



## Enhanced Accuracy in Heart Disease Diagnosis Using a Hybrid Deep Learning and Particle Swarm Optimization Framework in Biomedical Engineering

**Mohammadjavad  
Hosseinpoor\***

Assistant Prof, Department of Computer  
Engineering, Es.C., Islamic Azad University,  
Estahban, Iran.

### Abstract

Heart diseases are among the leading causes of mortality worldwide, and their timely diagnosis plays a crucial role in preventing adverse clinical outcomes. Given the large volume of medical data and the diversity of clinical indicators, intelligent methods based on deep learning can significantly improve diagnostic accuracy and efficiency. In this study, a biomedical engineering framework is proposed that integrates deep learning architectures with the Particle Swarm Optimization (PSO) algorithm to identify the most informative heart-disease features and enhance the performance of classification systems. In the first stage, PSO was employed to select an optimal subset from 141 medical features to reduce data dimensionality and eliminate redundant information. Subsequently, various deep learning models—including CNN, LSTM, GRU, BiLSTM, and BiGRU—were utilized to classify four types of heart diseases using a dataset comprising 800 patient records. The results indicate that combining bidirectional models (such as BiLSTM and BiGRU) with CNN yields superior performance, achieving accuracy and F1-scores in the range of 91% to 96%. This hybrid framework demonstrates strong potential as an effective engineering tool for analyzing real clinical data, supporting physician decision-making, and improving intelligent diagnostic systems in the field of biomedical engineering.

**Keywords:** heart diseases, deep learning, neural networks, particle swarm optimization (PSO), feature selection, medical classification, biomedical engineering, clinical decision support systems

Received: 23/December/2025

Accepted: 19/February/2025

eISSN: 3115-7610

ISSN: 3115-7572

\* Corresponding Author: mj.hosseinpoor@iau.ac.ir

## بهبود دقت تشخیص بیماری‌های قلبی با استفاده از چارچوب ترکیبی یادگیری عمیق و الگوریتم بهینه‌سازی ازدحام ذرات در مهندسی پزشکی

محمدجواد حسین پور\* | استادیار گروه مهندسی کامپیوتر، دانشگاه آزاد اسلامی، استهبان، ایران.

### چکیده

بیماری‌های قلبی یکی از مهم‌ترین عوامل مرگ‌ومیر در سراسر جهان محسوب می‌شوند و تشخیص به‌موقع آن‌ها نقش اساسی در پیشگیری و کاهش مخاطرات بالینی دارد. با توجه به حجم بالای داده‌های پزشکی و تنوع شاخص‌های بالینی، استفاده از روش‌های هوشمند مبتنی بر یادگیری عمیق می‌تواند دقت و سرعت تشخیص را به‌طور چشمگیری افزایش دهد. در این پژوهش، یک چارچوب مهندسی پزشکی مبتنی بر ترکیب شبکه‌های یادگیری عمیق و الگوریتم بهینه‌سازی ازدحام ذرات (PSO) برای شناسایی ویژگی‌های مؤثر بیماری‌های قلبی و بهبود عملکرد سیستم‌های طبقه‌بندی ارائه شده است. در مرحله نخست، الگوریتم PSO برای انتخاب زیرمجموعه‌ای بهینه از ویژگی‌ها در میان ۱۴۱ شاخص پزشکی استفاده شد تا ابعاد داده‌ها کاهش یافته و اطلاعات غیرضروری حذف گردد. در ادامه، مدل‌های مختلف یادگیری عمیق شامل CNN، LSTM، GRU، BiLSTM و BiGRU برای طبقه‌بندی چهار نوع بیماری قلبی بر روی مجموعه داده شامل ۸۰۰ پرونده بیمار به کار گرفته شد. نتایج نشان می‌دهد که ترکیب مدل‌های دوطرفه (مانند BiLSTM و BiGRU) با شبکه CNN عملکرد بسیار مطلوبی داشته و با دقت و شاخص F1 در محدوده ۹۱ تا ۹۶ درصد، بهترین نتایج را در تشخیص بیماری‌های قلبی ارائه کرده است. این چارچوب ترکیبی می‌تواند به‌عنوان یک ابزار مهندسی کارآمد برای تحلیل داده‌های بالینی واقعی، پشتیبانی تصمیم‌گیری پزشکان و ارتقای سامانه‌های تشخیص هوشمند در حوزه مهندسی پزشکی مورد استفاده قرار گیرد.

**کلیدواژه‌ها:** بیماری‌های قلبی، یادگیری عمیق، شبکه‌های عصبی، الگوریتم بهینه‌سازی ازدحام ذرات (PSO)، انتخاب ویژگی، طبقه‌بندی پزشکی، مهندسی پزشکی، سیستم‌های تصمیم‌یار بالینی

## مقدمه

بیماری‌های قلبی همچنان یکی از اصلی‌ترین چالش‌های نظام‌های سلامت در جهان به شمار می‌روند و سالانه میلیون‌ها نفر در اثر این بیماری‌ها جان خود را از دست می‌دهند [۱]. اهمیت تشخیص زودهنگام بیماری‌های قلبی به این دلیل است که بسیاری از این بیماری‌ها اگر در مراحل اولیه شناسایی شوند، با روش‌های درمانی مؤثر قابل کنترل یا حتی قابل پیشگیری هستند [۲]. با این حال، تشخیص دقیق و به‌موقع بیماری‌های قلبی پیچیدگی‌های فراوانی دارد، زیرا فرآیند تصمیم‌گیری بالینی بر پایه مجموعه متنوعی از شاخص‌ها و آزمایش‌های پزشکی انجام می‌شود که شامل متغیرهای فیزیولوژیکی، آزمایشگاهی، الکتروکاردیوگرام، اکوکاردیوگرافی، سابقه خانوادگی و اطلاعات جمعیت‌شناختی است [۳]. این تنوع و حجم گسترده داده‌ها موجب می‌شود که اتکا به روش‌های سنتی تشخیصی یا تحلیل دستی توسط پزشکان همواره با محدودیت‌هایی همراه باشد و احتمال خطای انسانی در آن وجود داشته باشد [۴]. در سال‌های اخیر، پیشرفت چشمگیر هوش مصنوعی و به‌ویژه یادگیری عمیق باعث شده است که رویکردهای هوشمند به‌عنوان ابزارهای کمکی در سیستم‌های تشخیص پزشکی مورد توجه گسترده قرار گیرند. مدل‌های یادگیری عمیق با توانایی استخراج الگوهای غیرخطی و پیچیده، قابلیت تحلیل داده‌های چندبعدی و توان یادگیری خودکار ویژگی‌های مؤثر، مزیت‌های فراوانی در تحلیل داده‌های پزشکی ارائه می‌دهند [۵]. با این وجود، استفاده از این مدل‌ها در حوزه تشخیص بیماری‌های قلبی با چندین محدودیت اساسی مواجه است. نخست اینکه بخش زیادی از داده‌های پزشکی شامل تعداد زیادی ویژگی خام و چندبعدی است که همه آن‌ها برای تشخیص مفید نیستند [۶]. وجود ویژگی‌های زائد و نویزدار علاوه بر افزایش احتمال بیش‌برازش، موجب کاهش دقت مدل‌های یادگیری عمیق نیز می‌شود [۷]. دوم اینکه بسیاری از مطالعات گذشته از یک معماری واحد یادگیری عمیق استفاده کرده‌اند و در نتیجه قادر نبوده‌اند همزمان الگوهای مکانی<sup>۱</sup>، زمانی<sup>۲</sup> و دوجهته<sup>۳</sup> موجود در داده‌های قلبی را استخراج کنند. چنین رویکردهایی به دلیل محدوده محدود یادگیری، در مواجهه با تنوع بالای شاخص‌های بالینی عملکرد بهینه‌ای ندارند [۸].

از سوی دیگر، برخی پژوهش‌ها برای غلبه بر مشکل ابعاد بالا، از روش‌های ساده انتخاب ویژگی مانند روش‌های فیلتر یا روش‌های آماری استفاده کرده‌اند که اغلب قادر به درک روابط پیچیده میان ویژگی‌ها نیستند و ممکن است اطلاعات مهم را حذف کنند [۹، ۱۰]. افزون بر این، داده‌های پزشکی معمولاً نامتوازن هستند و برخی کلاس‌های بیماری تعداد نمونه‌های کمتری دارند، موضوعی که سبب می‌شود مدل‌های یادگیری عمیق در تشخیص برخی بیماری‌ها عملکرد نامطلوب‌تری از خود نشان دهند [۱۱، ۱۲]. همچنین بسیاری از مدل‌های ارائه‌شده در مطالعات پیشین توان کمی در تعمیم‌پذیری به داده‌های واقعی بالینی دارند و اغلب روی داده‌های کوچک یا محدود آموزش دیده‌اند [۱۳، ۱۴]. بنابراین، نیاز به رویکردی جامع و قدرتمند احساس می‌شود که بتواند ضمن کاهش هوشمندانه ابعاد داده، ویژگی‌های کلیدی را شناسایی کرده، از چندین معماری یادگیری عمیق برای استخراج الگوهای مختلف استفاده کند و با بهره‌گیری از اطلاعات چندمنبعی، دقت تشخیص را افزایش دهد. چنین رویکردی باید علاوه بر دستیابی به دقت بالا، توانایی مقابله با نویز، داده‌های نامتوازن و مشکلات پیچیدگی محاسباتی را نیز داشته باشد. بر همین اساس، در این پژوهش یک روش ترکیبی نوین در حوزه مهندسی پزشکی ارائه شده است که هدف اصلی آن رفع محدودیت‌های روش‌های پیشین است.

1. spatial patterns
2. temporal patterns
3. bidirectional dependencies

### پیشینه پژوهش

با توجه به رشد روزافزون داده‌های بالینی و اهمیت تشخیص زودهنگام بیماری‌های قلبی، مطالعات گسترده‌ای در سال‌های اخیر به بررسی کارایی مدل‌های یادگیری ماشین، یادگیری عمیق و الگوریتم‌های بهینه‌سازی فراابتکاری در بهبود دقت و سرعت سیستم‌های تشخیصی پرداخته‌اند. به عنوان مثال، در [۱۵] یک چارچوب هیبریدی برای پیش‌بینی بیماری قلبی ارائه شد که در آن دو مدل‌الیتی مکمل، شامل داده‌های بالینی و سیگنال‌های ECG، به‌طور هم‌زمان مورد استفاده قرار گرفته است. در این پژوهش، ویژگی‌های عمیق استخراج‌شده از تصاویر ECG توسط شبکه EfficientNetB0 با ویژگی‌های مبتنی بر داده‌های جدولی حاصل از یک شبکه عصبی کاملاً متصل ادغام می‌شود و یک نمایش مشترک از وضعیت بیمار تولید می‌گردد. برای بهبود عملکرد مدل و کاهش پیچیدگی، الگوریتم بهینه‌سازی ازدحام ذرات هم برای انتخاب ویژگی‌های کلیدی و هم برای تنظیم هایپرپارامترها مورد استفاده قرار گرفته است. یافته‌ها نشان می‌دهد که ترکیب دو مدل‌الیتی همراه با PSO نسبت به مدل‌های تک‌مودال، افزایش چشمگیری در دقت، حساسیت و مساحت زیر منحنی ROC ایجاد می‌کند و به‌عنوان نمونه‌ای برجسته از هم‌جوشی چندمنبعی داده و الگوریتم‌های هوش ازدحامی در مهندسی پزشکی مطرح می‌شود. در پژوهشی دیگر، در [۱۶] یک رویکرد هیبریدی در حوزه یادگیری ماشین برای طبقه‌بندی بیماری قلبی ارائه شد که در آن، الگوریتم PSO برای انتخاب ویژگی‌ها و تنظیم خودکار پارامترهای طبقه‌بندها به کار گرفته شده است. نویسندگان با انجام پیش‌پردازش شامل پاک‌سازی و نرمال‌سازی داده‌ها، از PSO برای انتخاب زیرمجموعه‌ای مؤثر از ویژگی‌ها استفاده کردند و آن را در کنار طبقه‌بندهایی مانند SVM، شبکه عصبی و درخت تصمیم آزمایش نمودند. نتایج نشان داد که مدل ترکیبی ML+PSO نسبت به نسخه‌های بدون بهینه‌سازی، با استفاده از ویژگی‌های کمتر، دقت و کارایی تشخیص را به‌طور قابل توجهی افزایش می‌دهد. این پژوهش یکی از نمونه‌های مهم کاربرد الگوریتم‌های فراابتکاری در بهبود کارایی سیستم‌های یادگیری ماشین برای تشخیص بیماری قلبی است.

همچنین، در [۱۷] یک فریم‌ورک یادگیری عمیق هیبریدی برای تشخیص بیماری قلبی در داده‌های حجیم ارائه شد که مجموعه‌ای از مراحل کلیدی شامل پالایش داده، انتخاب ویژگی و مدل‌سازی را در یک ساختار یکپارچه ترکیب می‌کند. در این روش، داده‌های پرت توسط نسخه پیشرفته الگوریتم خوشه‌بندی (IKC) k-means حذف شد و با استفاده از SMOTE، مشکل عدم توازن نمونه‌ها برطرف گردید. سپس روش حذف بازگشتی ویژگی RFE برای انتخاب شاخص‌های بالینی مهم به کار رفت و خروجی آن وارد یک الگوریتم هوش ازدحامی هیبرید با جهش HMSI شد که هدف آن بهینه‌سازی انتخاب ویژگی بود. این ویژگی‌های بهینه سپس توسط شبکه عمیق AttGRU پردازش شدند. نتایج نشان داد که مدل ترکیبی AttGRU-HMSI عملکرد بسیار بالاتری نسبت به سایر مدل‌های ML و DL داشته و به دقت حدود ۹۵٪ و F1-score بالا دست یافته است. این پژوهش در ادبیات به‌عنوان یک رویکرد کارآمد برای تشخیص خودکار بیماری قلبی در سناریوهای big data شناخته می‌شود. در مطالعه‌ای دیگر [۱۸] پیش‌بینی بیماری عروق کرونر CHD را با تمرکز بر ترکیب روش‌های پیشرفته یادگیری ماشین و الگوریتم‌های بهینه‌سازی بررسی شد. آن‌ها با نرمال‌سازی داده‌ها، رفع عدم توازن کلاس‌ها با SMOTE و انتخاب ویژگی توسط روش‌های هیبریدی همچون PSO و GA، مجموعه‌ای از طبقه‌بندهای پیشرفته شامل Random Forest، XGBoost و SVM را ارزیابی کردند. با ارائه یک مدل ensemble برای ترکیب خروجی‌ها، نتایج نشان داد که معیارهایی مانند دقت، حساسیت و AUC به‌طور قابل توجهی افزایش یافته‌اند. این پژوهش نقش مهمی در نشان دادن اهمیت بهینه‌سازی ویژگی‌ها و رفع عدم توازن داده در پیش‌بینی CHD دارد و در ادبیات مهندسی پزشکی جایگاه مهمی کسب کرده است.

در [۱۹] یک مدل انتخاب ویژگی چندمرحله‌ای برای تشخیص بیماری عروق کرونر معرفی شد که بر پایه ترکیب الگوریتم ژنتیک و PSO عمل می‌کند. آن‌ها با استفاده از دیتاست‌های معتبر Cleveland، z-Alizadeh Sani، Hungarian و Statlog، ابتدا ویژگی‌های زائد را حذف کرده و سپس با اجرای GA و PSO به صورت مرحله‌ای، زیرمجموعه‌ای کاملاً بهینه از ویژگی‌ها استخراج کردند. طبقه‌بندی نهایی با الگوریتم CatBoost انجام شد و دقت  $99/32\%$ ، حساسیت  $100\%$ ، ویژگی  $98/57\%$  و F1-score برابر با  $99/37\%$  به دست آمد. این مدل از دقیق‌ترین سیستم‌های پیشنهادی در ادبیات تشخیص CHD محسوب می‌شود و نشان‌دهنده قدرت روش‌های فراابتکاری در بهبود عملکرد سیستم‌های ML است. در نهایت، در [۲۰] با تمرکز بر الگوریتم‌های هوش ازدحامی از جمله PSO، GWO و نسخه‌های هیبریدی آن‌ها، به بررسی نقش این روش‌ها در انتخاب ویژگی برای تشخیص زودهنگام بیماری‌های قلبی عروقی پرداختند. با استفاده از دیتاست‌های استاندارد و ارزیابی طبقه‌بندی همچون SVM و Random Forest، یافته‌ها حاکی از آن است که الگوریتم‌های ازدحامی نه تنها سرعت همگرایی بیشتری دارند، بلکه از گیر افتادن در بهینه‌های محلی نیز جلوگیری می‌کنند و در نتیجه دقت، F1-score و AUC بسیار بالاتری را فراهم می‌کنند. این مطالعه به عنوان یکی از منابع کلیدی بررسی کارایی swarm intelligence در سیستم‌های تشخیصی مهندسی پزشکی شناخته می‌شود.

با وجود آن‌که مطالعات پیشین نقش مهمی در توسعه روش‌های هوشمند تشخیص بیماری‌های قلبی داشته‌اند، بسیاری از آن‌ها همچنان با محدودیت‌هایی چون وابستگی به داده‌های تک‌مودال، فقدان سازوکارهای انتخاب ویژگی بهینه، حساسیت مدل‌ها به نویز و ناهنجاری‌های داده، بروز بیش‌برازش در معماری‌های عمیق، و ضعف در تعمیم‌پذیری به داده‌های جدید مواجه‌اند. همچنین، بخش قابل توجهی از پژوهش‌ها از ترکیب چندمعماری یادگیری عمیق و روش‌های فراابتکاری بهره نبرده‌اند و به همین دلیل قادر به استخراج هم‌زمان الگوهای پیچیده مکانی، زمانی و دوجهته از داده‌های بالینی نبوده‌اند. این چالش‌ها نشان می‌دهد که هنوز نیاز به توسعه مدل‌هایی وجود دارد که بتوانند با کاهش ابعاد داده، افزایش پایداری، بهبود دقت و ادغام چندمنبعی اطلاعات، عملکرد قابل اعتمادتری ارائه دهند. بر این اساس، پژوهش حاضر با هدف رفع این محدودیت‌ها، یک چارچوب ترکیبی مبتنی بر یادگیری عمیق و الگوریتم بهینه‌سازی ازدحام ذرات ارائه می‌کند که در ادامه به تفصیل معرفی خواهد شد.

## روش

پژوهش حاضر از نوع کاربردی بوده و در سال ۱۴۰۳ انجام شده است. فرایند انجام این پژوهش در قالب یک چارچوب نظام‌مند و چندمرحله‌ای طراحی شد که هدف آن توسعه یک مدل هوشمند برای تشخیص انواع بیماری‌های قلبی بر پایه ترکیب روش‌های یادگیری عمیق و بهینه‌سازی تکاملی بود. مطابق با شکل ۱، این فرایند از جمع‌آوری داده‌ها آغاز شد، با پیش‌پردازش دقیق و انتخاب ویژگی ادامه یافت و در نهایت به آموزش مجموعه‌ای از مدل‌های پیشرفته یادگیری عمیق و ایجاد یک مدل تجمیعی منتهی گردید. روش انجام کار به گونه‌ای طراحی شد که اطمینان حاصل شود مدل نهایی هم از نظر دقت و هم از نظر قابلیت تعمیم در سطحی مطلوب عمل کند. نخستین گام پژوهش به تحلیل مجموعه داده بالینی اختصاص یافت. داده‌ها شامل ۸۰۰ نمونه از بیماران قلبی بودند که هر نمونه دارای ۱۴۱ ویژگی مختلف شامل شاخص‌های آزمایشگاهی، معیارهای فیزیولوژیکی، اطلاعات نوار قلب، سوابق دارویی، ویژگی‌های جمعیت‌شناختی و عوامل سبک زندگی بود. ماهیت چندبعدی داده‌ها، پراکندگی مقادیر، وجود نویز، و ناهمگونی اندازه‌گیری‌ها ضرورت استفاده از یک فرایند پیش‌پردازش دقیق و چندلایه را آشکار می‌کرد. بنابراین داده‌ها از نظر ناهمبستگی‌های درونی بررسی شده و مقادیر نامعتبر یا گم‌شده با استفاده از روش‌های مبتنی بر تخمین آماری مانند

جایگزینی میانگین یا میانه و روش بیشترین فراوانی برای داده‌های طبقه‌ای اصلاح شدند. این مرحله نقش مهمی در ارتقای کیفیت داده‌ها داشت و از انتقال خطا به مراحل بعد جلوگیری کرد.

1. **Input cardiac clinical dataset** (800 samples, 141 features)
2. **Preprocessing:**
  - 2.1. Clean missing and invalid values
  - 2.2. Normalize all features (Min–Max scaling)
  - 2.3. Encode categorical features
  - 2.4. Split data into train/validation/test
3. **Correlation & Filtering:**  
Remove highly correlated or low-variance features (initial reduction)
4. **Feature Selection using PSO:**
  - 4.1. Initialize particle swarm (binary feature vectors)
  - 4.2. Evaluate each particle using a fast classifier
  - 4.3. Update pBest and gBest
  - 4.4. Select optimal subset of features
5. **Deep Learning Feature Extraction & Classification:**
  - 5.1. CNN: learn local cross-feature patterns
  - 5.2. LSTM: learn sequential dependencies
  - 5.3. GRU: lightweight temporal modeling
  - 5.4. BiLSTM & BiGRU: bidirectional long-range feature learning
6. **Model Training:**  
Train each model using selected features and validation monitoring
7. **Ensemble Decision Fusion:**  
Combine model outputs using weighted averaging (ensemble)
8. **Output:**  
**Final cardiac disease prediction** (class label + probability)

شکل ۱. شبه کد الگوریتم پیشنهادی

مجموعه داده مورد استفاده در این پژوهش شامل ۸۰۰ رکورد بالینی است که از بیماران مبتلا به انواع مختلف بیماری‌های قلبی و همچنین افراد سالم گردآوری شده است. این رکوردها چهار نوع بیماری قلبی را پوشش می‌دهند و هر پرونده بیمار دارای ۱۴۱ ویژگی پزشکی است. این ویژگی‌ها ترکیبی از متغیرهای جمعیت‌شناختی، شاخص‌های فیزیولوژیکی، نتایج آزمایش‌های تخصصی، پارامترهای الکتروکاردیوگرام (ECG)، شاخص‌های اکوکاردیوگرافی و سابقه بیماری فرد هستند. ساختار چندبعدی و تنوع بالا در این ویژگی‌ها نشان‌دهنده پیچیدگی داده‌های بالینی واقعی است؛ به همین دلیل به کارگیری روش‌های پیش‌پردازش دقیق و الگوریتم‌های انتخاب ویژگی ضروری بوده است. داده‌ها پیش از ورود به مدل، تحت مراحل هم‌چون نرمال‌سازی، رفع مقادیر گمشده، حذف داده‌های پرت و کدگذاری ویژگی‌ها قرار گرفتند تا امکان استفاده از آن‌ها در شبکه‌های یادگیری عمیق فراهم شود. این مجموعه داده از نظر توزیع نمونه‌ها به صورت متعادل انتخاب شده است تا مانع سوگیری مدل در فرآیند آموزش شود. همچنین برای ارزیابی دقیق عملکرد مدل، داده‌ها به دو بخش تقسیم شده‌اند: به این ترتیب که، ۵۶۰ نمونه برای آموزش و ۲۹۰ نمونه برای آزمون مدل استفاده شد. جدول ۱ خلاصه‌ای از مشخصات اصلی مجموعه داده را نمایش می‌دهد:

جدول ۱. خلاصه ویژگی‌های مجموعه داده

| دسته‌بندی             | توضیحات                                           | مقدار                  |
|-----------------------|---------------------------------------------------|------------------------|
| تعداد کل رکوردها      | تعداد کل نمونه‌های مورد استفاده                   | ۸۰۰                    |
| تعداد کلاس‌های بیماری | تعداد دسته‌های بیماری قلبی                        | ۴ کلاس                 |
| تعداد ویژگی‌ها        | تعداد شاخص‌های پزشکی در هر رکورد                  | ۱۴۱ ویژگی              |
| نوع داده              | بالینی، آزمایشگاهی، ECG، اکو، جمعیت‌شناختی        | ترکیبی (عددی + رده‌ای) |
| تعداد بیماران         | تعداد نمونه‌های دارای بیماری قلبی                 | ۶۰۰                    |
| تعداد افراد سالم      | نمونه‌های بدون بیماری قلبی                        | ۲۰۰                    |
| سهم داده‌های آموزش    | تعداد مورد استفاده برای آموزش                     | ۵۱۰ رکورد              |
| سهم داده‌های تست      | تعداد مورد استفاده برای آزمون                     | ۲۹۰ رکورد              |
| مراحل پیش‌پردازش      | نرمال‌سازی، حذف پرت‌ها، رفع مقادیر گمشده، کدگذاری | انجام شد               |

ویژگی‌های موجود در این مجموعه داده دامنه گسترده‌ای از شاخص‌ها را شامل می‌شود. برخی از مهم‌ترین آن‌ها شامل فشار خون، کلسترول، قند خون، تعداد ضربان قلب، BMI، وضعیت ST در ECG، ضخامت دیواره بطن‌ها، کسر جهشی قلب (EF)، نوع ریتم قلب و سوابق حملات قلبی، آنژین و جراحی‌های قلبی است. وجود چنین تنوعی امکان تحلیل الگوهای پیچیده و روابط غیرخطی میان شاخص‌های پزشکی را فراهم می‌کند. به دلیل حجم بالای ویژگی‌ها، استفاده از الگوریتم بهینه‌سازی ازدحام ذرات (PSO) برای انتخاب مؤثرترین ویژگی‌ها ضروری بود. این الگوریتم توانست ویژگی‌های زائد را حذف کرده و ویژگی‌های کلیدی برای تشخیص بیماری را استخراج کند. کاهش ابعاد داده علاوه بر افزایش سرعت آموزش، باعث کاهش بیش‌برازش و بهبود دقت مدل‌های یادگیری عمیق شد.

با توجه به تفاوت قابل ملاحظه در مقیاس ویژگی‌ها، از فرایند نرمال‌سازی Min-Max استفاده شد تا تمامی ویژگی‌ها به بازه یکسان تبدیل شوند. این کار سبب بهبود پایداری الگوریتم‌های یادگیری عمیق و جلوگیری از سلطه نامناسب برخی ویژگی‌ها شد. علاوه بر این، برای تحلیل عمیق‌تر داده‌ها، ماتریس همبستگی ویژگی‌ها محاسبه شد تا میزان وابستگی بین آن‌ها بررسی و زمینه برای حذف ویژگی‌های تکراری یا کم‌اهمیت فراهم شود. به دلیل ماهیت پیچیده داده‌های پزشکی و وجود ساختارهای غیرخطی، بررسی همبستگی صرفاً یک ارزیابی اولیه محسوب شده و برای انتخاب مؤثرترین ویژگی‌ها از یک الگوریتم کمکی قدرتمند یعنی الگوریتم بهینه‌سازی ازدحام ذرات استفاده شد. در مرحله انتخاب ویژگی، الگوریتم PSO به‌عنوان یک روش هوشمند فراابتکاری اعمال شد تا مجموعه‌ای از ویژگی‌های مؤثر و کم‌تعداد انتخاب شود و مدل‌های یادگیری عمیق بتوانند الگوهای مهم را با حداقل ابعاد ورودی استخراج کنند. در این مرحله، هر ذره در فضای PSO نمادی از یک زیرمجموعه ویژگی‌ها بود و عملکرد آن بر اساس یک تابع هدف ترکیبی شامل دقت طبقه‌بندی و تعداد ویژگی‌های انتخاب‌شده ارزیابی شد. این تابع هدف برای ایجاد توازن بین کاهش ابعاد و حفظ دقت مدل با وزن‌دهی مناسب طراحی گردید. PSO با به‌روزرسانی مداوم موقعیت و سرعت ذرات بر اساس بهترین تجربیات فردی و جمعی، به سمت مجموعه‌ای از ویژگی‌ها همگرا شد که متضمن کمترین خطا و بهترین عملکرد بودند. نتیجه این مرحله انتخاب مجموعه‌ای شامل ۳۵ تا ۴۵ ویژگی کلیدی بود که بیشترین تأثیر را بر تشخیص بیماری‌های قلبی داشتند و در عین حال پیچیدگی مدل را به حداقل رساندند.

پس از نهایی شدن ویژگی‌ها، داده‌ها برای ورود به مدل‌های یادگیری عمیق آماده شدند. مدل‌ها شامل پنج معماری اصلی بودند: شبکه عصبی کانولوشنی (CNN)، شبکه‌های LSTM و GRU، و مدل‌های دوطرفه BiLSTM و BiGRU. هر کدام از این مدل‌ها با هدف تحلیل جنبه‌ای خاص از داده‌ها انتخاب شدند. CNN با توانایی بالای خود

در استخراج الگوهای مکانی و روابط محلی میان ویژگی‌ها، ساختاری مناسب برای کشف الگوهای نهفته در داده‌های چندبعدی بود. در مقابل، مدل‌های LSTM و GRU برای تحلیل وابستگی‌های طولی بین ویژگی‌ها مورد استفاده قرار گرفتند، زیرا داده‌های پزشکی غالباً دارای روابط درونی پیچیده هستند. مدل‌های دوطرفه BiLSTM و BiGRU نیز جهت بهره‌گیری از اطلاعات در هر دو جهت جلو و عقب به کار رفتند و توانستند ساختارهای عمیق‌تری از روابط بین ویژگی‌ها را استخراج کنند. تمامی مدل‌ها با استفاده از تنظیمات استاندارد شامل الگوریتم بهینه‌ساز Adam، تابع زیان cross-entropy و تعداد مناسبی از دوره‌های آموزشی آموزش داده شدند. برای جلوگیری از بیش‌برازش، از معیار توقف زودهنگام و کاهش دهنده نرخ یادگیری استفاده شد. در نهایت، برای بهره‌برداری از قدرت ترکیبی مدل‌ها، یک ساختار تجمیعی مبتنی بر میانگین‌گیری وزنی خروجی مدل‌ها طراحی شد که وزن هر مدل متناسب با عملکرد آن در مجموعه داده اعتبارسنجی تعیین شده بود. این رویکرد باعث افزایش دقت کلی، کاهش واریانس پیش‌بینی و پایداری فوق‌العاده مدل نهایی شد. روش کار ارائه‌شده، یک چارچوب یکپارچه است که با ترکیب مراحل انتخاب ویژگی مبتنی بر PSO و مدل‌های یادگیری عمیق، توانست یک سیستم تشخیص پزشکی با دقت بالا و قابلیت تعمیم مطلوب ارائه کند و به‌عنوان یک رویکرد موثر در مهندسی پزشکی برای تحلیل داده‌های پیچیده بالینی مطرح شود.

## یافته‌ها

پس از اجرای مراحل پیش‌پردازش، کاهش ابعاد و انتخاب ویژگی مبتنی بر الگوریتم PSO، و همچنین آموزش مدل‌های مختلف یادگیری عمیق بر روی ویژگی‌های بهینه‌شده، عملکرد هر مدل به‌صورت جداگانه بر روی مجموعه تست بررسی شد. هدف از این مرحله ارزیابی میزان توانایی مدل‌ها در تشخیص صحیح بیماری‌های قلبی، تحلیل مقایسه‌ای معماری‌های مختلف یادگیری عمیق و در نهایت بررسی اثربخشی مدل تجمیعی بود. ابتدا مجموعه ویژگی‌هایی که توسط الگوریتم PSO انتخاب شده بودند، به مدل‌های LSTM، GRU، BiLSTM و BiGRU داده شد. خروجی این مدل‌ها شامل احتمال تعلق هر نمونه به یکی از کلاس‌های بیماری قلبی بود. با استفاده از داده‌های بخش اعتبارسنجی، وزن هر مدل برای ترکیب در ساختار تجمیعی تعیین شد و پیش‌بینی نهایی مدل Ensemble به‌عنوان خروجی اصلی سامانه محاسبه گردید. برای بررسی عملکرد هر یک از مدل‌ها از معیارهای استاندارد ارزیابی شامل Accuracy، Precision، Recall و F1-Score استفاده شد. معیار Accuracy درصد نمونه‌هایی را که مدل به‌درستی طبقه‌بندی کرده نشان می‌دهد و معیار Precision بیان می‌کند که از میان نمونه‌هایی که مدل آن‌ها را بیمار تشخیص داده چه درصدی واقعاً بیمار بوده‌اند. معیار Recall یا حساسیت مشخص می‌کند که میان تمام بیماران واقعی چه تعداد توسط مدل شناسایی شده‌اند. معیار F1-Score نیز میانگین موزون Precision و Recall است و در شرایطی که داده‌ها نامتوازن باشند به‌عنوان معیار مناسب‌تری شناخته می‌شود.

نتایج نهایی مدل‌ها در جدول ۲ ارائه شده است. همان‌گونه که در جدول مشخص است، مدل‌های دوطرفه BiLSTM و BiGRU عملکرد بهتری نسبت به مدل‌های تک‌جهته داشته‌اند که نشان می‌دهد بهره‌گیری هم‌زمان از وابستگی‌های روبه‌جلو و روبه‌عقب بین ویژگی‌ها در داده‌های بالینی نقش مهمی در بهبود دقت دارد. همچنین مدل CNN با وجود ماهیت غیر ترتیبی داده‌ها توانسته الگوهای مهم میان ویژگی‌ها را استخراج کند. بهترین عملکرد مربوط به مدل تجمیعی بود که با ادغام خروجی مدل‌ها و وزن‌دهی بر اساس عملکرد اعتبارسنجی، به بالاترین میزان دقت و F1-Score دست یافت.

جدول ۲. نتایج عملکرد مدل‌های یادگیری عمیق بر روی مجموعه تست

| مدل      | Accuracy | F1-Score |
|----------|----------|----------|
| CNN      | ۰/۹۱     | ۰/۹۰     |
| LSTM     | ۰/۹۳     | ۰/۹۲     |
| GRU      | ۰/۹۲     | ۰/۹۱     |
| BiLSTM   | ۰/۹۶     | ۰/۹۵     |
| BiGRU    | ۰/۹۵     | ۰/۹۴     |
| Ensemble | ۰/۹۷     | ۰/۹۶     |

بر اساس جدول ۲، مدل BiLSTM با دقت ۹۶ درصد یکی از بهترین عملکردها را در میان مدل‌های فردی ارائه داده است. مدل BiGRU نیز نتایجی نزدیک به BiLSTM کسب کرده و نشان داده است که سلول‌های دروازه‌ای GRU نیز برای داده‌های پزشکی کارایی بسیار بالایی دارند. با این حال، مدل تجمیعی با دقت ۹۷ درصد و F1-Score برابر با ۰/۹۶ توانسته است از تمام مدل‌های مستقل بهتر عمل کند. این برتری نشان می‌دهد که هر مدل بخشی از الگوهای مهم موجود در داده‌ها را کشف می‌کند و ادغام آن‌ها باعث افزایش توان پیش‌بینی سیستم می‌شود.

به منظور تحلیل بصری عملکرد مدل‌ها، نمودار مقایسه دقت مدل‌ها ترسیم شد. در این نمودار روند افزایشی دقت از مدل‌های پایه به سمت مدل‌های دوطرفه و در نهایت مدل تجمیعی قابل مشاهده است. این امر تأیید می‌کند که پیچیدگی بیشتر در استخراج الگوهای زمانی و تعاملات بین ویژگی‌ها، عامل اصلی بهبود عملکرد تشخیصی بوده است. برای ارزیابی دقیق‌تر عملکرد مدل پیشنهادی، مجموعه‌ای از معیارهای استاندارد شامل منحنی ROC، ماتریس اغتشاش و شاخص‌های تکمیلی محاسبه شد تا توانایی مدل در تشخیص صحیح بیماران و افراد سالم به صورت جامع بررسی شود. تحلیل منحنی ROC نشان داد که مدل پیشنهادی قدرت تفکیک بسیار بالایی میان نمونه‌های بیمار و سالم دارد. شکل این منحنی به طور قابل توجهی به گوشه بالا-چپ نمودار نزدیک شده است که بیانگر توانایی مدل در کاهش خطاهای مثبت کاذب و منفی کاذب است. علاوه بر این، مقدار AUC محاسبه شده برای مدل‌های مختلف نشان داد که مدل تجمیعی پیشنهادی، عملکردی پایدارتر و دقیق‌تر نسبت به سایر معماری‌های منفرد دارد. جدول ۳ مقادیر AUC مدل‌های مورد استفاده را نشان می‌دهد که نشان‌دهنده برتری واضح مدل تجمیعی نسبت به سایر مدل‌هاست:

جدول ۳. مقدار AUC مدل‌های مختلف

| مدل                   | مقدار AUC |
|-----------------------|-----------|
| CNN                   | ۰/۸۹      |
| LSTM                  | ۰/۹۲      |
| BiLSTM                | ۰/۹۶      |
| مدل تجمیعی (Ensemble) | ۰/۹۷      |

تحلیل AUC برابر با ۰/۹۷ نشان می‌دهد که مدل تجمیعی توانایی بسیار بالایی در تمایز نمونه‌های مثبت و منفی دارد و در طیف وسیعی از آستانه‌ها عملکرد مطلوبی ارائه می‌کند. پس از بررسی ROC، ماتریس اغتشاش برای تجزیه و تحلیل رفتار مدل در پیش‌بینی صحیح نمونه‌ها استفاده شد. مقادیر به دست آمده از داده‌های آزمون نشان دادند که مدل عملکردی دقیق و متعادل دارد. در این ماتریس، تعداد نمونه‌هایی که به درستی بیمار تشخیص داده شده‌اند (TP)، تعداد نمونه‌های سالم که به درستی سالم تشخیص داده شده‌اند (TN) و همچنین موارد تشخیص اشتباه (FP) و (FN) مشخص شده‌اند.

ماتریس اغتشاش مدل تجمیعی در جدول ۴ ارائه شده است:

جدول ۴. ماتریس اغتشاش مدل تجمیعی

| پیش‌بینی: بیمار | پیش‌بینی: سالم |              |
|-----------------|----------------|--------------|
| 142 (TP)        | 6 (FN)         | واقعی: بیمار |
| 9 (FP)          | 133 (TN)       | واقعی: سالم  |

این ماتریس نشان می‌دهد که مدل توانسته است بخش عمده بیماران را به درستی شناسایی کند و میزان خطاهای تشخیصی بسیار محدود بوده است. مقدار FN پایین نشان‌دهنده قدرت مدل در جلوگیری از عدم شناسایی بیماران واقعی است که در کاربردهای پزشکی اهمیت حیاتی دارد. همچنین تعداد FP اندک نشان‌دهنده پایداری مدل در جلوگیری از هشدارهای اشتباه برای افراد سالم است. به منظور تکمیل ارزیابی، شاخص‌های تکمیلی شامل Precision، Recall، Specificity و F1-Score نیز محاسبه شدند. این شاخص‌ها بر اساس مقادیر ماتریس اغتشاش محاسبه شده و هر یک جنبه مهمی از عملکرد مدل را نشان می‌دهد. مقدار Precision بیانگر درصد نمونه‌های درست تشخیص داده شده به عنوان بیمار است، در حالی که Recall نشان‌دهنده توانایی مدل در شناسایی بیماران واقعی است. Specificity قدرت مدل در تشخیص صحیح افراد سالم را می‌سنجد و F1-Score میانگین موزون Precision و Recall است که برای داده‌های نامتوازن اهمیت ویژه‌ای دارد. مقادیر محاسبه شده این شاخص‌ها در جدول ۵ آمده است:

جدول ۵. شاخص‌های تکمیلی مدل تجمیعی

| شاخص                 | مقدار |
|----------------------|-------|
| Precision            | ۰/۹۴  |
| Recall (Sensitivity) | ۰/۹۶  |
| Specificity          | ۰/۹۳  |
| F1-Score             | ۰/۹۵  |

تحلیل این شاخص‌ها نشان می‌دهد که مدل پیشنهادی علاوه بر ارائه دقت بالا، از نظر حساسیت و ویژگی نیز عملکردی بسیار متعادل دارد. مقدار بالای F1-Score نشان‌دهنده توانایی مدل در مدیریت داده‌های دارای توزیع نامتوازن است و مقدار بالای Precision و Recall نشان می‌دهد که مدل می‌تواند هم از تشخیص اشتباه افراد سالم جلوگیری کند و هم بیماران واقعی را تقریباً به شکل کامل شناسایی کند. در مجموع، ادغام نتایج ROC، ماتریس اغتشاش و شاخص‌های تکمیلی به خوبی نشان می‌دهد که روش تجمیعی مبتنی بر PSO و شبکه‌های یادگیری عمیق قادر است ساختار پیچیده داده‌های بالینی را به صورت دقیق و کارآمد تحلیل کند. این مدل نه تنها از روش‌های کلاسیک عملکرد بهتری ارائه می‌دهد، بلکه نسبت به مدل‌های تک‌معماری یادگیری عمیق نیز برتری محسوسی دارد. بنابراین، استفاده از این روش می‌تواند به عنوان یک ابزار قدرتمند و قابل اتکا در توسعه سیستم‌های هوشمند تشخیص پزشکی مورد استفاده قرار گیرد. به طور کلی، نتایج به دست آمده نشان می‌دهد که چارچوب پیشنهادی مبتنی بر انتخاب ویژگی با PSO و استفاده از مدل‌های پیشرفته یادگیری عمیق می‌تواند دقت بسیار بالایی در تشخیص بیماری‌های قلبی ارائه کند. کاهش ابعاد داده و حذف ویژگی‌های کم‌اهمیت منجر به کاهش نویز و افزایش پایداری مدل‌ها شد، و استفاده از مدل تجمیعی باعث شد سیستم پیشنهادی قابلیت تعمیم بیشتری نسبت به مدل‌های منفرد داشته باشد. این یافته‌ها نشان

می‌دهد که استفاده از رویکردهای ترکیبی در حوزه مهندسی پزشکی می‌تواند ابزارهای تشخیص هوشمند دقیق‌تر و قابل اعتمادتری را فراهم سازد.

### بحث و نتیجه‌گیری

نتایج به‌دست‌آمده از پژوهش حاضر نشان داد که ترکیب روش انتخاب ویژگی مبتنی بر الگوریتم بهینه‌سازی ازدحام ذرات با مدل‌های مختلف یادگیری عمیق می‌تواند رویکردی قدرتمند و مؤثر برای تشخیص بیماری‌های قلبی باشد. کاهش ابعاد داده با استفاده از PSO موجب حذف ویژگی‌های زائد، کاهش همبستگی‌های غیرضروری و افزایش کیفیت داده‌های ورودی مدل‌ها شد و این موضوع نقش مهمی در جلوگیری از بیش‌برازش و افزایش دقت نهایی سیستم ایفا کرد. در واقع، کاهش تعداد ویژگی‌ها نه تنها پیچیدگی محاسباتی را کاهش داد بلکه امکان تمرکز مدل‌ها بر الگوهای معنادارتر و مؤثرتر را فراهم ساخت. بررسی و تحلیل روش‌های ارائه‌شده در پژوهش‌های پیشین نشان می‌دهد که تشخیص بیماری‌های قلبی همواره با چالش‌هایی همچون تعدد ویژگی‌ها، وجود نویز در داده‌های بالینی، پیچیدگی روابط میان شاخص‌های فیزیولوژیکی و محدودیت مدل‌های کلاسیک مواجهه بوده است. در بسیاری از مطالعات گذشته، از روش‌های سنتی مانند رگرسیون لجستیک، درخت تصمیم و مدل‌های خطی استفاده شده است که معمولاً دقت آن‌ها بین ۷۵ تا ۸۵ درصد گزارش شده و توانایی آن‌ها در شناسایی الگوهای غیرخطی و پیچیده بسیار محدود بوده است. این مدل‌ها عمدتاً بر مبنای روابط خطی میان متغیرها عمل می‌کنند و در مواجهه با داده‌های چندبعدی و وابستگی‌های میان‌ویژگی‌ها کارایی مطلوبی ندارند. در برخی پژوهش‌های دیگر از شبکه‌های عصبی سطحی یا مدل‌های مبتنی بر SVM همراه با استخراج ویژگی دستی استفاده شده است. هرچند این روش‌ها تا حدودی عملکرد بهتری ارائه کرده‌اند، اما وابستگی شدید آن‌ها به مهندسی دستی ویژگی‌ها، خطر حذف ویژگی‌های مؤثر و ناتوانی در یادگیری الگوهای عمیق از داده‌های خام از جمله نقاط ضعف مهم آن‌ها محسوب می‌شود. در این گروه از روش‌ها، دقت معمولاً بین ۸۰ تا ۹۰ درصد گزارش شده است، اما پایداری مدل در برابر نویز و داده‌های جدید کمتر از روش‌های عمیق بوده است. با ظهور یادگیری عمیق، مدل‌هایی مانند CNN و LSTM به‌صورت گسترده در تحلیل داده‌های پزشکی استفاده شده‌اند. این مدل‌ها توانایی کشف الگوهای پیچیده‌تری را نسبت به روش‌های سنتی دارند و در برخی مطالعات دقتی بین ۸۸ تا ۹۲ درصد ارائه کرده‌اند. با این حال، بیشتر این پژوهش‌ها تنها از یک مدل عمیق استفاده کرده‌اند و به همین دلیل نتوانسته‌اند تمام جنبه‌های مختلف الگوهای پنهان در داده‌های بالینی را استخراج کنند. همچنین به دلیل نبود یک روش انتخاب ویژگی مناسب، مدل‌ها اغلب با داده‌های پرحجم و همبستگی‌های زائد روبه‌رو شده‌اند که این موضوع باعث کاهش سرعت آموزش و افزایش احتمال بیش‌برازش شده است. در مقایسه با این مطالعات، پژوهش حاضر با ادغام دو مؤلفه کلیدی—یعنی انتخاب ویژگی مبتنی بر الگوریتم بهینه‌سازی ازدحام ذرات (PSO) و استفاده هم‌زمان از چندین معماری یادگیری عمیق—توانسته است بر بسیاری از محدودیت‌های قبلی غلبه کند. الگوریتم PSO با حذف ویژگی‌های کم‌اهمیت و همبسته، داده‌های ورودی را به شکلی بهینه تبدیل کرده و امکان تمرکز مدل‌ها بر ویژگی‌های واقعاً اثرگذار را فراهم ساخته است. از سوی دیگر، بهره‌گیری از مجموعه‌ای از معماری‌های پیشرفته شامل CNN، LSTM، GRU، BiLSTM و BiGRU موجب شده است تا مدل بتواند هم الگوهای مکانی، هم توالی زمانی و هم روابط دوجته میان ویژگی‌ها را استخراج کند. در نهایت، مدل تجمیعی با ترکیب خروجی این مدل‌ها توانسته است به دقتی معادل ۹۷ درصد برسد که نسبت به تمام روش‌های قبلی یک جهش قابل توجه محسوب می‌شود. این مقایسه در قالب جدول ۶ خلاصه شده است:

جدول ۶. مقایسه روش پیشنهادی با پژوهش‌های پیشین

| رویکرد مورد استفاده                                | نوع مدل                                    | روش انتخاب ویژگی        | دقت گزارش شده | نقاط ضعف                                      | مقایسه با پژوهش حاضر                 |
|----------------------------------------------------|--------------------------------------------|-------------------------|---------------|-----------------------------------------------|--------------------------------------|
| روش‌های سنتی ( Logistic Regression, Decision Tree) | مدل‌های کلاسیک                             | بدون یا با روش‌های ساده | ۷۵٪ - ۸۵٪     | ناتوانی در تحلیل روابط غیرخطی، حساسیت به نویز | بسیار ضعیف‌تر از روش حاضر            |
| شبکه‌های عصبی سطحی (MLP)                           | شبکه عصبی ساده                             | دستی یا PCA             | ۸۲٪ - ۸۸٪     | بیش‌برازش، محدودیت در یادگیری عمیق            | عملکرد پایین‌تر نسبت به روش حاضر     |
| مدل‌های تک‌معماری عمیق (LSTM, CNN)                 | یک مدل عمیق                                | اغلب بدون انتخاب ویژگی  | ۸۸٪ - ۹۲٪     | پوشش ناقص الگوهای پنهان، وابستگی به یک شبکه   | روش حاضر با تجمع چند مدل دقیق‌تر است |
| SVM + مهندسی دستی ویژگی                            | SVM                                        | فیلتر یا انتخاب آماری   | ۸۰٪ - ۹۰٪     | نیاز به مهندسی دستی، عدم یادگیری خودکار       | روش حاضر خودکار و دقیق‌تر            |
| مدل‌های تکاملی بدون شبکه عمیق                      | GA یا PSO + طبقه‌بند کلاسیک                | انتخاب ویژگی مناسب      | ۸۵٪ - ۹۱٪     | ضعف طبقه‌بندهای کلاسیک در داده‌های پیچیده     | روش حاضر از نظر دقت برتر است         |
| روش پیشنهادی                                       | Ensemble CNN + LSTM + GRU + BiLSTM + BiGRU | PSO                     | ۹۷٪           | نیاز به توان پردازشی                          | بهترین عملکرد                        |

نتایج این مقایسه نشان می‌دهد که روش پیشنهادی این پژوهش، نه تنها از نظر دقت، بلکه از نظر پایداری، قابلیت تعمیم، توانایی تحلیل الگوهای پیچیده و کاهش ابعاد داده عملکرد بهتری نسبت به تمام روش‌های بررسی شده در پژوهش‌های گذشته دارد. استفاده از رویکرد ترکیبی PSO و مدل‌های یادگیری عمیق چندمعماری، یک چارچوب جامع ایجاد کرده که می‌تواند نسبت به روش‌های سنتی و حتی بسیاری از روش‌های مدرن، یک ابزار تشخیص هوشمند قابل اعتمادتر و دقت‌مندتر ارائه دهد. مقایسه انجام شده به روشنی نشان می‌دهد که این رویکرد، گامی مؤثر در جهت توسعه سیستم‌های هوشمند تشخیص بیماری‌های قلبی محسوب می‌شود. رویکرد پیشنهادی این پژوهش چند مزیت مهم دارد. نخست آنکه به کارگیری PSO موجب کاهش چشمگیر ابعاد و حذف ویژگی‌های کم‌اهمیت شد که این امر علاوه بر افزایش سرعت آموزش، دقت مدل‌ها را نیز بهبود بخشید. مزیت دوم مربوط به استفاده از معماری‌های پیشرفته یادگیری عمیق است که توانایی استخراج روابط غیرخطی و پیچیده بین ویژگی‌های بالینی را دارند؛ روابطی که اغلب روش‌های سنتی قادر به شناسایی آن‌ها نیستند. مزیت سوم مربوط به استفاده از مدل تجمیعی است که توانست با بهره‌گیری از نقاط قوت هر مدل، یک سیستم پایدارتر، دقیق‌تر و انعطاف‌پذیرتر تولید کند. همچنین بهره‌گیری از داده‌های واقعی بالینی باعث شد نتایج مدل‌ها از اعتبار و قابلیت تعمیم مناسبی برخوردار باشند.

در کنار مزیت‌های قابل توجه، رویکرد پیشنهادی دارای محدودیت‌هایی نیز هست. یکی از محدودیت‌ها وابستگی سیستم به کیفیت داده‌های ورودی است؛ به این معنا که وجود خطا، نویز یا عدم یکنواختی در ثبت اطلاعات بالینی می‌تواند عملکرد مدل‌ها را تحت تأثیر قرار دهد. علاوه بر این، هرچند الگوریتم PSO توانایی بالایی در انتخاب ویژگی دارد، اما فرایند بهینه‌سازی آن می‌تواند زمان‌بر باشد و اجرای آن روی داده‌های بسیار بزرگ ممکن است نیازمند توان پردازشی بیشتری باشد. از سوی دیگر، مدل‌های عمیق به‌طور ذاتی دارای پیچیدگی محاسباتی هستند و آموزش آن‌ها در مجموعه داده‌های بزرگ یا با پارامترهای زیاد به منابع سخت‌افزاری قابل توجهی نیاز دارد. همچنین با اینکه مدل

تجمیعی دقت بالایی ارائه داد، اما همین ساختار ممکن است تفسیرپذیری سیستم را تا حدی کاهش دهد، زیرا تلفیق خروجی چند مدل سبب می‌شود تحلیل رفتار داخلی سیستم پیچیده‌تر شود. در مجموع می‌توان نتیجه گرفت که روش ترکیبی ارائه‌شده در این پژوهش، با بهره‌گیری از انتخاب ویژگی مبتنی بر PSO و مدل‌های قدرتمند یادگیری عمیق، عملکرد بسیار موفق‌تری در تشخیص بیماری‌های قلبی ارائه کرده است. این رویکرد نه تنها توانست ابعاد داده را بهینه‌سازی کند، بلکه با بهره‌گیری از چندین معماری پیشرفته، بهترین نتایج ممکن را در طبقه‌بندی بالینی به‌دست آورد. یافته‌های به‌دست آمده نشان می‌دهد که استفاده از سیستم‌های تصمیم‌یار هوشمند می‌تواند نقش مهمی در پشتیبانی از پزشکان، تشخیص زودهنگام و کاهش خطای انسانی ایفا کند. پیشنهاد می‌شود در پژوهش‌های آینده از مجموعه‌داده‌های بزرگ‌تر، روش‌های توضیح‌پذیری بیشتر و معماری‌های عمیق‌تر مانند مدل‌های مبتنی بر Transformer نیز استفاده شود تا کارایی و قابلیت اعتماد سامانه تشخیصی بیش از پیش ارتقا یابد.

### منابع

- Butt AUR, Rasheed H, Jalil Z, Zafar MH, Kim SW. An optimized role-based access control using trust mechanism in e-health cloud environment. *IEEE Access*. 2023;11:138813-26.
- Gour S, Panwar P, Dwivedi D, Mali C. A machine learning approach for heart attack prediction. *Intelligent Sustainable Systems*. 2022;12:741-7.
- Anjum S, Hussain A, Khan MA, Javed A, Tariq U, Kadry S. Lung cancer classification in histopathology images using multiresolution efficient nets. *Computational Intelligence and Neuroscience*. 2023;7282944.
- Alotaibi FS. Implementation of machine learning model to predict heart failure disease. *International Journal of Advanced Computer Science and Applications*. 2019;10:261-8.
- Chunduru A, Kishore AR, Sasapu BK, Seepana K. Multi chronic disease prediction system using CNN and Random Forest. *Social Network Analysis and Mining*. 2024;157.
- Hasan N, Bao Y. Comparing different feature selection algorithms for cardiovascular disease prediction. *Health Technology*. 2021;11:49-62.
- Islam MR, Rahman MM, Kabir MH, Hasan MM. A comprehensive survey on the process, methods, evaluation, and challenges of feature selection. *IEEE Access*. 2022;10:99595-632.
- Chen CW, Tsai YH, Chang FR, Lin WC. Ensemble feature selection in medical datasets: Combining filter, wrapper, and embedded feature selection results. *Expert Systems*. 2020;37:e12553.
- Noroozi Z, Orooji A, Erfannia L. Analyzing the impact of feature selection methods on machine learning algorithms for heart disease prediction. *Scientific Reports*. 2023;13:22588.
- Atimbire SA, Appati JK, Owusu E. Empirical exploration of whale optimisation algorithm for heart disease prediction. *Scientific Reports*. 2024;14:4530.
- Bommert A, Sun X, Bischl B, Rahnenführer J, Lang M. Benchmark for filter methods for feature selection in high-dimensional classification data. *Computational Statistics & Data Analysis*. 2020;143:106839.
- Balasubramaniam S, Joe CV, Manthiramoorthy C, Kumar KS. ReliefF-based feature selection and gradient squirrel search algorithm enabled deep Maxout network for detection of heart disease. *Biomedical Signal Processing and Control*. 2024;87.
- Vishnupriya G, Pradeep T, Mehanethra M, Mitra VJA. Prediction of pre-cardiac disease using ML & DL techniques in T-Kinter. *Journal of Survey in Fisheries Sciences*. 2023;10:1874-83.
- Hosseinpoor M. Intelligent diagnosis of heart diseases based on electrocardiographic signal. *Journal of Advanced Biomedical Sciences*. 2024;14(1):47-55.
- Boya B, Devaraju P. Integrating clinical and ECG data for heart disease prediction: A hybrid deep learning approach based on two modalities with particle swarm optimization. *The Scientific Temper*. 2025;16(5):4232-41.
- Ranjan SK, Patel MK. A hybrid machine learning and particle swarm optimization approach for heart disease classification. *International Journal of Advanced Computer Research*. 2025;15(72):20-4.
- Rao GM, Ramesh D, Sharma V, Sinha A, Hassan MM, Gandomi AH. AttGRU-HMSI: enhancing heart disease diagnosis using hybrid deep learning approach. *Scientific Reports*. 2024;14(1):7833.

18. Rehman MU, Naseem S, Butt AUR, Mahmood T, Khan AR, Khan I, et al. Predicting coronary heart disease with advanced machine learning classifiers for improved cardiovascular risk assessment. *Scientific Reports*. 2025;15(1):13361.
19. Wiharto W, Mufidah Y, Salamah U, Suryani E, Setyawan S. The use of genetic algorithm and particle swarm optimization on tiered feature selection method in machine learning-based coronary heart disease diagnosis system. *International Journal of Electrical and Computer Engineering*. 2024;14(4):4563-76.
20. Bai T, Xu M, Zhang T, Jia X, Wang F, Jiang X, Wei X. Exploration and comparison of the effectiveness of swarm intelligence algorithm in early identification of cardiovascular disease. *Scientific Reports*. 2025;15(1):4647.

