd.14262>.
- [11] L. David *et al.*, "Artificial Intelligence and Antibiotic Discovery," *Antibiotics*, vol. 10, no. 11, p. 1376, 2021. [Online]. Available: <https://www.mdpi.com/2079-6382/10/11/1376>.
- [12] K. K. Kirboğa and E. U. Küçüksille, "Perspectives on Computer Aided Drug Discovery," (in en scheme="ISO639-1"), *11*, Review Articles 2023, doi: <https://dergipark.org.tr/en/pub/dufed/issue/70232/1103457>.
- [13] B. Cunha, L. Fonseca, and C. Calado, "Simultaneous elucidation of antibiotics mechanism-of-action and potency with high-throughput fourier-transform Infrared spectroscopy and machine-learning," *App. Microb. Biot*, vol. 105, pp. 1269-1286, 2021.
- [14] S. Zoffmann *et al.*, "Machine learning-powered antibiotics phenotypic drug discovery," *Scientific reports*, vol. 9, no. 1, p. 5013, 2019.
- [15] J. M. Stokes *et al.*, "A deep learning approach to antibiotic discovery," *Cell*, vol. 180, no. 4, pp. 688-702. e13, 2020.
- [16] N. Parvaiz, F. Ahmad, W. Yu, A. D. MacKerell Jr, and S. S. Azam, "Discovery of beta-lactamase CMY-10 inhibitors for combination therapy against multi-drug resistant Enterobacteriaceae," *PLoS One*, vol. 16, no. 1, p. e0244967, 2021.
- [17] M.-N. Hamid and I. Friedberg, "Identifying antimicrobial peptides using word embedding with deep recurrent neural networks," *Bioinformatics*, vol. 35, no. 12, pp. 2009-2016, 2019.
- [18] A. Badura, J. Krysiński, A. Nowaczyk, and A. Buciuński, "Application of artificial neural networks to prediction of new substances with antimicrobial activity against *Escherichia coli*," *Journal of Applied Microbiology*, vol. 130, no. 1, pp. 40-49, 2021.
- [19] N. Macesic, O. J. Bear Don't Walk IV, I. Pe'er, N. P. Tatonetti, A. Y. Peleg, and A.-C. Uhlemann, "Predicting phenotypic polymyxin resistance in *Klebsiella pneumoniae* through machine learning analysis of genomic data," *Msystems*, vol. 5, no. 3, pp. e00656-19, 2020.
- [20] E. N. Graftskaia *et al.*, "Discovery of novel antimicrobial peptides: A transcriptomic study of the sea anemone *Cnidopus japonicus*," *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, vol. 16, no. 02, p. 1840006, 2018.
- [21] X. Su, J. Xu, Y. Yin, X. Quan, and H. Zhang, "Antimicrobial peptide identification using multi-scale convolutional network," *BMC bioinformatics*, vol. 20, no. 1, pp. 1-10, 2019.
- [22] M. Tharmakulasingam, B. Gardner, R. L. Ragione, and A. Fernando, "Explainable Deep Learning Approach for Multilabel Classification of Antimicrobial Resistance With Missing Labels," *IEEE Access*, vol. 10, pp. 113073-113085, 2022, doi: 10.1109/ACCESS.2022.3216896.
- [23] M. I. Oladunjoye, O. O. Obe, and O. D. Alowolodu, *A deep neural network for the identification of lead molecules in antibiotics discovery* (Explainable Artificial Intelligence in Medical Decision Support Systems). 2022, pp. 381-400.
- [24] B. Cánovas-Segura *et al.*, "Exploring Antimicrobial Resistance Prediction Using Post-hoc Interpretable Methods," in *Artificial Intelligence in Medicine: Knowledge Representation and Transparent and Explainable Systems*, Cham, M. Marcos *et al.*, Eds., 2019// 2019: Springer International Publishing, pp. 93-107.
- [25] A. Gaulton *et al.*, "The ChEMBL database in 2017," *Nucleic Acids Research*, vol. 45, no. D1, pp. D945-D954, 2017-01-04 2017, doi: 10.1093/nar/gkw1074.
- [26] T. Liu, Y. Lin, X. Wen, R. N. Jorissen, and M. K. Gilson, "BindingDB: a web-accessible database of experimentally determined protein-ligand binding affinities," (in eng), *Nucleic Acids Res*, vol. 35, no. Database issue, pp. D198-201, Jan 2007, doi: 10.1093/nar/gkl999.
- [27] S. Kim *et al.*, "PubChem Substance and Compound databases," (in eng), *Nucleic Acids Res*, vol. 44, no. D1, pp. D1202-13, Jan 4 2016, doi: 10.1093/nar/gkv951.
- [28] aporia-ai. "Permutation-importance." Github. https://github.com/aporia-ai/Permutation-importance/blob/main/Permutation%20importance/RegressionTask_curl_house.ipynb (accessed 23.05.2023, 2023).
- [29] A. Altmann, L. Toloşi, O. Sander, and T. Lengauer, "Permutation importance: a corrected feature importance measure," *Bioinformatics*, vol. 26, no. 10, pp. 1340-1347, 2010.
- [30] F. Pedregosa *et al.*, "Scikit-learn: Machine Learning in Python," *J. Mach. Learn. Res.*, vol. 12, no. null, pp. 2825-2830, 2011.
- [31] L. S. Shapley, "17. A Value for n-Person Games," in *Contributions to the Theory of Games (AM-28), Volume II*, K. Harold William and T. Albert William Eds. Princeton: Princeton University Press, 1953, pp. 307-318.
- [32] S. Lundberg and S.-I. Lee, *A Unified Approach to Interpreting Model Predictions*. 2017.
- [33] R. Mitchell, E. Frank, and G. Holmes, "GPUTreeShap: massively parallel exact calculation of SHAP scores for tree ensembles," (in eng), *PeerJ Comput Sci*, vol. 8, p. e880, 2022, doi: 10.7717/peerj-cs.880.
- [34] C. Molnar, "Interpretable Machine Learning," *Self published*, 2020. [Online]. Available: <https://christophm.github.io/interpretable-ml-book/>.
- [35] S. M. Lundberg, G. G. Erion, and S.-I. Lee, "Consistent Individualized Feature Attribution for Tree Ensembles," 2019-03-07T00:06:09 2019.
- [36] A. Capecchi, D. Probst, and J.-L. Reymond, "One molecular fingerprint to rule them all: drugs, biomolecules, and the metabolome," *Journal of Cheminformatics*, vol. 12, no. 1, p. 43, 2020/06/12 2020, doi: 10.1186/s13321-020-00445-4.
- [37] R. L. Apodaca. "Computing Extended Connectivity Fingerprints." <https://depth-first.com/articles/2019/01/11/extended-connectivity-fingerprints/> (accessed).
- [38] C. M. Consulting. "Examples of Fingerprint and Descriptors." https://www.cambridgemedchemconsulting.com/resources/hit_identification/examples_descriptors.php (accessed).
- [39] R. C. Glem, A. Bender, C. H. Arny, L. Carlsson, S. Boyer, and J. Smith, "Circular fingerprints: flexible molecular descriptors with applications from physical chemistry to ADME," (in eng), *IDrugs*, vol. 9, no. 3, pp. 199-204, Mar 2006.
- [40] N. Suvannang *et al.*, "Probing the origin of estrogen receptor alpha inhibition via large-scale QSAR study," *RSC Advances*, 10.1039/C7RA10979B vol. 8, no. 21, pp. 11344-11356, 2018, doi: 10.1039/C7RA10979B.
- [41] C. Phanus-Umporn, W. Shoombuatong, V. Prachayasittikul, N. Anuwongcharoen, and C. Nantasenamat, "Privileged substructures for anti-sickling activity via cheminformatic analysis," (in eng), *RSC Adv*, vol. 8, no. 11, pp. 5920-5935, Feb 2 2018, doi: 10.1039/c7ra12079f.

COVID-19 and Non-COVID-19 Classification from Lung CT-Scan Images Using Deep Convolutional Neural Networks

Özlu Dolma^{1*}

^{1*}Department of Business Administration, Pamukkale University, Denizli, Türkiye (odolma@pau.edu.tr) (ORCID: 0000-0002-3947-898X)

Abstract – In this study, three different convolutional neural network (CNN) architectures have been used for SARS-COV-2 infection (COVID-19) detection from lung Computerized Tomography (CT) scan images. The dataset comprises 2481 lung CT-scan images, of which 1252 are positive for COVID-19 infection. First, a simple CNN, LeNet-5, was trained from scratch, which resulted in poor classification performance with an accuracy value of 0.78. Then, to overcome the drawback of the limited availability of data, the convolutional bases of two pre-trained networks, VGG-16 and MobileNet, were leveraged to extract features from the dataset. On top of the feature extraction outputs, new classifiers were trained. When the VGG16 and the MobileNet CNN's convolutional bases were used for feature extraction, accuracy values of 0.974 and 0.984 were obtained, respectively. The findings indicate that using pre-trained CNN models for feature extraction and then training a simpler, fully connected network structure for classification successfully differentiates CT-scan images of patients with COVID-19 infection from the ones without COVID-19 infection.

Keywords – COVID-19, Convolutional Neural Networks, Feature Extraction, Classification, Deep Learning

Citation: Dolma, O. (2023). COVID-19 and Non-COVID-19 Classification from Lung CT-Scan Images Using Deep Convolutional Neural Networks. International Journal of Multidisciplinary Studies and Innovative Technologies, 7(2): 53-60.

I. INTRODUCTION

COVID-19 is a contagious and infectious disease caused by the severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-COV-2). Computed tomography (CT) is a widely used modality for disease or lesion detection, including COVID-19 infection. The diagnosis based on CT-scan images usually depends on a specialist's (e.g., radiologist, physician, clinician) visual evaluation of the images. Computer-aided diagnosis (CADx) can be used as an alternative method for medical diagnosis to reduce the burden on human interpreters by enabling automated analysis of huge amounts of medical images and to support and improve the decision-making process. In CADx, machine learning methods, including deep learning, are utilized to analyze past samples of patient data and develop a model that can be used to predict the disease outcome of a new patient [1].

While CADx systems are already being used as an aid for the detection and interpretation of diseases [2] and are commercially available for lung nodule detection on chest radiography or thoracic CT [3], in numerous studies, convolutional neural network (CNN) based deep learning algorithms were employed to interpret CT-scan or X-ray images automatically and to predict various lung diseases. CNN architectures have also been utilized for the diagnosis of COVID-19. [4] and [5] provided lists of previous studies where different CNNs models were applied to detect COVID-19 infection. They compared the studies in terms of the dataset used, the CNN models or other techniques adopted, and the performance metrics achieved.

In this study, it was aimed to develop a framework to perform the automatic detection of COVID-19 infection in

lung CT-scan images using CNN-based deep learning algorithms. For this purpose, given the availability of only a small dataset, a simple LeNet-5 CNN model was first trained, which resulted in poor classification performance but provided a baseline for what can be achieved when a model is trained from scratch. To overcome the drawback of a limited amount of data, pre-trained models, VGG-16 and MobileNet, were used for feature extraction, which were then integrated with a new classifier composed of a small number of layers. Each model's performance was evaluated separately. The classification performances of the proposed methods were assessed and compared with respect to evaluation metrics of accuracy, loss, precision, recall, and the AUC (Area under the curve) of the ROC (Receiver operating characteristic).

The rest of this study is organized as follows: First, an overview of the dataset is provided. Next, the theoretical framework and methodology concerning the research question are presented. Then, the experimental results are presented and interpreted. Finally, the study findings are evaluated, and some directions for future work are proposed.

II. MATERIALS AND METHOD

A. An Overview of the Dataset

The dataset was retrieved from the Kaggle datasets repository. It is titled by Kaggle dataset owners as "SARS-COV-2 CT-Scan Dataset" and released under the CC BY-NC-SA 4.0 license. The dataset contains 1252 positive CT scans for SARS-COV-2 infection (COVID-19) and 1229 CT scans for patients non-infected by SARS-COV-2. The data have been collected from real patients in a hospital in Sao Paulo,

Brazil [6]. A sample of CT-Scan images is provided in Figure 1.

B. LeNet-5 Architecture

Given the limited availability of training images, in the current study, first, a simple CNN architecture LeNet-5, with a small number of parameters, was adopted to train a CNN model from scratch. [7] introduced the LeNet-5 model. It is among the earliest CNN architectures developed for image recognition tasks. [7] trained and tested various versions of LeNet-5 on the MNIST database, which is a dataset of images of handwritten digits. The original model of LeNet-5 is composed of an input layer and seven other subsequent layers. It requires 32x32 pixel image input. There are three convolutional layers, the first two of which are followed by subsampling layers. Convolutional layers have 6, 16, and 120 feature maps, respectively, where filters with sizes 5x5 and stride 1 are used. Subsampling layers perform average pooling using filters of size 2x2 with stride 2. The network concludes with a fully connected layer with 84 units and the output layer. The layers up to the fully connected layer are equipped with scaled hyperbolic tangent activation function. The LeNet-5 architecture adapted for the binary classification problem and an image input size of 32x32 is depicted in Figure 2. The figure was adapted based on the LeNet figure retrieved from [8].

In the current study, for the configuration of the training process of the LeNet-5 model, the optimizer (the way in which the gradient of the loss will be used to update the parameters) was specified as “Adam” (Adaptive moment estimation) with a learning rate of 0.0001, the loss function was specified as “binary cross-entropy,” and the metrics were specified as a list of performance metrics evaluated. The number of times the training loop is iterated over the dataset (i.e., number of epochs) was set to 50, and the number of training examples to be used within each epoch in order to compute the gradients for one weight update step (i.e., the batch size used within each epoch) was set to 30.

The LeNet-5 CNN model was previously applied by other researchers to detect patients infected with coronavirus pneumonia using CT-scan images (e.g., [5], [9], [10], [11]). In particular, [10] used the LeNet-5 network to extract features from CT-scan images. Then they applied “eXtreme Gradient Boosting” (XGBoost, [12]) for the classification of the images.

C. Leveraging Pretrained Models

Given the high number of parameters involved in convolutional network structures, the availability of a huge amount of data is relevant to train a model without overfitting. Leveraging a pre-trained model that was previously trained on a large dataset is a commonly adopted approach to deep learning on small image datasets to overcome the problem of overfitting [13]. Moreover, if the model was pre-trained on large and general datasets, the feature hierarchies learned by this model can effectively be used on new problems, even if

the classification task of the new problem is entirely different from that of the original dataset [13].

The amount of SARS-COV-2 CT-Scan data in this study is limited to train a CNN model from scratch. To resolve the overfitting problem, VGG-16 [14] and MobileNet [15] convolutional networks pre-trained on ImageNet Large Scale Visual Recognition Challenge (ILSVRC) dataset [16] were used to extract features from the SARS-COV-2 CT-Scan dataset. That is, the dataset was run through the convolutional base of a pre-trained network to extract features, and then a new classifier was trained on top of the feature extraction output. This process was completed separately for these two CNN architectures, and then the evaluation metrics were compared.

For feature extraction with a pre-trained model, only the convolutional bases of the pre-trained networks are used, letting aside the densely connected classifier layers of the original structures. In CNNs, the convolutional base has two types of hidden layers, namely, convolution layers and pooling layers. Convolution layers are used to find instances of small patterns in the image, whereas pooling layers are used to condense them into a smaller summary image. In the early convolution layers of the network, local features, such as edges, colors, and textures of the input image, are identified. In the layers that come later, these low-level features are combined to form higher-level compound features [17]. After feature maps are extracted, they are introduced to a fully connected network used to implement classification. In the densely connected classification part of the network, the representations learned by the classifier will be specific to the set of classes on which the model was trained and will only contain information about the presence probability of a class in the image, thus, densely connected features are not relevant for the new classification problem [13]. Accordingly, to conduct feature extraction, using only the convolutional base of the pre-trained model is more appropriate.

D. VGG16 Architecture

In a study, [14] evaluated very deep convolutional networks (16–19 weight layers) for large-scale image classification on the ILSVRC dataset. They tested six different convolutional network configurations, including VGG16. VGG16 is a CNN architecture in which an image is passed through stacks of convolutional layers where 3x3 filters with stride 1 are used, and the “same” padding is applied. The convolutional layers are followed by five max-pooling layers. Max-pooling is carried out using 2x2 filters with stride 2. Finally, three fully-connected layers are followed by a “softmax” output layer. All hidden layers are equipped with the ReLU activation function. In total, there are 16 weight layers and about 138 million parameters. The VGG16 architecture’s convolutional base is presented in Figure 3. The figure was adapted from [18].

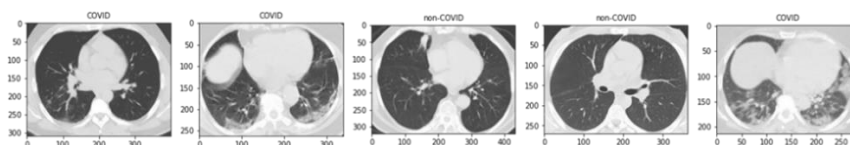


Fig. 1 Samples of CT-scan images

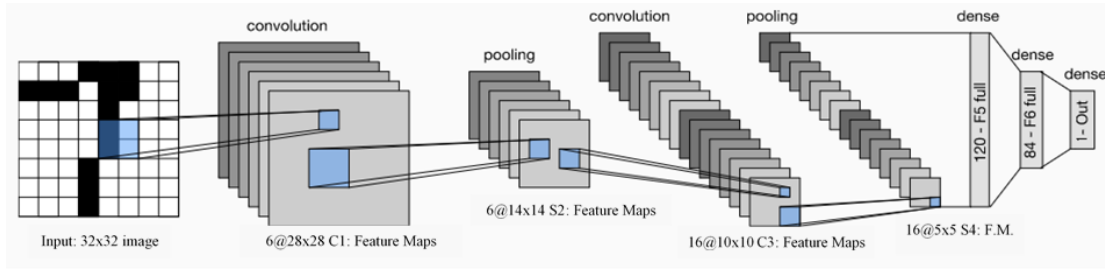


Fig. 2 The LeNet-5 CNN architecture

E. MobileNet Architecture

[15] introduced MobileNets models, replacing the standard convolutions with computationally efficient depthwise separable convolutions. They reduced the computational cost by partitioning the usual one-step operations of filtering and combination (convolution) into two steps using factorized convolutions called depthwise separable convolutions. These convolutions are composed of two layers: depthwise convolutions and pointwise convolutions [15]. Depthwise convolutions apply a single filter per input channel. Then, the pointwise convolution, a simple 1x1 convolution, is used to compute a linear combination of the output of the depthwise convolution [15]. MobileNet uses 3x3 depthwise separable convolutions. Using depthwise separable convolution can reduce accuracy but only at a small rate [15].

When the depthwise and pointwise convolutions are counted separately, the standard MobileNet structure has 28 layers [15]. The first layer is a full convolution layer. All other layers are depthwise separable convolutions followed by batch normalization and ReLU nonlinearity, except for the final fully connected layer, which has no nonlinearity and feeds into a softmax layer for classification [15]. There is a final average pooling that reduces the spatial resolution to 1 before the fully connected layer [15]. Downsampling is conducted with “strided” convolution in the depthwise convolutions and the first layer [15]. In the current study, only the convolutional basis of the structure, layers up to the average pooling layer, were utilized for feature extraction.

[15] have also investigated smaller and faster MobileNets using two model-shrinking hyperparameters; width multiplier and resolution multiplier. These multipliers take values between 0 and 1. The width multiplier is used to make a network thinner uniformly at each layer [15]. The resolution multiplier is applied to the input image, and every layer’s internal representation is subsequently reduced at the same rate

[15]. They showed that the smaller and less computationally expensive MobileNets that adopt these shrinking hyperparameters trade off a reasonable amount of accuracy to a substantial reduction in computational cost. In the current study, the default values for the multipliers were adopted (i.e., the width multiplier = 1.0 and the resolution multiplier = 1.0).

F. Methodology

Once the feature maps were extracted using the convolutional bases of the VGG16 and MobileNet architectures, the tensor output from the process was flattened and fed into a new classifier, which was trained from scratch. It is a regular feedforward neural network used to implement the classification. This last simple network is composed of a few fully connected layers. The first layer is a dense layer with 256 neurons and Rectified Linear Unit (ReLU) activation function. ReLU is a non-linear activation function with the advantage of faster learning and is widely employed as the default activation function in the convolutional layers of CNNs [19]. This layer is followed by a “dropout” layer with a dropout rate of 20%. Adding dropout is a commonly used regularization technique developed by [20], which involves randomly excluding a portion of the output neurons at every training step [19]. This technique has been proven successful in addressing the overfitting problem [21]. The last layer is a sigmoid output layer that estimates class probabilities for binary classification. Finally, the loss function is the binary cross-entropy, and the optimizer is the Root Mean Square Propagation (RMSprop). RMSprop is a variant of stochastic gradient descent (SGD). The default learning rate for RMSprop is 0.001. In this study, it was set to 0.00001 for MobileNet and to 0.00002 for VGG16. The models were trained with a batchsize of 30, and the networks were trained for 50 epochs. The configuration of the fully connected layers is the same for the two networks.

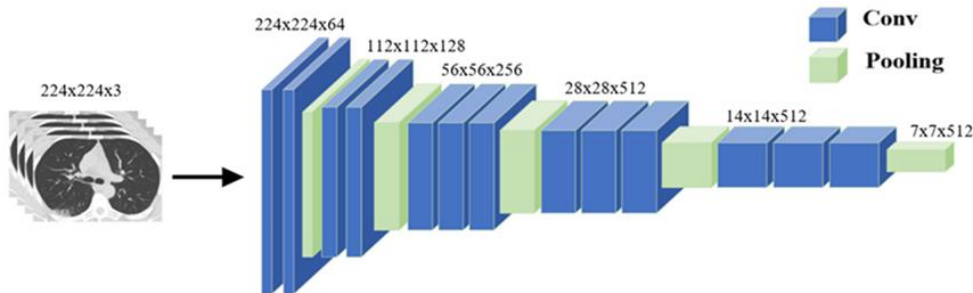


Fig. 3 VGG16 convolutional base

The dataset composed of 2481 lung CT-scan images was split into training (60%), validation (20%), and test (20%) sets. All the images with varied sizes were scaled to a uniform size of 224x224 pixels for training the models backbone by the pre-trained VGG-16 and MobileNet structures. For training the LeNet-5 model, the images were resized to 32x32 since it requires that size of image pixel input. Regarding preprocessing, images represented by pixel values ranging from 0 to 255 were normalized from 0 to 1 by dividing their pixel values by 255.

III.RESULTS

For each of the proposed deep learning models, the validation process was run along with the training process to observe the progress of the model performance across the number of epochs. Next, the evaluation metrics of accuracy, loss, precision, recall, and the AUC of the ROC curve were utilized to compare the classification performances of the proposed models on the test set.

Confusion matrices were utilized to investigate the prediction performance of the models further. In the confusion matrix, the correspondence between the predicted labels and the ground truth is presented in terms of true positives (TP), false positives (FP), true negatives (TN), and false negatives (FN). In the current study, TP is the number of samples that are correctly classified by the model as being positive for COVID-19 infection that are actually positive, and TN is the number of samples that are correctly classified by the model as being negative for COVID-19 infection that are actually negative. On the other hand, FP is the number of errors in which the model incorrectly indicates the presence of COVID-19 infection when the disease is actually not present, whereas FN is the number of the opposite errors in which the model incorrectly indicates the absence of COVID-19 infection when it is actually present.

The accuracy is the ratio of correct predictions over all predictions. The loss is the binary cross-entropy loss. The ROC curve is created by plotting the true positive rate (Recall) ($TPR = TP/(TP+FN)$) against the false positive rate (FPR = $FP/(FP + TN)$) at various classification threshold values ranging from 0 to 1. It summarizes all the confusion matrices produced at each threshold value. AUC is the area under the curve. Precision ($TP/(TP+FP)$) indicates the probability that a patient with a positive prediction truly has COVID-19 infection.

The accuracy and loss curves for the training and validation of the LeNet-5 model are depicted in Figure 4. Their progress through the epochs did not indicate overfitting after 50 epochs; however, both the training error and the validation error were fairly high, and the curves were close to each other, indicating underfitting.

The model achieved an accuracy of 0.78 and a loss of 0.47 on the training set. Using the validation dataset, it achieved an accuracy of 0.77 and a loss of 0.49. On the training set, the model reached a precision and a recall of 0.77 and 0.80, respectively. On the validation set, the model reached precision and recall values of 0.72 and 0.83, respectively. The model performed poorly both on the training and validation datasets. When the model performance was evaluated on the test set, the LeNet-5 model reached an accuracy of 0.78, a loss of 0.48, a precision of 0.75, a recall of 0.86, and an AUC value of 0.85. The confusion matrix in Figure 5 presents the

classification performance of the LeNet-5 model on the test set. The model demonstrated poor performance in classifying images having COVID-19 lesions (i.e., low recall). The model made more mistakes in classifying CT-scan images of patients not infected by COVID-19 (i.e., high FPR). In the case of pandemics, however, the consequences of misclassifying COVID-19 patients may be worse; thus, having a high recall value may be more prominent.

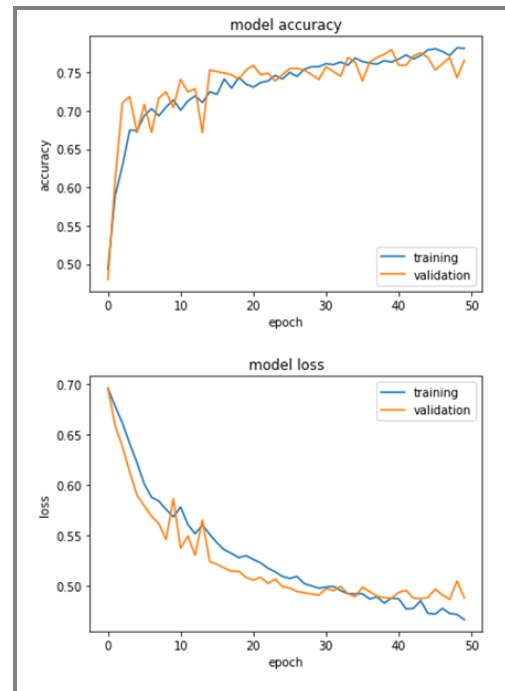


Fig. 4 The training and validation accuracy and loss curves for the LeNet-5 model

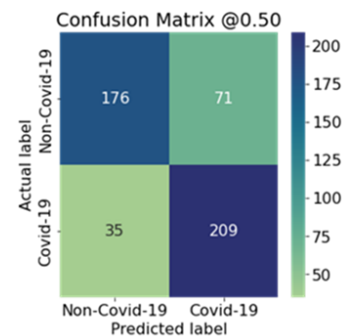


Fig. 5 Confusion matrix (LeNet-5 model)

This unsatisfactory result might have been obtained either due to the fact that the LeNet-5 model was too simple to distinguish between the images with lesions of COVID-19 infection from the ones without such lesions or the features did not provide enough information to make good predictions. Two remedies to overcome this problem might be: (i) selecting a more powerful model with more parameters and (ii) feeding better features to the learning algorithm [19]. In fact, when the features were extracted using the pre-trained models and then fed into a new classifier composed of a few fully connected layers, significantly better prediction performances were obtained. The accuracy and loss curves for the training and validation of the model backbone by the VGG-16 model are depicted in Figure 6.

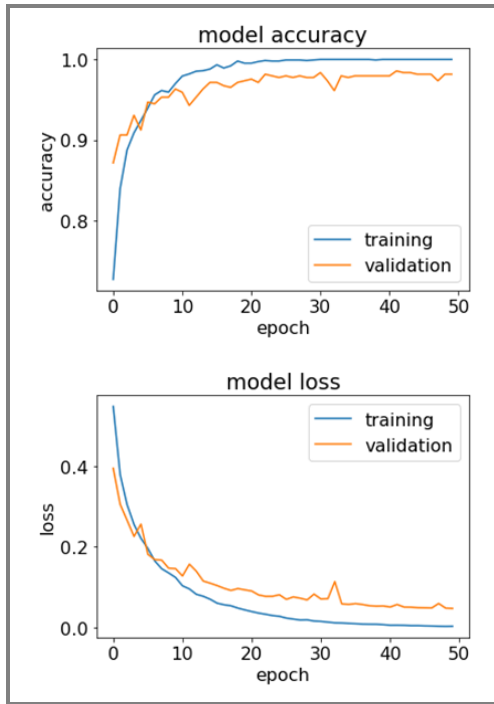


Fig. 6 Training and validation analysis over 50 epochs using VGG16 for feature extraction

As shown, the training accuracy steadily increases and reaches 1 after 30 epochs. The validation accuracy has a similar trend and peaks at 0.95 before 10 epochs and reaches 0.98 after 50 epochs. On the other hand, while the training loss continues to decrease until 50 epochs and reaches zero, the validation loss stalls after 40 epochs at about 0.05.

The accuracy and loss curves for the training and validation of the model backbone by the MobileNet architecture are shown in Figure 7. The training accuracy achieves 1 earlier than was the case for the model with feature extraction based on VGG16. Here, as well, the validation accuracy has a similar trend as the training accuracy and reaches an accuracy level of 0.98 after almost 17 epochs and stays at that level for the subsequent epochs. So, 0.98 was the highest accuracy level that could be achieved on the validation set. While the training loss decreases swiftly to zero after 12 epochs, the validation loss continues to decrease to 0.06 until 20 epochs and stays at that level for the remaining epochs.

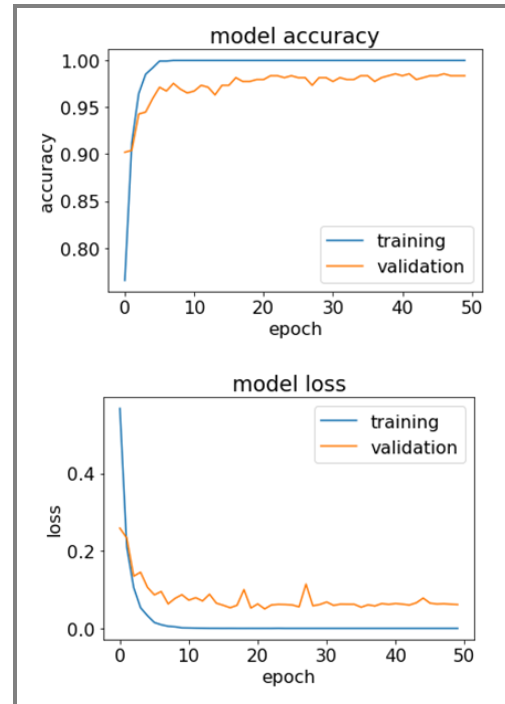


Fig. 7 Training and validation analysis over 50 epochs using MobileNet for feature extraction

Figure 8 compares the proposed deep learning models' training and validation analysis progresses. As seen, learning a simple, fully connected network for classification preceded by a more sophisticated pre-trained CNN architecture for feature extraction outperforms learning a standard CNN with a simple structure with a limited amount of data available. Although overall, the classification performances were comparable, the model employing the MobileNet CNN's convolutional base for feature extraction demonstrated slightly better performance in achieving the highest accuracy and the lowest loss levels with less number of epochs.

Table 1 compares the classification performance of the models employing pre-trained CNNs of VGG-16 and MobileNet for feature extraction on the test set. When the VGG16 CNN's convolutional base is used for feature extraction, an accuracy of 0.974 was obtained. The loss was 0.087. When the feature extraction process was conducted by employing the MobileNet CNN's convolutional base, a higher accuracy of 0.984 was achieved. The loss was 0.072.

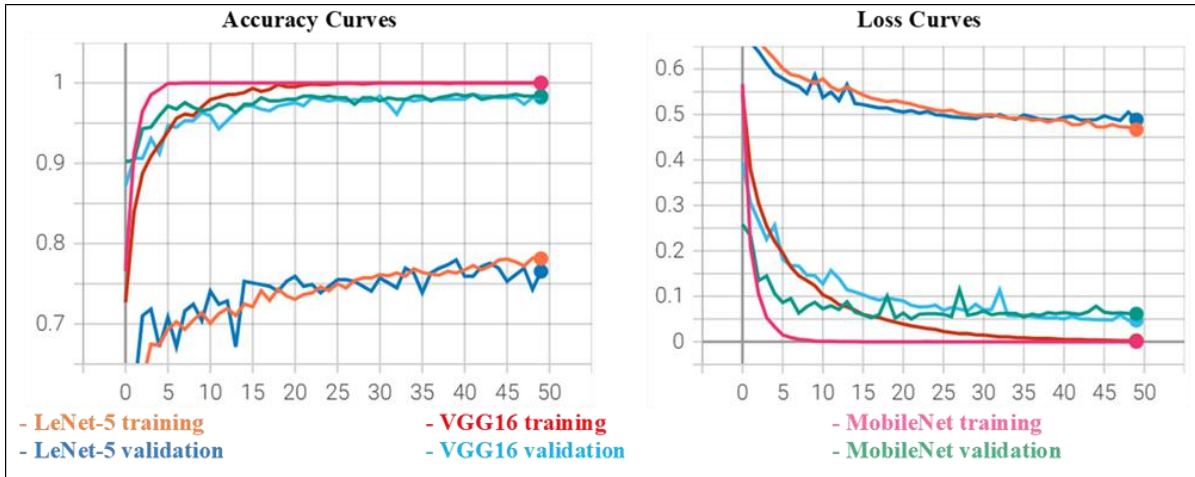


Fig. 8 Comparison of the training and validation analysis results of the three models

Table 1. Comparison of the results obtained using pre-trained CNNs for feature extraction

CNN	Accuracy	Loss	Recall	Precision	AUC
VGG16	0.974	0.087	0.971	0.975	0.995
MobileNet	0.984	0.072	0.988	0.980	0.995

With respect to the proportion of COVID-19 samples that were correctly classified, the network structure backboned by the MobileNet convolutional base had a slightly better performance (RecallMobilNet = 0.988) than the one backboned by the VGG16 convolutional base (RecallVGG16 = 0.971). The precision values indicate that both models were successful in correctly classifying positive results. AUC values were also high and comparable for both models. Overall, the findings indicate that the methodology of using a complex pre-trained CNN for feature extraction and then a simpler fully connected network structure for classification is useful for differentiating CT-scan images with COVID-19 from Non-COVID-19. Both models were more accurate than the simple LeNet-5.

The confusion matrices in Figure 9 and Figure 10 present in detail the classification performance of these models on the test set. Overall, leveraging pre-trained models for feature extraction significantly reduced the number of FPs and FNs compared to the case when the LeNet-5 model is trained from scratch and used to make binary classification. The model backboned by the MobilNet convolutional base had a slightly better performance in minimizing the classification errors. In COVID-19 detection, it may be essential to correctly classify each infected sample to reduce the risk of an outbreak. When the MobileNet convolutional base was utilized for feature extraction, a slightly higher TPR was achieved. Nevertheless, both models' prediction performance was comparable.

Figure 11 compares the classification performance results on the test set using ROC and AUC for the three methods employed. The ROC curve displays concurrently TPR (recall) and FPR (the fraction of Non-COVID-19 patients that were incorrectly classified as infected by COVID-19) for all possible threshold values. It is ideal to have a ROC curve that hugs the top left corner, indicating a high TPR and a low FPR [17]. The area under the (ROC) curve (AUC) quantifies the overall performance of a classifier, summarized over all possible thresholds, and the larger the AUC, the better the classifier [17]. Figure 11 reveals that the classification

performance of the models on the test set employing pre-trained CNNs of VGG-16 and MobileNet architectures for feature extraction is significantly better than that of the LeNet-5 model trained from scratch.

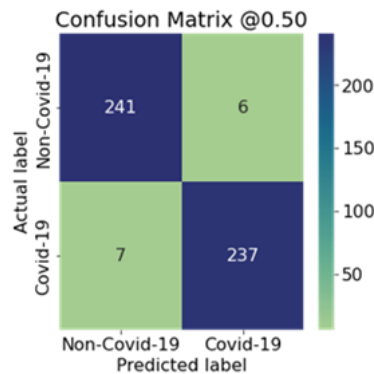


Fig. 9 VGG16 - Confusion matrix

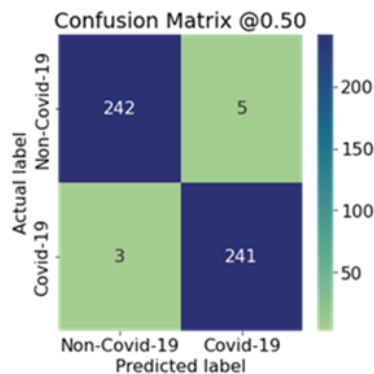


Fig. 10 MobileNet - Confusion matrix

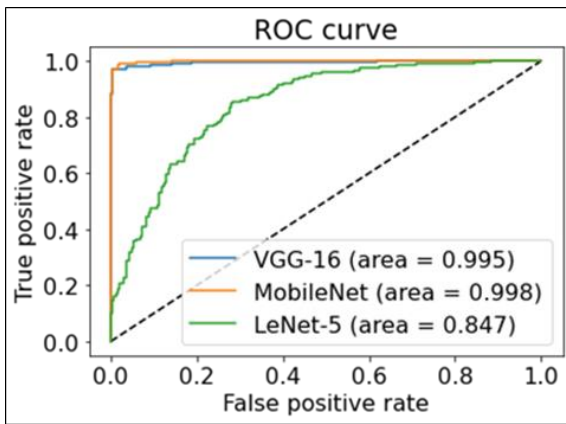


Fig. 11 Comparison of ROC curves and AUC of the three methods

IV. DISCUSSION

Due to the lack of a sufficient amount of data relevant to train a CNN model with numerous parameters successfully from scratch, the LeNet-5 CNN model with a relatively simple structure was trained first, which, however, showed poor classification performance when tested on unseen data. This result was in line with the findings of previous studies. For instance, [11] employed the LeNet-5 architecture to implement a CNN-based model for COVID-19 diagnosis using lung CT-scan images. Unlike the current study, they applied image augmentation to enlarge the dataset. Their findings were not promising, as well. They could reach an accuracy level of 86.06%, a precision of 85%, a recall of 89%, and an AUC of 0.86 for COVID-19 detection.

Similarly, [18] findings revealed that the relatively simple structure of the LeNet-5, having only five layers, rendered it less capable of extracting features, whereas the more complex structure of the VGG16 improved the feature extraction ability of the model and thus had a good classification detection ability. [10] obtained more successful performance results when they used the LeNet-5 network to extract features from CT-scan images and then applied “eXtreme Gradient Boosting” (XGBoost, [12]) for the classification of the images. With this methodology, they could achieve a rate of 0.95 for all the evaluation metrics of accuracy, recall, precision, and AUC.

This study further indicated that the methodology of using pre-trained CNNs to extract features and then training a new classifier on top of it demonstrates an effective performance in categorizing lung CT-scan images into COVID-19 and Non-COVID-19. This methodology has been adopted previously in other studies, in which the researchers either compared the classification performances of various CNN models backbone by different pre-trained CNN convolutional bases or developed their own framework based on feature extraction using pre-trained CNNs. The findings of the current study are in line with the previous research results involving a similar methodology used to solve the same binary classification problem. For instance, [22] employed pre-trained weights from several state-of-the-art CNN architectures using the ImageNet dataset, including VGG16 and another version of MobileNet called MobileNetV2, in the task of COVID-19 classification based on CT-scan images. [22] obtained more promising results using VGG16 with respect to accuracy and AUC metrics (0.84 and 0.93, respectively). [23] conducted a similar study on the same dataset analyzed in the current study

(SARS-COV-2 CT-Scan Dataset), where they utilized the pre-trained models of MobileNet and VGG16 as the backbone of their deep learning framework and achieved accuracies of 0.95 and 0.94, respectively. In a similar vein, [24] analyzed the lung CT-scan images of 5191 patients, 3820 of which were COVID-19 infected, to develop a deep learning based system for the automated diagnosis of COVID-19. In that study, they developed their own model called COVIDnet and compared its performance against that of the pre-trained CNN models of MobileNet and VGG16. With 200 epochs, they could achieve an accuracy of 0.94 using MobileNet and 0.97 with VGG16.

V. CONCLUSION

This study is a preliminary work involving image classification. In a future study, the extracted features of the network can be visualized via heat maps using the Gradient-weighted Class Activation Mapping (Grad-CAM) algorithm [25] in order to have a better understanding of which parts of the CT scan images were identified as a lesion of an infection, which led to a positive COVID-19 classification. Visualizing heat maps can also be useful to locate the infection areas in the CT scan images and compare the COVID-19 with Non-COVID-19 images to understand the CNN’s classification performance further. Moreover, in another study, on a dataset of lung CT scan images with radiology annotated COVID-19 lesions, region-based convolutional neural networks (R-CNNs), such as Mask-RCNN [26], can be implemented and the detection accuracy of the CNN models can be further investigated.

ACKNOWLEDGMENT

Statement of Research and Publication Ethics

The author declares that this study complies with Research and Publication Ethics.

REFERENCES

- [1] H. P. Chan, L. M. Hadjiiski, and R. K. Samala, “Computer-aided diagnosis in the era of deep learning,” *Medical Physics*, 47(5), pp. e218-e227, 2020.
- [2] N. Petrick, B. Sahiner, S.G. Armato III, A. Bert, L. Corrales, S. Delsanto, M.T. Freedman, D. Fryd, D. Gur, L. Hadjiiski, Z. Huo, Y. Jiang, L. Morra, S. Paquerault, V. Raykar, F. Samuelson, R.M. Summers, G. Tourassi, H. Yoshida, B. Zheng, C. Zhou, and H. P. Chan, “Evaluation of Computer-Aided Detection and Diagnosis Systems,” *Medical Physics*, 40(8), 2013.
- [3] K. Chockley and E. Emanuel, “The end of radiology? Three threats to the future practice of radiology,” *Journal of the American College of Radiology: JACR*, 13(12), pp. 1415-1420, 2016.
- [4] A. Panthakkan, S. M. Anzar., S. Al-Mansoori, and H. Al-Ahmad, “A novel DeepNet model for the efficient detection of COVID-19 for symptomatic patients,” *Biomedical Signal Processing and Control*, 68, pp. 1-10, 2021.
- [5] M.C. Younis, “Evaluation of deep learning approaches for identification of different Corona-Virus species and time series prediction,” *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 90, pp. 1-13, 2021.
- [6] E. Soares, P. Angelov, S. Biaso, M. H. Froes, and D. K. Abe, “SARS-CoV-2 CT-scan dataset: A large dataset of real patients CT Scans for SARS-CoV-2 identification,” *MedRxiv*, 2020.
- [7] Y. LeCun, L. Bottou, Y. Bengio, and P. Haffner, “Gradient-based learning applied to document recognition,” in *Proc. IEEE*, 1998, 86(11), p. 2278.
- [8] (2023) Dive into Deep Learning website. [Online]. Available: https://d2l.ai/chapter_convolutional-neural-networks/lenet.html
- [9] G. Hong, X. Chen, J. Chen, M. Zhang, Y. Ren, and X. Zhang, “A multi-scale gated multi-head attention depthwise separable CNN model for recognizing COVID-19,” *Scientific Reports*, 11(1), pp. 1-13, 2021.

- [10] E.D. Carvalho, E.D. Carvalho, A.O. de Carvalho Filho, F.H.D. De Araújo, and R.D.A.L. Rabêlo, "Diagnosis of COVID-19 in CT image using CNN and XGBoost," in *Proc. IEEE Symposium on Computers and Communications (ISCC)*, 2020.
- [11] M. R. Islam and A. Matin, "Detection of COVID 19 from CT image by the novel LeNet-5 CNN architecture," in *Proc. 23rd International Conference on Computer and Information Technology (ICIT)*, 2020.
- [12] T. Chen and C. Guestrin, "XGBoost: A scalable tree boosting system," in *Proc. KDD '16: 22nd ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining*, 2016, p. 785.
- [13] F. Chollet, *Deep Learning with Python*, 2nd ed., Manning Publications, 2021.
- [14] K. Simonyan and A. Zisserman, "Very deep convolutional networks for large-scale image recognition," in *Proc. 3rd International Conference on Learning Representations (ICLR)*, 2015.
- [15] A. G. Howard, M. Zhu, B. Chen, D. Kalenichenko, W. Wang, T. Weyand, M. Andreetto, and H. Adam, "MobileNets: Efficient Convolutional Neural Networks for Mobile Vision Applications," *ArXiv:1704.04861*, 2017.
- [16] O. Russakovsky, J. Deng, H. Su, J. Krause, S. Satheesh, S. Ma, Z. Huang, A. Karpathy, A. Khosla, M. Bernstein, A. C. Berg, and L. Fei-Fei, "ImageNet large scale visual recognition challenge," *International Journal of Computer Vision*, 115(3), pp. 211-252, 2015.
- [17] G. James, D. Witten, T. Hastie, and R. Tibshirani, *An Introduction to Statistical Learning with Applications in R*, 2nd ed., Springer, 2021.
- [18] J., Sun, X., Li, C., Tang, S. H., Wang, and Y. D. Zhang, "MFBCNNC: Momentum factor biogeography convolutional neural network for COVID-19 detection via Chest X-ray images," *Knowledge-Based Systems*, 232, pp. 1-21, 2021.
- [19] A. Géron, *Hands-On Machine Learning with Scikit-Learn, Keras, and TensorFlow Concepts, Tools, and Techniques to Build Intelligent Systems*, 2nd ed., O'Reilly Media, Inc., 2019.
- [20] G. E. Hinton, N. Srivastava, A. Krizhevsky, I. Sutskever, and R. R. Salakhutdinov, "Improving Neural Networks by Preventing Co-Adaptation of Feature Detectors," *ArXiv:1207.0580*, 2012.
- [21] W. Zhu, W. Yeh, J. Chen, D. Chen, A. Li, and Y. Lin, "Evolutionary convolutional neural networks using ABC," in *Proc. 11th International Conference on Machine Learning and Computing (ICMLC)*, 2019, p. 156.
- [22] M.T. Dang, *A Survey on Transfer Learning for COVID-19 Medical Imaging Diagnosis*. In: Pan, J.S., Li, J., Ryu, K.H., Meng, Z., Klasnja-Milicevic, A. (Eds.), *Advances in Intelligent Information Hiding and Multimedia Signal Processing. Smart Innovation, Systems and Technologies*. Springer, 2021, vol 212.
- [23] A. Halder and B. Datta, "COVID-19 detection from lung Ct-Scan images using transfer learning approach," *Machine Learning: Science and Technology*, 2(4), 2021.
- [24] K. S. Briskline, D. Murugan, and A. Petchiammal, "COVIDnet: An efficient deep learning model for COVID-19 diagnosis on chest CT images," *International Journal of Advanced Computer Science and Applications*, 13(11), pp. 832-839, 2022.
- [25] R. R. Selvaraju, M. Cogswell, A. Das, R. Vedantam, D., Parikh, and D. Batra, "Grad-CAM: Visual explanations from deep networks via gradient-based localization," *International Journal of Computer Vision*, 128 (2), pp. 336-359, 2019.
- [26] K. He, G. Gkioxari, P. Dollár, and R. Girshick, "Mask R-CNN," in *Proc. IEEE International Conference on Computer Vision*, 2017, pp. 2961.

Semantic-Driven Access Control for IoT Systems

Aytuğ TÜRKMEN^{1*}, Özgü CAN²

^{1*}Graduate School of Natural and Applied Sciences, Ege University, İzmir, Turkey (aytugturkmen3@gmail.com)
(ORCID: 0000-0001-6801-6808)

²Department of Computer Engineering, Ege University, İzmir, Turkey (ozgu.can@ege.edu.tr)
(ORCID: 0000-0002-8064-2905)

Abstract – Internet of Things (IoT) is growing and affecting various industries significantly. The amount of sensitive data collected and processed by these devices has raised concerns. Ensuring access control becomes even more crucial in IoT systems due, to their networked devices that operate independently. Because IoT environments are diverse and constantly changing traditional access control methods often fall short. In this context incorporating Semantic Web technologies emerges as an approach to enhance the adaptability and intelligence of access control systems. The implementation of comprehensive access control measures is essential in environments where there are a lot of interconnected IoT devices. Access control policies that are traditionally built for established identities and roles have difficulties in accommodating the dynamic characteristics of the IoT. It is evident that the establishment of predetermined policies is not feasible, as novel circumstances would invariably necessitate customized policy approaches. In light of the mentioned challenges the main focus of this paper is to provide a comprehensive understanding of access control principles specifically tailored to the IoT domain. The goal of this study is to identify the challenges associated with access control in the IoT. Furthermore, we aim to outline a roadmap for research, on developing access control mechanisms that incorporate semantic awareness within the IoT domain. The study explores semantic-based access control solutions for IoT based on this point. The Semantic Web-based access control emphasizes the use of ontologies and semantic reasoning to generate contextually aware and adaptable access control policies. In this study, we present how Semantic Web influence access control decisions in various settings where IoT devices operate. Furthermore, the paper discusses IoT-specific access control challenges. Besides, the importance of using Semantic Web technologies to enhance access control is emphasized. This paper acts as a reference aiming to guide future efforts in developing a policy management system that can adapt more effectively to the ever-changing IoT landscape.

Keywords – *Internet of Things (IoT), Access Control, Ontology, Semantic Web, Semantic Reasoning*

Citation: Türkmen, A., Can, Ö. (2023). Semantic-Driven Access Control for IoT Systems. International Journal of Multidisciplinary Studies and Innovative Technologies, 7(2): 61-67.

I. INTRODUCTION

The Internet of Things (IoT) has experienced growth in times shaping the digital era [1]. The increasing number of interconnected devices ranging from wearables to industrial sensors has made managing access to the vast amount of exchanged data much more complex [2]. Traditional access control systems, which are inflexible and rely on predefined roles are not equipped to handle the intricate nature of the expanding ecosystems [3]. These systems struggle to address challenges such, as contextual device interactions evolving user roles and diverse data types and sources.

In the IoT domain, diverse data streams are connected to networked devices. However, it has brought about challenges regarding access control [4]. The evolving and diverse nature of environments makes traditional techniques difficult to use. This makes Semantic Web technologies promising. By incorporating elements into access control structures for IoT we can create an environment rich, in advanced functionalities. The inclusion of inference and reasoning allows for the development of a decision-making framework that's contextually aware and capable of anticipating future needs [5]. This framework enables the system to actively evaluate and adapt to changing access requirements. Moreover,

semantics play a role in fostering a data ecosystem facilitating smooth and efficient exchange as well, as transaction of data. As a result, collaborative innovations generated by data are greatly enhanced. Security policies are based on language utilizing semantic frameworks, which is a notable advantage. This approach offers a two advantage; firstly, it makes the rules easily understandable, for people involved and secondly it maintains the necessary precision and rigor that automated systems require. Additionally implementing an ontology supported by the principles of the Semantic Web plays a role in ensuring strong interoperability [6]. The technology provides a unified framework for connecting IoT systems, enabling smooth, secure, and efficient data flow and control. The integration of access control with Semantic Web technologies has a growing significance as society progresses towards an era defined by computing and pervasive connectivity. Integrating these elements is crucial for building an environment that is resilient, adaptable, and cohesive.

The main objective of our study is to acquire a comprehensive comprehension of the challenges linked to access control in the context of the IoT. Additionally, we aim to evaluate current solutions by considering the principles of the Semantic Web. Furthermore, we aim to outline a roadmap

for research, on developing access control mechanisms that incorporate semantic awareness within the IoT domain.

The structure of the paper is organized as follows. Section 2 explores the access control challenges in the context of the IoT. Section 3 delves into the cutting-edge area of semantic-driven access control solutions for IoT. Challenges and opportunities in the related field are discussed in Section 4. Finally, Section 5 concludes the paper.

II. ACCESS CONTROL CHALLENGES IN IOT

The implementation of robust access control mechanisms is vital to guarantee that solely authorized individuals are able to engage with IoT devices and acquire entry to the data they produce [7]. The absence of a robust access control mechanism may enable individuals without authorization to exploit weaknesses in security systems. Fig. 1 shows the access control challenges in IoT. The IoT ecosystem must be secure and protected against malicious attackers by addressing these access control challenges. Secure access control mechanisms need to be robust, reliable, and scalable. In addition, access control mechanisms should consider the possibility of malicious attackers exploiting security vulnerabilities. In order to ensure the security of access control mechanisms, regular monitoring and auditing should be conducted.

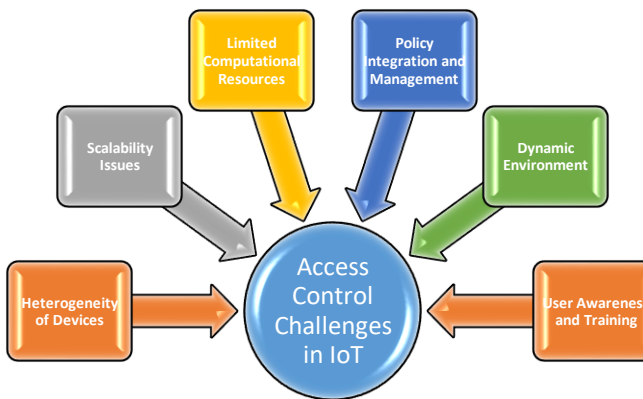


Fig. 1. Access Control Challenges in IoT

A. Heterogeneity of Devices

The IoT landscape is vast and constantly expanding. There are numerous devices woven into it whose designs, functions, and operational environments all differ significantly. Our daily lives are made easier by household appliances such as smart refrigerators, and machinery is monitored in real-time by sophisticated industrial sensors. Access control is challenged by this inherent heterogeneity [8]. IoT devices serve a variety of purposes. A smart thermostat uses user-defined temperature settings and learns user patterns over time, while an industrial sensor may monitor equipment malfunctions. Due to their different functionalities, these devices will have different access control requirements.

IoT devices each have their own characteristics. Depending on the design, some might have advanced computational capabilities, while others, especially those designed to use as little energy as possible, might have limited processing capabilities [9]. It is challenging to design access control mechanisms that are applicable to both ends of the spectrum. There can be a great deal of variation in the access control needs of IoT devices depending on the environment in which they operate. In the case of a wearable health monitor, the

device operates in a personal environment, and it collects sensitive user data, therefore it requires exceptionally rigorous access controls. Alternatively, a smart light bulb in a public park may not handle sensitive data to the same extent while still needing access controls. On the other hand, Internet of Things manufacturers have different design philosophies, security protocols, and operational standards. Despite similar devices serving similar purposes, device diversity can lead to inconsistent access control implementations.

In the IoT domain, these variations make a one-size-fits-all approach to access control impractical as well as detrimental. Adapting access control mechanisms based on each type of device's function, technical capabilities, operating environment, and manufacturer specifications is essential. This customization ensures that the primary functionality of the device is not compromised while maintaining robust and effective access control. Access control and multifaceted approaches are therefore required because of the heterogeneity of IoT devices [10]. In order to address this challenge, both a deep understanding of individual device requirements and the ability to accommodate the diverse range of IoT devices must be in place. Semantic Web technology can provide standardized ways of representing and understanding different devices [11]. Therefore, access control policies can be applied consistently regardless of the device type.

B. Scalability Issues

IoT is expanding exponentially at a rapid pace. As a result of this vast network, households, industries, and cities are becoming increasingly interconnected. A lot of opportunities and innovations will be brought about by access control. However, such a large environment will also pose access control challenges. In the coming years, it is expected that the number of IoT devices will multiply by billions. Each device, whether it's a simple temperature sensor in a home or a sophisticated drone used for agricultural surveys, introduces its own set of access control requirements. With the proliferation of devices comes a corresponding surge in access requests. Each device may generate multiple requests, either from human users, other devices, or integrated software applications. Real-time authentication and management of these multiple requests is a challenging task [12]. Traditional access control systems, often designed for more static and predictable environments, face limitations in the dynamic world of IoT [13]. Adapting to the IoT ecosystem is challenging due to the rapid evolution of configurations and requirements.

Energy-efficient and cost-effective IoT devices often have limited computational capabilities. Implementing robust access control mechanisms on such devices without overburdening their capacities is a delicate balancing act. IoT networks are constantly evolving, unlike more static networks. The state of a device can change as it joins the network, leaves the network, moves from one location to another, or switches between operational states. An effective access control system must not only scale but also adapt to these fluid topological shifts. The decentralized architecture of IoT, where decisions are often made at the device or edge level rather than a centralized server, further complicates scalability [14]. As a result of a distributed setup, access control mechanisms must be able to operate efficiently, ensuring consistent policies and responses. As a result, IoT access control needs to be rethought and innovated. It may be beneficial to utilize distributed ledger

technology, edge computing, and machine learning in this expansive digital landscape. IoT security, efficiency, and success will be ensured by scalable access control. Ontologies and semantic reasoning are inherently scalable. As the number of devices grows, access control decisions can be made more efficiently by standardizing relationships and properties.

C. Limited Computational Resources

IoT promises to connect everything from high-power industrial machinery to compact, energy-efficient sensors in a smart, connected world. Devices that are smaller and more specialized are particularly difficult to control through access control systems. IoT devices have a wide range of hardware profiles [15]. Smart home hubs and central servers may be able to handle considerable amounts of processing power and memory, but simpler devices, such as wearable health trackers and environmental sensors, tend to prioritize energy efficiency and cost-effectiveness over computational power. Devices with higher computational power, such as central servers or smart home hubs, can easily handle sophisticated access control algorithms, including encryption and multi-factor authentication processes. Simpler devices, such as wearable health trackers, may have difficulty performing such complex operations efficiently, causing bottlenecks or delays in access decisions.

The performance of sophisticated cryptographic operations is often necessary to ensure secure authentication and data protection in order to ensure the privacy and security of information [16]. The computational power required to perform some of these operations may be high in some cases [17]. For a device with limited processing capabilities, executing such operations could result in slowed response times or even system overloads, potentially compromising its primary functions [17]. For effective access control to take place, it's imperative to maintain and update credentials, logs, and policies that track visitors to a network. For devices with restricted memory, storing this data, especially as it grows over time, poses a challenge. When you consider the need for backups and redundancy, the problem is further exacerbated by the fact that these are not always available. The processing of complex access control operations, especially those involving cryptographic algorithms, can be energy intensive. Performing such operations frequently or for a prolonged time period can result in rapid battery depletion, which may compromise the longevity and reliability of batteries powered IoT devices.

IoT devices often operate in dynamic environments where access requirements change based on context [18]. Adapting to these changes in real-time, especially with constrained computational resources, necessitates efficient and lightweight access control algorithms. Consequently, to provide access control to IoT devices that have limited computational resources, it is necessary to be innovative. For the IoT landscape to succeed, it must operate in a secure, efficient, and interconnected environment. While Semantic Web technologies require computational power, optimized lightweight ontologies can be developed specifically for resource constrained IoT devices.

D. Policy Integration and Management

There are many devices made by different manufacturers that serve different purposes within a complex environment, making it difficult to establish an access control policy that is

consistent and integrated. Centralized management can become a bottleneck, while decentralized approaches might lead to inconsistencies [19]. Each manufacturer might have its own set of standards and protocols for access control [20]. When devices from multiple manufacturers coexist in an IoT environment, ensuring that they all interpret and enforce access control policies consistently becomes a significant challenge. Some devices may require fine-grained access control policies due to the sensitivity of the data they handle or the criticality of their functions. In contrast, others might operate with broader, more generalized policies. Harmonizing these varying levels of granularity without compromising security or functionality is a delicate task.

A centralized policy management system can offer a unified view and control over all access control policies [21]. However, it can become a single point of failure or a bottleneck during high-volume access requests. On the other hand, decentralized systems, while offering more resilience and scalability, can lead to inconsistencies in policy enforcement if not properly synchronized. IoT environments are dynamic. As new devices join the network, or as operational contexts change, access control policies might need adjustments. Consistently propagating updates across all devices, especially in decentralized setups, is crucial for maintaining security. Devices in an IoT ecosystem go through various lifecycle stages—from deployment to maintenance, updates, and eventual decommissioning. Access control policies must be adaptable to these stages, and mechanisms should be in place to revoke or update access rights as devices transition through their lifecycle. In many IoT scenarios, especially consumer-focused ones, end-users play a role in setting or adjusting access control policies (e.g., smart home setups). Ensuring that these user-defined policies align with broader security protocols and providing users with intuitive yet robust tools to manage policies, becomes essential.

Due to the complexity of IoT, policy integration and management require a holistic approach [22]. Solutions might entail the development of standardized access control frameworks that manufacturers can adopt, advanced synchronization protocols for decentralized systems, and enhanced user interfaces for policy management. As the IoT landscape continues to diversify, robust and adaptive policy integration and management will be at the forefront of ensuring its secure and harmonious operation. Semantic Web frameworks offer centralized knowledge bases where rules and policies from different devices and manufacturers can be integrated and managed coherently [23].

E. Dynamic Environment

IoT devices often operate in changing contexts [24]. For instance, a wearable might switch between home, office, and outdoor environments, each with its own set of access requirements. Access control policies need the flexibility to adapt to these changing contexts [25]. An IoT device, such as a wearable fitness tracker, can traverse multiple environments in a single day. When at home, it might synchronize data with personal devices; in an office, it might connect to corporate networks to share health metrics for wellness programs; outdoors, it might leverage public networks for GPS functionalities. Depending on the type of environment in which you are working, there are different access control considerations that need to be considered, both from a security perspective as well as what resources a device can access.

Dynamic environments require access control systems that can make granular adjustments. For example, while a smart speaker might allow full functionality at home, in a more public setting, it might restrict access to certain data or functionalities to maintain user privacy. It is crucial for IoT devices involved in critical operations that access control policies adapt in real-time to changing contexts. Security vulnerabilities or functional disruptions can be caused by delays in policy updates. In certain scenarios, users might need to override automatically adjusted policies. Providing intuitive interfaces for users to interact with and modify access control settings, while also ensuring they don't inadvertently compromise security, is essential.

As a result, IoT environments, which are dynamic in nature, require traditional access control paradigms to be reimaged in order to cope with their dynamic nature [26]. Access control systems for IoT need to be context-aware, adaptable, and intelligent, capable of making real-time decisions that balance security with functionality. As IoT expands into diverse environments, the development and refinement of dynamic access control mechanisms will be crucial. Semantic Web facilitates context-aware reasoning [27]. As a result, real-time contextual information can be incorporated into access control decisions for IoT devices in dynamic environments.

F. User Awareness and Training

Users, whether they are consumers or enterprise employees, might not be fully aware of the access control capabilities or requirements of their devices [28]. It can lead to inadvertent security breaches or misuse. Access control in IoT is not a straightforward affair. With multiple layers of permissions, varied user roles, and context-dependent access scenarios, the underlying systems can be complex. Users might struggle to grasp the nuances, leading to potential oversights or mistakes. Moreover, the IoT user base consists of both tech enthusiasts and individuals with limited technical expertise.

Access control interfaces and training must be customized to meet the needs of such a wide range of users. An intuitive, user-friendly interface and system are paramount to bridging the awareness gap. Users can make safer access control decisions by using visual cues, guided setup processes, and context-aware prompts. In addition to technical training, it is crucial to cultivate a security-first mindset among users. Users will approach access control decisions with caution and deliberation if they are aware of security risks.

In summary, as the boundary between users and technology becomes increasingly porous in the IoT era, ensuring that users are well-informed and equipped to make judicious access control decisions is paramount. Comprehensive awareness initiatives and training programs are important for harnessing IoT's full potential while avoiding potential threats. The Semantic Web makes it easier for users to understand access control policies, making training and educating them easier.

III. THE SEMANTIC-WEB BASED ACCESS CONTROL SOLUTIONS IN IOT

Semantic Web technologies can provide a viable solution to many of the challenges that are currently being experienced by IoT access control as a result of the Internet of Things [6]. Access control challenges in IoT environments can be addressed by the integration of Semantic Web technologies with the Internet of Things (IoT) [2]. In the Semantic Web, concepts and relationships are represented with the help of

ontologies. With these ontologies, devices, applications, and systems can have a unified understanding of data in terms of its meaning and context. In addition, this allows robust and flexible access control policies to be created across all sorts of IoT devices. Access controls are more crucial than ever as IoT ecosystems become complex due to multiple manufacturers and different standards. Consequently, data integrity and user privacy will be protected consistently and effectively.

Semantic Web-based access control ensures that only authorized individuals are permitted access to resources [29]. In addition to these benefits, using a semantic aware access control approach keeps subjects safe by ensuring that only those data that have been authorized can be accessed [30]. This is accomplished by using ontologies to define authorizations over concepts and by applying policies. Resources are accessed according to a set of policies. Thus, resource access is controlled by policies. In addition to enabling the specification of rules for accessing resources, Semantic Web-based policy management enables the interpretation and compliance of these rules by the entities [29].

Ontologies are structured representations of knowledge that are frequently constructed utilizing two significant technologies of the Semantic Web: RDF Schema (RDFS) and the Ontology Web Language (OWL). In the domain of Semantic Web technologies, both RDFS and the OWL play pivotal roles in structuring and representing knowledge. The RDFS extends RDF by providing an intuitive means of defining classes and properties. On the other hand, OWL, built on top of RDFS, introduces a higher level of expressiveness. It allows for the articulation of complex relationships, cardinality constraints, and a wide variety of class and property characteristics. Ontologies created with these technologies are interoperable and are capable of semantic reasoning when used in modern web applications. In [31], data collection, processing, and analysis are discussed in terms of the challenges and opportunities presented by the IoT. Due to its personal nature and potential risks, IoT raises significant privacy concerns due to its ability to understand individual preferences and patterns. There is an absence of solutions addressing privacy requirements such as consent and choice, purpose specification, and data collection limitations despite growing legislative measures. The paper introduces a privacy ontology which named LIOPY to address this gap while adhering to various privacy requirements. The ontology enhances the autonomy of smart devices in determining data access rights and in ensuring compliance with privacy policies. An implementation in a healthcare scenario illustrates the efficacy of the proposed ontology.

Semantic Sensor Network (SSN) ontology serve as frameworks for representing sensor-related data. SSN, developed by the World Wide Web Consortium (W3C), bridges the gap between sensor networks and web semantics [32]. It describes sensors, their observations, the underlying processes, and the environment in which they operate. Data from various sensor networks can be seamlessly integrated and understood as a result of this standardization. Through sensor data analysis, SSN enables IoT and sensor technology adoption.

Ontology-Based Access Control is vital to policy management within the IoT landscape [6]. It offers powerful access control capabilities in IoT environments where devices and data sources are interconnected [6]. With Ontology-Based Access Control, each IoT object, whether it's a sensor, a

device, or a data repository, can have its own access control policies defined and managed separately. IoT objects can be accessed, modified, or interacted with fine-grained control using roles, permissions, and actions, due to this object-centric approach. In light of the complexity of the IoT ecosystem, Ontology-Based Access Control ensures the security and privacy of IoT data and devices through tailored policies, ensuring safe and effective IoT operation. In [33], authors address the challenge of providing secure, fine-grained access to FAIR (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable) data. Data access policies based on ontologies are proposed that integrate data, FAIR-related metadata (e.g., provenance, license), and user metadata. Adding a security layer to the 'Accessible' attribute of FAIR, especially in sensitive areas like security and intelligence, ensures controlled access. The introduced method, termed as Ontology-Based Access Control, leverages a data set's domain ontology to formulate access policies. They argue that ontology-based policies enhance data reusability while aligning with privacy concerns. For managing access to FAIR data, the paper recommends an access control method as an optimal practice based on a proof-of-concept. In [34], the author discusses the challenges of implementing access control systems in smart buildings with numerous IoT devices. The paper introduces an Ontology-Based Access control framework given the sheer number of devices and users. The framework is capable of autonomously constructing IoT systems with integrated access control that are tailored for smart buildings. The authors propose a new access control scheme that leverages web ontologies to simplify administrative tasks. A prototype system implemented at Osaka University's Minoh Campus demonstrated the practicality and effectiveness of the proposed approach.

In the expansive ecosystem of the Internet of Things (IoT), ensuring secure and fine-grained access control is paramount. As a crucial standard for access control, eXtensible Access Control Markup Language (XACML) offers a comprehensive policy language and architecture [5]. XACML's Attribute-Based Access Control (ABAC) model is particularly suited for the heterogeneous and dynamic nature of IoT environments, where devices, users, and services frequently interact in diverse and unpredictable patterns [5]. By employing XACML, decision-making processes concerning access can be centralized, yet flexible, leveraging a wide range of attributes — from device type, location, and time to user role and current activity. In addition to enhancing security, this adaptability also facilitates seamless interactions across a variety of IoT devices and applications. In [35], The authors discuss the challenges posed by the interconnection of devices and individuals in the IoT, particularly in healthcare environments. Ambient intelligence systems must be implemented across multiple domains using an efficient architectural framework. Security and access control are compromised by semantic heterogeneity among local policies of these various domains. The authors propose an approach that combines the XACML-based security policy model with a semantic rules language derived from the European SembySem project to address this issue. Based on RDF(S), this new model abstracts security implementation, bridges semantic differences across multiple domains, and maintains local security policies. Additionally, it addresses the semantic heterogeneity in sensor data during knowledge sharing. In [36], authors present the Fog-Based Adaptive Context-Aware

Access Control (FB-ACAAC) framework for IoT, designed to enhance resource protection from unauthorized access. The FB-ACAAC uses fog computing instead of cloud-based solutions, which can result in latency and communication overhead. As a result of this design, resource availability is improved, and information processing is sped up. XACML (Extensible Access Control Markup Language) is widely used to manage access control decisions, but it isn't inherently adaptive to changing contexts and behaviors. The FB-ACAAC offers a context-aware XACML scheme that is optimized for diverse IoT settings to overcome these limitations. Experimental results demonstrate its efficiency, reduced processing time, and enhanced security.

IoT data security and regulation are becoming increasingly important. SPARQL, the query language for RDF (Resource Description Framework), introduces a novel dimension to this challenge [37]. Given the increasing adoption of Semantic Web technologies in IoT for richer data representation and interoperability, the ability to execute SPARQL queries across diverse datasets potentially exposes sensitive information. Hence, integrating access control mechanisms within SPARQL becomes imperative. By tailoring query permissions based on user roles, device credentials, or context-specific attributes, more granular and semantic-aware access control can be achieved. As a result, sensitive data in IoT environments is protected, and authorized users can gain meaningful insights without compromising security.

IV. CHALLENGES AND OPPORTUNITIES

IoT access control can be revolutionized with Semantic Web technologies, but it brings a set of challenges that require robust implementations and well-designed solutions. Fig. 2 illustrates the challenges and opportunities associated with the integration of Semantic Web technologies in IoT.

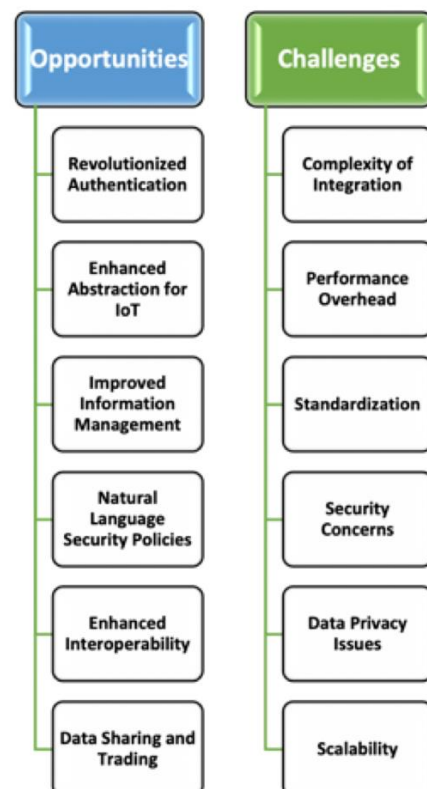


Fig. 2. Opportunities and Challenges of Semantic Web technologies in IoT

The concept of the Semantic Web holds promises in revolutionizing information management, especially when it comes to security and data handling. Semantic Web technologies also simplify the identification, analysis, and sharing of information, preventing data breaches. They are also more efficient at processing large amounts of data, allowing for more accurate analysis. IoT technologies can benefit from Semantic Web technologies by providing an enhanced abstraction level [41]. The main advantage of Semantic Web is the abstraction level they introduce, which is essential for integrating multiple devices and allowing for better perception [38]. We can improve access control through semantic inference and reasoning by applying Semantic Web technologies [2]. Permissions and restrictions can be more sophisticated, context-aware, especially in complex, interconnected systems [39]. The use of these technologies facilitates the sharing and trading of data by providing standardized means of describing, categorizing, and interlinking data. This reduces misunderstandings and ambiguities. New approaches to authentication can be developed that use semantic data to create more personalized, richer, and potentially more secure authentication mechanisms. Writing security policies in natural language, combined with semantic reasoning, simplifies the process and improves accuracy. Furthermore, common ontologies can greatly enhance interoperability between diverse IT systems, a long-standing challenge in many IT domains. Semantic Web technologies can reshape digital security and data management.

Sensors and smart appliances are both examples of IoT devices, which vary in their software and hardware configurations. Adapting Semantic Web technologies to such a wide range of devices can be challenging and may require extensive modifications to existing systems. Semantic reasoning, which lies at the core of Semantic Web technologies, can be computationally intensive [40]. This layer of reasoning could increase energy consumption and performance issues for many resources constrained IoT devices. There is a need for a universal standard for device communication and data representation, as IoT offers a vast and varied ecosystem, lacking standards like RDF, OWL, and SPARQL. There is a significant challenge in bridging this gap to ensure semantic technologies work seamlessly across devices. A new technology or layer of complexity often introduces new vulnerabilities. It is crucial to ensure that the integration of Semantic Web technologies does not result in new security loopholes or exacerbate existing ones. In Semantic Web technologies, data is linked, and inferences are drawn. Devices that collect personal or sensitive information may unintentionally infer and expose private data, raising privacy concerns when used in IoT. Thousands or even millions of devices can be connected to an IoT network. It is challenging to develop Semantic Web solutions that scale efficiently to accommodate such vast networks without compromising performance or reliability.

V. CONCLUSION

The IoT is growing and affecting various industries significantly. Semantic Web technologies can help enhance access control systems' adaptability and intelligence by incorporating sensitive data collected from these devices. This paper explores semantic-based access control solutions for IoT based on access control principles specific to the IoT. It

emphasizes the importance of using Semantic Web technologies to enhance access control. We examined how Semantic Web affects access control decisions in a variety of IoT settings. The paper also discusses IoT-specific access control challenges. In order to improve access control, Semantic Web technologies are emphasized as an important tool.

IoT continues to penetrate various industries, making it imperative that access control be robust and adaptable. IoT presents a great deal of challenges for traditional access control mechanisms, as they are designed primarily for fixed identities and roles. The adoption of Semantic Web technologies can help address these challenges by leveraging ontologies and semantic reasoning. IoT environments require context-aware and adaptable access control policies in order to effectively meet their unique requirements. With the rapid expansion and evolution of the IoT landscape, it is crucial for researchers and practitioners to focus on developing semantic-aware access control systems. Data security is not only ensured, but a framework can also adapt and grow with the ever-evolving world of interconnected devices through this method. In future studies, we plan to focus on how this method can be scaled across different industrial sectors, and how its performance and security features can be further optimized.

REFERENCES

- [1] T. Guarda et al., "Internet of Things challenges," 2017 12th Iberian Conference on Information Systems and Technologies (CISTI), Lisbon, Portugal, 2017, pp. 1-4, doi: 10.23919/CISTI.2017.7975936.
- [2] R. Stojanov, V. Zdravski, and D. Trajanov, "Challenges and opportunities in applying semantics to improve access control in the field of internet of things," in Electronics ETF, 2018.
- [3] Y. Dong, K. Wan, X. Huang and Y. Yue, "Contexts-States-Aware Access Control for Internet of Things," 2018 IEEE 22nd International Conference on Computer Supported Cooperative Work in Design ((CSCWD)), Nanjing, China, 2018, pp. 666-671, doi: 10.1109/CSCWD.2018.8465364.
- [4] K. Ragothaman et al., "Access control for IoT: A survey of existing research, dynamic policies and future directions," Sensors, vol. 23, no. 4, pp. 1805, 2023.
- [5] I. F. Siddiqui and S. U.-J. Lee, "Access control as a service for information protection in semantic web based smart environment," Journal of Internet Computing and Services, vol. 17, no. 5, pp. 9-16, 2016.
- [6] O. Can, "The security and privacy aspects in semantic web enabled IoT-based healthcare information systems," in Semantic Models in IoT and Ehealth Applications, 2022, pp. 89-116.
- [7] R. Mishra and R. Yadav, "Access control in IoT networks: analysis and open challenges," in Proceedings of the International Conference on Innovative Computing & Communications (ICICC), 2020.
- [8] I. Ali, S. Sabir, and Z. Ullah, "Internet of things security, device authentication and access control: a review," arXiv preprint arXiv:1901.07309, 2019.
- [9] Y. Song et al., "IoT device fingerprinting for relieving pressure in the access control," in Proceedings of the ACM Turing Celebration Conference-China, 2019.
- [10] C. Dukkipati, Y. Zhang, and L. C. Cheng, "Decentralized, blockchain based access control framework for the heterogeneous internet of things," in Proceedings of the Third ACM Workshop on Attribute-Based Access Control, 2018.
- [11] A. Patel and S. Jain, "Present and future of semantic web technologies: a research statement," International Journal of Computers and Applications, vol. 43, no. 5, pp. 413-422, 2021.
- [12] M. Heydari, A. Mylonas, V. Katos, E. Balaguer-Ballester, V. H. F. Tafreshi and E. Benkhelifa, "A Location-Aware Authentication Model to Handle Uncertainty in IoT," 2019 Sixth International Conference on Internet of Things: Systems, Management and Security (IOTSMS), Granada, Spain, 2019, pp. 43-50, doi: 10.1109/IOTSMS48152.2019.8939230.
- [13] H. F. Atlam et al., "Developing an adaptive Risk-based access control model for the Internet of Things," in 2017 IEEE International Conference on Internet of Things (iThings) and IEEE Green Computing

- and Communications (GreenCom) and IEEE Cyber, Physical and Social Computing (CPSCom) and IEEE Smart Data (SmartData), 2017.
- [14] M. Dammak et al., "Decentralized lightweight group key management for dynamic access control in IoT environments," *IEEE Transactions on Network and Service Management*, vol. 17, no. 3, pp. 1742-1757, 2020.
- [15] I. S. Udoh and G. Kotonya, "Developing IoT applications: challenges and frameworks," *IET Cyber-Physical Systems: Theory & Applications*, vol. 3, no. 2, pp. 65-72, 2018.
- [16] J. L. Hernández-Ramos et al., "Distributed capability-based access control for the internet of things," *Journal of Internet Services and Information Security (JISIS)*, vol. 3, no. 3/4, pp. 1-16, 2013.
- [17] I. Satoh, "Context-aware access control model for services provided from cloud computing," in *Intelligent Distributed Computing XI*, pp. 285-295, 2018.
- [18] S. Ameer et al., "Bluesky: Towards convergence of zero trust principles and score-based authorization for iot enabled smart systems," in *Proceedings of the 27th ACM on Symposium on Access Control Models and Technologies*, 2022.
- [19] S. Algarni et al., "Blockchain-based secured access control in an IoT system," *Applied Sciences*, vol. 11, no. 4, p. 1772, 2021.
- [20] L. M. Gebreamlak, "PKI: the key to Solving the Internet of Things security problem," Ph.D. dissertation, Naval Postgraduate School, Monterey, CA, 2020.
- [21] Q. Zhou, M. Elbadry, F. Ye and Y. Yang, "Heracles: Scalable, Fine-Grained Access Control for Internet-of-Things in Enterprise Environments," IEEE INFOCOM 2018 - IEEE Conference on Computer Communications, Honolulu, HI, USA, 2018, pp. 1772-1780, doi: 10.1109/INFOCOM.2018.8485944.
- [22] J. Qiu, Z. Tian, C. Du, Q. Zuo, S. Su and B. Fang, "A Survey on Access Control in the Age of Internet of Things," in *IEEE Internet of Things Journal*, vol. 7, no. 6, pp. 4682-4696, June 2020, doi: 10.1109/IJOT.2020.2969326.
- [23] P. Nagpal, D. Chaudhary, and J. Singh, "Knowing the unknown: Unshielding the mysteries of semantic web in health care domain," in *ACI'21: Workshop on Advances in Computational Intelligence at ISIC 2021*, 2021.
- [24] A. K. Goel, A. Rose, J. Gaur and B. Bhushan, "Attacks, Countermeasures and Security Paradigms in IoT," 2019 2nd International Conference on Intelligent Computing, Instrumentation and Control Technologies (ICICT), Kannur, India, 2019, pp. 875-880, doi: 10.1109/ICICT46008.2019.8993338.
- [25] Heydari, Mohammad, et al. "Towards indeterminacy-tolerant access control in iot." *Handbook of Big Data and IoT Security* (2019): 53-71.
- [26] H. F. Atlam, A. Alenezi, R. J. Walters, G. B. Wills and J. Daniel, "Developing an Adaptive Risk-Based Access Control Model for the Internet of Things," 2017 IEEE International Conference on Internet of Things (iThings) and IEEE Green Computing and Communications (GreenCom) and IEEE Cyber, Physical and Social Computing (CPSCom) and IEEE Smart Data (SmartData), Exeter, UK, 2017, pp. 655-661, doi: 10.1109/iThings-GreenCom-CPSCom-SmartData.2017.103.
- [27] J. D. Poston et al., "Ontology-based reasoning for context-aware radios: insights and findings from prototype development," in *First IEEE International Symposium on New Frontiers in Dynamic Spectrum Access Networks, 2005. DySPAN 2005.*, IEEE, 2005.
- [28] B. Bezawada, K. Haefner, and I. Ray, "Securing home IoT environments with attribute-based access control," in *Proceedings of the Third ACM Workshop on Attribute-Based Access Control*, 2018.
- [29] O. Can, "Semantic-Based Access Control for Data Resources," in *Data Science with Semantic Technologies*, CRC Press, 2023, pp. 179-198.
- [30] M. Ramalingam and R. M. S. Parvathi, "Secure Semantic Aware Middleware: a Security-Based Semantic Access Control for Web Services," *International Review on Computers and Software (I. RE. CO. S.)*, vol. 8, no. 9, 2013.
- [31] F. Loukil, C. Ghedira-Guegan, K. Boukadi and A. N. Benharkat, "LIoPY: A Legal Compliant Ontology to Preserve Privacy for the Internet of Things," 2018 IEEE 42nd Annual Computer Software and Applications Conference (COMPSAC), Tokyo, Japan, 2018, pp. 701-706, doi: 10.1109/COMPSAC.2018.10322.
- [32] Compton, Michael, et al. "The SSN ontology of the W3C semantic sensor network incubator group." *Journal of Web Semantics* 17 (2012): 25-32.
- [33] C. Brewster et al., "Ontology-based access control for FAIR data," *Data Intelligence*, vol. 2, no. 1-2, pp. 66-77, 2020.
- [34] N. Takizaki, Y. Kido, Y. Masuda, Y. Toshima, M. Yamamoto and S. Shimojo, "Ontology-Based Access Control Framework for Smart Building IoT Devices," 2023 IEEE International Conference on Consumer Electronics (ICCE), Las Vegas, NV, USA, 2023, pp. 1-2, doi: 10.1109/ICCE56470.2023.10043384.
- [35] M. Lyazid, L. Lamri, and S. Lyazid, "XACML-based semantic rules language and ontological model for reconciling semantic differences of access control rules," *Int. J. Ad Hoc Ubiquitous Comput.*, vol. 43, no. 1, pp. 1-17, 2023.
- [36] Kalaria, Rudri, et al. "Adaptive Context-Aware Access Control for Iot Environments Leveraging Fog Computing." *Adaptive Context-Aware Access Control for Iot Environments Leveraging Fog Computing*.
- [37] Ullah, Farhan, et al. "Semantic interoperability for big-data in heterogeneous IoT infrastructure for healthcare." *Sustainable cities and society* 34 (2017): 90-96.
- [38] D. Hästbacka and A. Zoitl, "Towards semantic self-description of industrial devices and control system interfaces," 2016 IEEE International Conference on Industrial Technology (ICIT), Taipei, Taiwan, 2016, pp. 879-884, doi: 10.1109/ICIT.2016.7474867.
- [39] Chaaya, Karam Bou, et al. "Context-aware system for dynamic privacy risk inference: Application to smart iot environments." *Future Generation Computer Systems* 101 (2019): 1096-1111.
- [40] A. Abelló et al., "Using Semantic Web Technologies for Exploratory OLAP: A Survey," in *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, vol. 27, no. 2, pp. 571-588, 1 Feb. 2015, doi: 10.1109/TKDE.2014.2330822.
- [41] Noura, Mahda, Mohammed Atiquzzaman, and Martin Gaedke. "Interoperability in internet of things: Taxonomies and open challenges." *Mobile networks and applications* 24 (2019): 796-809.

Yenidoğan Laboratuvar Bulgularında LSTM Tabanlı Derin Öğrenme Ağı ile Zaman Serisi Analizi

Mahmut Çevik^{1*}, Mücahit Cihan², Nezahat Yılmaz³, Murat Konak⁴, Hanifi Soylu⁵ ve Murat Ceylan⁶

^{1*} AIVISIONTECH Elektronik Yazılım A.Ş., Konya, Türkiye (mahmut@aivisiontech.com) (ORCID: 0009-0001-8630-9564)

² Konya Teknik Üniversitesi, Mühendislik ve Doğa Bilimleri Fakültesi, Elektrik-Elektronik Mühendisliği Bölümü, Konya, Türkiye (mcihan@ktun.edu.tr) (ORCID: 0000-0002-1426-319X)

³ Selçuk Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Çocuk Sağlığı ve Hastalıkları Ana Bilim Dalı, Konya, Türkiye (nzhtylmz.42@gmail.com) (ORCID: 0000-0002-1214-9692)

⁴ Selçuk Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Dahili Tıp Bilimleri Bölümü, Konya, Türkiye (drmkonak@hotmail.com) (ORCID: 0000-0001-8728-4541)

⁵ Selçuk Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Dahili Tıp Bilimleri Bölümü, Konya, Türkiye (hasoylu@hotmail.com) (ORCID: 0000-0003-0367-859X)

⁶ Konya Teknik Üniversitesi, Mühendislik ve Doğa Bilimleri Fakültesi, Elektrik-Elektronik Mühendisliği Bölümü, Konya, Türkiye (mceylan@ktun.edu.tr) (ORCID: 0000-0001-6503-9668)

Türkçe Özet – Yenidoğan yoğun bakımında kalan bebeklerde laboratuvar bulguları ve hayati değerler düzenli olarak takip edilmeli ve değerlendirilmelidir. Bebek kan damarları normal bir insana göre oldukça zayıf ve incedir. Aynı zamanda kan hacminin çok düşük olması sebebi ile sürekli olarak kan tahlili yapılamamakta veya alınan kan yetersizliği ile istenen tüm laboratuvar bulguları elde edilememektedir. Özellikle yenidoğan yoğun bakımında kalan ve diğer bebeklere göre dezavantajlı bulunan prematüre bebeklerde (preterm) bu olumsuzluklar daha sık yaşanmakta ve bunlara ek olarak preterm morbiditesinin çok daha yüksek olduğu da bilinmektedir. Bu çalışmada bebeklerden belirli bir zaman içerisinde elde edilen laboratuvar bulgularını değerlendirerek ileriye yönelik tahminler yapan bir zaman serisi analizi gerçekleştirilmiştir. Zaman seri analizi yöntemi olarak LSTM ağı mimarisine dayalı derin öğrenme modeli kullanılmıştır. Bu çalışma için 22 adet bebekten 161 veri elde edilmiş ve her bir bebek için belirli bir zaman içerisinde alınan laboratuvar bulguları zaman serisi verileri haline getirilmiştir. Laboratuvar bulguları olarak sıklıkla takip edilen CRP, hemoglobin ve bilirubin değerleri seçilmiştir. Her bebek için oluşturulan zaman seri verileri ile LSTM modeli eğitilmiştir. LSTM modelinin sonuçları incelendiğinde CRP değerinin tahmininde doğruluk değerinin %29.09'da kaldığı, en yüksek tahmin sonucunun ise %43.63 ile hemoglobin değerlerinde elde edildiği gözlemlenmiştir. Bilirubin değerleri için doğruluk oranı ise %36.36'dır. Kısıtlı veri seti ile elde edilen bu sonuçların umut vaat ettiği ve gelecek çalışmalar için önemli olduğu değerlendirilmiştir.

Anahtar Kelimeler – Zaman Seri Analizi, LSTM, Derin Öğrenme, Veri Tahmini, CRP, Hemoglobin, Bilirubin, Prematüre Morbiditesi

Atf: Çevik, M., Cihan, M., Yılmaz, N., Konak, M., Soylu, H., Ceylan, M. (2023) Yenidoğan Laboratuvar Bulgularında LSTM Tabanlı Derin Öğrenme Ağı ile Zaman Serisi Analizi. International Journal of Multidisciplinary Studies and Innovative Technologies, 7(2): 68-73.

Time Series Analysis with LSTM Based Deep Learning Network in Neonatal Laboratory Findings

Extended Abstract

Research Problem/Questions – Laboratory findings and vital values should be monitored regularly in babies hospitalized in neonatal intensive care. Infant blood vessels are quite weak compared to a normal person. At the same time, due to the very low blood volume, blood analyses cannot be performed continuously or all the desired laboratory findings cannot be obtained with insufficient blood. Especially in premature babies (preterm) who stay in neonatal intensive care and are disadvantaged compared to other babies, these problems are experienced more frequently and in addition to these, it is known that preterm morbidity is much higher.

Short Literature Review – Time series analyses are used in many fields such as finance, climate, meteorology, medical and military. Time series analysis, which started to develop with methods that produce solutions for linear data, now uses advanced methods such as deep learning architectures, transformer architectures and machine learning. In the medical field, time series analysis has many different uses. In this study, a time series analysis that makes forward-looking predictions by evaluating

laboratory findings obtained from infants over a certain period of time has been performed. Deep learning model based on LSTM network architecture is used as time series analysis method.

Methodology – In this study, 161 data were obtained from 22 healthy babies with sepsis, rds, nec, ikk, diaphragmatic, pneumothorax diseases and 22 healthy babies in the neonatal intensive care unit and the laboratory findings obtained within a certain period of time for each baby were converted into time series data. In the time series group created for each of 22 babies, minimum 5 and maximum 15 laboratory findings were obtained. CRP, hemoglobin and bilirubin values, which are frequently monitored, were selected as laboratory findings. The LSTM model was trained with the time series data created for each baby.

Results and Conclusions – When the model evaluation results were analyzed, it was observed that the accuracy of CRP data was very low. Since CRP values are a parameter that increases when infection increases in the body, it is a parameter that is not frequently monitored especially in healthy or non-infected infants. Therefore, CRP was the parameter with the least up-to-date data during this process. When these evaluations were examined, the parameter estimated with the highest accuracy was hemoglobin with an accuracy of 43.63% and a mean squared error of 7.37. CRP parameter showed the lowest performance with 2274.9% mean squared error and 29.09% accuracy. Bilirubin remained at 36.36% accuracy level. Data acquisition and model development processes are ongoing and these initial results are promising for future studies.

Keywords – Time Series Analysis, LSTM, Deep Learning, Data Prediction, CRP, Hemoglobin, Bilirubin, Premature morbidity

Citation: Çevik, M., Cihan, M., Yılmaz, N., Konak, M., Soylu, H., Ceylan, M. (2023) Time Series Analysis with LSTM Based Deep Learning Network in Neonatal Laboratory Findings. International Journal of Multidisciplinary Studies and Innovative Technologies, 7(2): 68-73.

I. GİRİŞ

Zaman seri analizi mevcut ve geçmişteki verilerin değişim trendlerini göz önünde bulundurarak ileriye yönelik tahminler yapan sistemlerdir [1]. Zaman serisi analizi çözümleri finans [2], iklim [3], medikal [4] ve meteoroloji [5] gibi birçok farklı alanda kullanılmaktadır. Zaman serisi analizi yöntemleri özellikle bilgisayar teknolojilerindeki hesaplama kabiliyetlerinin artırılması ile birlikte önemli ilerleme katetmiştir.

Zaman serisi analizi daha çok lineer veriler için çözümler üreten Autoregressive Moving Average (ARMA) [6] ve ARMA yöntemine verilerin durağan olmayan zamansal farklılıklarını da dikkate alan entegrasyon teriminin eklenmesi ile geliştirilen Autoregressive Integrated Moving Average (ARIMA) [7] yöntemleri ile gelişmeye başlamıştır. Gerçek dünya verilerinin lineer olmama durumları ve makine öğrenmesi yöntemlerinin gelişmesi ile beraber zaman serisi tahmini için birçok farklı makine öğrenmesi algoritması geliştirilmiştir [8]. Derin öğrenme yöntemleri her sorun için özelleştirilebilir ağ yapılarına sahip olmaları ve veri kümelerinin anlamsal bağlarını çözebilecek özellik çıkarma işlemlerini sinirsel ağları ile gerçekleştirebilmeleri sayesinde zaman seri analizi verileri için uygun çözümler olmuştur [9]. Buna ek olarak özellikle metin üretimde kullanılan ve görüntü üretimi ile ilgili alanlarda da oldukça popüler olan denetimsiz transformers mimarileri zaman serisi verileri için de kullanım alanı bulmuştur [10]. LSTM (uzun kısa süreli bellek) tabanlı derin öğrenme mimarileri, ağ yapılarındaki tekrarlayan sinir ağları ile verilerin geçmiş dönem paternlerini öğrenme ve aktarma kabiliyetine sahiptir. LSTM tabanlı mimariler ile gerçekleştirilmiş birçok zaman seri analizi çalışması mevcuttur [11], [12]. Chimmula ve Zang [13] yapmış oldukları bu çalışmada Kanada sağlık otoritesi tarafından yayınlanan Covid-19 vaka sayısı verileri ile bir LSTM modeli eğitilerek ileriye yönelik vakaların yayılım riskini tahmin ettiren bir çalışma gerçekleştirmişlerdir.

Gerçekleştirilen bu çalışma yenidoğan bakım ünitesinde yatan prematüre bebeklerin laboratuvar bulguları olan CRP,

bilirubin ve hemoglobin değerlerinin LSTM tabanlı bir derin öğrenme modeli ile bir sonraki kan tahlili sonuçlarını tahmin etmeyi amaçlayan bir zaman seri analizi yöntemi sunmaktadır. Dünya sağlık örgütü (WHO) [14] verilerine göre dünya üzerinde her yıl 15 milyona yakın bebek erken doğmakta ve 1 milyondan fazla bebek bir yaşını tamamlayamadan ölmektedir. Türkiye’de T.C. Sağlık Bakanlığının açıkladığı [15] verilere göre 127.687 bebek erken doğmuş ve bu sayı tüm yenidoğan bebeklerin %12,2’sini oluşturmaktadır. TÜİK [16] verilerine göre Türkiye’deki bebek mortalite oranı binde 9,2 olarak kaydedilmiştir. Yenidoğan prematüre bebekler için ilk 28 gün hayatta kalabilmeleri açısından çok önemlidir. Bu önemli periyot içerisinde prematüre bebeklerin yaşamsal parametreleri ve laboratuvar bulguları düzenli olarak takip edilmek zorundadır.

Prematüre bebeklerde kan alma işlemi bebeklerin damar kalınlıklarının daha dar olması gibi sebeplerden dolayı çok acı verici olabilir, bu acı ve buna bağlı morbiditeyi azaltmak için birçok çalışma yapılmıştır [17]. Aynı zamanda bebeklerin kan hacimleri normal bir insana göre oldukça zayıf olduğu için daha az kan alınabilmekte ve bu yüzden laboratuvar testleri bazen yanıltıcı olabilmektedir.

Bu çalışmanın hedefi bebeklerin geçmiş laboratuvar bulguları takip edilerek ileriye yönelik kan tahlili parametreleri tahmini yapan bir zaman seri analizi yöntemi oluşturmaktır. Bu sayede sağlık çalışanlarının karar verme süreçlerinde destek olunması amaçlanmaktadır.

II. MATERYAL VE METOT

Bu bölümde ilk olarak veri seti elde etme süreçleri, veri setinin yapısı ve dağılımları hakkında bilgi verilecektir. Sonrasında zaman seri analizi açıklanacak ve LSTM ağları ile oluşturulan model tanıtılacaktır.

A. Veri Seti

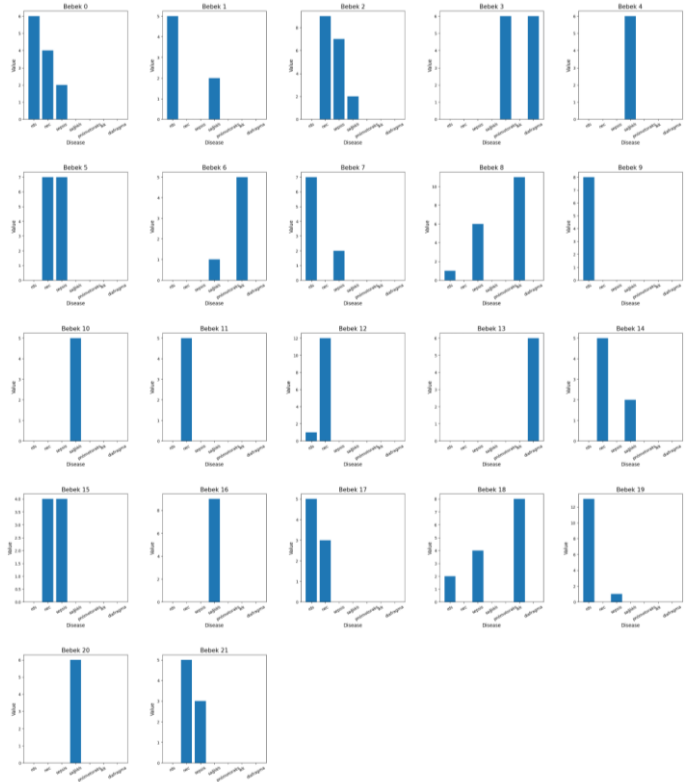
Yenidoğan premature bebeklerin laboratuvar bulgularına ait kan tahlilleri, TÜBİTAK – 1001- Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Projelerini Destekleme Programı (Proje No:

122E021) kapsamında Selçuk Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Yenidoğan Yoğun Bakım Ünitesindeki yenidoğanlardan elde edilmiştir. Proje araştırması, Etik Kurul Onayı (2022/125) ile elde edilmiştir.

Yenidoğan yoğun bakımında yatan Sepsis, RDS, NEC, Pnömotoraks, İntrakranial kanama (IKK), diafragma ve sağlıklı (hafif solunum sıkıntısı olan bebekler sağlıklı olarak değerlendirilmiştir) olarak sınıflandırılmış 22 bebek çalışmaya dahil edilmiştir. Çalışma süresince bebeklerin kan tahlili sonuçları olan CRP, bilirubin ve hemoglobin değerleri kaydedilmiştir.

- CRP: C-reaktif protein (CRP) vücutta iltihap olup olmadığını veya derecesini ölçmeye yarayan bir kan testidir. Özellikle yenidoğan prematürelde sepsis (kan zehirlenmesi) veya daha lokal olarak beyin zarı, solunum veya idrar yolları enfeksiyonları gibi rahatsızlıkların erken tespiti için CRP değerleri sürekli olarak takip edilmektedir.
- Bilirubin: Bilirubin değeri kanda işlevi biten kırmızı kan hücrelerinde bulunan hemoglobinin yıkımı sonucunda ortaya çıkan bir maddedir. Bilirubin kırmızı kan hücrelerinin yıkımından sonra kana karışır ve karaciğerlerde işlenerek gaita (dışkı) yoluyla vücuttan atılır. Özellikle prematüre bebeklerde karaciğerlerin tam olarak gelişmemesi bilirubin değerlerinin olması gerekenden çok yüksek olmasına sebep olmaktadır. Bu durum en sık bilinen sarılık gibi birçok rahatsızlığa kapı aralamaktadır. Bu yüzden prematüre bebeklerde total bilirubin değeri sürekli olarak takip edilmektedir.
- Hemoglobin: Hemoglobin, kanda bulunan kırmızı kan hücrelerinde (alyuvarlar) oksijen iletiminden sorumlu olan proteindir. Akciğerler ile solunan havada bulunan oksijenin hücrelere taşınımının %97'sini hemoglobin sağlamaktadır. Yenidoğan prematürelde normal bir insan göre kan hacmi çok düşüktür, ayrıca hastalıklarına göre vücudunda bulunan kanın 1/3'üne kadarı nakil yolla alınmış olabilir. Bu yüzden özellikle anemi (kansızlık) gibi hastalıkların teşhisinde hemoglobinin değerinin takibi gereklidir.

22 bebeğin her biri için oluşturulan zaman seri grubunda bebeklerin en az 5 en çok 15 adet laboratuvar bulgusu elde edilmiştir. Bulguları toplanan bebeklerin verilerinin kaydedildiği anlarda sahip olduğu hastalıkların dağılımları Şekil 1'de görülmektedir. Bebekler birden fazla hastalığa aynı anda sahip olabileceği gözden kaçmamalıdır.



Şekil 1. 21 bebeğin hastalık dağılımları(kan tahlilleri alındığında sahip oldukları hastalıkların sayısı) yatay eksenler sırayla rds, nec, sepsis, sağlıklı, pnömotoraks, ikk, diafragma etiketlerine sahiptir. Düşey 0-12 arasındadır.

Bebeklerden elde edilen verilerin hastalıklara dağılımı Tablo 1'de görülmektedir.

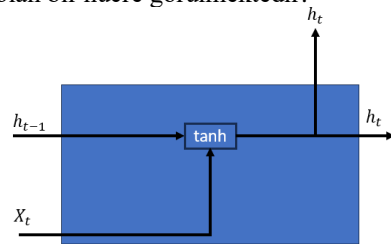
Tablo 1. Elde Edilen Verilerin Hastalıklara Dağılımı

Sepsis	RDS	NEC	Pnö	IKK	Diafragma	Sağlıklı
36	48	54	6	25	12	33

22 Bebekten elde edilen laboratuvar bulguları veri seti toplam 161 veri içermektedir.

B. LSTM

Özellikle dil işleme ve zaman serisi verileri gibi geçmiş verilerin hafızada tutulması ile sonuç üretilmesi beklenen problemlerde Özyinelemeli Sinir Ağları (RNN) evrimsel sinir ağlarına göre oldukça başarılı sonuçlar vermektedir. RNN yapısı geçmiş bir nöron katmanında çıkış değerinin aynı nöronda tekrar giriş olarak kullanılmasıyla bir hafıza görevi üstlenmektedir. Şekil 2'de RNN sinir ağı yapısına ait en küçük yapı birimi olan bir hücre görülmektedir.



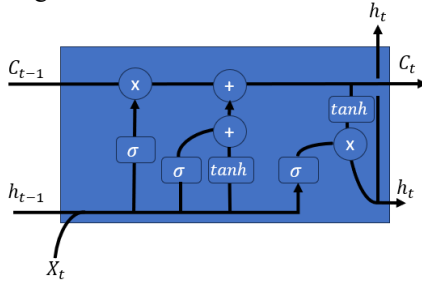
Şekil 2. RNN Sinir Ağı Yapısına ait En Küçük Birim (Hücre)

Burada h_{t-1} hücrenin bir önceki çıktısını, x_t yeni gelen girişi ve h_t çıkışı temsil etmektedir. Matematiksel ifadesi şu şekildedir:

$$h_t = \tanh(W_h * h_{t-1} + W_i * X_t) \quad (1)$$

Burada W_h gizli katmanın ağırlığını W_i giriş katmanının ağırlığını temsil etmektedir.

Veri setinin büyüdüğü ve verideki özelliklerin artmaya başladığı durumlarda RNN yapılarının hafızası eksik kalmaktadır, aynı zamanda RNN gradyan patlaması problemi de yaşamaktadır, bu durum bilginin daha ağır ilk nöronlarında kaybolmasına yol açmaktadır. Sepp Hochreiter ve Jürgen Schmidhuber [18] RNN'lerin bu temel problemlerini çözmek için LSTM ağını geliştirmişlerdir. LSTM ağları RNN'lere benzer yapılara sahiptir. Giriş, çıkış kısımlarına ek olarak LSTM'lerde unutmaya katmanı bulunmaktadır. Şekil 3'de LSTM yapısı görülmektedir.



Şekil 3. LSTM Sinir Ağı Yapısına ait En Küçük Birim (Hücre)

RNN'de olduğu gibi giriş ve çıkışlar aynı temsil edilmektedir. X_t giriş bilgisi ve h_t çıkış bilgisidir. C_t ve C_{t-1} giriş ve çıkışlar aslında LSTM'i RNN'den ayıran en temel parçadır. Bu Hücre yolu ile bilgi taşınmaktadır. Bu sayede ağ bir hafıza edinmektedir. σ sigmoid fonksiyonu temsil etmektedir. Sigmoid fonksiyon $[0,1]$ aralığında değer almaktadır. Aşağıda matematiksel ifadesi yazılan hücrenin ilk kısmındaki aktivasyon işlemi ile geçmişten gelen hangi bilgilerin hafızada tutulup tutulmayacağına karar verilmektedir. Bu kısma unutmaya kapısı (forget gate) denmektedir:

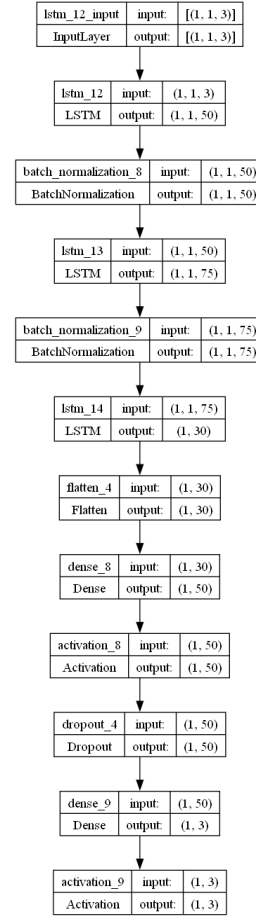
$$forget\ gate = \sigma(W_f(h_{t-1}, x_t) + b_f) \quad (2)$$

W_f ağırlık değerini, b_f bias değerini temsil etmektedir.

Giriş ve çıkış kapıları ise RNN yapısına benzerlik göstermektedir.

C. LSTM Modeli

Bu çalışmada oluşturulan LSTM derin öğrenme modeli 3 LSTM ağı yapısından ve tam bağlantılı sinir hücresi yapısına bağlanmaktadır. Şekil 4'de ağın model yapısı görülmektedir.



Şekil 4. LSTM Model Yapısı Parametreleri

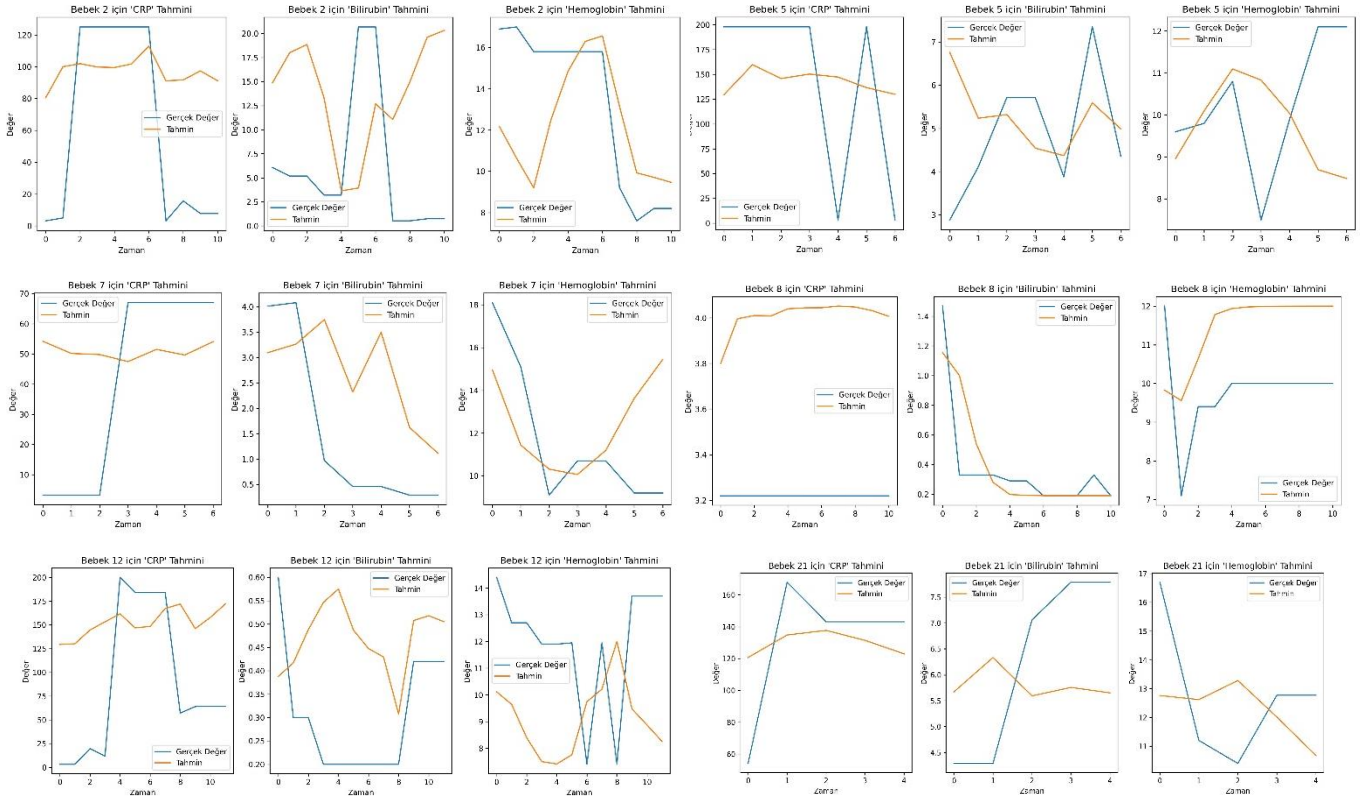
Modelin girişi CRP, hemogloblin ve bilirubin değerlerini alacağı için (1,1,3) olacak şekilde ayarlanmıştır. İlk LSTM ağı 50, ikinci 75, üçüncü ağ 30 hücre içermektedir. Her ağ geçişinde "BatchNormalization" uygulanmıştır. Ağın ileri zamanlı tahmin yapabilmesi için tam bağlantılı katmanlar eklenmiştir. Çıkış aktivasyon fonksiyonu olarak tanh aktivasyon fonksiyonu belirlenmiştir. Tanh fonksiyonu aşağıda görülmektedir. Tanh girdileri $[-1,1]$ aralığında düzenlenmiştir:

$$\tanh = \frac{e^x - e^{-x}}{e^x + e^{-x}} \quad (4)$$

Model eğitilirken hata metriği olarak ortalama karesel hata metriği kullanılmıştır. Ortalama karesel hatanın (OKH) formülü aşağıda görülmektedir.

$$OKH = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (Y_i - \tilde{Y}_i)^2 \quad (5)$$

Burada Y_i gerçek değeri \tilde{Y}_i tahmin edilen değerleri temsil etmektedir.



Şekil 5. LSTM Modeli Çıktıları

III. DENEYSEL SONUÇLAR

22 bebekten alınan 161 adet laboratuvar bulgularına dayanan veri setinin dağılımı yukarıda veri seti bölümünde anlatılmıştır. LSTM ağı mimarisi ile hazırlanmış modeli eğitmeden önce CRP, hemoglobin ve bilirubin kan parametreleri her bebeğe ait veriler için birer adım geri kaydırarak her t anındaki veriye t+1 anındaki değeri hedef değerleri olacak şekilde veri seti düzenlenmiştir. Bu sayede eğitim işlemi bir denetimli öğrenmeye çevrilmiştir. LSTM modeli her bir bebeğe ait zaman seri verisi için eğitilmiştir. Bebekler arasındaki geçişlerde modelin hafızası sıfırlanmıştır.

Her bir bebeğe ait zaman seri verisi için model 1000 epoch eğitilmiştir. Optimizasyon yöntemi olarak “Adam” optimizasyon yöntemi belirlenmiştir. Modelin oluşturulmasında ve veri ön işleme aşamaları Python 3.11.4 yazılım dilinde gerçekleştirilmiştir. Model işlemleri için Tensorflow, keras ve sklarn kütüphanelerinden faydalanılmıştır. Veri ön işleme ve eğitim işlemleri için 16Gb RAM’e sahip dizüstü bilgisayar içerisindeki NVIDIA GeForce RTX 3070Ti ekran kartı kullanılmıştır. Model sonuçları bazı bebekler için Şekil5’de görülmektedir. Mavi grafik süreç içerisinde bebeğin kan tahlilleri sonucundaki ilgili parametrelerin gerçek değerlerini, turuncu grafik ise model tarafından tahmin edilen değerleri göstermiştir. Grafikler dikkatli incelendiğinde modelin yüksek doğruluk değerlerine ulaşmadığı gözlemlenebilmektedir. Her bir bebekte kan parametresi için ayrı ayrı ortalama karesel hatalar ve doğruluk (%) değerleri Tablo 2’de görülmektedir.

Tablo 2. Kan Parametreleri İçin Model Doğruluğu

Metrik	CRP	Bilirubin	Hemoglobin
Ortalama Karesel Hata	2274.90	14.22	7.37
Doğruluk (%)	29.09	36.36	43.63

IV. TARTIŞMA

Bu çalışmada LSTM ağı mimarisine sahip bir model yenidoğan yoğun bakımında yatan prematüre bebeklerin laboratuvar bulgularına ait veriler ile eğitilerek bir zaman seri analizi çalışması gerçekleştirilmiştir. Veri elde etme sürecinde her bebek için farklı gün ve periyotlarda veri toplanmış ve veri standardizasyonu sağlanamamıştır. Veri toplama sürecinde özellikle sağlıklı bebeklerin kan tahlilleri sık yapılmadığı için veri alma periyotları ciddi derecede uzamıştır. Bu yüzden her bebek için en fazla 15 en az 5 laboratuvar bulgusu sonuçları kaydedilebilmiştir. Model değerlendirme sonuçları incelendiğinde özellikle CRP verilerinin doğruluk değerinin çok düşük olduğu gözlemlenmiştir. CRP değerleri vücutta enfeksiyon arttığında yükselen bir parametre olduğu için özellikle sağlıklı veya enfeksiyon geçirmeyen bebeklerde sık elde edilmeyen bir parametredir. Bu yüzden bu süreç içerisinde en az güncel veri alınan parametre CRP olmuştur. CRP değerinin zaman seri analizinde diğer parametrelere göre daha düşük doğruluk elde etmesinin sebebinin bu olduğu

düşünülmektedir. Diğer Hemoglobin ve Bilirubin parametreleri incelendiğinde CRP'ye göre daha yüksek doğruluk değerleri elde ettikleri ama tatmin edici sonuçlara ulaşamadıkları gözlemlenmiş ama bebeklerden daha sık periyotlarda güncel laboratuvar bulgusu elde edildiğinde oluşturulacak veri setlerin daha yüksek model doğruluklarına ulaşacağına dair umut vaat edici sonuçlar elde edilmiştir.

V. SONUÇ

Yenidoğan yoğun bakım ünitesinde kalan sepsis, rds, nec, ikk, diafragma, pnömotoraks hastalıklarına sahip ve sağlıklı 22 prematüre bebekten 161 adet veri elde edilmiş ve bu veriler her bebek için zaman seri verileri haline getirilerek bir LSTM modeli eğitilmiştir. Bu LSTM modeli her bebek için giriş olarak verilen CRP, bilirubin ve hemoglobin değerlerini eski değerleri de hafıza bölümünde değerlendirerek bir sonraki laboratuvar bulgularında hangi sonuçları elde edebileceğine dair çıktı vermektedir. Bu değerlendirmeler incelendiğinde en yüksek doğrulukla tahmin edilen parametre %43.63 doğruluk ve 7.37 ortalama karesel hata değeri ile Hemoglobin olmuştur. 2274.9 ortalama karesel hata ve %29.09 doğruluk değeri ile en düşük performansı CRP parametresi göstermiştir. Bilirubin ise %36.36 doğruluk seviyesinde kalmıştır.

Veri alma ve model geliştirme süreçleri devam etmekte olup elde edilen bu ilk sonuçlar gelecek çalışmalar için umut vaat etmektedir.

TEŞEKKÜR

Bu çalışma, Türkiye Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Kurumu (TÜBİTAK, proje numarası: 122E021) tarafından desteklenmiştir.

Yazarların Katkıları

M.Çevik: Veri toplama, Araştırma ve Metodoloji, Yazılım, Yazım – orjinal taslak, **M.Cihan:** Veri küratörlüğü, Araştırma ve Metodoloji, **N.Yılmaz:** Veri toplama, **M. Konak** ve **H. Soylu:** Kaynaklar. **M. Ceylan:** Kavramsallaştırma, Metodoloji, Doğrulama, Yazım - inceleme ve düzenleme.

Çıkar Çatışmaları Beyanı

Yazarlar arasında herhangi bir çıkar çatışması bulunmamaktadır.

Araştırma ve Yayın Etiği Beyanı

Yazarlar bu çalışmanın Araştırma ve Yayın Etiği İlkelerine uygun olduğunu beyan ederler.

KAYNAKÇA

- [1] N. I. Sapankevych and R. Sankar, "Time Series Prediction Using Support Vector Machines: A Survey", IEEE Computational Intelligence Magazine, vol. 4, no. 2, pp. 24-38, 2009
- [2] O.B. Sezer, M.U. Gudelek, A. M. Ozbayoglu, "Financial time series forecasting with deep learning: A systematic literature review: 2005–2019", Applied Soft Computing, vol. 90, pp. 106-181, 2020
- [3] T. Dimri, S. Ahmad, M. Sharif "Time series analysis of climate variables using seasonal ARIMA approach" J Earth Syst Sci, pp. 129-149, 2020
- [4] R. B. Penfold, F. Zhang, "Use of Interrupted Time Series Analysis in Evaluating Health Care Quality Improvements", Academic Pediatrics, vol. 13, pp.38-44, 2013
- [5] S. S. Vakhare, R. R. Manza, M. M. Mhaske, "Time Series Analysis and Forecasting of Temperatures Records of Aurangabad District in

- Maharashtra", International Journal for Modern Trends in Science and Technology, vol.6, pp. 291-295, 2020
- [6] G. Box, G. Jenkins, G. Reinsel, G. Ljung, "Time Series Analysis: Forecasting and Control", New Jersey, John Wiley & Sons,
- [7] S. Makridakis, M. Hibon, "ARMA Models and the Box-Jenkins Methodology", Journal of Forecasting, vol.16, pp.147-163
- [8] N.K. Ahmed, A.F. Atiya, N. El Gayar, H. El-Shishiny, "An Empirical Comparison of Machine Learning Models for Time Series Forecasting", Econometric Reviews, vol. 29, pp.594-621, 2010
- [9] B. Lim, S. Zohrem, "Time-series forecasting with deep learning: a survey", Royal Society, vol. 379, Issue 2194, 2021
- [10] S. Ahmed, I.E. Nielsen, A. Tripathi, S. Siddique, R.P. Ramachandran, G. Rassol, "Transformers in Time-Series Analysis: A Tutorial" Circuits Syst Signal Process, vol. 42, pp. 7433–7466, (2023)
- [11] A. Kumar Dubey, A. Kumar, V. Garcia-Díaz, A. Kumar Sharma, K. Kanhaiya, "Study and analysis of SARIMA and LSTM in forecasting time series data", Sustainable Energy Technologies and Assessments, vol. 47, pp. 101474, 2021
- [12] S. Siami-Namini, N. Tavakoli and A. Siami Namin, "A Comparison of ARIMA and LSTM in Forecasting Time Series", 17th IEEE International Conference on Machine Learning and Applications (ICMLA), Orlando, FL, USA, pp. 1394-1401, 2018
- [13] V.K.R. Chimmula, L. Zhang, "Time series forecasting of COVID-19 transmission in Canada using LSTM networks", Chaos, Solitons & Fractals, vol. 135, pp. 109864, 2020
- [14] Anonim, 2023, Preterm Birth [online], World Health Organization, <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/preterm-birth> [Ziyaret Tarihi: 15 Ekim 2023]
- [15] Anonim, 2021, Dünya Prematüre Günü [online], T.C. Sağlık Bakanlığı, Halk Sağlığı Genel Müdürlüğü, <https://hsgm.saglik.gov.tr/tr/haberler-cocukergen/dunya-premature-gunu.html> , [Ziyaret Tarihi: 16 Ekim 2023]
- [16] Anonim, 2023, Ölüm ve Ölüm Nedeni İstatistikleri, 2021 [Online], <https://data.tuik.gov.tr/Bulten/Index?p=Olum-ve-Olum-Nedeni-İstatistikleri-2021-45715> , [Ziyaret Tarihi: 5 Mayıs 2023]
- [17] O. Kapellou, "Blood sampling in infants (reducing pain and morbidity)", BMJ Clinical Evidence, vol. 2009 0313, 2009
- [18] S. Hochreiter, J. Schmidhuber, "Long Short-Term Memory", Neural Computation, vol. 9, no. 8, pp. 1735-1780, 1997

Neonatal Hiperspektral Görüntü Sınıflandırması için 3 Boyutlu Evrişimli Sinir Ağları ile Boyut İndirgeme Yöntemlerinin Karşılaştırmalı Analizi

Mücahit Cihan¹, Mahmut Çevik^{2*}, Nezahat Yılmaz³, Murat Konak⁴, Hanifi Soylu⁵ ve Murat Ceylan⁶

¹ Konya Teknik Üniversitesi, Mühendislik ve Doğa Bilimleri Fakültesi, Elektrik-Elektronik Mühendisliği Bölümü, Konya, Türkiye (mcihan@ktun.edu.tr) (ORCID: 0000-0002-1426-319X)

^{2*} AIVISIONTECH Elektronik Yazılım A.Ş., Konya, Türkiye (mahmut@aivisiontech.com) (ORCID: 0009-0001-8630-9564)

³ Selçuk Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Çocuk Sağlığı ve Hastalıkları Ana Bilim Dalı, Konya, Türkiye (nzhtylmz.42@gmail.com) (ORCID: 0000-0002-1214-9692)

⁴ Selçuk Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Dahili Tıp Bilimleri Bölümü, Konya, Türkiye (drmkonak@hotmail.com) (ORCID: 0000-0001-8728-4541)

⁵ Selçuk Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Dahili Tıp Bilimleri Bölümü, Konya, Türkiye (hasoylu@hotmail.com) (ORCID: 0000-0003-0367-859X)

⁶ Konya Teknik Üniversitesi, Mühendislik ve Doğa Bilimleri Fakültesi, Elektrik-Elektronik Mühendisliği Bölümü, Konya, Türkiye (mceylan@ktun.edu.tr) (ORCID: 0000-0001-6503-9668)

Türkçe Özet – Hiperspektral Görüntüleme (HSG) verilerinin yüksek boyutlu olması, sınıflandırma performansını olumsuz etkilemektedir. Bu nedenle, birçok HSG sınıflandırma uygulamasında, yüksek boyutlu verilerle başa çıkmak için boyut indirgeme yöntemlerine başvurulmaktadır. Boyut indirgeme yöntemleri, kullanışlı özelliklerin elde edilmesini hedeflemektedir. Bu sürecin sonucunda veri boyutu azaltılmakta ve işlem maliyeti düşürülmektedir. Bu çalışmada, neonatal HSG sınıflandırma başarısını artırmak için veriler üzerine çeşitli boyut indirgeme yöntemleri uygulanmıştır. Hem uzamsal hem de spektral özelliklere erişebilen özel bir 3 boyutlu evrişimli sinir ağı (3B-ESA) modeli sınıflandırma için kullanılmıştır. Birçok boyut indirgeme yöntemi farklı performans değerlendirme ölçütleri kullanılarak değerlendirilmiş ve Temel Bileşenler Analizi (TBA) ile en iyi sonuca ulaşılmıştır. TBA, genel doğruluk oranı dışında boyut indirgeme süresi bakımından diğer yöntemlere kıyasla oldukça başarılı olmuştur. Bu sayede TBA, anlamlı spektral özelliklerin daha kısa bir sürede elde edilmesini sağlayarak hesaplama maliyetini düşürmüştür. Ayrıca, Negatif Olmayan Matris Ayrışımı (NOMA) ve Yerel Doğrusal Gömme (YDG) yöntemleri de başarılı sonuçlar vermiştir. t-Dağıtılmış Stokastik Komşu Gömme (t-SKG) yöntemi, iyi sonuçlar vermesine rağmen boyut indirme işleminde en fazla süreyi alan yöntem olmuştur. Sonuç olarak, bu çalışma neonatal hiperspektral görüntü sınıflandırmasında çeşitli boyut indirgeme yöntemlerinin başarılı sonuçlar elde edilmesini sağlayabileceğini göstermektedir. Bu tür tekniklerin kullanılması, yüksek boyutlu HSG verilerini daha işlenebilir hale getirerek sınıflandırma performansını artırmaktadır.

Anahtar Kelimeler – Hiperspektral Görüntüleme, Boyut İndirgeme, 3 Boyutlu Evrişimli Sinir Ağları, Neonatal, Temel Bileşenler Analizi, Negatif Olmayan Matris Ayrışımı, Yerel Doğrusal Gömme, t-Dağıtılmış Stokastik Komşu Gömme.

Atf: Cihan, M., Çevik, M., Yılmaz, N., Konak, M., Soylu, H., Ceylan, M. (2023). Neonatal Hiperspektral Görüntü Sınıflandırması için 3 Boyutlu Evrişimli Sinir Ağları ile Boyut İndirgeme Yöntemlerinin Karşılaştırmalı Analizi. International Journal of Multidisciplinary Studies and Innovative Technologies, 7(2): 74-83.

Comparative Analysis of Dimension Reduction Methods with 3 Dimensional Convolutional Neural Networks for Neonatal Hyperspectral Image Classification

Extended Abstract

Research Problem/Questions – Hyperspectral imaging (HSI) data are high-dimensional and complex data containing a large number of spectral bands. Therefore, these images generate large datasets and become challenging to process. The high dimensionality of HSI data often hinders classification performance.

Short Literature Review – Consequently, in many HSI classification applications, dimensionality reduction methods are employed to deal with the challenges posed by high-dimensional data. These methods aim to extract valuable features, reducing data size and computational costs in the process.

Methodology – In this study, various dimensionality reduction techniques were applied to enhance neonatal HSI classification performance. A specialized 3D Convolutional Neural Network (3D-CNN) model, capable of incorporating both spatial and spectral features, was used for classification. Several dimensionality reduction methods were assessed using various performance evaluation criteria.

Results and Conclusions – Principal Component Analysis (PCA) emerged as the top-performing method. Additionally, PCA exhibited remarkable efficiency in dimensionality reduction time when compared to other techniques, significantly reducing computational costs while providing meaningful spectral features. Non-Negative Matrix Factorization (NMF) and Local Linear Embedding (LLE) also delivered strong results. On the other hand, t-Distributed Stochastic Neighbor Embedding (t-SNE), although effective, consumed the most time in dimension reduction. In conclusion, this study underscores the potential of various dimensionality reduction methods in improving neonatal hyperspectral image classification. The application of such techniques enhances classification performance by rendering high-dimensional HSI data more manageable.

Keywords – Hyperspectral Imaging, Dimension Reduction, 3D Convolutional Neural Networks, Neonatal, Principal Component Analysis, Non-Negative Matrix Factorization, Local Linear Embedding, t-Distributed Stochastic Neighbor Embedding.

Citation: Cihan, M., Çevik, M., Yılmaz, N., Konak, M., Soylu, H., Ceylan, M. (2023). Comparative Analysis of Dimension Reduction Methods with 3D Convolutional Neural Networks for Neonatal Hyperspectral Image Classification. International Journal of Multidisciplinary Studies and Innovative Technologies, 7(2): 74-83.

I. GİRİŞ

Hiperspektral Görüntüleme (HSG), yüzlerce veya binlerce ayrı spektral bant içeren görüntülerin elde edilmesini sağlayan güçlü bir görüntüleme tekniğidir [1]. Bu teknoloji, nesnelerin malzeme bileşenleri, kimyasal içerikleri ve fiziksel özellikleri hakkında ayrıntılı bilgi sağlama kapasitesi ile geniş bir uygulama yelpazesi sunmaktadır. Tarım sektöründe bitki sağlığının izlenmesi [2], madencilikte mineral kaynaklarının tespiti [3], çevre işleme [4], uzaktan algılama [5], gıda güvenliği [6], tıbbi teşhis [7], arkeoloji [8], askeri istihbarat [9], sanayi kalite kontrolü [10], su kaynakları yönetimi [11] gibi bir dizi alanda kullanılmaktadır.

HSG sağlık alanında önemli uygulama potansiyeli taşımaktadır. Özellikle tıbbi teşhis ve tedavi izleme süreçlerinde, HSG cilt lezyonları, kanser teşhisi, doku karakterizasyonu ve oksijen doygunluğu gibi kritik parametrelerin izlenmesine yardımcı olmaktadır [12]. Bu teknoloji, dokuların spektral imzalarını incelemek suretiyle sağlık profesyonellerine daha ayrıntılı ve hassas bilgiler sunar, böylece erken teşhislerin yapılmasına ve tedavi stratejilerinin iyileştirilmesine katkıda bulunur [13]. Ayrıca, hiperspektral görüntüleme, tıbbi uygulamalarda görüntü işleme ve veri analizinde yeni olanaklar sunarak sağlık hizmetlerinin kalitesini artırmaktadır [14]. Neonatal sağlık alanında, hiperspektral görüntüleme, yenidoğan bebeklerin cilt sağlığı (yara tespiti gibi) ve oksijen doygunluğu gibi önemli tıbbi parametrelerin izlenmesi için kullanılmıştır [15], [16].

Hiperspektral görüntüler, yüksek boyutlu ve karmaşık verilerdir. Her pikselde çok sayıda spektral bant içerdiğinden, bu görüntüler büyük veri kümelerini oluşturur ve işlenmesi zorlu hale gelir [17]. Bu büyük boyutlu veriler, analiz ve işlem süreçlerini karmaşıklştırabilir, hesaplama maliyetlerini artırabilir ve sınıflandırma algoritmalarının etkinliğini olumsuz etkileyebilir. Ayrıca, bu yüksek boyutlu verilerin işlenmesi, analizi ve sınıflandırılması, özellikle derin öğrenme yöntemleri gibi gelişmiş algoritmalar gerektirir [18]. Bu zorluğun üstesinden gelmek ve hiperspektral görüntü

verilerinden anlamlı bilgiler elde etmek için boyut indirgeme yöntemleri kritik bir rol oynar.

Boyut indirgeme yöntemleri, yüksek boyutlu hiperspektral verilerin boyutunu indirgeyerek daha düşük boyutlu temsillemelelere dönüştürmeyi amaçlar. Bu süreç, gereksiz ve gürültülü bilgilerin elemine edilmesini içerirken önemli spektral özelliklerin korunmasına odaklanır. Bu, verilerin daha anlamlı ve işlenebilir hale gelmesini sağlar. Ayrıca, boyut indirgeme yöntemleri, sınıflandırma algoritmalarının daha iyi performans göstermesine yardımcı olur [19].

Temel Bileşenler Analizi (TBA) [20], Bağımsız Bileşenler Analizi (BBA) [21], Tekil Değer Ayrışması (TDA) [22], t-Dağıtılmış Stokastik Komşu Gömme (t-SKG) [23], Yerel Doğrusal Gömme (YDG) [24] Negatif olmayan Matris Ayrışımı (NOMA) [25] ve Spektral Gömme (SG) [26] gibi çeşitli boyut indirgeme teknikleri hiperspektral görüntü verilerinin işlenmesinde yaygın olarak kullanılır. Bu yöntemler, yüksek boyutlu verileri daha yönetilebilir boyutlara indirirken önemli bilgiyi korur. Literatürde, HSG verilerine farklı boyut indirgeme yöntemleri uygulanarak çeşitli çalışmalar yapılmıştır. Örneğin; Haque ve Mishu [27]'de, TBA tabanlı boyut indirgeme tekniği ve çok ölçekli ESA'dan oluşan bir hibrit yöntem önermişler ve kullandıkları uzaktan algılama veri kümesinde 0.99 doğruluk oranı elde etmişlerdir. Fırat ve ark. [28]'de, TBA'ya ilave olarak BBA ve TDA gibi boyut indirgeme yöntemlerini kullanarak HSG sınıflandırma performansı artırılmışlardır. Devassy ve George ise [29]'da, t-SKG boyut indirgeme yöntemini kullanarak spektral benzerlikleri daha düşük boyutlara ölçeklemişlerdir. Huang ve ark. [30]'da, hiperspektral saçılım özelliklerini çıkarmak için bir YDG algoritması kullanmıştır. Hossain ve Hossain [31]'de, TBA, NOMA, BBA ve TDA gibi boyut indirgeme algoritmalarını kullanmanın sınıflandırma üzerindeki etkilerini ve performansını göstermek için deneysel çalışmalar yapmışlardır. Huang ve ark. [32]'de, HSG verilerindeki komşu bantlara yerel olarak özgü dizi bilgilerini öğrenmek için SG modülünü kullanmışlardır. HSG verilerinin boyutunun

indirgenmesi, analiz ve işleme kolaylığının sağlanması için birçok farklı yöntem literatürde kullanılmıştır.

Bu çalışma, neonatal hiperspektral görüntü sınıflandırması için 3 Boyutlu Evrişimli Sinir Ağları (3B-ESA) kullanarak boyut indirgeme yöntemlerinin karşılaştırmalı analizini sunmaktadır. Hiperspektral görüntülerin boyutlarının indirgenmesi, veri analizini kolaylaştırır, hesaplama karmaşıklığını azaltır ve sınıflandırma performansını artırır. Bu nedenle, bu çalışma hiperspektral görüntüler için farklı boyut indirgeme yöntemlerinin etkinliğini değerlendirmeyi hedeflemektedir. Çalışmanın temel amaçları aşağıdaki gibi ifade edilebilir:

- Farklı boyut indirgeme tekniklerinin neonatal hiperspektral görüntü verileri üzerindeki etkisini incelemek.
- 3B ESA kullanarak boyut indirgenmiş görüntülerle sınıflandırma performansını karşılaştırmak.
- Optimal boyut indirgeme yöntemini ve sınıflandırma stratejisini belirlemek ve neonatal tıbbi teşhis uygulamaları için potansiyel faydalarını değerlendirmek.

Hiperspektral görüntü analizi ve boyut indirgeme konularında daha ileri bir adım atılarak, neonatal sağlık izleme uygulamalarına önemli katkılar sunmak amaçlanmıştır. Özellikle, hiperspektral görüntülerin boyut indirgeme yöntemleri kullanılarak elde edilen verileri, 3B-ESA ile sınıflandırılması incelenmektedir. Boyut indirgeme, bu karmaşık verileri daha anlamlı ve işlenebilir hale getirmek için kritik bir adımdır.

Bildirinin geri kalan kısmında, verisetinin tanıtımı, boyut indirgeme yöntemlerinin açıklaması, 3B-ESA modeli ve performans ölçütleri yer almaktadır. Daha sonra, deneysel sonuçların sunumu ve sonuçların analiz edilmesiyle devam edecek ve son bölümde genel sonuçlar sunulacaktır.

II. MATERYAL VE METOT

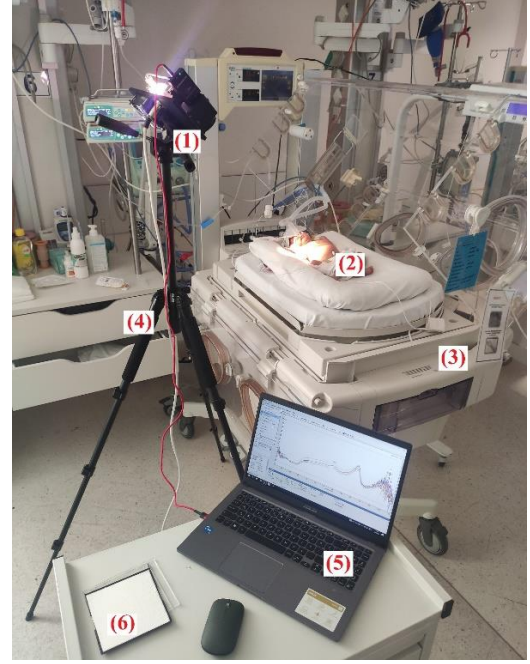
A. HSG Sistemi

HSG verileri, MS Spektral firması tarafından tasarlanan HSG sistemi kullanılarak elde edilmiştir. Görüntüleme sistemi 0.5m mesafede 50mm çapından ışık toplayabilen noktasal bir spektrometredir. Bu sistem noktasal tarama tekniği ile HSG verileri toplamaktadır.

Bu sistemde BROADCOM firmasının geliştirmiş olduğu AFBR-S20M2VN Qmini VIS/NIR-Miniature USB spektrometresi bulunmaktadır. Cihazın teknik özellikleri Tablo 1'de verilmiştir. Yansıyan spektrum ölçümleri kalibrasyonu için BaSO₄ bazlı bir beyaz referans panel ve ışık kaynağı olarak 21V 150W gücünde bir halojen ampül kullanılmıştır. Ölçüm kurulumu Şekil 1'de gösterilmiştir.

Tablo 1. AFBR-S20M2VN Qmini VIS/NIR-Miniature USB spektrometresi teknik özellikleri.

Özellik	Değer
Dalga Boyu Aralığı	480-1100 nm
Spektral Çözünürlük	0.3 nm
Dalga Boyu Sayısı	2018
Odak Uzaklığı	50 mm
Izgara (Grating)	300 lines/mm
Giriş Yarığı	50 µm
Dinamik Aralık	1300:1
Pozlama Süresi	3 µs to 600s



Şekil 1. Ölçüm kurulumu; (1) kamera sistemi, (2) yenidoğan, (3) kütüz, (4) tripod, (5) bilgisayar ve (6) beyaz referans panel.

B. Veriseti

Neonatal HSG verileri, TÜBİTAK – 1001- Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Projelerini Destekleme Programı (Proje No: 122E021) kapsamında Selçuk Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Yenidoğan Yoğun Bakım Ünitesindeki yenidoğanlardan elde edilmiştir. Proje araştırması, Etik Kurul Onayı (2022/125) ile gerçekleştirilmiştir.

Kamera sistemi, elektromanyetik spektrumun görünür ve yakın kızılötesi bölgelerini kapsamaktadır; 480 nm ile 1100 nm dalga boyları arasında 2018 farklı spektral bantta noktasal olarak veri toplayabilen bir spektrometreye sahiptir.

Ölçümden önce beyaz renge uygun olarak spektral bant kalibrasyonu yapmak için beyaz bir referans panel kullanılmaktadır. Tripod, kamerayı sabitlemek ve titreşimleri azaltmak için kullanılmaktadır. Ölçümler supin pozisyonda yatan yenidoğandan 50 cm uzaklıktan alınmaktadır. Kamera açısı 45 derece olarak belirlenmektedir. Sonuç olarak kamera her bir nokta için 2018 dalga boyunda veri toplamaktadır.

Kamera noktasal veri topladığı için elde edilen verilerin boyutu 1×1×2018 boyutundadır. Uzamsal anlamda boyutu genişletmek için farklı noktalardan ölçümler alınmış ve bu ölçümler birleştirilmiştir. Toplamda bir yenidoğan için 100 farklı noktadan veriler alınarak 10×10×2018 hiperspektral veri küpleri oluşturulmuştur. Bir bebeğin spektral imzaları sağlık durumuna göre (hasta veya sağlıklı) farklı noktalarda benzer özellikler gösterdiği için verilerin birleştirilmesi sorun teşkil etmemektedir. Bu sayede hacimsel veriler oluşturulmuştur.

Bu çalışma için toplamda 220 HSG verisi kullanılmıştır. Bu verilerin 110'u hasta yenidoğanlara aitken, diğer 110'u ise kontrol grubuna aittir. Hasta verileri içinde 37 tanesi AORT damarının daralması veya sıkışması sonucu meydana gelen AORT koarktasyonu hastalığına, 27 tanesi çeşitli sebeplerden kaynaklanan akciğer çökmesi sonucu oluşan pnömotoraks hastalığına, ve 46 tanesi akciğerlerin yeterince gelişmemesi nedeniyle ortaya çıkan solunum sıkıntısı olan respiratuar distres sendromu hastalığına aittir. Bu hastalıkların tamamının gövde bölgesinde olduğu dikkate alınarak, daha doğru bir

karşılaştırma yapmak amacıyla kontrol grubuna ait HSG verileri de aynı bölgelerden alınan verilerden oluşmaktadır.

Şekil 2, örnek bir sağlıklı yenidoğan ve bir hasta yenidoğan için elde edilen tüm spektrumları ve bu spektrumların ortalamalarını göstermektedir. Bu spektral imzalar, her bir pikselin farklı dalga boyları altındaki spektral değerlerini temsil etmek amacıyla oluşturulmuştur [33]. Bu imzalardaki spektral bilgiler kullanılarak uygulamalar gerçekleştirilmiştir.

Spektral imzalar incelendiğinde, numuneden yansıyan ışığın performansının 500nm'nin altında ve 1000nm'nin üzerinde düşük olduğu gözlemlenmiştir. Bu nedenle, 500-1000nm aralığının dışındaki spektrumlar sadece gürültü içerirken, bu aralıktaki spektrumlar yenidoğanların sağlık durumuyla ilgilidir. Bu nedenle, 500-1000nm aralığındaki 1538 spektrum analize dahil edilmiştir. Ayrıca, veri kesinliğini artırmak için her spektrum Savitzky-Golay [34] filtresi kullanılarak yumuşatılmıştır. Bu filtre, verisetindeki dalgalanmaları azaltmak için kullanılır ve verilerin düzgünleştirilmesine yardımcı olur. Sonuç olarak, spektrum verileri daha kesin ve güvenilir hale getirilmiştir.

C. Boyut İndirgeme Yöntemleri

Büyük ve karmaşık bir HSG veri kümesini daha yönetilebilir ve işlenebilir hale getirmek amacıyla, HSG veri işleme ve analizi sırasında kanal boyutunu azaltma işlemi uygulanmıştır. Hiperspektral görüntüler, genellikle yüzlerce veya binlerce dar bant spektral kanaldan oluşur ve bu büyük veri kümesini işlemek zorlaştırabilir. Kanal boyutu azaltma, veriyi daha verimli hale getirmek amacıyla bu çalışmada çeşitli boyut indirgeme yöntemleri kullanılmıştır.

Temel Bileşenler Analizi (Principal component analysis, TBA):

TBA, çok boyutlu verilerin boyutunu azaltmak ve temel varyasyonları ortaya çıkarmak için kullanılan istatistiksel bir yöntemdir. TBA, aşağıdaki adımlarla açıklanabilir:

Veri Hazırlığı: Hiperspektral veriler bir veri matrisi olarak temsil edildiği düşünülürse bu matris, her piksel için spektral bantların yan yana dizilmesiyle oluşturulur. Örneğin, m piksel ve n spektral bant varsa, veri matrisi X şu şekildedir:

$$X = \begin{bmatrix} x_{11} & x_{12} & \dots & x_{1n} \\ x_{21} & x_{22} & \dots & x_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ x_{m1} & x_{m2} & \dots & x_{mn} \end{bmatrix} \quad (1)$$

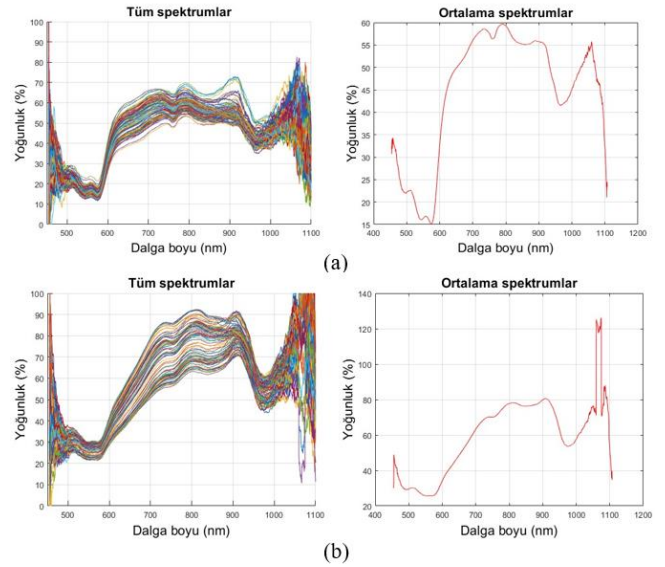
Ortalama Merkezileştirme: Her spektral bandın ortalamasını çıkararak verilerin merkezileştirilmesi gerekmektedir. Bu işlem, her bir özellik veya spektral bant için yapılır. Örneğin, bir spektral bandın ortalaması j için şu şekildedir:

$$\bar{x}_j = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m x_{ij} \quad (2)$$

Ortalama merkezileştirme sonucunda, her spektral bandın ortalaması sıfır olur.

Kovaryans Matrisinin Hesaplanması: Kovaryans matrisi, hiperspektral verilerin varyansını ve korelasyonunu hesaplamak için kullanılır. Kovaryans matrisi Σ şu şekildedir:

$$\Sigma = \frac{1}{m} X^T X \quad (3)$$



Şekil 2. Örnek spektral imzalar ve bu imzaların ortalamaları; (a) sağlıklı ve (b) hasta.

Burada, Σ kovaryans matrisini, X veri matrisini ve T transpozunu temsil etmektedir.

Özdeğer ve Özvektörlerin Hesaplanması: Kovaryans matrisinin özdeğerleri ve özvektörleri hesaplanır. Özdeğerler büyükten küçüğe sıralanır ve ilgilenilen ilk özdeğer ve karşılık gelen özvektörler seçilir. Bu özdeğerler ve özvektörler, temel bileşenlerin hesaplanmasına yardımcı olur.

Temel Bileşenlerin Hesaplanması: Seçilen özvektörler kullanılarak temel bileşenler hesaplanır. Temel bileşenler, yeni bir boyutlu uzayda verilerin temsili olarak kullanılabilir.

$$Z = XU \quad (4)$$

Burada, U özvektör matrisini ve Z temel bileşenler matrisini temsil eder.

TBA, HSG verilerin boyutunu azaltmak ve verideki temel yapıya odaklanmak için kullanılır. Temel bileşenler, veriyi daha az boyutta temsil ederken önemli bilgileri korumaktadır. Bu, veri analizi ve sınıflandırma gibi uygulamalarda kullanışlı olmaktadır.

Bağımsız Bileşenler Analizi (Independent Component Analysis, BBA):

BBA Modeli: BBA, veriyi bağımsız bileşenlere ayırmayı amaçlayan bir modeldir. BBA ile, spektral boyutu korumak ve bağımsız bileşenleri çıkarmak için aşağıdaki matematiksel model kullanılır:

$$X = AS \quad (5)$$

Burada X hiperspektral veri matrisini, A karışım matrisini ve S bağımsız bileşen matrisini temsil eder.

Amaç Fonksiyonu: BBA, bir amaç fonksiyonunu optimize etmek amacıyla çalışır. Amaç fonksiyonu, verinin bağımsız bileşenlere nasıl ayrıldığını ölçer. Tipik olarak, amaç fonksiyonu, bağımsız bileşenlerin negatif log olasılık yoğunluğunu maksimize etmeye çalışır.

Optimizasyon: BBA'nın temel hedefi, amaç fonksiyonunu optimize ederek karışım matrisini (A) ve bağımsız bileşen matrisini (S) hesaplamaktır. Bu optimizasyon işlemi genellikle gradyan iniş gibi iteratif bir yöntem kullanılarak gerçekleştirilir. Optimizasyon işlemi sonucunda, bağımsız

bileşenler (S) hesaplanır ve verinin spektral boyutu korunurken verinin yapılarına dayalı bağımsız bileşenler elde edilir.

Bu şekilde BBA, hiperspektral verilerin spektral boyutunu korurken veriyi bağımsız bileşenlere ayırmak ve verinin yapılarını incelemek için kullanılır.

Tekil Değer Ayrışması (Singular Value Decomposition, TDA):

TDA, bir matrisi üç ayrı matrise ayıran matematiksel bir işlemdir. Veri matrisi TDA ile aşağıdaki şekilde ayrıştırılabilir:

$$X = U\Sigma V^T \quad (6)$$

X : hiperspektral veri matrisini ifade eder.

U : $m \times m$ boyutunda bir matristir ve bu matrisin sütunları, veri matrisinin satırlarına göre temsil edilen temel bileşenleri içerir.

Σ : $m \times n$ boyutunda bir matristir ve bu matrisin çapraz üst üçgeni, tekil değerleri içerir.

V^T : $n \times n$ boyutunda bir matristir ve bu matrisin sütunları, veri matrisinin sütunlarına göre temsil edilen temel bileşenleri içerir.

Spektral Boyutun Korunması: TDA'nın önemli bir özelliği, tekil değerlerin büyükten küçüğe sıralanmış olmasıdır. Dolayısıyla, daha az sayıda tekil değeri (yani, azaltılmış boyutta) kullanarak veri temsil edilebilir. Bu şekilde, spektral boyut korunurken, veri daha düşük boyutlu bir temsille analiz edilebilir.

Azaltılmış Boyutta Yeniden İnşa: İlgilenilen azaltılmış boyut sayısına göre tekil değerler ve ilgili sütunlar (U ve V) seçilir. Bu azaltılmış temel bileşenler kullanılarak orijinal veri yeniden inşa edilebilir:

$$X' = U_k \Sigma_k V_k^T \quad (7)$$

Burada, k azaltılmış boyut sayısını temsil eder.

TDA, spektral boyutun korunduğu ve uzamsal boyutta herhangi bir değişiklik yapılmadığı için HSG verilerinin analizi için kullanışlı bir yöntemdir. Azaltılmış boyutta veri temsili, gürültünün azaltılması ve veri analizi açısından avantajlar sunmaktadır.

t-Dağıtılmış Stokastik Komşu Gömme (t-Distributed Stochastic Neighbor Embedding, t-SKG):

t-SKG Modeli: t-SKG, yüksek boyutlu verileri düşük boyutlu bir uzaya indirgemek için kullanılan bir doğrusal olmayan boyut indirgeme yöntemidir. t-SKG için şu adımlar takip edilir:

a. İlk olarak, benzerlik matrisi P oluşturulur. P matrisi, verinin benzerliklerini yansıtır ve çoğunlukla Gaussian olasılık yoğunluğu kullanılarak hesaplanır:

$$p_{ij} = \frac{e^{-\frac{\|z_i - z_j\|^2}{2\sigma_i^2}}}{\sum_{k \neq i} e^{-\frac{\|x_i - x_k\|^2}{2\sigma_i^2}}} \quad (8)$$

Burada, p_{ij} iki nokta x_i ve x_j arasındaki benzerliği temsil eder ve σ_i benzerlik ölçeği olarak kullanılır.

b. Ardından, düşük boyutlu veriyi temsil eden bir benzerlik matrisi Q oluşturulur. Q matrisi, düşük boyutlu uzayda noktalar arasındaki benzerliği temsil eder:

$$q_{ij} = \frac{(1 + \|y_i - y_j\|^2)^{-1}}{\sum_{k \neq i} (1 + \|y_i - y_k\|^2)^{-1}} \quad (8)$$

Burada, q_{ij} iki nokta y_i ve y_j arasındaki benzerliği temsil eder.

Amaç Fonksiyonu: t-SKG, benzerlik matrislerinin benzerliklerini en iyi şekilde korumaya çalışır. Bu amaç fonksiyonu, Kullback-Leibler (KL) diverjansını minimize etmeyi amaçlar:

$$C = KL(P \parallel Q) = \sum_i \sum_j p_{ij} \log \frac{p_{ij}}{q_{ij}} \quad (9)$$

Burada, C amaç fonksiyonunu temsil eder.

Optimizasyon: t-SKG, amaç fonksiyonunu optimize ederek düşük boyutlu temsili bulur. Genellikle gradyan iniş veya diğer iteratif yöntemler kullanılır. Optimizasyon işlemi sonucunda, düşük boyutlu temsili (y_i) hesaplanır ve verinin spektral boyutu korunurken veri, düşük boyutlu uzamsal temsilde temsil edilir.

t-SKG, verinin benzerliklerini koruyarak yüksek boyutlu veriyi düşük boyutlu uzamsal temsilde ifade etmek için kullanılır. Bu şekilde verinin yapısını daha iyi anlamak ve görselleştirmek için faydalıdır.

Yerel Doğrusal Gömme (Locally Linear Embedding, YDG):

YDG Algoritması: YDG, veriyi yakındaki noktaların lokal doğrusal ilişkilerini koruyacak şekilde düşük boyutlu bir uzaya çekmek için kullanılır. Bu işlemi gerçekleştirmek için aşağıdaki adımları takip eder (X : Giriş HSG verisi):

a. **Komşu Noktaların Bulunması:** Her pikselin, yakınındaki komşu pikselleri belirlemek için bir komşuluk grafiği oluşturulur.

b. **Ağırlık Matrisinin Oluşturulması:** Her piksel, komşu piksellere olan uzaklıklara göre bir ağırlık matrisi hesaplar. Bu ağırlıklar, her bir pikselin komşularıyla olan yerel doğrusal ilişkisini yansıtır.

c. **Düşük Boyutlu Temsilin Hesaplanması:** Ağırlık matrisi ve veri matrisi kullanılarak düşük boyutlu temsil hesaplanır. Genellikle en küçük özdeğerlere karşılık gelen özvektörler kullanılır.

d. **Sonuçların Yeniden İnşa Edilmesi:** Düşük boyutlu temsil kullanılarak, her pikselin yeniden inşa edilmiş uzamsal temsili hesaplanır.

Azaltılmış Boyutta Yeniden İnşa: YDG'nin sonucu olarak, her pikselin azaltılmış boyutta temsili ve bu temsili kullanarak uzamsal yeniden inşa edilmiş temsili vardır.

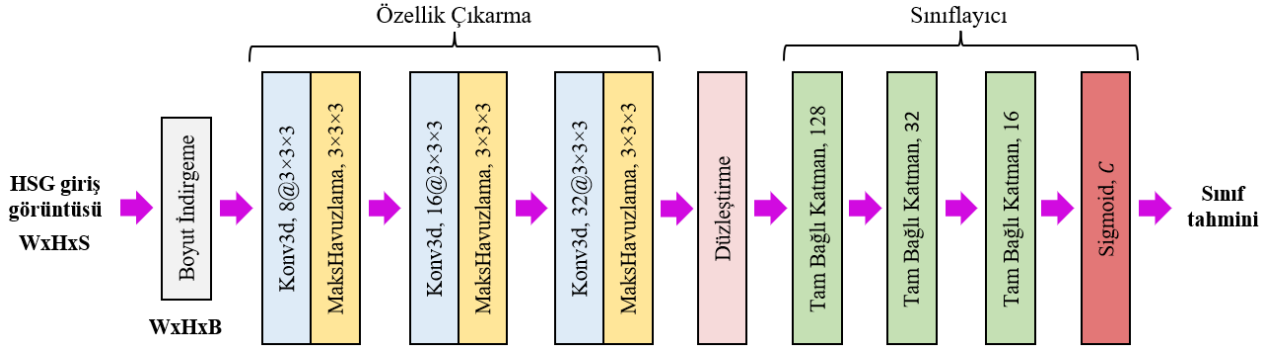
$$X' = [x'_1, x'_2, \dots, x'_m] \quad (10)$$

Burada, X' azaltılmış boyutta veriyi temsil eder.

YDG, hiperspektral verilerin spektral boyutunu korurken uzamsal boyutta azaltılmasına yardımcı olur. Azaltılmış boyutta temsil, veriyi daha anlamlı ve indirgenmiş boyutta analiz etmek için kullanılabilir.

Negatif olmayan Matris Ayrışımı (Non-negative Matrix Factorization, NOMA):

NOMA, spektral boyutun korunduğu ve yalnızca verinin spektral bileşenlerinin yaklaşık bir temsili olan iki matrisin çarpımının hesaplandığı bir dizi adımdan oluşur. NOMA adımları aşağıdaki gibidir:



Şekil 3. Hem uzamsal hem de spektral özellikleri çıkarmak için 3B konvolüsyon katmanlarına sahip 3B-ESA modeli.

NOMA Modeli: NOMA, veri matrisini iki pozitif matris olan W ve H ile çarpanlarını ayırtırmaya dayalı bir modeldir. Bu çarpanlar, spektral bileşenlerin temsili olarak kullanılır.

$$X \approx WH \quad (11)$$

Burada, W spektral bileşenleri içeren matrisi, ve H karışım katsayılarını içeren matrisi temsil eder. Her iki matris de yalnızca pozitif değerler içermelidir.

Amaç Fonksiyonu: NOMA, bir amaç fonksiyonunu minimize etmek amacıyla çalışır. Tipik olarak, bu amaç fonksiyonu, verinin orijinal matrisine ne kadar iyi yaklaşıldığını ölçer ve aşağıdaki gibi tanımlanır:

$$\|X - WH\| \quad (12)$$

Burada, $\|X - WH\|^2$ normu hesaplar. Amaç, bu hatayı minimize ederek W ve H matrislerini bulmaktır.

Optimizasyon: NOMA'nın birçok varyasyonu vardır ve genellikle bu amaç fonksiyonunu optimize etmek için farklı yöntemler kullanılır. Tipik olarak, bu, bir iteratif yaklaşım gerektirir, ve başlangıç matrisleri W ve H genellikle rastgele seçilir ve ardışık iterasyonlarla güncellenir. Optimizasyon işlemi sonucunda, W ve H matrisleri hesaplanır. W matrisi spektral bileşenleri içerirken, H matrisi her piksel için karışım katsayılarını içerir. Spektral boyut değişmez, sadece bu boyuttaki verinin temsiline daha düşük boyutlu matrisler W ve H ile yapıldığı bir şekilde yaklaşık hale gelir.

NOMA, spektral boyutun korunması gerektiği durumlarda hiperspektral verilerin boyutsal azaltma ve temsiline geliştirmek için yaygın olarak kullanılan bir tekniktir.

Spektral Gömme (Spectral Embedding, SG)

SG Modeli: SG, veriyi düşük boyutlu uzamsal temsile dönüştürmek için spektral bölünme yöntemlerini kullanır. SG için aşağıdaki adımlar takip edilir:

a. İlk olarak, bir benzerlik matrisi W oluşturulur. Bu matris, verinin benzerliklerini yansıtır ve genellikle komşuluk bilgilerini içerir. Örneğin, W matrisi, iki nokta x_i ve x_j arasındaki benzerliği ölçen değerleri içerebilir.

b. Ardından, derece matrisi D oluşturulur. Bu matris, her bir noktanın toplam benzerliklerini içerir:

$$D_{ii} = \sum_j W_{ij} \quad (12)$$

c. Laplacian matrisi L hesaplanır. Bu matris, $L = D - W$ olarak hesaplanır.

d. L matrisinin en küçük özdeğerlerine ve bu özdeğerlere karşılık gelen özvektörlere bakılır. Genellikle en küçük k özdeğer ve bu özdeğerlere karşılık gelen özvektörler seçilir.

e. Seçilen özdeğerlere karşılık gelen özvektörler kullanılarak düşük boyutlu temsili (Y) hesaplanır:

$$Y = \begin{bmatrix} y_1^1 & y_2^1 & \dots & y_k^1 \\ y_1^2 & y_2^2 & \dots & y_k^2 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ y_1^m & y_2^m & \dots & y_k^m \end{bmatrix} \quad (13)$$

Bu işlem sonucunda, Y matrisi HSG verinin spektral boyutunu koruyarak düşük boyutlu bir uzamsal temsili sağlar. Yani, uzamsal boyut değişmezken, veri spektral boyutunda azaltılmış boyutta temsil edilir.

SG, hiperspektral verileri düşük boyutlu uzamsal temsillerde temsil etmek için kullanılabilir ve bu sayede verinin yapısını daha iyi anlamak ve analiz etmek için faydalıdır.

Yukarıda belirtilen boyut indirgeme yöntemleri, HSG verilerinin benzerliklerini korumak ve düşük boyutlu bir temsiline elde etmek amacıyla kullanılmaktadır. Bu yöntemlerin bir kısmı lineer yöntemlerken (TBA, NOMA, TDA ve BBA), bir kısmı ise lineer olmayan yöntemlerdir (YDG, SG ve t-SKG). Bu yöntemlerin uygulanması sonucunda HSG verilerinin boyutu indirgenmiş ve bu indirgenmiş veriler ile sınıflandırma uygulaması yapılarak en iyi yöntemin belirlenmesi amaçlanmıştır. Sınıflandırma işlemi için 3B-ESA yöntemi kullanılmıştır.

D. 3B-ESA Modeli

Bu çalışmada, hem uzamsal hem de spektral bilgilere erişmek amacıyla 3B-ESA modeli kullanılmıştır. 3B konvolüsyon işlemi, hacimsel HSG verilerine 3B çekirdeklerle uygulanmıştır. Bu yöntem, 3B özellik haritalarının oluşturulmasına imkan tanımış ve spektral bilgilerin yakalanmasını sağlamıştır. 3B konvolüsyon işleminin matematiksel karşılığı aşağıdaki gibidir:

$$v_{ij}^{xyz} = f \left(r_{ij} + \sum_{m=0}^{M_i-1} \sum_{b=0}^{B_i-1} \sum_{h=0}^{H_i-1} \sum_{w=0}^{W_i-1} k_{ijm}^{hwb} v_{(i-1)m}^{(x+h)(y+w)(z+b)} \right) \quad (14)$$

Burada v , özellik haritasındaki çıktı değişkenini ifade eder. B, H, W verinin sırasıyla spektral ve uzamsal boyutlar boyunca filtrenin boyutunu temsil eder. (b, h, w) filtre endeksleridir ve z, x, y sırasıyla 2 uzamsal 1 spektral boyuta karşılık gelen özellik haritasının dizinleridir. k , filtre parametreleri anlamına

Tablo 2. 3B-ESA modelinin ayrıntılı katman özeti.

Katman Türü	Boyut/Filtre Sayısı	Aktivasyon Fonksiyonu	Çıkış Şekli	Diğer Parametreler
Giriş Katmanı	$W \times H \times B$	-	(10x10x16)	-
Konvolüsyon Katmanı 1	3x3x3 (8 adet)	ReLU	(5x5x8)	Same Padding, Maksimum Havuzlama (2x2x2)
Konvolüsyon Katmanı 2	3x3x3 (16 adet)	ReLU	(3x3x4)	Same Padding, Maksimum Havuzlama (2x2x2)
Konvolüsyon Katmanı 3	3x3x3 (32 adet)	ReLU	(2x2x2)	Same Padding, Maksimum Havuzlama (2x2x2)
Tam Bağlı Katman 1	128	ReLU	(128)	Unutturma (0.4)
Tam Bağlı Katman 2	32	ReLU	(32)	Unutturma (0.4)
Tam Bağlı Katman 3	16	ReLU	(16)	Unutturma (0.4)
Çıkış Katmanı	C (2)	Sigmoid	(2)	-

gelir. (i, j, m) sırasıyla giriş katmanı, çıkış katmanı ve özellik haritasının dizinleridir. M , özellik haritalarının sayısıdır,

dolayısıyla M_i , i . katmanındaki özellik haritalarının sayısı anlamına gelir. r , bias terimidir.

Bu çalışmada, daha önceki araştırmamızda geliştirdiğimiz etkili bir 3B-ESA modeli kullanılmıştır [35]. Bu model, hacimsel neonatal hiperspektral veriler için başarılı sonuçlar elde etmiştir. 3B-ESA yapısı, Şekil 3'te gösterilmiştir. İlk başta, HSG giriş verilerinin boyutu $W \times H \times S$ olarak temsil edilmiştir. Burada W ve H , uzamsal boyutları ifade ederken S , spektral boyutu belirtmektedir. Verilerin uzamsal boyutları $W = H = 10$ 'dur. Başlangıçta 500-1000nm arasında seçilen 1538 spektrumdan oluşan bir spektral boyut mevcuttur. Ancak tüm spektrumlar kullanılmamış, boyut indirgeme yöntemleri kullanılarak spektral boyut B 'ye indirgenmiştir. Daha önceki çalışmamızda bir dizi temel bileşen değeri ile deneyler gerçekleştirilmiş ve en iyi sonuca temel bileşen sayısı 16 olduğunda ulaşılmıştır [35]. Bu nedenle bu çalışmada B değeri 16 olarak kabul edilmiştir.

Modelin geri kalan kısmında toplam üç konvolüsyon katmanı kullanılmıştır ve tüm konvolüsyon işlemlerine özgü olarak "same padding" (aynı boyutta sonuç üretme) uygulanmıştır. İlk konvolüsyon katmanında $3 \times 3 \times 3$ boyutunda 8 filtre, ikinci konvolüsyon katmanında $3 \times 3 \times 3$ boyutunda 16 filtre ve son konvolüsyon katmanında $3 \times 3 \times 3$ boyutunda 32 filtre kullanılarak özellik haritaları oluşturulmuştur. Ayrıca, her bir konvolüsyon katmanının ardından boyutu azaltmak amacıyla $2 \times 2 \times 2$ boyutunda maksimum havuzlama katmanı kullanılmıştır. Daha sonra, veriler, tam bağlı katmanlara girdi olarak sunulmak üzere tek boyutlu tensörlere dönüştürülmüş ve düzleştirme işlemi uygulanmıştır. Düzleştirme işleminden sonra, eklenen ilk tam bağlı katman 128 nöron, ikinci katman 32 nöron ve üçüncü katman 16 nöron içermektedir. Ayrıca, çıkış katmanında $C = 2$ nöron kullanılarak sınıf tahmini sigmoid fonksiyonu ile gerçekleştirilmiştir. Tüm tam bağlı katmanlarından sonra unutturma katmanları kullanılmış ve unutturma değerleri 0.4 olarak ayarlanmıştır. Ayrıca modele ait katman özeti Tablo 2'de ayrıntılı olarak verilmiştir.

E. Performans Değerlendirme Ölçütleri

Bu çalışmada elde edilen sonuçları değerlendirmek için çeşitli performans değerlendirme ölçütleri kullanılmıştır. Bu ölçütler aşağıda detaylandırılmıştır.

- *Genel Doğruluk (GD)*: GD, doğru tahminlerin toplam veri sayısına oranıdır.

$$GD = \frac{(DP + DN)}{(DP + DN + YP + YN)} \quad (15)$$

DP (Doğru Pozitif): Doğru pozitif tahmin sayısı.

DN (Doğru Negatif): Doğru negatif tahmin sayısı.

YP (Yanlış Pozitif): Yanlış pozitif tahmin sayısı.

YN (Yanlış Negatif): Yanlış negatif tahmin sayısı.

- *Duyarlılık (Recall veya Doğru Pozitif Oran)*: Duyarlılık, gerçek pozitiflerin toplam pozitif sayısına oranıdır.

$$Duyarlılık = \frac{DP}{(DP + YN)} \quad (16)$$

- *Keskinlik (Precision veya Pozitif Tahmin Değeri)*: Keskinlik, gerçek pozitiflerin toplam pozitif tahmin sayısına oranıdır.

$$Keskinlik = \frac{DP}{(DP + YP)} \quad (17)$$

- *F-1 Skor*: F-1 Skoru, Duyarlılık ve Keskinlik değerlerinin harmonik ortalamasıdır ve bir denge ölçüsü olarak kullanılır.

$$F - 1 Skor = 2 * \frac{(Keskinlik * Duyarlılık)}{(Keskinlik + Duyarlılık)} \quad (18)$$

- *Kappa (Cohen's Kappa)*: Kappa, iki farklı teşhis arasındaki tutarlılığı değerlendirmek için medikal uygulamalarda sıklıkla kullanılan bir tekniktir [36]. Bu teknik kullanılarak iki farklı olasılık hesaplanmıştır; P_0 gözlenen doğruluk, P_c ise bu durumun gerçekleşme olasılığıdır. Bu çalışmada, eşit sayıda test verisi kullanıldığından P_c %50 olarak alınmıştır.

$$Kappa = \frac{P_0 - P_c}{1 - P_c} \quad (19)$$

Tablo 3. Deneysel Sonuçlar. En iyi sonuçlar koyu renkle gösterilmiştir.

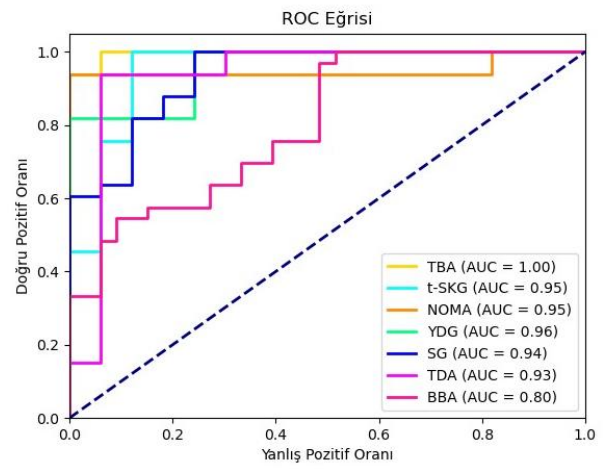
Yöntem	Performans değerlendirme metrikleri						
	GD	Duyarlılık	Kesinlik	F-1 Skor	Kappa	AUC	DRT (sn)
BBA	0.84	0.88	0.82	0.85	0.67	0.80	34.09
YDG	0.89	0.96	0.84	0.90	0.78	0.96	5.93
NOMA	0.90	0.93	0.90	0.91	0.81	0.95	4.73
TBA	0.90	0.90	0.91	0.90	0.81	1.00	1.78
SG	0.85	0.88	0.83	0.85	0.70	0.94	3.16
TDA	0.84	0.88	0.83	0.85	0.68	0.93	1.71
t-SKG	0.89	0.88	0.90	0.89	0.78	0.95	44.43

- **ROC Eğrisi (Receiver Operating Characteristic Curve):** ROC eğrisi, sınıflandırma modelinin farklı kesme noktalarında duyarlılık (recall) ve özgüllük (specificity) arasındaki ilişkiyi gösteren bir eğridir. Bu, modelin performansının bir görselleştirmesidir.
- **AUC:** AUC değeri, ROC eğrisinin altındaki alanı ifade eder ve bir sınıflandırma modelinin performansını tek bir sayısal değerle ölçer. AUC değeri 0 ile 1 arasında olur, 1 mükemmel bir sınıflandırma modelini temsil eder.
- **Boyut İndirgeme Süresi (Dimensional Reduction Time, DRT):** Boyut indirgeme yöntemlerinin uygulanması için gereken süreyi ifade eder. Yani, HSG verilerinin boyutunun azaltılması için geçen süreye karşılık gelir.

III. DENEYSEL SONUÇLAR VE ANALİZ

Deneyler için toplamda 220 neonatal HSG verisi kullanılmıştır. Bu veriler, 110 hasta ve 110 sağlıklı bireye aittir. İlk aşamada, gürültü içermeyen 500-1000nm dalga boyu aralığındaki 1538 spektrum ele alınmıştır. Daha sonra boyut indirgeme yöntemleri kullanılarak spektral boyut 16'ya indirgenmiş ve bu veriler 3B-ESA modeline girdi olarak verilmiştir. 3B-ESA modeli, *Adam optimizer* kullanılarak eğitilmiş ve veriler ağa parçalar halinde gönderilmiştir. *Grup boyutu (batch size)* burada 64 olarak belirlenmiştir. Başlangıçta *öğrenme oranı (learning rate)* 0.001 olarak alınmış ve öğrenme hızını azaltmak için 10^{-6} büyüklüğünde bir *bozunma (decay)* değeri belirlenmiştir. *Kategorik çapraz entropi*, kayıp fonksiyonu olarak seçilmiş ve tüm modeller 100 epoch boyunca eğitilmiştir. Modellerin genelleme yeteneğini artırmak amacıyla *K katlamalı çapraz doğrulama* yöntemi kullanılmıştır. Bu bağlamda, *K* değeri 5 olarak belirlenmiş ve değerlendirmeler bu doğrultuda gerçekleştirilmiştir. Sonuçları değerlendirmek için önceki bölümde açıklanan performans metrikleri kullanılmıştır.

Bu çalışmada, veri ön işleme ve model eğitim işlemleri, 64 GB RAM'e sahip bir iş istasyonunda bulunan NVIDIA GeForce GTX 1080 Ti üzerinde gerçekleştirilmiştir. Veri oluşturma, bilgi içeren spektrumların tanımlanması ve Savitzky-Golay filtresi gibi ön işleme adımları MATLAB 2022b kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Boyut indirgeme işlemleri Scikit-learn 1.0.2 kullanılarak yapılmış, model eğitimi ve testi ise Python 3.9.13 ve Keras 2.10.0 kütüphanesi kullanılarak TensorFlow 2.10.0 arka ucu ile gerçekleştirilmiştir.



Şekil 4. ROC eğrisi ve AUC değerleri.

Tablo 3'te sunulan deneysel sonuçlara göre, *GD (Genel Doğruluk)* oranlarına göre en iyi sonuçların TBA ve NOMA yöntemleri kullanılarak elde edildiği gözlenmektedir. Diğer performans metriklerine bakıldığında, *Duyarlılık* değerinin YDG yöntemi ile en yüksek olduğu, *Kesinlik* ve *F-1 skor* için ise sırasıyla TBA ve NOMA yöntemlerinin en iyi sonuçları verdiği görülmektedir. *Duyarlılık* değeri, hasta olanların doğru bir şekilde sınıflandırılmasını gösterdiği için YDG'nin diğer yöntemlere göre daha etkileyici sonuçlar vermesi önemlidir. İki sınıflı uygulamalar özelinde önemli bir metrik olan Kappa değeri için ise yine TBA ve NOMA yöntemlerinin en iyi sonuçları verdiği görülmektedir.

DP ve YP arasındaki ilişkiyi ölçmek için AUC değerlerine bakıldığında, TBA'nın 1.0 oranıyla en iyi performansı gösterdiği belirlenmiştir (ROC eğrisi Şekil 4'te verilmiştir). Bunun sonucu olarak, sınıfların en doğru bir şekilde tahmin edildiği yöntemin TBA olduğu tespit edilmiştir. Veri boyutlarının aynı olması nedeniyle tüm yöntemler için eğitim ve test süreleri oldukça benzerdir, sırasıyla 0.13 sn ve 0.087 sn. Ancak boyut indirgeme için geçen süreler (DRT) arasında farklar bulunmaktadır. TDA kullanılarak en hızlı boyut indirme işlemine ulaşılsa da düşük başarı oranlarına sahiptir. TBA süresi de TDA'ya oldukça yakındır. Her iki yöntem de veri analizi, model eğitimi ve tahmin süreçlerini hızlandırmak için çok kısa bir sürede boyut indirme işlemini tamamlar. TBA'nın ve TDA'nın hızlı boyut indirme sürelerine sahip olmalarının sebebi, her ikisinin de lineer metotlar olmalarıdır. Ayrıca TBA'nın, temel bileşenleri ve doğrusal dönüşümü hızlı

bir şekilde hesaplayabilmesi, veri varyansını koruyabilmesi ve matematiksel olarak basit ve tekrarlanabilir bir yöntem olması, boyut indirme görevini hızlı bir şekilde tamamlamasına olanak tanır. Boyut indirme için en uzun süreye sahip yöntem ise t-SKG yöntemidir. Tüm metrikler değerlendirildiğinde, en iyi sonuçların TBA ile elde edildiği görülmektedir.

Genel bir değerlendirme yapıldığında, en iyi sonuçların lineer iki yöntem (TBA ve NOMA) kullanılarak elde edildiği görülse de, en düşük sonuçların yine lineer iki yöntem (BBA ve TDA) kullanılarak elde edildiği gözlemlenmektedir. Bu nedenle, tüm lineer boyut indirgeme yöntemlerinin HSG verileri için başarılı sonuçlar vereceği sonucuna varılmaz. Yöntem seçimi probleme özgüdür ve verisetinin özel gereksinimlerine bağlı olarak değişebilir.

IV. SONUÇ

Bu çalışmanın temel amacı, neonatal hiperspektral görüntü sınıflandırmasında boyut indirgeme yöntemlerinin etkinliğini 3B-ESA yöntemi ile karşılaştırmaktır. Toplam 220 neonatal

HSG verisi kullanılarak gerçekleştirilen deneyler, bu kritik medikal uygulama için en uygun boyut indirgeme yöntemlerinin tespit edilmesine yardımcı olmuştur.

Sonuçlar, doğrusal boyut indirgeme yöntemlerinden biri olan TBA'nın diğer yöntemlerle karşılaştırıldığında en iyi performansı verdiğini göstermektedir. Boyut indirgeme işlemleri, seçilen yöntemle ilgili olarak farklı sürelerde tamamlanmaktadır. TBA, boyut indirgeme süresi açısından oldukça hızlıdır, bu da anlamlı spektral özelliklerin daha kısa bir sürede elde edilebileceği anlamına gelir. Ayrıca, TBA'nın AUC değerlerine dayalı olarak en iyi performansı gösterdiği ve sınıfların en doğru şekilde tahmin edildiği sonucuna varılmıştır.

Sonuç olarak, bu çalışma, neonatal hiperspektral görüntü sınıflandırmasında başarılı sonuçlar elde etmek için farklı boyut indirgeme yöntemlerinin kullanılabilirliğini göstermektedir. Ancak, hangi yöntemin seçileceği, veriseti ve özel gereksinimlere bağlı olarak değişebilir. Bu sonuçlar, neonatal tıp alanında spektral görüntü analizi konusundaki ilerlemeleri desteklemekte ve klinik uygulamalarda potansiyel faydalar sunmaktadır.

TEŞEKKÜR

Bu çalışma, Türkiye Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Kurumu (TÜBİTAK, proje numarası: 122E021) tarafından desteklenmiştir.

Yazarların Katkıları

M. Cihan: Veri küratörlüğü, Araştırma, Metodoloji, Yazılım, Yazım - orijinal taslak. **M. Çevik ve N. Yılmaz:** Veri toplama. **M. Konak ve H. Soylu:** Kaynaklar. **M. Ceylan:** Kavramsallaştırma, Metodoloji, Doğrulama, Yazım - inceleme ve düzenleme.

Çıkar Çatışmaları Beyanı

Yazarlar, bu makalede rapor edilen çalışmayı etkilediği düşünülebilecek bilinen herhangi bir rakip finansal veya kişisel ilişkileri olmadığını beyan etmektedir.

Araştırma ve Yayın Etiği Beyanı

Yazarlar, bu çalışmanın Araştırma ve Yayın Etiği İlkelerine uygun olduğunu beyan ederler.

REFERANSLAR

- [1] G. ElMasry and D. W. Sun, "Principles of hyperspectral imaging technology". In *Hyperspectral imaging for food quality analysis and control*, Academic Press, pp. 3-43, 2010.
- [2] W. Wu, Z. Zhang, L. Zheng, C. Han, X. Wang, J. Xu, and X. Wang, "Research progress on the early monitoring of pine wilt disease using hyperspectral techniques," *Sensors*, vol. 20, p. 3729, 2020.
- [3] Y. Q. Wan, Y. H. Fan, and M. S. Jin, "Application of hyperspectral remote sensing for supplementary investigation of polymetallic deposits in Huanishan ore region, northwestern China," *Scientific Reports*, vol. 11, p. 440, 2021.
- [4] J. Jia, Y. Wang, J. Chen, R. Guo, R. Shu, and J. Wang, "Status and application of advanced airborne hyperspectral imaging technology: A review," *Infrared Physics & Technology*, vol. 104, p. 103115, 2020.
- [5] M. Cihan, and M. Ceylan, "KÇ3B-ESA: Hiperspektral Görüntü Sınıflandırması için Yeni 3B Evrişimli Sinir Ağı ve Uzaktan Algılama Uygulaması," *Avrupa Bilim ve Teknoloji Dergisi, Ejosat Special Issue 2020 (ICCEES)*, pp. 65-71, 2020.
- [6] H. Pu, Q. Wei, and D. W. Sun, "Recent advances in muscle food safety evaluation: Hyperspectral imaging analyses and applications," *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, vol. 63, pp. 1297-1313, 2023.
- [7] M. Cihan, M. Ceylan, and A. H. Ornek, "Spectral-spatial classification for non-invasive health status detection of neonates using hyperspectral imaging and deep convolutional neural networks," *Spectroscopy Letters*, vol. 55, pp. 336-349, 2022.
- [8] C. Cucci, M. Piccolo, L. Chiarantini, G. Uda, L. Fiori, B. De Nigris, and M. Osanna, "Remote-sensing hyperspectral imaging for applications in archaeological areas: Non-invasive investigations on wall paintings and on mural inscriptions in the Pompeii site," *Microchemical Journal*, vol. 158, p. 105082, 2020.
- [9] M. Shimoni, R. Haelterman, and C. Perneel, "Hyperspectral imaging for military and security applications: Combining myriad processing and sensing techniques," *IEEE Geoscience and Remote Sensing Magazine*, vol. 7, pp. 101-117, 2019.
- [10] G. Bonifazi, G. Capobianco, R. Palmieri, and S. Serranti, "Hyperspectral imaging applied to the waste recycling sector," *Spectrosc. Eur.*, vol. 31, pp. 8-11, 2019.
- [11] M. Nourmand-Jadidi, F. Bovolo, and L. Bruzzone, "Water quality retrieval from PRISMA hyperspectral images: First experience in a turbid lake and comparison with sentinel-2," *Remote Sensing*, vol. 12, p. 3984, 2020.
- [12] G. Lu and B. Fei, "Medical hyperspectral imaging: a review," *J Biomed Opt.*, vol. 19, p. 10901, 2014.
- [13] M. Cihan, "Hiperspektral görüntüleme yöntemi kullanılarak yenidoğan sağlık durumlarının derin öğrenme metotları ile sınıflandırılması," Master's Thesis, Konya Teknik Üniversitesi, Konya, Türkiye, 2020.
- [14] M. Tortora, L. Gemini, I. D'Iglio, L. Uggia, G. Spadarella, and R. Cuocolo, "Spectral photon-counting computed tomography: a review on technical principles and clinical applications," *Journal of Imaging*, vol. 8, p. 112, 2022.
- [15] M., Cihan, and M. Ceylan, "Hyperspectral imaging-based cutaneous wound classification using neighbourhood extraction 3D convolutional neural network," *Biomedical Engineering/Biomedizinische Technik*, vol. 68, pp. 427-435, 2023.
- [16] L. Svoboda, J. Sperrhake, M. Nisser, C. Zhang, G. Notni, and H. "Proquitté. Contactless heart rate measurement in newborn infants using a multimodal 3D camera system," *Front Pediatr.*, vol. 10, p. 897961, 2022.
- [17] G. Morales, J. W. Sheppard, R. D. Logan, and J. A. Shaw, "Hyperspectral dimensionality reduction based on inter-band redundancy analysis and greedy spectral selection," *Remote Sensing*, vol. 13, p. 3649, 2021.
- [18] W. Zhao, and S. Du, "Spectral-spatial feature extraction for hyperspectral image classification: A dimension reduction and deep learning approach," *IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing*, vol. 54, pp. 4544-4554, 2016.
- [19] R. Zebari, A. Abdulazeez, D. Zeebaree, D. Zebari, and J. Saeed, "A comprehensive review of dimensionality reduction techniques for feature selection and feature extraction," *Journal of Applied Science and Technology Trends*, vol. 1, pp. 56-70, 2020.
- [20] I. T. Jolliffe, Ed., *Principal Component Analysis for Special Types of Data*. Springer New York, pp. 338-372, 2002.

- [21] A. Hyvärinen, "Independent component analysis: recent advances," *Philosophical Transactions of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences*, vol. 371, p. 20110534, 2013.
- [22] J. W. Boardman, "Inversion of imaging spectrometry data using singular value decomposition," *In 12th Canadian Symposium on Remote Sensing Geoscience and Remote Sensing Symposium*, vol. 4, pp. 2069-2072, 1989.
- [23] L. Van der Maaten, and G. Hinton, "Visualizing data using t-SNE," *Journal of machine learning research*, vol. 9, 2008.
- [24] S. T. Roweis, and L. K. Saul, "Nonlinear dimensionality reduction by locally linear embedding," *science*, vol. 290, pp. 2323-2326, 2000.
- [25] S. Sra, and I. Dhillon, "Generalized nonnegative matrix approximations with Bregman divergences," *Advances in neural information processing systems*, vol. 18, 2005.
- [26] U. Von Luxburg, "A tutorial on spectral clustering," *Statistics and computing*, vol. 17, pp. 395-416, 2007.
- [27] M. R. Haque, and S. Z. Mishu, "Spectral-spatial feature extraction using PCA and multi-scale deep convolutional neural network for hyperspectral image classification," *In 2019 22nd International Conference on Computer and Information Technology (ICCIT)*, pp. 1-6, 2019.
- [28] H. Firat, M. E. Asker, and D. Hanbay, "Classification of hyperspectral remote sensing images using different dimension reduction methods with 3D/2D CNN," *Remote Sensing Applications: Society and Environment*, vol. 25, p. 100694, 2022.
- [29] B. M. Devassy, and S. George, "Dimensionality reduction and visualisation of hyperspectral ink data using t-SNE," *Forensic science international*, vol. 311, p. 110194, 2020.
- [30] M. Huang, Q. Zhu, B. Wang, and R. Lu, "Analysis of hyperspectral scattering images using locally linear embedding algorithm for apple mealiness classification," *Computers and electronics in agriculture*, vol. 89, pp. 175-181, 2012.
- [31] M. M. Hossain, and M. A. Hossain, "Feature reduction and classification of hyperspectral image based on multiple kernel PCA and deep learning," *In 2019 IEEE International Conference on Robotics, Automation, Artificial-intelligence and Internet-of-Things (RAAICON)*, pp. 141-144, 2019.
- [32] W. Huang, W. He, S. Liao, Z. Xu, & J. Yan, "Efficient SpectralFormer for Hyperspectral Image Classification," *Digital Signal Processing*, p. 104237, 2023.
- [33] M. Cihan and M. Ceylan, "Comparison of Linear Discriminant Analysis, Support Vector Machines and Naive Bayes Methods in the Classification of Neonatal Hyperspectral Signatures," *2021 29th Signal Processing and Communications Applications Conference (SIU)*, Istanbul, Turkey, pp. 1-4, 2021.
- [34] A. Savitzky, and M. J. Golay, "Smoothing and differentiation of data by simplified least squares procedures," *Analytical chemistry*, vol. 36, pp. 1627-1639, 1964.
- [35] M. Cihan, M. Ceylan, H. Soylu, and M. Konak, "Fast evaluation of unhealthy and healthy neonates using hyperspectral features on 700-850 Nm wavelengths, ROI extraction, and 3D-CNN," *IRBM*, vol. 43, pp. 362-371, 2022.
- [36] H. C. Kraemer, "Extension of the Kappa Coefficient," *Biometrics*, vol. 36, pp. 207-216, 1980.

Histopatolojik Görüntülerle Diyabetin Akciğer Dokusundaki Etkisinin Sınıflandırılması: LBP ve GLCM Özellikleri ile Bir Karşılaştırma Çalışması

Tuğba ŞENTÜRK^{1*}, Fatma LATİFOĞLU^{2*}, Demet BOLAT³, Arzu YAY^{3,4} ve Münevver Baran⁵

^{1*} İnönü Üniversitesi, Biyomedikal Mühendisliği, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyomedikal Mühendisliği, Malatya, Türkiye
(tugba.senturk@inonu.edu.tr) (ORCID: 0000-0002-1323-5752)

^{2*} Erciyes Üniversitesi, Biyomedikal Mühendisliği, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyomedikal Mühendisliği, Kayseri, Türkiye
(flatifoglu@erciyes.edu.tr) (ORCID: 0000-0003-2018-9616)

³ Erciyes Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Histoloji ve Embriyoloji Anabilim Dalı, Kayseri, Türkiye (demetbolat92@hotmail.com) (ORCID: 0000-0002-3496-1630)

⁴ Erciyes Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Genom ve Kök Hücre Merkezi (GENKOK), Kayseri, Türkiye (arzu.yay38@gmail.com) (ORCID: 0000-0002-0541-8372)

⁵ Erciyes Üniversitesi, Eczacılık Fakültesi, Eczacılık Temel Bilimler Anabilim Dalı, Kayseri, Türkiye (muneverbaran@erciyes.edu.tr) (ORCID: 0000-0003-0369-1022)

Türkçe Özet – Bu çalışma, diyabet hastalığının akciğer dokusu üzerindeki etkilerini incelemek amacıyla ratlarda bir diyabet modeli kullanarak histopatolojik görüntülerin analiz ve sınıflandırılmasını hedeflemektedir. Çalışmanın başlangıcında, kontrol ve Streptozotosin (STZ) ile diyabetik gruplar oluşturulmuştur. Akciğer dokusundaki değişiklikleri incelemek için kaspaz immunohistokimyasal boyama kullanılmıştır. Görüntülerden Yerel İkili Örüntüler (Local Binary Pattern, LBP) ve Gri Seviye Eş Oluşum Matrisi (Gray-Level Co-Occurrence Matrix, GLCM) gibi özellikler elde edilmiştir. Bu özellikler ile diyabetin akciğer dokusuna etkilerini analiz etmek amacıyla histopatolojik görüntüler analiz edilmiştir. Daha sonra, Lasso yöntemi ile en önemli özellikler seçilmiş ve kullanılmıştır. Elde edilen özellikler, Destek Vektör Makinesi (Support Vector Machine, SVM), K-en Yakın Komşu (K-nearest neighbors, KNN), Yapay Sinir Ağları (YSA) ve Karar Ağacı (Decision Tree, DT) gibi dört farklı yöntemi ile sınıflandırılmıştır. Bu yöntemler, görüntülerin sınıflandırılmasında kullanılmış ve görüntülerde sınıflandırma sonuçları elde edilmiştir. Kırmızı ve mavi kanallardan elde edilen görüntüler ile en iyi sınıflandırma performansı sırasıyla %91.08 ve %93.87 doğruluk oranlarıyla YSA sınıflandırıcısıyla elde edilirken, yeşil kanaldan elde edilen görüntüler ile en yüksek doğruluk oranı %87.15 olarak SVM sınıflandırıcısıyla elde edilmiştir. Bu sonuçlara göre, histopatolojik görüntü analizi yoluyla diyabetin akciğer dokularına etkisini objektif bir şekilde değerlendirmek için LBP, GLCM özellikleri ve makine öğrenme algoritmalarından oluşan sınıflandırma modelinin önemli bir potansiyele sahip olduğu görülmektedir.

Anahtar Kelimeler – Diyabet Hastalığı, Streptozotosin, GLCM, LBP, SVM, KNN, DT, YSA

Atf: Şentürk, T., Latifoğlu, F., Bolat, D., Yay, A., Baran, M., (2023). Histopatolojik Görüntülerle Diyabetin Akciğer Dokusundaki Etkisinin Sınıflandırılması: LBP ve GLCM Özellikleri ile Bir Karşılaştırma Çalışması. Bilişsel Modeller ve Yapay Zeka Konferansı, 7(2): 84-89.

Classification of the Effects of Diabetes on Lung Tissue with Histopathological Images: A Comparative Study Using LBP and GLCM Features

Extended Abstract

This study aims to analyze and classify histopathological images using a rat model of diabetes to examine the effects of diabetes on lung tissue. At the beginning of the study, control and diabetic groups were established using Streptozotocin (STZ). Caspase immunohistochemical staining was used to examine changes in lung tissue. Features such as Local Binary Patterns (LBP) and Gray-Level Co-Occurrence Matrix (GLCM) were extracted from the images. These features were analyzed to assess the impact of diabetes on lung tissue. Subsequently, the most important features were selected and used with the Lasso method. The obtained features were classified using four different methods: Support Vector Machine (SVM), K-nearest neighbors (KNN), Artificial Neural Networks (ANN), and Decision Tree (DT). These methods were used for image classification, and classification results

were obtained. The best classification performance was achieved with images obtained from the red and blue channels, with accuracy rates of %91.08 and %93.87 using the ANN classifier, while images obtained from the green channel yielded the highest accuracy rate of %87.15 with the SVM classifier. According to these results, it is evident that a classification model comprising LBP, GLCM features, and machine learning algorithms has significant potential for objectively assessing the impact of diabetes on lung tissues through histopathological image analysis.

Keywords – Diabetes Mellitus, Streptozotocin, GLCM, LBP, SVM, KNN, DT, ANN

Citation: Şentürk, T., Latifoğlu, F., Bolat, D., Yay, A., Baran, M., (2023). Classification of the Effects of Diabetes on Lung Tissue with Histopathological Images: A Comparative Study Using LBP and GLCM Features. Cognitive Models and Artificial Intelligence Conference, 7(2): 84-89.

I. GİRİŞ

Diyabet hastalığı (Diabetes mellitus, DM), insülin yetersizliği (Tip 1) veya direnci (Tip 2) sonucunda oluşan metabolik bozukluklara neden olan, kronik hiperglisemi ile karakterize bir endokrin hastalıktır [1]. Dünya genelindeki insanların yaklaşık %90-95'i Tip 2 DM hastasıdır [2]. Bu hastalık ölümlere neden olabilir ve aynı zamanda yüksek plazma glikozu artışına bağlı olarak retinopatiler, nöropatiler, nefropatiler ve akciğerdeki küçük kan damarlarının tahrip edilmesi gibi mikrovasküler ve makrovasküler komplikasyonlara yol açar [3], [4]. DM hastalarının belli çoğunluğunda da kronik obstrüktif akciğer hastalığı, pulmoner fibroz ve astım riski yüksektir. Ayrıca akciğer kapasitesinin azaldığı ve pulmoner disfonksiyonun geliştiği tespit edilmiştir [5]. Akciğerlerdeki bu işlev bozukluğu ventilasyonun bozulmasına ve hipoksiye yol açabilir. Hipoksi aynı zamanda iltihaplanma, oksidatif stres ve organlarda hasara neden olabilir.

Tıbbi teşhis ve hastalığın etkilerini incelemek için hastalardan plazma glukoz konsantrasyonu, diyastolik kan basıncı, triceps deri kıvrım kalınlığı, serum insülini, vücut kütlesi, yaş vb. veriler alınmaktadır [6]. Bu verilerin analizi ve değerlendirilmesi, hekimler tarafından manuel olarak uzun sürebilir ve bazen yanlış gözlemlere ve yargılara yol açabilir [7]. Bu nedenle klinik ve fiziksel verilere dayalı yapay zeka teknikleri, görüntü işleme ve derin öğrenme gibi ileri teknoloji ve yazılım tabanlı çeşitli programların kullanımı önemlidir.

Literatürdeki son çalışmalar, özellikle diyabet teşhisine odaklanmış gibi görünmektedir. Bu çalışmalarda genellikle histopatolojik görüntüler kullanılarak yapay zeka teknikleriyle sınıflandırma çalışmaları yapılmıştır.

Kannadasan ve ark. [8], diyabet verilerini sınıflandırmak için yığılştırılmış otokodlayıcıları kullanarak bir derin sinir ağı önerdiler. Önerilen bu model, yığılştırılmış otokodlayıcılarla birleştirilmiş softmax sınıflandırıcıyı Pima Indian diyabet veri kümesi üzerinde kullanmıştır. Bu model, literatürdeki diğer birçok sinir ağı yaklaşımıyla karşılaştırıldığında %86.26 doğruluk oranıyla daha iyi bir performans sergilediği görülmüştür. Ayrıca modelin hassasiyet değeri %90.66 ve duyarlılık değeri %87.92 sağlamıştır.

Heydari ve ark. [9] çalışmasında, diyabet sınıflandırması için çeşitli çoklu sınıflandırma algoritmaları karşılaştırılmıştır. Kullanılan veri seti, Tip 2 diyabet için taranan 2536 vaka içermektedir ve farklı algoritmaların performansı test edilmiştir. En iyi performans %97,44 ile yapay sinir ağından (YSA) elde edilmiştir. SVM, KNN, DT ve Bayes sınıflandırıcıları sırasıyla %81.19, %90.85, %95.03 ve %91.60 doğruluk oranlarına sahiptir.

Yurttakal ve ark. [10] çalışmasında, sıçan böbreği histopatoloji görüntülerini kullanarak diyabetes mellitusun otomatik tespiti için transfer öğrenmeye dayalı bir evrişimli sinir ağı modeli önerilmiştir. Model, diyabetin neden olduğu yapısal değişiklikleri özellikle glomerül ve böbreğin diğer bölgelerinde simüle etmektedir. Elde edilen sonuçlara göre, önerilen model %97.5 doğruluk oranı elde etmiştir. Önerilen modelin histopatoloji görüntülerini hızlı ve doğru bir şekilde sınıflandırılabilmesi ve patolojilere kritik durumlarda ikinci bir okuyucu olarak yardımcı olabilmesi konusunda önemi ortaya konmuştur.

Harman [11], Pima Indian Diyabet veri seti üzerinde erken dönemde DM teşhisini koymaya yönelik Naive Bayes ve SVM algoritmalarını kullanarak bir çalışma yapmıştır. Sınıflandırıcı performansını artırmak için veri standardizasyonu ve eksik verilerin yeniden yapılandırılması gibi ön işleme adımları uygulamıştır. Ayrıca sınıf dengesizliği problemi için Sentetik Azınlık Aşırı-Örnekleme (SMOTE) tekniğini kullanmıştır. Bu yöntemlerin kullanılmasıyla SVM, %90 doğruluk oranıyla en iyi sonucu vermiştir.

Başka bir çalışmada [12], Rastgele Orman, Gradyan Arttırma, KNN, Derin Sinir Ağları ve Oylama topluluk sınıflandırıcısı ile oluşturulan modellerin performansları, dışarıda tutma ve 5-kat çapraz doğrulama yöntemleri kullanılarak gerçek zamanlı DM erken teşhisine yönelik olarak test edilmiştir. Bu çalışma, 200 negatif ve 320 pozitif örnek içeren bir veri seti üzerinde yapılmıştır. Oylama topluluğu sınıflandırıcısı, %100'lük bir sınıflandırma doğruluğu ve 5 kat çapraz doğrulamalı ortalama %97.31'lik bir sınıflandırma doğruluğu ile en iyi performansı göstermiştir.

DM'nin uzun vadeli etkileri, insan vücudunda çeşitli hasarlara, organ yetmezliklerine, özellikle göz, böbrek, kalp ve damar hasarlarına neden olabilir. Tarihi ve ark. [13], deneysel diyabet oluşturulan sıçan beyin dokusunda irisin immünreaktivitesi üzerine enalaprilin (EN) etkilerini incelemiştir. Çalışmada DM, DM+EN ve kontrol grupları kullanılarak, irisin immünreaktivitesinin incelenmiş ve EN'nin diyabetik beyin hasarına karşı etkili olduğu sonucuna varılmıştır.

Literatürden görüldüğü gibi, DM'nin sınıflandırılması üzerine birçok çalışma yapılmış olsada, spesifik olarak dokular üzerindeki etkilerini incelemeye yönelik ve akciğer dokusu üzerindeki STZ'nin etkilerini belirleyen bir çalışma henüz bulunmamaktadır.

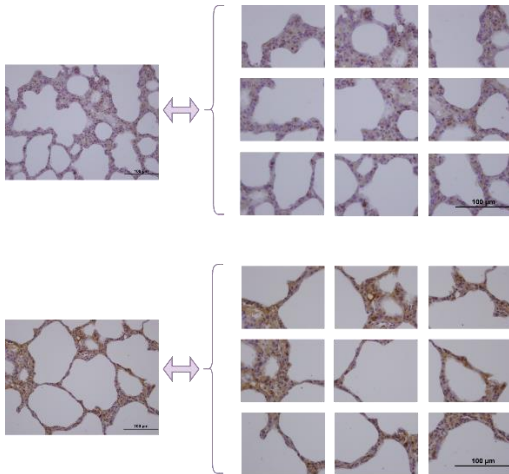
Bu çalışma, sıçanlarda bir diyabet modeli oluşturularak bu durumun akciğer dokusundaki etkilerini incelemeyi amaçlamaktadır. Histopatolojik görüntülerdeki değişiklikleri analiz etmek ve sınıflandırmak amacıyla kaspaz immunohistokimyasal boyama ile Kontrol (sağlıklı) ve STZ ile diyabetik rat modeli veri grupları oluşturulmuştur. Elde

edilen görüntülerin LBP ve GLCM özellikleri çıkarılmıştır. Bu özelliklerin sınıflandırılması için SVM, KNN, YSA ve DT algoritmaları gibi 4 farklı makine öğrenme algoritması uygulanmış ve gruplar arası farklılıklar analiz edilmiştir. Böylece literatürde ilk kez DM'nin akciğer dokularına olan etkilerini incelemek amacıyla kaspas immunohistokimya görüntülerinin LBP ve GLCM özellikleri ile analizi ve sınıflandırılması yapılmıştır.

II. MATERYAL VE METHOD

A. Veri Seti

Erciyes Üniversitesi Deneysel Hayvanları Etik Kurulu tarafından onaylanan (Karar numarası: 19/004) mevcut çalışma protokolü, daha önce çiftleşmemiş üç aylık, sağlıklı 14 yetişkin (8-10 haftalık) Wistar albino dişi sıçandan oluşan bir grup tarafından üretilmiştir. Bu sıçanlar rastgele iki gruba ayrılmıştır; her biri yedi sıçan içeren Kontrol ve STZ gruplarına ayrılmıştır. Diyabet modeli oluşturulan STZ grubundaki sıçanlar, bir gece aç bırakıldıktan sonra sitrat tamponunda taze hazırlanmış tek bir doz STZ (Sigma-Aldrich, St. Louis, MO, ABD) (0.1 M, Ph 4) intraperitoneal (ip) olarak enjekte edilirken, kontrol grubundaki sıçanlara eşit miktarda sadece sitrat tamponu uygulanmıştır. Hem kontrol hem de STZ grupları aktif kaspaz-3 immunohistokimyasal boyama yöntemi ile boyandı. İşlem sırasında rastgele 14 sıçan üzerinden, 7 alan seçilerek 49 adet STZ ve 49 adet kontrol grubu elde edilmiştir. Görüntülerin anlaşılabilirliği (netliği, görünürlüğü) açısından kontrol grubundan rastgele seçilen 2 görüntü daha eklenerek 51 adet kontrol grubu oluşturularak sınıflandırma çalışmasında kullanıldı. Bu görüntülerin boyutları 3072x4080 idi ve görüntü sayısını artırmak amacıyla tüm görüntüler, her bir görüntüden 9 adet görüntü parçası elde etmek için 1024x1360 olarak bölündü. Şekil 1'de gösterildiği gibi her bir görüntü parçası oluşturuldu.



Şekil 1. (Üst) Kontrol grubu – (Alt) STZ grubu örnek görüntüleri

B. Öznitelik Çıkarımları

- Yerel İkili Örüntüler (Local Binary Pattern, LBP)

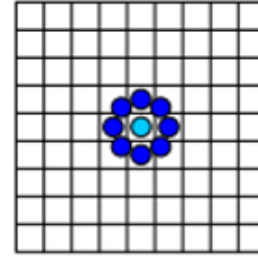
LBP operatörü, gri seviyeden bağımsız olan bir doku ölçümü yöntemidir. Bu yöntem ile görüntünün her pikseli için birer ve sıfırlardan oluşan etiketler verilir. Bu etiketler merkez pikselin NxN komşuluğundaki piksellerin karşılaştırılmasıyla oluşur. Bu operatörün en önemli özelliği ise parlaklık değişimlerine karşı dayanıklı olmasıdır. Genel olarak LBPP,R

üç farklı dairesel komşulukla tanımlanabilir. P komşu sayısını, R ise örnekleme yarıçapını temsil etmektedir. Kullandığımız LBP operatörleri şekil 2' de gösterilmektedir [14], [15].

LBP formülü denklem 1'deki gibi ifade edilir ;

$$LBP_{P,R}(x_c) = \sum_{p=0}^{P-1} u(x_p - x_c) x^p$$

$$u(y) = \{1, y \geq 0 \quad 0, y < 0\} \quad (1)$$



P=8 R=1

Şekil 2. Kullanılan dairesel LBP_{P,R} operatörleri

Burada X_c üretilen merkez pikseli, X_p, X_c' nin komşularını, R komşuların merkez piksele olan uzaklığını, P ise işleme giren komşu sayısını ifade etmektedir.

Bu çalışmada LBP_{8,1} operatörü kullanılarak 3 x 3' lük matrisler ile komşuluk analizleri yapılacaktır.

- Gri Seviye Eş Oluşum Matrisi (Gray-Level Co-Occurrence Matrix, GLCM)

GLCM metodu, farklı dokuların sınıflandırılması için Haralick ve ekibinin geliştirdiği, piksel tabanlı bir görüntü işleme yöntemidir [16]. Bu yöntem, görüntüden öznitelik elde etmek için pikseller arasındaki ilişkiyi kullanır. GLCM matrisini oluşturmak için, pikseller arasındaki uzaklık (D), piksellerin açısı (0°, 45°, 90° ve 135° = θ), ve gri ton seviye sayısı (maksimum 256) gibi parametreler temel alınır [17]–[19]. Haralick ve diğerleri tarafından tanımlanan 14 farklı doku özelliği, görüntü analizi için kullanılmıştır. Bu özellikler arasında homojenlik, entropi, enerji, kontrast gibi değerler bulunur [20] Bu çalışmada, pikseller arasındaki uzaklık bir birim, yönlendirme açısı olarak ise 0° seçilmiş ve Haralick özellikleri arasından kontrast, korelasyon, homojenlik ve enerji hesaplanmıştır [21]. Enerji, Denklem 2' de gösterildiği gibi hesaplanır ve GLCM'den elde edilen enerji, görüntünün homojenliğini gösteren bir özniteliktir [22].

$$Enerji = \sum_{ij} p_{ij}^2 \quad (2)$$

Kontrast özelliği görüntüde bulunan yerel değişimlerin seviyesine dair bilgi vermektedir. Denklem 3' deki şekilde ifade edilir [22].

$$Kontrast = \sum_{ij} |i - j|^2 p_{ij} \quad (3)$$

Homojenlik, GLCM' deki elemanlar ve çapraz şekilde oluşacak olan elemanların dağılımına yakınlığını denklem 4' deki gibi ölçmektedir [22].

$$\text{Homojenlik} = \sum_{ij} \frac{p_{ij}}{1+|i-j|} \quad (4)$$

Korelasyon özelliği piksel ve komşusunun birbirleriyle ne kadar ilişkili olduğuna dair bilgi vermektedir. Denklem 5 ile ifade edilmektedir. Bu denklemdeki μ ortalamayı, σ standart sapmayı ve P ise indislerin belirttiği GLCM elemanını göstermektedir [22].

$$\text{Korelasyon} = \sum_{ij} \frac{p_{ij} - \mu_x \mu_y}{\sigma_x \sigma_y} \quad (5)$$

Böylece her bir görüntüden 59 adet LBP ve 4 adet GLCM olmak üzere toplam 63 adet özellik çıkarılmıştır. Bu özelliklerden en önemlilerini seçmek amacıyla Lasso yöntemi kullanılmıştır. Lasso, regresyon katsayılarını sıfıra yaklaştırarak (bazı katsayıları tamamen sıfır yapar) özellik seçimi yapar. Hem modeli daha az karmaşık hale getirir hemde gereksiz veya etkisiz özellikleri modelden çıkarılmasına olanak sağlar [23]. Bu çalışmada lasso yöntemi ile özellikler random seçilerek sınıflandırma çalışmasında kullanılmıştır.

C. Sınıflandırma Yöntemleri

Elde edilen öznelikler, bu çalışmada dört adet sınıflandırma yöntemi ile sınıflandırılmıştır.

- Destek Vektör Makinesi (Support Vector Machine, SVM)

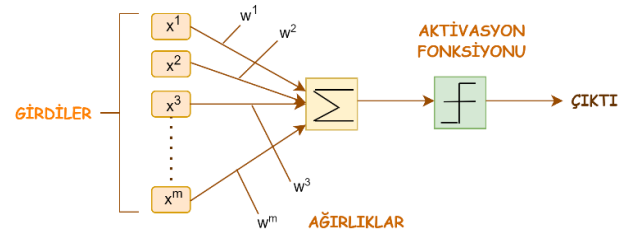
SVM, sınıflandırma yapılırken sınıfları birbirinden ayıracak olan optimal ayırma hiper düzleminin elde edilmesini amaçlayan veri odaklı araştırma alanlarında sıkça kullanılan makine öğrenme yaklaşımıdır [24], [25]. Bu amaç doğrultusunda farklı sınıflara ait destek vektörleri arasındaki uzaklık maksimize etmektedir. Bu yöntem ile iki veri sınıfını en iyi şekilde ayırtmak için karar sınırları veya hiper düzlemler belirlenir. Doğrusal olmayan bir veri kümesinde, SVM'ler doğrusal bir hiper düzlem çizemez. Bu nedenle çekirdek numaraları kullanılmaktadır.

- K-en yakın komşu (K-Nearest Neighbors, KNN)

KNN, sınıflandırma yapılacak verilerin öğrenme kümesindeki normal davranış verilerine benzerliklerini hesaplayarak; en yakın olduğunu düşündüğü k verinin ortalamasıyla, belirlenerek eşik değere göre sınıflara atan parametrik olmayan bir sınıflandırma yöntemidir [26]. Kullanılan k değeri sınıflandırma yapılacak olan verinin kaç veri ile yakınlığını belirlememizi sağlamaktadır.

- Yapay Sinir Ağlar (YSA)

YSA, insan beyninin işlemlerini taklit ederek nöronlardan oluşan basit işlem birimlerinin bağlantılarını kullanan bir tür yapay zeka sistemidir [26]. Yapay sinir ağları, girdiler, ağırlıklar, toplam fonksiyonlar, aktivasyon fonksiyonları ve çıktılardan oluşur. YSA'daki amaç, ağırlık değerlerini en uygun hale getirmektir. Bu amaçla girdi değerleri ile beklenen çıktıları karşılaştırarak eşik hata değerine ulaşmamışsa ağırlık değerleri tekrar güncellenir ve hatayı minimize etmek için çaba harcanır. Şekil 3' te bir yapay sinir ağı bileşenleri verilmiştir.



Şekil 3. YSA'ya ait bir algılayıcının temel yapısı

- Karar ağacı (Decision Tree, DT)

DT, bağımsız değişken kümesinin değerlerini kullanarak bir bağımlı değişkenin değerini tahmin etmek için kullanılan iki yönlü bölünmüş bir mantıksal modeldir [27]. Her dal, köke bağlı olarak düğümlere bağlanır. Verideki her bir öznelik, sınıflandırma sonrasında ağaçtaki düğüm noktalarını temsil eder. Her yaprak, bir sınıfı temsil ederken ağacın yapısı arasında kalan düğüm noktaları sınıflandırma kuralları olarak kabul edilir [28].

Kullanılan sınıflandırma modellerinin performansını değerlendirmek için karmaşıklık matrisi (confusion matrix) kullanılmıştır [28]. Bu matris, doğru pozitif (True Positive-TP), doğru negatif (True Negative-TN), yanlış pozitif (False Positive-FP) ve yanlış negatif (False Negative-FN) olmak üzere dört temel kategoriyi içerir. Mevcut verilerle tahmin edilen verilerin karşılaştırılması ile hassasiyet (kesinlik, precision), duyarlılık (sensitivity), F1 skoru (F1 score) ve doğruluk (accuracy) ve özgünlük (specificity) gibi kavramlar hesaplanmaktadır. Karmaşıklık matrisi ile elde edilen değerler [29] aşağıda verildiği gibi hesaplanır.

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

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

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

$$\text{F1 Skor (f1 score)} = \frac{2 * \text{Kesinlik} * \text{Duyarlılık}}{\text{Kesinlik} + \text{Duyarlılık}}$$

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

III.SONUÇLAR

Önerilen çalışmada, her bir görüntünün, kırmızı, yeşil ve mavi (Red, Green, Blue - RGB) olmak üzere 3 kanalı da inceleyerek LBP ve GLCM yöntemleriyle öznelik çıkarılmıştır. Daha sonra bu öznelikler, 4 farklı makine öğrenmesi yöntemi (YSA, DT, SVM ve KNN) ile sınıflandırılmıştır. Yöntemlerin sınıflandırma sonuçları, Doğruluk (Accuracy), Hassasiyet (Precision), F1 skor (F1 score) ve Özgünlük (Specificity) metrikleri ile değerlendirilmiş ve sonuçlar Tablo 1, Tablo 2 ve Tablo 3'te sunulmuştur.

Tablo 1'de kırmızı kanal görüntülerin, Tablo 2'de yeşil kanal görüntülerin, ve Tablo 3'te mavi kanal görüntülerin

sınıflandırılması sonucu hesaplanan performans değerleri verilmiştir.

Tablo 1. Kırmızı Kanal için

	Doğruluk	Hassasiyet	Özgünlük	F1 Skor
DT	0.6737	0.64	0.6622	0.6472
KNN	0.8498	0.8378	0.6644	0.7710
SVM	0.8899	0.82	0.8022	0.8128
YSA	0.9108	0.8244	0.8222	0.8235

Tablo 2. Yeşil Kanal için

	Doğruluk	Hassasiyet	Özgünlük	F1 Skor
DT	0.6735	0.6400	0.6111	0.6309
KNN	0.7240	0.7044	0.6622	0.6899
SVM	0.8718	0.7889	0.7933	0.7906
YSA	0.8693	0.7978	0.7844	0.7925

Tablo 3. Mavi Kanal için

	Doğruluk	Hassasiyet	Özgünlük	F1 Skor
DT	0.7623	0.7089	0.6911	0.7026
KNN	0.8959	0.9600	0.7133	0.8546
SVM	0.9302	0.9044	0.8489	0.8800
YSA	0.9387	0.8556	0.8533	0.8546

Tablo 1' den kırmızı kanal ve Tablo 3' ten mavi kanal için en iyi sınıflandırma performansını YSA ile elde edildiği, Tablo 2' den ise yeşil kanal için en iyi performansın SVM ile elde edildiği görülmektedir.

IV. TARTIŞMA

Yapılan çalışmada, diyabetin akciğer dokularında oluşturduğu hasarın sınıflandırılabilmesi amacıyla LBP ve GLCM yöntemleriyle elde edilen özellikler arasından Lasso yöntemi ile en önemli olanları kullanarak makine öğrenmesiyle sınıflandırma yapılmıştır. Böylece şeker hastalığının akciğer dokularına olan etkisi objektif bir şekilde analiz edilmiştir. Sınıflandırma yöntemleri ile elde edilen sonuçlar, RGB renk uzayının her kanalı için ayrı ayrı hesaplanan performans parametreleri ile değerlendirilmiştir.

Tablo 1'de RGB renk uzayının kırmızı kanalı için elde edilen görüntülerin sınıflandırma sonuçları incelendiğinde, en iyi sınıflandırma performansının YSA ile elde edildiği görülmektedir. YSA kullanıldığında %91.08 doğruluk, %82.44 hassasiyet, %82.22 özgünlük ve %82.35 f1 skoru elde edilmiştir.

Tablo 2'de ise yeşil kanal için elde edilen görüntülerin sınıflandırma sonuçları değerlendirildiğinde, en iyi sınıflandırma performansını %87.15 doğruluk ile SVM kullanarak elde edildiği görülmüştür. Diğer performans metriklerinin %78.89 hassasiyet, %79.33 özgünlük ve %79.06 f1 skoru olduğu gözlemlenmiştir.

RGB renk uzayının mavi kanalı için en iyi performansını %93.87 doğruluk, %85.56 hassasiyet, %85.33 özgünlük ve %85.46 f1 skor ile YSA sağlamıştır.

V. SONUÇ

Yapılan çalışmada, kaspaz immunohistokimya görüntülerinin LBP ve GLCM özelliklerinin diyabetin akciğer dokularındaki etkilerini objektif olarak analiz etmede etkili bir yol olduğunu gösterilmektedir. Çalışma, RGB renk uzayının farklı kanalları (kırmızı, yeşil ve mavi) için farklı sınıflandırma yöntemlerini değerlendirmiş ve en iyi performansın YSA ve SVM ile elde edildiği bulunmuştur.

Bu sonuçlar, diyabetin akciğer dokularına olan etkilerini değerlendirmenin, görüntü işleme ve makine öğrenme tekniklerini kullanarak daha iyi bir performans ile gerçekleştirilebileceğini göstermektedir. Özellikle YSA ve SVM gibi makine öğrenme yöntemlerinin, bu tür analizlerde yüksek doğruluk ve hassasiyet sağlayabileceği görülmüştür. Gelecek çalışmalarda farklı boyama teknikleriyle elde edilmiş görüntüler üzerinde renk uzayları (CMYK, HSV, XYZ vb.) uygulanarak derin öğrenme metoduyla sınıflandırılması planlanmıştır.

Yazarların Katkıları

Tuğba ŞENTÜRK ve Fatma LATİFOĞLU, algoritmaların geliştirilmesine, makalenin yazılmasına ve gözden geçirilmesine katkıda bulundular. Arzu YAY, Münevver BARAN ve Demet BOLAT ise deneysel çalışmaların tasarlanması ve yürütülmesinde önemli roller üstlendiler; aynı zamanda makalenin yazımına ve gözden geçirilmesine de katkıda bulundular. Tüm yazarlar aktif bir şekilde araştırmanın şekillendirilmesine katkı sağladılar ve makalenin nihai versiyonunu onayladılar.

Çıkar Çatışması Beyanı

Yazarlar arasında çıkar çatışması bulunmamaktadır.

Araştırma ve Yayın Etik Beyanı

Yazarlar, bu çalışmanın Araştırma ve Yayın Etik kurallarına uygun olduğunu beyan ederler.

KAYNAKÇA

- [1] American Diabetes Association, "Diagnosis and Classification of Diabetes Mellitus," *Diabetes Care*, vol. 33, no. 1, pp. 62–69, 2010, doi: 10.2337/dc10-S062.
- [2] M. Panwar, A. Acharyya, R. A. Shafik, and D. Biswas, "K-nearest neighbor based methodology for accurate diagnosis of diabetes mellitus," *Proceedings - 2016 6th International Symposium on Embedded Computing and System Design, (ISED 2016)*, pp. 132–136, Jul. 2017, doi: 10.1109/ISED.2016.7977069.
- [3] S. K. Goswami, M. Vishwanath, S. Gangadarappa, R. Razdan, and M. N. Inamdar, "Efficacy of ellagic acid and sildenafil in diabetes induced sexual dysfunction," *Pharmacognosy Magazine*, vol. 10, no. 3, pp. 581–587, Jul. 2014, doi: 10.4103/0973-1296.139790.
- [4] M. Lotfy, J. Adeghate, H. Kalasz, J. Singh, and E. Adeghate, "Chronic Complications of Diabetes Mellitus: A Mini Review," *Current Diabetes Reviews*, vol. 13, no. 1, pp. 3–10, 2017.
- [5] D. Bolat, M. Ülger, M. Baran, I. T. Turan, and A. Yay, "Lung injury aggravated by Streptozotocin-induced diabetes: an experimental study," *Cukurova Medical Journal*, vol. 47, no. 1, pp. 175–182, Mar. 2022, doi: 10.17826/CUMJ.1020617.
- [6] S. I. Ayon and M. M. Islam, "Diabetes Prediction: A Deep Learning Approach," *I. J. Information Engineering and Electronic Business*, vol. 12, no. 2, pp. 21–27, 2019, doi: 10.5815/ijieeb.2019.02.03.
- [7] S. Palaniappan and R. Awang, "Intelligent heart disease prediction system using data mining techniques," *AICCSA 08 - 6th IEEE/ACS International Conference on Computer Systems and Applications*, pp. 108–115, 2008, doi: 10.1109/AICCSA.2008.4493524.
- [8] K. Kannadasan, D. R. Edla, and V. Kuppli, "Type 2 diabetes data classification using stacked autoencoders in deep neural networks," *Clin Epidemiol Glob Health*, vol. 7, no. 4, pp. 530–535, Dec. 2019, doi: 10.1016/J.CEGH.2018.12.004.
- [9] M. Heydari, M. Teimouri, Z. Heshmati, and S. M. Alavinia, "Comparison of various classification algorithms in the diagnosis of type 2 diabetes in Iran," *Int J Diabetes Dev*

- Ctries, vol. 36, no. 2, pp. 167–173, Jun. 2016, doi: 10.1007/S13410-015-0374-4/TABLES/6.
- [10] A. H. Yurttakal, H. Erbay, G. Çınarar, and H. Baş, “Classification of Diabetic Rat Histopathology Images Using Convolutional Neural Networks,” *International Journal of Computational Intelligence Systems*, vol. 14, no. 1, pp. 715–722, 2021, doi: 10.2991/ijcis.d.201110.001.
- [11] A. Makalesi, G. Harman, Y. Üniversitesi, M. Fakültesi, and B. Mühendisliği Bölümü, “Destek Vektör Makineleri ve Naive Bayes Sınıflandırma Algoritmalarını Kullanarak Diabetes Mellitus Tahmini,” *European Journal of Science and Technology*, vol. 32, no. 32, pp. 7–13, Dec. 2021, doi: 10.31590/EJOSAT.1041186.
- [12] A. Makalesi Dişabet Hastalığının Erken Aşamada Tahmin Edilmesi İçin Makine Öğrenme Algoritmalarının Performanslarının Karşılaştırılması, K. Akyol, A. KARACI Bilgisayar Mühendisliği Bölümü, M. ve Mimarlık Fakültesi, and K. Üniversitesi, “Dişabet Hastalığının Erken Aşamada Tahmin Edilmesi İçin Makine Öğrenme Algoritmalarının Performanslarının Karşılaştırılması,” *Duzce University Journal of Science and Technology*, vol. 9, no. 6, pp. 123–134, Dec. 2021, doi: 10.29130/DUBITED.1014508.
- [13] G. Tarihi, F. Balgetir, and N. Kocaman, “Streptozotosin ile Oluşturulmuş Dişabetik Sıçanların Beyin Dokusunda İrisin Üzerine Enalaprilin Etkileri,” *Firat Med J*, vol. 21, no. 4, pp. 177–182, 2016.
- [14] T. Tuncer, E. Avcı, A. Bilişim, M. Bölümü, F. Üniversitesi, and Y. M. Bölümü, “Yerel İkili Örüntü Tabanlı Veri Gizleme Algoritması: LBP-LSB Local Binary Pattern Based Data Hiding Algorithm: LBP-LSB”.
- [15] B. Yang and S. Chen, “A comparative study on local binary pattern (LBP) based face recognition: LBP histogram versus LBP image,” *Neurocomputing*, vol. 120, pp. 365–379, Nov. 2013, doi: 10.1016/J.NEUCOM.2012.10.032.
- [16] H. Serçe, Y. Baştanlar, A. Temizel, and Y. Yardimci, “Tümyönlü imgeler için küresel alanda kenarların ve ilgi noktalarının tespiti üzerine,” 2008 IEEE 16th Signal Processing, Communication and Applications Conference, SIU, 2008, doi: 10.1109/SIU.2008.4632658.
- [17] C. Sweetlin Hemalatha, V. Vaidehi, and R. Lakshmi, “Minimal infrequent pattern based approach for mining outliers in data streams,” *Expert Syst Appl*, vol. 42, no. 4, pp. 1998–2012, Mar. 2015, doi: 10.1016/J.ESWA.2014.09.053.
- [18] R. M. Haralick, I. Dinstein, and K. Shanmugam, “Textural Features for Image Classification,” *IEEE Trans Syst Man Cybern*, vol. SMC-3, no. 6, pp. 610–621, 1973, doi: 10.1109/TSMC.1973.4309314.
- [19] S. N. Ondimu and H. Murase, “Effect of probability-distance based Markovian texture extraction on discrimination in biological imaging,” *Comput Electron Agric*, vol. 63, no. 1, pp. 2–12, Aug. 2008, doi: 10.1016/J.COMPAG.2008.01.007.
- [20] R. M. Haralick, I. Dinstein, and K. Shanmugam, “Textural Features for Image Classification,” *IEEE Trans Syst Man Cybern*, vol. SMC-3, no. 6, pp. 610–621, 1973, doi: 10.1109/TSMC.1973.4309314.
- [21] V. Göreke, E. Uzunhisarcıklı, A. Güven, C. Üniversitesi Sivas Meslek Yüksek Okulu Bilgisayar Teknolojileri Bölümü vğoreke, and E. Üniversitesi Kayseri Meslek Yüksekokulu Otomasyon Bölümü, “Biyomedikal Görüntü İşleme ve Yapay Zeka Uygulamaları 2. Gün 26 Eylül,” Cuma, 2014.
- [22] C. A. YAVRU, İ. S. ÜNCÜ, M. KALELİ, and S. AKYÜREKLİ, “CIGS İnce Film Yüzeyindeki Morfolojik Farklılıkların GLCM Görüntü İşleme Yöntemi ile İncelenmesi,” *Süleyman Demirel University Faculty of Arts and Science Journal of Science*, vol. 17, no. 2, pp. 460–477, Nov. 2022, doi: 10.29233/SDUFEFFD.1125106.
- [23] S. Tiwari, N. Gupta, and P. Yadav, “Diabetes Type2 Patient Detection Using LASSO Based CFFNN Machine Learning Approach,” *Proceedings of the 8th International Conference on Signal Processing and Integrated Networks, SPIN 2021*, pp. 602–608, 2021, doi: 10.1109/SPIN52536.2021.9565965.
- [24] M. DEMİRCİ, “Destek Vektör Makineleri ve M5 Karar Ağacı Yöntemleri Kullanılarak Yağış Akış İlişkisinin Tahmini,” *Dicle Üniversitesi Mühendislik Fakültesi Mühendislik Dergisi*, vol. 10, no. 3, pp. 1113–1124, Sep. 2019, doi: 10.24012/DUMF.525658.
- [25] O. Uslu, S. Akyol, E. O. Üniversitesi, M.-M. Fakültesi, and M. Bölümü, “Türkçe Haber Metinlerinin Makine Öğrenmesi Yöntemleri Kullanılarak Sınıflandırılması,” *Eskişehir Türk Dünyası Uygulama ve Araştırma Merkezi Bilişim Dergisi*, vol. 2, no. 1, pp. 15–20, Jan. 2021, Accessed: Aug. 08, 2023. [Online]. Available: <https://dergipark.org.tr/en/pub/estudambilisim/issue/60018/852183>
- [26] A. Makalesi et al., “Destek Vektör Makineleri, YSA, K-Means ve KNN Kullanarak Arı Türlerinin Sınıflandırılması”.
- [27] H. R. Bittencourt and R. T. Clarke, “Use of Classification and Regression Trees (CART) to Classify Remotely-Sensed Digital Images,” *International Geoscience and Remote Sensing Symposium (IGARSS)*, vol. 6, pp. 3751–3753, 2003, doi: 10.1109/IGARSS.2003.1295258.
- [28] S. B. Kotsiantis, “Decision trees: A recent overview,” *Artif Intell Rev*, vol. 39, no. 4, pp. 261–283, Apr. 2013, doi: 10.1007/S10462-011-9272-4/METRICS.
- [29] E. Betül KINACI, H. Bal, and H. Kinaci, “POLİTEKNİK DERGİSİ JOURNAL of POLYTECHNIC Epileptik nöbet tespiti için destek vektör regresyon temelli yeni bir sınıflandırma yaklaşımı A new classification approach based on support vector regression for epileptic seizure detection”, doi: 10.2339/politeknik.1055549.

Gömülü Sistemlerde LSTM Kullanımı ile Zaman Serisi Anormallik Tespiti

Gülsüm Akkuzu Kaya^{1*}, Mehmet Yıldız²

^{1*}Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi, Mühendislik ve Mimarlık Fakültesi, Bilgisayar Mühendisliği, Kırşehir, Türkiye
(gulsun.akkuzukaya@ahievran.edu.tr) (ORCID: 0000-0003-1806-7759)

²Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi, Mühendislik ve Mimarlık Fakültesi, Bilgisayar Mühendisliği, Kırşehir, Türkiye
(mehmet.yildiz.jap@gmail.com)

Özet –İnsansız Hava Araçları (İHA) için anomali tespiti önemli bir araştırma alanı olmuştur. Anormallikleri tespit etme tekniklerinden biri, geleneksel Makine Öğrenimi (ML) algoritmalarını uygulamaktır, ancak geleneksel ML yaklaşımları, özellikle uzun vadeli bağımlı noktalardaki anormallikleri tespit edemez. Bu çalışma, İHA sistem çağrılarının zaman serisindeki anormallikleri tespit etmek için Uzun Kısa Süreli Bellek (LSTM) yöntemini kullanır. Bunu yapmak için, LSTM ağı, bir İHA sistemindeki olayların zaman aralıklarındaki verilerin uzun vadeli bağımlılıklarını öğrenmek için birbiriyle çalışan birden fazla LSTM hücresinden oluşur. Bu makalede kullanılan veri seti, sistem çağrılarının sırasını ve türünü, sistem çağrısı olaylarının zaman damgalarını, işlem kimliklerini ve isteğe bağlı argümanları içeren bir İHA'dan sistem çağrısı olaylarından toplanmıştır. LSTM tekniği ile derinlemesine modern bir siber tehdit analizi sağlamayı amaçladığımız için veri seti bu çalışmanın amacına uygun bir veri setidir. Deneysel sonuçlar, LSTM tekniğinin sistem çağrılarının zaman serisindeki anormallikleri tespit etmedeki üstün performansını kanıtlıyor.

Anahtar Kelimeler –LSTM, Anormallik tespiti, İnsansız hava aracı, Derin öğrenme, Sistem çağrısı

Atıf: Akkuzu Kaya, G., Yıldız, M. (2023). Gömülü Sistemlerde LSTM Kullanımı ile Zaman Serisi Anormallik Tespiti Journal of Multidisciplinary Studies and Innovative Technologies, 7(2): 90-96.

Time Series Anomaly Detection Embedded Systems By Using LSTM

Extended Abstract

Anomaly detection for Unmanned Aerial Vehicles (UAVs) has been an important research area. One of the techniques to detect anomalies is to apply traditional Machine Learning (ML) algorithms however traditional ML approaches could not detect anomalies especially long-term dependent points. This study uses the Long Short-Term Memory (LSTM) method to detect anomalies on time series of UAV systemcalls. To do so, the LSTM network is comprised of multiple LSTM cells that work with each other to learn the long-term dependencies of the data in the timestamps of events in a UAV system. The dataset used in this paper, systemcall events from a UAV which includes the order and type of system calls, timestamps of the system call events, process IDs and optional arguments. The dataset is a suitable for the aim of this study as we aim to provide a depth modern cyber threat analysis with LSTM technique. The experimental results prove the superior performance of LSTM technique to detect anomalies on time series of system calls.

Keywords – LSTM, Anomaly detection, UAV, System calls, Deep learning

Citation: Akkuzu Kaya, G., Yıldız, M. (2023). Time Series Anomaly Detection Embedded Systems By Using LSTM, Journal of Multidisciplinary Studies and Innovative Technologies, 7(2): 90-96.

I. GİRİŞ

Siber tehditler ve kötü niyetli saldırılar son yıllarda bilgi teknolojileri şirketleri başta olmak üzere, finans, enerji, havacılık ve sağlık sektörlerine kadar çok sayıda alana yönelik

büyük ölçüde artmıştır. Bu sistemler, bilinen ve keşfedilmemiş birçok saldırılara karşı oldukça hassastır. Bu sistemlerden en güvenlisi havacılık sistemleri olarak bilinir.

Havacılık sistemleri en güvenli ve minimum yazılımsal saldırı yapılabilecek sistemler iken günümüzde işlevselliği

arttırarak maliyeti düşürmek için gerçekleştirilen işlemler hava araçlarının sistemlerini de yazılımsal saldırılara savunmasız hale getirmiştir. Bir hava aracının kapasitesini hava durumu verisi güncellemesi için arttırmak veya kritik platformlar üzerindeki fonksiyonelliği arttırmak gibi işlemler saldırıya sebep olan işlemlere örnek gösterilebilir [1]. Gelişmiş saldırı teknikleri ile en güvenli domain alanına sahip havacılık sistemlerinin de güvenliğinin tehdit altında olduğu yapılan araştırmalar ile gösterilmiştir [2, 3]. Saldırıları veya sapmalar anormallik ya da izinsiz giriş (intrusion) olarak sınıflandırılmıştır [4]. Anormallik tespiti ile izinsiz giriş birbirlerinden farklı yapılar ve tekniklerdir. İzinsiz giriş tespit teknikleri, keşfedilen anormalliklerin imzalarını saklayarak kötüye kullanım davranışını tespit etmek için imzaların kullanımına dayanırken, anormallik tespit modelleri, bilinen standart özellikleri kullanarak profiller oluşturur ve oluşturulan profillerden herhangi bir sapmayı anormal olarak etiketler [5]. İmza-tabanlı yaklaşımların en açık ve belirgin problemi yalnızca gözlemlenmiş izlerin tespitinin gerçekleştirilmesidir. Her iki sınıf problemleri için uygulanan aykırı değer tespit teknikleri, beklenen davranışlara uyum sağlamayan kalıpları keşfetme problemini çözmeye çalışır. Gömülü sistemlerdeki en yaygın olarak yapılan saldırılar, ağ tabanlı (NIDS) ve ana bilgisayar tabanlı (HIDS) saldırılar olmak üzere ikiye ayrılır. Ağ saldırı sistemleri (NIDS), gelen ağ trafiğini analiz eden sistemleri içerirken ana bilgisayar tabanlı saldırı (HIDS) sistemleri işletim sistemleri dosyalarını izleyen sistemleri içerir.

Bu tespit sistemleri, normal sistem davranışlarından modeller öğrenerek tehdit oluşturabilecek davranışları algılayabilirler. Ana bilgisayar tabanlı sistemlerde, sistem çağrısı uygulamaların işletim sistemine girmesinin tek yoludur. Bu sebeple, HIDS'te yeni saldırıların tespit edilmesi için geliştirilecek modelleri eğitmek için sistem çağrısı dizilerini içeren farklı veri kümeleri kullanılır [6]. Örneğin DARPA, ağ tabanlı saldırı tespiti için kullanılan yaygın veri kümelerinden biridir [7]. Diğer gömülü sistem çağrıları verisi içeren erişime açık veri setleri NGIDS-DS [8], ADFA-LD[9], NSL-KDD ve KDD99 [10], CIC-IDS 2018 [11] ve PLAID [12] olarak sıralanabilir. Bu veri kümeleri, gömülü sistem verisi içeren erişime açık veri kümeleri oldukları için birçok araştırmada kullanılmışlardır ve bu veri kümelerinin ortak özelliği ağ tabanlı gömülü sistemlere ait veri kümeleri olmalarıdır. Bu çalışmada, ana bilgisayar tabanlı (host-based) Ezeme ve arkadaşları tarafından toplanan hava aracına ait sistem çağrıları, zaman bilgisi ve sistem çağrılarına ait farklı özellikleri içeren veri seti kullanılmıştır [13].

Ezeme ve arkadaşları, anormallik tespit tekniklerinden kümelenme tekniğini insansız hava aracı gömülü sistem çekirdek durumlarındaki anormallik tespiti için kullanmışlardır [14]. Kümelemeye dayalı tekniklerin ana fikri, verilen verilerden aykırı değerleri tespit etmek için standart kümeleme tekniklerinin uygulanmasıdır. Aykırı değerler,

herhangi bir büyük veya yoğun kümenin içinde veya yakınında olmayan gözlemler olarak kabul edilir [15].

II. MATERYAL VE METOT

A. LSTM

LSTM (Long Short-Term Memory), tekrarlayan sinir ağlarının bir uzantısı ve uzun kısa süreli hafıza olarak kabul edilir. Tekrarlayan sinir ağları, önceki bilgilerin belirli bir noktada mevcut iş için kullanılmasına olanak sağlayan kısa süreli bellek yeteneğine sahiptirler. Tekrarlayan sinir ağlarından genişletilmiş LSTM mimarisi, mevcut sinir düğümü için önceki bütün bilgilerin bir listesinin mevcut olduğu "uzun süreli bellek" yeteneğine sahiptir. En yaygın olan LSTM mimarisi; bir hücre, giriş kapısı, bir çıkış kapısı ve bir unutma kapısından oluşur.

Forget gate olarak bilinen unutma kapısının amacı; hem önceki gizli katman verileri hem de yeni girdi verileri ele alındığında, hangi bitlerin verilerinin yararlı olduğuna karar vermektir. Eğer veri faydalı ise; sigmoid fonksiyonu kullanarak 1 e yakın bir değer üretir, aksi halde ise 0 ayakın değer üretir.

Giriş kapısı, iki katlı amaca sahiptir. Birincisi, yeni veri veya önceki gizli katman durum verisinin hücre durumunda tutulup tutulmayacağına karar verip verip verip olmadığını kontrol eder. Eğer kayda değer veri var ise; hangi yeni verilerin ekleneceğine de ikinci amaç hizmet eder.

Çıkış kapısının temel amacı ise, yeni gizli duruma ihtiyaç olup olmadığına karar vermektir. (Her bir kapı için kullanılan matematiksel formüller için [20]).

B. Metot

Şekil 1'de bu çalışmanın tamamlanması için izlenen yol ve adımlar verilmiştir. Veri kümesi üzerinde analiz işlemi gerçekleştirmek için orjinal veri setinde; veri setinin model eğitimi ve anormallik tespiti için uygun hale getirilmesi amacıyla çeşitli düzenlemeler ve değişiklikler yapıldı. Veri seti üzerinde hexadecimal (onaltılık tabandaki) değerler decimal (onluk taban) değerlere dönüştürüldü. Bunu sağlamak için "fun" yardımcı işlev tanımlandı ve apply yöntemi kullanılarak SystemCallID sütunu üzerine uygulandı. Böylece, SystemCallID sütunu orjinal veri setindeki onaltılık sistem temsiliyle tutulan değerlerden ondalık sistem temsiline dönüştürüldü. Veri setindeki zaman farklarını hesaplama ve yeni bir sütun eklemek için "Timestamp" sütunu kullanıldı. Zaman farkı hesaplamaları için diff() fonksiyonu kullanıldı ve elde edilen farklar "TimeDiff" adlı yeni bir sütunda saklandı. Veri setinin ölçeklendirilmesi için MinMaxScaler kullanıldı. TimeDiff sütunu ölçeklendirilerek "ScaledTimeDiff" adlı yeni bir sütun oluşturuldu. Ölçeklendirme işlemi, verilerin farklı ölçeklerde olmamasını ve modelin daha iyi performans göstermesini sağlamak için oluşturuldu.



Şekil 1. Metod Akış diyagramı (Flowchart)

C. Veri Seti

Page numbers, headers and footers must not be used.

Bu çalışmada kullanılan veri seti Ezeme ve arkadaşları tarafından bir insanızsız hava aracı sistemi simüle edilerek toplanmıştır [21]. Veri setindeki verilere ilişkin detayların örnekleri şöyledir;

Normal Profil: Bu profildeki (moddaki) veri örnekleri elde edilirken İHA uygulaması, herhangi bir dahili veya harici enjeksiyon veya kesinti olmaksızın çalıştırılmıştır.

Delay profil: Bu profildeki veri örnekleri, denetleyicinin zaman zaman uygulamanın parametrelerini algılamada gecikmeye zorlamasıyla ve hesaplama açısından pahalı işlemler oluşturulmasıyla elde edilmektedir. Bu pahalı sapma hesaplamaları, İHA sensörlerinin varsayıldığı gibi sorgulanmamasına neden olur. Bu nedenle, İHA hedef, seyir ve irtifa ile ilgili parametreleri ayarlamak için mücadele ederken kararsızlık yaşamaktadır. Bu görevler, oluşturulan sistem çağrılarının türünü ve sırasını etkiler, çünkü yürütülmesi, Normal profili takip edebilen veya etmeyebilen bilinen veya bilinmeyen sistem çağrılarının oluşturulmasına yol açar. Bu profil, normal durum geri yüklenemediğinde İHA'nın çökmesine neden olduğu için gizli olmayan bir saldırı örneğidir. Bu profildeki veri örnekleri, Pseudo-Random profilindeki örneklerden daha az karmaşıktır, çünkü gizli olmayan yapıya sahiptirler.

Pseudo-Random Profile: Bu profildeki veri örnekleri, saldırı senaryolarının karmaşıklığı artırılarak ve gizli operasyona dayalı bir anomali oluşturularak, sözde rastgele aralıklarla İHA'nın durumlarını ve parametrelerini bir UDP soketi aracılığıyla sızdıran bir işlem ile elde edilmektedir. Veri örnekleri elde edilirken, İHA'yı çökertmeyen, ancak başka amaçlar için etkinliğini izleyen gizli operasyon taklit edilmektedir. Böylece İHA uygulamasını izleme sürecinde, sistem çağrılarının sırası, türü ve argüman yapısı açısından farklı olabilecek bazı sistem çağrıları üretilir. Delay

profilinden farklı olarak, bu profil gizli modda çalışır ve İHA kontrol uygulamasının çökmesine yol açmaz.

D. Veri Ön İşleme

Şekil 2'de normal profile ait ham verilere ait ilk satırlar örnek olarak gösterilmektedir. Bu şekilde, ilk sütunda zaman damgası, ikinci sütunda işlemin türü, üçüncü sütunda işlemin ID'si ve diğer sütunlarda opsiyonel argümanlar temsil edilmektedir.

```

455697, SYSCALL,0x53,0x7ffd4d461f26,0x1ff,0x0,0x8080808080808080L,0x0,0x0,0x1f861000
455714, SYSRET,0x1f861000
455714, SYSCALL,0xe7,0x0,0x0,0x7ffd4d461a88,0x8080808080808080L,0x0,0x0,0x1f861000
455724, SYSCALL,0xf,0x11,0x7ffc2f478c70,0x7ffc2f478b40,0x0,0x0,0x0,0x1d491000
455724, SYSRET,0x1d491000
455724, SYSCALL,0x10,0xa,0x5410,0x7ffc2f4790bc,0x0,0x0,0x0,0x1d491000
455724, SYSRET,0x1d491000
  
```

Şekil 2. Normal profilin ham verilerine ait ilk satırlar

Veri ön işleme aşamasında, normal, delay ve pseudo-random örneklerinin ham günlük dosyaları işlenmiştir. Veri ön işleme aşamasında ilk olarak, SYSRET klasörünü temsil eden satırlar silinmiştir. Daha sonra, zaman damgaları tek kalacak şekilde, diğer sütundaki bilgiler silinmiştir. Şekil 3'te veri kümesinin ön işleme aşamasından sonra kullanılan bir örneği verilmiştir

	Timestamp	Type	SystemCallID	TimeDiff
0	455697	SYSCALL	83	0.0
2	455714	SYSCALL	231	17.0
3	455724	SYSCALL	15	10.0
5	455724	SYSCALL	16	0.0
7	455725	SYSCALL	4	1.0
9	455726	SYSCALL	4	1.0
11	455726	SYSCALL	4	0.0
13	455728	SYSCALL	4	2.0
15	455728	SYSCALL	14	0.0
17	455728	SYSCALL	57	0.0

Şekil 3. Veri Kümesi Ön İşleme Sonrası Örneği

Şekil 4'de kullanılan LSTM (Long short-term memory) metodunun eğitim tablusunun bir örneği verilmiştir. LSTM

metodu bilgileri uzun süre hatırlama yeteneğinden dolayı uzun vadeli bağımlılıklı problemleri çözmeye oldukça başarılı bir tekniktir. Bu sebeple, LSTM birçok zaman analizli çalışmalarda yaygın olarak uygulanmış ve oldukça yüksek başarı elde etmiştir [16-18]. Şekil 4' de verilen LSTM modeli için;

Python keras kütüphanesi kullanılarak Sequential modeli kullanımı

LSTM katmanı 128 hücre içermektedir

Input_shape parametresi modelin girdi boyutunu belirtir. Lookback kısmı modelin geçmiş verilere bakma süresini belirten kısımdır

Dropout katmanı modelin ikinci katmanıdır. Dropout, eğitim sırasında rastgele bir kısım nöronları etkisiz hale getirerek aşırı uyum (overfitting) sorununu azaltmaya yardımcı olur. Dropout katmanının rate parametresi, etkisiz hale getirilecek nöron oranını belirtir ve burada %20 olarak ayarlanmıştır.

Modelin üçüncü katmanı RepeatVector katmanıdır. Bu katman, önceki LSTM katmanının çıktılarını bir zaman dizisi olarak tekrarlar ve giriş boyutunu (None, 1, 128) olarak değiştirir.

Dördüncü katmanda, retur_sequences=True olarak ayarlanarak bu katmanın çıktısının bir zaman dizisi olarak dönmesi sağlanmıştır.

Beşinci katman yine bir Dropout katmanıdır ve parametreleri ilk Dropout katmanıya aynıdır. Altıncı ve son katman TimeDistributed katmanıdır. Bu katman, tam bağlı bir (dense) katmandır ve çıktı boyutunu (None, 1, 1) olarak değiştirir. Bu, her zaman adımı için ayrı bir çıktı değeri elde etmemizi sağlar.

Modelin kaybını ve optimize ediciyi belirlemek için compile yöntemi kullanıldı. Burada kayıp fonksiyonu olarak ortalama karesel hata (mean squared error - MSE) kullanıldı.

Model, fit yöntemi kullanılarak eğitildi: train_gen ve val_gen veri üreteçleri, eğitim ve doğrulama verilerini sağlamak için kullanıldı. epochs parametresi 10 olarak ayarlanmıştır. batch_size parametresi burada 32 olarak ayarlanmıştır. callbacks parametresi, eğitim sırasında kullanılan geri çağrı işlevlerini belirtir ve bu çalışmada EarlyStopping geri çağrısı kullanıldı. Bu geri çağrı, val_loss değerinin 3 dönem boyunca iyileşmediği durumlarda eğitimi durdurur ve aşırı uyumu önlemeye yardımcı olur. shuffle parametresi, veri setinin her dönemde karıştırılıp karıştırılmayacağını belirtir, burada False olarak ayarlanmıştır, yani veri seti her dönemde karıştırılmayacaktır. Eğitim sırasında her dönemdeki kayıp (loss) ve doğrulama kaybı (val_loss) değerleri çıktı olarak görüntülenir. Model eğitim aşaması toplamda 10 dönem aşamasından oluşmaktadır. Her bir dönem için eğitim kaybı, doğrulama kaybı ve geçen süre

görüntüldü. Çünkü bu değerler; modelin yapısı, katmanların çıktı şekillerini ve eğitim sürecindeki kayıp değerlerini gösterir. Şekilde yer alan "Param #" ifadesi, her bir katmandaki toplam parametre sayısını temsil eder. Parametreler, modelin eğitim sırasında öğrenmesi gereken ağırlıkları ve bias değerlerini ifade eder. Daha fazla parametre genellikle daha karmaşık bir modelin olduğunu gösterir. "Total params" ifadesi, tüm katmanlardaki toplam parametre sayısını gösterir. Bu, modelin toplamda kaç parametreye sahip olduğunu belirtir. "Trainable params" ifadesi, eğitilebilir (trainable) parametrelerin sayısını gösterir. Bu, modelin eğitim sırasında optimize edilecek ve güncellenecek parametrelerdir. "Non-trainable params" ifadesi ise eğitilmeyen (non-trainable) parametrelerin sayısını gösterir. Bu, önceden eğitilmiş veya dondurulmuş ağırlıklar gibi, eğitim sırasında güncellenmeyecek parametrelerdir. Bu durumda, 0 olduğunu görüyoruz, yani modelde eğitilmeyen parametre bulunmamaktadır. Bu parametreler, modelin karmaşıklığını ve eğitilebilir ağırlıkların sayısını gösterir. Daha fazla parametre genellikle daha fazla esneklik sağlar, ancak aynı zamanda daha fazla veri ve hesaplama gücü gerektirebilir.

Model: "sequential"

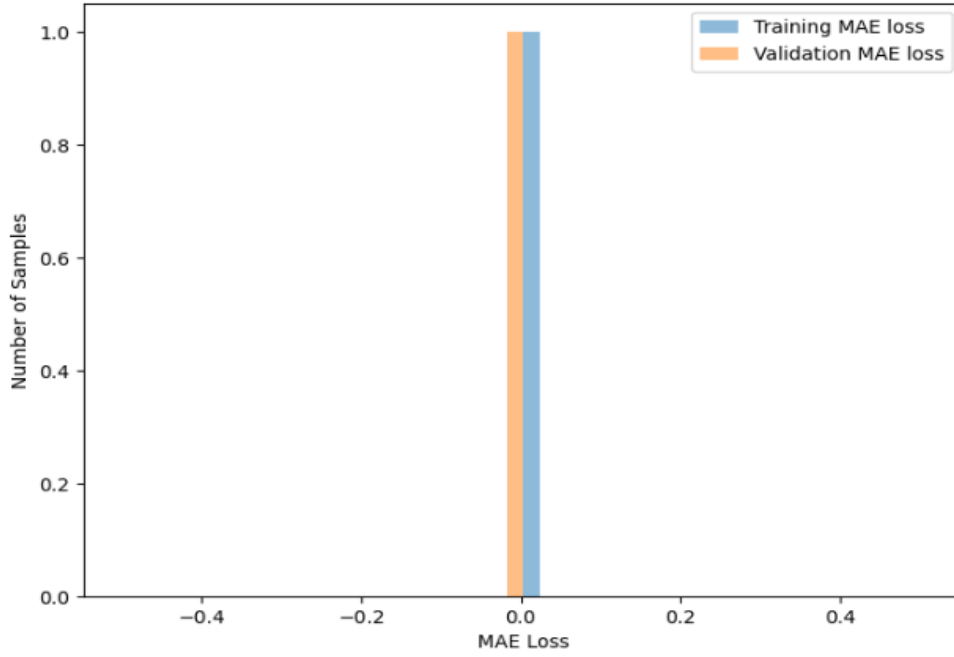
Layer (type)	Output Shape	Param #
lstm (LSTM)	(None, 128)	66560
dropout (Dropout)	(None, 128)	0
repeat_vector (RepeatVector)	(None, 1, 128)	0
lstm_1 (LSTM)	(None, 1, 128)	131584
dropout_1 (Dropout)	(None, 1, 128)	0
time_distributed (TimeDistributed)	(None, 1, 1)	129

Total params: 198,273
Trainable params: 198,273
Non-trainable params: 0

Şekil 4. LSTM Eğitim Örneği

III. DENEYSEL SONUÇLAR

Şekil 5, eğitim ve doğrulama veri kümeleri için Ortalama Mutlak Hata (MAE) kayıplarını histogram olarak görselleştirilmesidir. Bu şekilde, MAE kaybının dağılımını ve örnek sayısını gösterme amaçlanmıştır. Verilen histogram grafiklerinden biri eğitim veri kümesi MAE kayıplarını, diğeri doğrulama veri kümesi MAE kayıplarını temsil etmektedir. Şekilde verilen çıktı; eğitim ve doğrulama veri kümelerindeki MAE kaybının dağılımını karşılaştırmak ve birbirleriyle ilişkilendirmek için kullanılabilir. Örneğin, eğitim ve doğrulama MAE kayıpları arasındaki benzerlikleri veya farklılıkları görmek gibi işlem için kullanılabilir.



Şekil 5. LSTM MSE değerleri

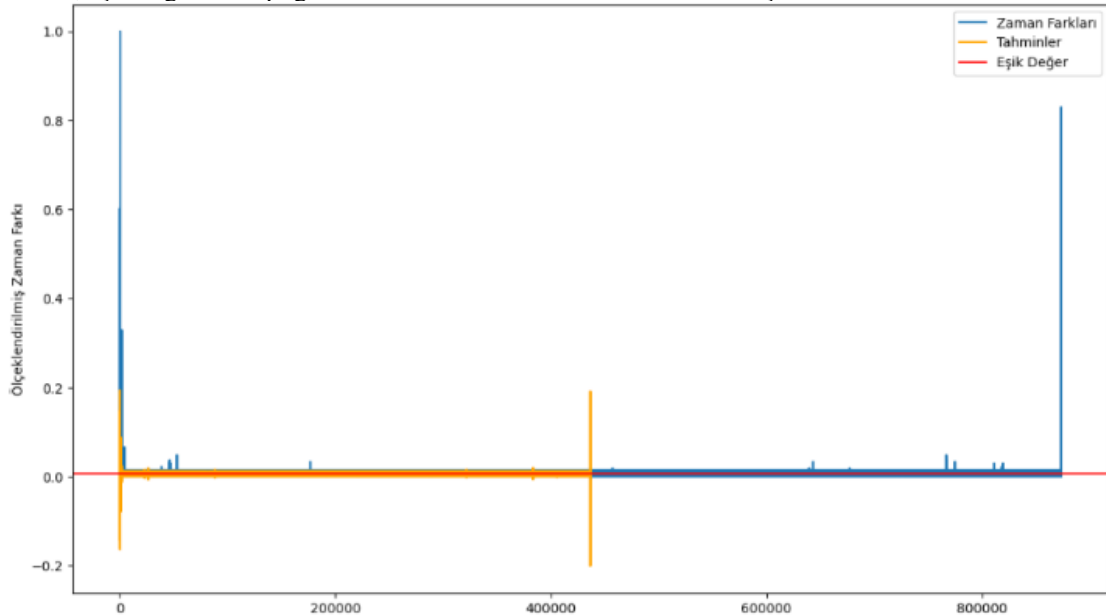
Anormallik tespiti için, modelin tahminleri ile gerçek değerler arasındaki hata metriklerini kullanarak eşik değeri çıkarıldı. Bunun için izlenen adımlar şöyledir;

- Veri setindeki tüm zaman adımlarını kapsayan girdi ve hedef zaman serisi için TimeseriesGenerator oluşturuldu
- Veri kümesindeki veriler için tahminleme işlemi gerçekleştirildi

Eşik değeri, veri setindeki zaman serisinin normal veya anormal olup olmadığını belirlemek için kullanıldı. Veri setindeki tahminler; eşik değerden saptığı durumlar anormal

noktalar dğier surumlar ise normal durumlar olarak kabul edildi.

Şekil 6'da eşik değeri kırmızı çizgi ile gösterilmiştir. Tahmin edilen değerler ve gerçek değerler arasındaki sapma miktarı bu şekil ile açıkça görülebilir. Eşik değeri bize; tahmin edilen verilerin gerçek değerlerden ne kadar uzakta olduğunu gösterir. Ayrıca, tahmin edilen değerlerin kabul edilebilirlik sınırı değerleri eşik değeri ile belirlenebilir. Veri setindeki değerler, eşik değeri altında veya eşik değeri üstünde ise anormal noktalar işaretlendi.



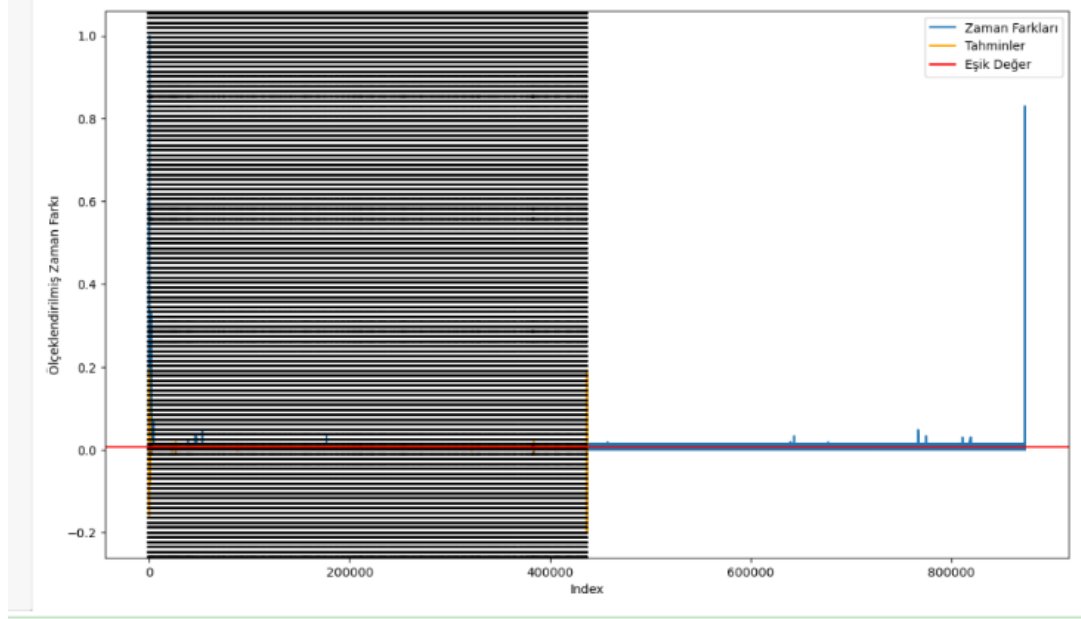
Şekil 6. Eşik değeri ve veri kümesindeki dağılımı

Veri kümesi üzerinde LSTM metodu uygulandıktan sonra anormal noktaların gösterimi işlemi Şekil 7'te gösterilmiştir. Zaman farkları (gerçek değerler) mavi renkli çizgi ve tahmin edilen değerler sarı renkli çizgi ile gösterilmiştir. Eşik değeri yatay bir çizgi ile gösterilerek, kabul edilebilir tahminleme sınırını temsil etmektedir. Anormallikleri göstermek için her

bir anormallığe karşılık gelen zaman adımlarında dikey çizgiler çizilmiştir. Bu çizgiler, tahminlerin eşik değerini aştığı veya altına düştüğü noktaları göstermektedir. Şekil üzerindeki dikey olarak görülen çizgiler, anormallığın net bir şekilde tespit edildiği noktaları gösterirler. Sistem çağruları arasındaki zaman farklarının beklenen desenlerden sapması durumunda

ortaya çıkan noktalar anormallik olarak işaretlenmiştir. Bu grafik, anormalliklerin görsel olarak işaretlenmesi, sistem güvenliği uzmanlarına veya analistlere olayları inceleme ve

müdahale etme konusunda bir rehber sağlamak için kullanılabilir.



Şekil 7. Veri kümesi üzerinde anormal noktaların gösterimi

IV.SONUÇ

Bir sistemdeki normal dışı davranışların veya noktaların tespit edilmesi anormallik tespit teknikleri, uygulanarak gerçekleştirilmektedir. Geleneksel Makine Öğrenmesi tekniklerinin uzun vadeli bağımlı noktalardaki anormallikleri tespit etmesindeki yetersizliklerinden dolayı derin öğrenme teknikleri günümüzde daha başarılı sonuçlar üretmektedirler. Bu çalışma, derin öğrenme tekniklerinde LSTM tekniğini kullanarak, İHA sistem çağrılarının zaman serisindeki anormallikleri tespit etmeyi hedeflemiştir.

Kullanılan veri seti İHA sistem çağrı bilgilerini şöyle ki; sistem çağrı zaman damgası, sistem çağrısının durumu (onay veya ret) ve opsiyonel argümanlarını içermektedir. Veri ön işleme aşamasında, normal, delay ve pseudo-random örneklerinin ham günlük dosyaları işlenmiştir. Veri seti ön işleme aşamasından geçirildikten sonra Python programlama dili kullanılarak LSTM tekniği uygulandı. LSTM tekniği ile derinlemesine modern bir siber tehdit analizi sağlamayı amaçladığımız için veri seti bu çalışmanın amacına uygun bir veri setidir. Deneysel sonuçlar, LSTM tekniğinin sistem çağrılarının zaman serisindeki anormallikleri tespit etmedeki üstün performansını kanıtladı.

Statement of Conflicts of Interest

There is no conflict of interest between the authors.

Statement of Research and Publication Ethics

The authors declare that this study complies with Research and Publication Ethics

REFERENCES

- [1] Damien, A., Fumey, M., Alata, E., Kaâniche, M., & Nicomette, V. (2018, November). Anomaly based intrusion detection for an avionic embedded system. In Aerospace Systems and Technology Conference (ASTC-2018).
- [2] Biesecker, C. (2017). Boeing 757 testing shows airplanes vulnerable to hacking, DHS says. Avionics International, Nov.
- [3] Schellekens, M. (2016). Car hacking: Navigating the regulatory landscape. Computer law & security review, 32(2), 307-315.
- [4] Chandola, V., Banerjee, A., & Kumar, V. (2009). Anomaly detection: A survey. ACM computing surveys (CSUR), 41(3), 1-58.
- [5] Esmaili, F., Cassie, E., Nguyen, H. P. T., Plank, N. O., Unsworth, C. P., & Wang, A. (2023). Anomaly Detection for Sensor Signals Utilizing Deep Learning Autoencoder-Based Neural Networks. Bioengineering, 10(4), 405
- [6] Ezeme, M., Azim, A., & Mahmoud, Q. H. (2017, December). An imputation-based augmented anomaly detection from large traces of operating system events. In Proceedings of the Fourth IEEE/ACM International Conference on Big Data Computing, Applications and Technologies (pp. 43-52).
- [7] Lippmann, R. P., Fried, D. J., Graf, I., Haines, J. W., Kendall, K. R., McClung, D., ... & Zissman, M. A. (2000, January). Evaluating intrusion detection systems: The 1998 DARPA off-line intrusion detection evaluation. In Proceedings DARPA Information Survivability Conference and Exposition. DISCEX'00 (Vol. 2, pp. 12-26). IEEE.
- [8] Boukerche, A., Zheng, L., & Alfandi, O. (2020). Outlier detection: Methods, models, and classification. ACM Computing Surveys (CSUR), 53(3), 1-37.
- [9] Creech, G., & Hu, J. (2013). A semantic approach to host-based intrusion detection systems using contiguous and discontinuous system call patterns. IEEE Transactions on Computers, 63(4), 807-819.
- [10] Meena, G., & Choudhary, R. R. (2017, July). A review paper on IDS classification using KDD 99 and NSL KDD dataset in WEKA. In 2017 International Conference on Computer, Communications and Electronics (Comptelix) (pp. 553-558). IEEE.
- [11] Hafeez, I., Antikainen, M., Ding, A. Y., & Tarkoma, S. (2020). IoT-KEEPER: Detecting malicious IoT network activity using online traffic analysis at the edge. IEEE Transactions on Network and Service Management, 17(1), 45-59.

- [12] Ring IV, J. H., Van Oort, C. M., Durst, S., White, V., Near, J. P., & Skalka, C. (2021). Methods for host-based intrusion detection with deep learning. *Digital Threats: Research and Practice (DTRAP)*, 2(4), 1-29.
- [13] Ezeme, O. M., Mahmoud, Q. H., Azim, A., & Michael, L. (2019). SysCall dataset: A dataset for context modeling and anomaly detection using system calls.
- [14] Ezeme, O. M., Lescisin, M., Mahmoud, Q. H., & Azim, A. (2019). Deepanom: An ensemble deep framework for anomaly detection in system processes. In *Advances in Artificial Intelligence: 32nd Canadian Conference on Artificial Intelligence, Canadian AI 2019, Kingston, ON, Canada, May 28–31, 2019, Proceedings 32* (pp. 549-555). Springer International Publishing.
- [15] Duan, G., Fu, Y., Cai, M., Chen, H., & Sun, J. (2023). DongTing: A large-scale dataset for anomaly detection of the Linux kernel. *Journal of Systems and Software*, 111745.
- [16] Mvula, P. K., Branco, P., Jourdan, G. V., & Viktor, H. L. (2023). Evaluating Word Embedding Feature Extraction Techniques for Host-Based Intrusion Detection Systems. *Discover Data*, 1(1), 2.
- [17] Terbuch, A., O'Leary, P., Khalili-Motlagh-Kasmaei, N., Auer, P., Zöhner, A., & Winter, V. (2023). Detecting Anomalous Multivariate Time-Series via Hybrid Machine Learning. *IEEE Transactions on Instrumentation and Measurement*.
- [18] Kim, J., Kang, H., & Kang, P. (2023). Time-series anomaly detection with stacked Transformer representations and 1D convolutional network. *Engineering Applications of Artificial Intelligence*, 120, 105964.
- [19] Ma, Y., Xie, Z., Chen, S., Qiao, F., & Li, Z. (2023). Real-time detection of abnormal driving behavior based on long short-term memory network and regression residuals. *Transportation research part C: emerging technologies*, 146, 103983
- [20] Aggarwal, S. (2023). LSTM based Anomaly Detection in Time Series for United States exports and imports.
- [21] Ezeme, Okwudili; Mahmoud, Qusay; Azim, Akramul; Lescisin, Michael (2019), "SysCall Dataset: A Dataset for Context Modeling and Anomaly Detection using System Calls", *Mendeley Data*, V2, doi: 10.17632/vfvw7g8s8h.2