

An Overview of the Role of the Self-Organizing Map Algorithm to Review the Spread of the Corona Virus in the World

Kousha Nikkar *

Master's student in Artificial Intelligence,
Department of Computer Engineering and
Information Technology, Apadana Institute of
Higher Education, Shiraz, Iran.

Hale Homayouni

Assistant Professor, Department of Computer
Engineering and Information Technology,
Apadana Institute of Higher Education, Shiraz,
Iran.

Abstract

In this article, three types of applications of the self-organizing map preparation method for reviewing and analyzing the spread of the corona virus around the world have been investigated. Various features, including health, economics, nutrition and education, are mapped in unsupervised learning based on three types of published, machine-trained, and 2D-visualized training datasets. The result of machine learning calculations with this method has discovered new results and connections between underlying diseases such as diabetes and blood pressure and its possible risks in case of corona. Also, the self-organizing map method has been used to diagnose the disease from chest x-ray images. The results are in the form of learned data and identify the disease by calculating the distance and difference between the test images. Often, the published articles to investigate the spread of the disease have examined the issues from the perspective of the characteristics of time, but in the reviewed articles of this study, according to the application of the self-organizing map preparation method, the characteristics of the place have been used more.

Keywords: artificial intelligence, corona virus, self-organizing map, dimensionality reduction, deep learning

Received: 11/September/2022

Accepted: 11/November/2022

ISSN: 2980-8936

مروری بر نقش الگوریتم نقشه‌ی خودسازمان‌دهنده برای بررسی شیوع ویروس کرونا در جهان

کوشا نیک کار *

دانشجوی کارشناسی ارشد هوش مصنوعی، بخش مهندسی کامپیوتر و فناوری اطلاعات، مؤسسه آموزش عالی آپادانا، شیراز، ایران.

هاله همایونی

استادیار، بخش مهندسی کامپیوتر و فناوری اطلاعات، مؤسسه آموزش عالی آپادانا، شیراز، ایران.

چکیده

در این مقاله، سه نوع استفاده از روش تهیه‌ی نقشه‌ی خودسازمان‌دهنده برای بررسی و تحلیل شیوع ویروس کرونا در سراسر جهان، بررسی شده است. ویژگی‌های مختلفی از جمله بهداشت، اقتصاد، تغذیه و آموزش در تهیه‌ی نقشه‌ها بر اساس یادگیری بدون نظارت و با سه نوع مجموعه داده‌های آموزشی منتشر شده توسط ماشین، آموزش داده شده و در ابعاد دوبعدی قابل مشاهده شده است. حاصل محاسبات یادگیری ماشین با این روش، نتایج و ارتباطات جدیدی را بین بیماری‌های زمینه‌ای مانند دیابت و فشارخون و خطرات احتمالی آن در صورت ابتلا به کرونا کشف کرده است. همچنین، از روش نقشه‌ی خودسازمان‌دهنده برای تشخیص بیماری از تصاویر اشعه‌ی ایکس قفسه سینه استفاده شده است. نتایج به صورت داده‌های یاد گرفته شده هستند و با محاسبه‌ی فاصله و تفاوت تصاویر آزمایشی، به شناسایی بیماری می‌پردازند. غالباً مقاله‌های منتشر شده برای بررسی شیوع بیماری، مسائل را از منظر ویژگی زمان، بررسی کرده‌اند اما در مقالات مرورشده‌ی این مطالعه، با توجه به کاربرد روش تهیه‌ی نقشه‌ی خودسازمان‌دهنده، از ویژگی مکان، بهره‌ی بیشتری گرفته شده است.

کلیدواژه‌ها: هوش مصنوعی، ویروس کرونا، نقشه‌ی خودسازمان‌دهنده، کاهش ابعاد، یادگیری عمیق

مقدمه

اخیراً شاهد شیوع سریع ویروس کرونا در سراسر جهان بوده‌ایم که از ابتدا در چین آغاز شده و سپس به کره و ژاپن و پس از آن به اروپا و آمریکا گسترش یافته است (Santosh, 2020). به‌طور خاص، اروپا، ایتالیا و اسپانیا، با شیوع بسیاری از موارد ویروسی و مرگ‌ومیر، تحت تأثیر زیادی قرار گرفته‌اند. پس از آن و در قاره‌ی آمریکا، ایالات متحده نیز با شیوع ویروس، بسیار آسیب دیده است (Robson et al., 2020)؛ بنابراین، درک همه‌ی جنبه‌های این مشکل، برای فائق آمدن بر پیچیدگی آن و درعین حال، تأثیر منفی آن بر سلامت جمعیت در سراسر جهان و پیامدهای اقتصادی برای کشورها، بسیار حیاتی است (Fanelli & Piazza, 2020).

با توجه به اهمیت راه‌های کنترل ویروس، مقالات زیادی درباره‌ی جنبه‌های مختلف در این ماه‌ها ارائه شده است. برخی از نویسندگان تلاش کرده‌اند تا از اطلاعات محاسباتی استفاده کنند. از تکنیک‌های استفاده‌شده در این زمینه می‌توان در ادامه به نمونه‌هایی اشاره کرد. (avirius 2 (SARS-CoV-2)، در اصل در ووهان چین ظاهر شد و به‌طور متوالی در سراسر جهان گسترش یافت. منبع میانه و انتقال آن از طریق دیابت مشخص نیست اما انتقال سریع انسان به انسان در بسیاری از موارد قبلی تأیید شده است (Dima et al., 2018). امروزه، هنوز هیچ داروی مورد تأییدی وجود ندارد که بتواند علیه COVID-19 استفاده شود. اخیراً در پایان سال ۲۰۱۹، شهر ووهان چین، شیوع ویروس کرونا را تجربه کرد که طی دو ماه اول بیش از ۱۸۰۰ نفر را کشته و هزاران فرد را آلوده کرد (Melin et al., 2020). قابل توجه‌ترین علائم یافت‌شده در بیماران (طبق داده‌های تجربی جمع‌آوری‌شده)، سرفه‌ی خشک، تنگی نفس، نفوذ به ریه و دو طرفه‌ی ریه در تصویربرداری است. در ابتدا همه‌ی موارد با بازار عمده‌فروشی غذاهای دریایی Wuhan's Huanan مرتبط بود که تجارت غذاهای دریایی و انواع گسترده‌ای از گونه‌های حیوانات زنده را انجام می‌دهد. با توجه به موارد زیادی که تا ۳۰ ژانویه ۲۰۲۰ گزارش شد، سازمان بهداشت جهانی (WHO) شیوع کرونا را به‌عنوان یک اورژانس بهداشت عمومی در زمینه‌ی بین‌المللی اعلام کرد که خطر بالایی برای کشورهای دارای سیستم بهداشتی آسیب‌پذیر بود (Sarkodie & Owusu, 2020).

اخیراً چندین مطالعه با هدف عدم تخریب الگوهای COVID-19 انجام شده است. یکی از این موارد، استفاده از مجموعه داده‌های تصاویر پزشکی اشعه‌ی ایکس از بیماران مبتلا به ذات‌الریه باکتریایی و تأییدشده با بیماری COVID-19 برای تشخیص خودکار با استفاده از شبکه‌های عصبی کانولوشن است. نتایج نشان می‌دهد که روش مورد استفاده، اثرات قابل توجهی در حذف و تشخیص خودکار COVID-19 دارد (Galvan et al., 2020). مطالعه‌ی جالب دیگر، در چین و با استفاده از تکنیک‌های آماری پویا است (King et al., 2020). موارد دیگر عبارت‌اند از پیش‌بینی داروهای ضد ویروس موجود در بازار که ممکن است با استفاده از یک مدل یادگیری عمیق بر روی ویروس کرونای جدید اثر بگذارند (Mostafam, 2010) و پیش‌بینی اولیه‌ی شیوع ویروس کرونا ۲۰۱۹ در سرزمین اصلی چین بر اساس مدل ریاضی ساده (Kotu et al., 2018). همچنین، مقاله (Malonem et al., 2006) طیف وسیعی از GIS آنلاین / موبایل و داشبورد نقشه‌برداری و برنامه‌های کاربردی را برای ردیابی شیوع ویروس کرونا ۲۰۲۰/۲۰۱۹ و حوادث مرتبط با آن در سراسر جهان ارائه می‌دهد و آن‌ها را توصیف می‌کند. در (Haselbeck et al., 2019) نویسندگان پیشنهاد کردند که مفهوم کارتوگرافی برای تجسم گسترش COVID-19 استفاده شود. در آخر، باید اشاره کنیم که برخی تحقیقات با استفاده از هوش مصنوعی (AI) انجام شده است. به‌عنوان مثال، مطالعه در (Wolski & Kruk, 2020) که نویسندگان آن، استفاده از الگوریتم‌های یادگیری ماشین را برای بهبود شناسایی موارد احتمالی COVID-19 با استفاده از یک نظرسنجی مبتنی بر تلفن همراه، پیشنهاد دادند. همچنین، چندین روش AI در تجزیه و تحلیل داده‌ها و فرایندهای تصمیم‌گیری در مراقبت‌های بهداشتی استفاده می‌شود. این بدان معنی است

که ابزارهای مبتنی بر هوش مصنوعی می‌توانند در شناسایی شیوع COVID-19 و همچنین، پیش‌بینی ماهیت میزان گسترش آن‌ها در سراسر جهان کمک کنند (Wyns et al., 2004).

با این حال، بیشتر کارهای قبلی، با جنبه‌ی زمانی مسئله سروکار دارند؛ به این معنی که این آثار سعی دارند داده‌های عددی ویروس کرونا را به روش‌های مختلف پیش‌بینی کنند. البته این جنبه از مشکل نیز مهم است زیرا دولت‌مردان می‌خواهند بتوانند از برآورد آینده‌ی موارد ویروس کرونا مطلع شوند تا تصمیمات درستی راجع به وجوه اختصاص داده‌شده برای حل مشکل اتخاذ نمایند. از طرف دیگر، اعتقاد راسخ ما این است که جنبه‌ی مکانی نیز بسیار مهم است؛ بنابراین، سهم اصلی این مقاله، استفاده از نقشه‌های خودسازمان‌دهنده بدون نظارت، برای گروه‌بندی کشورهای مشابه در مبارزه با ویروس کرونا است. از این طریق می‌توان پیشنهاد کرد که استراتژی‌های مشترک می‌توانند برای کشورهای مشابه اجرا شوند (Santosh, 2020).

مطالب اصلی

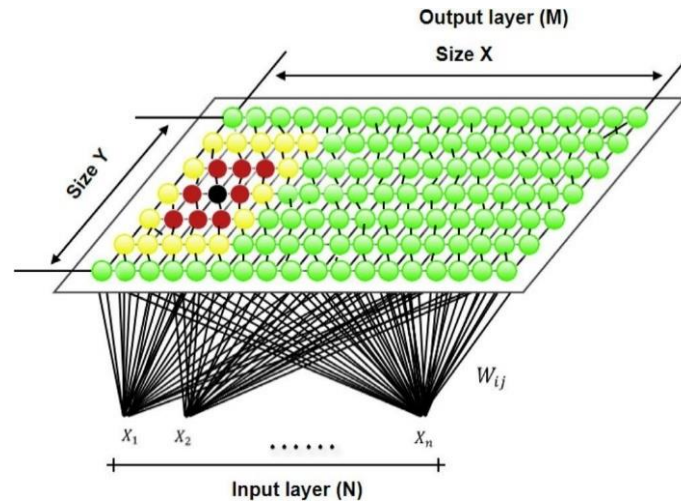
تمام مقالات مرورشده، در مورد الگوریتم نقشه‌ی خودسازمان‌دهنده، نحوه‌ی عملکرد و تأثیر بر نتایج محاسباتشان، بحث کرده‌اند. ما نیز به اختصار در مورد روش تهیه‌ی نقشه‌ی خودسازمان‌دهنده، اطلاعاتی را به اشتراک می‌گذاریم تا انواع پردازش‌ها و نتیجه‌گیری‌ها واضح شود.

نقشه‌های خودسازمان‌دهنده

نقشه‌های خودسازمان‌دهنده (SOM) که به آن نقشه‌ی Kohonen نیز گفته می‌شود، مدلی است که برای کاوش و تجسم الگوها در مجموعه داده‌های با ابعاد بالا استفاده می‌شود. این مدل اولین بار توسط Teuvo Kalevi Kohonen در سال ۱۹۸۲ ارائه شد. SOM یک روش خوشه‌بندی است که بدون نیاز به استفاده از تکنیک‌های سنتی آمار، گروه‌ها را در یک مجموعه داده شناسایی می‌کند. SOM فقط از دو لایه تشکیل شده است: لایه‌ی ورودی و لایه‌ی خروجی (data.humdata.org, 2020). هدف این شبکه‌ی عصبی، انتقال کلیه‌ی داده‌های ورودی با n صفت (n بعد) به روشی است که اشیاء به یکدیگر مرتبط باشند. SOM مبتنی بر یک آموزش بدون نظارت است که در آن هیچ هدف خروجی مشخصی وجود ندارد. هدف این الگوریتم، یافتن مجموعه‌ای از سانترویدها (نورون‌ها) برای نشان دادن خوشه است. رایج‌ترین شبکه‌های توپولوژی، شش ضلعی و مستطیلی هستند. هر یک از داده‌های موجود در مجموعه داده به هر مرکز اختصاص یافته است. هر نورون در شبکه‌ی SOM ارتباط نزدیکی با دیگر نورون‌ها دارد و هر یک از ورودی‌ها با استفاده از وزن، به هر یک از گره‌های خارج‌شده متصل می‌شوند. وزن از گره‌های ورودی N به گره‌های خروجی M در مقادیر کوچک به‌طور تصادفی مقداردهی اولیه می‌شوند.

اتصالات جانبی، SOM را قادر می‌سازد تا به‌صورت رقابتی بیاموزد؛ به این معنی که نورون‌های خروجی در لایه‌های آخر، برای طبقه‌بندی الگوهای ورودی، با هم ترکیب می‌شوند. در ابتدای آموزش، الگوهای ورودی به SOM ارائه می‌شوند و آرایه‌ی خروجی با نزدیک‌ترین بردار وزن، برنده‌ی آن خوشه خواهد بود. برای انتخاب نورون برنده، از اختلاف اقلیدسی استفاده می‌شود (Sarkodie & Owusu, 2020). در شکل ۱، ساختار شبکه‌ی عصبی SOM در اطراف نورون برنده نیز نشان داده شده است. شبکه‌های عصبی مصنوعی مانند SOM به‌طور گسترده‌ای در بسیاری از برنامه‌ها مانند شناسایی منابع شوری زمین-تر (data.humdata.org, 2020)، تعیین جوامع گیاهی بر اساس بریوفیت‌ها (gob.mx, 2020) و پیش‌بینی آرتروز (Sarkodie & Owusu, 2020) مورد استفاده قرار گرفته‌اند. با این حال، در اینجا SOM برای طبقه‌بندی ۱۹۹ کشور جهان با موارد تأییدشده‌ی ویروس کرونا، برای شناسایی وجود

الگویی در خوشه‌های با ابعاد بسیار بالا، بالا، متوسط و کم استفاده می‌شود. داده‌های آموزشی مقاله (Santosh, 2020) از مجموعه داده‌های جهانی از تبادل داده‌ی انسان‌دوستانه (HDX) (Galvan et al., 2020) و مجموعه داده‌های مکزیکی از وب‌سایت دولت مکزیک (Dima et al., 2018) به دست آمده است.



شکل ۱. نمونه‌ای از معماری عمومی شبکه‌ی عصبی SOM

آموزش در چندین مرحله و با تکرار زیاد انجام می‌شود:

- ۱- وزن هر گره، مقداردهی اولیه می‌شود.
- ۲- یک بردار به‌طور تصادفی از مجموعه داده‌های آموزشی، انتخاب شده و به شبکه ارائه می‌شود.
- ۳- هر گره، مورد بررسی قرار می‌گیرد تا محاسبه شود که وزن کدام یک از آن‌ها مانند بردار ورودی است. معمولاً گره‌ی برنده به‌عنوان بهترین واحد تطبیق (BMU) شناخته می‌شود.
- ۴- شعاع محله‌ی BMU اکنون محاسبه شده است که با مقدار بزرگ شروع می‌شود. به‌طور معمول این شعاع بر اساس شعاع شبکه تنظیم می‌شود اما در هر مرحله، کاهش می‌یابد. هر گره‌ی که در این شعاع قرار داشته باشد، در داخل محله‌ی BMU است.
- ۵- وزن هر گره‌ی همسایه (گره‌های موجود در مرحله‌ی ۴) طوری تنظیم می‌شود که شباهت بیشتری به بردار ورودی داشته باشند. هرچه گره به BMU نزدیک‌تر باشد، وزن آن بیشتر تغییر می‌کند.
- ۶- مرحله‌ی ۲، N بار تکرار خواهد شد.

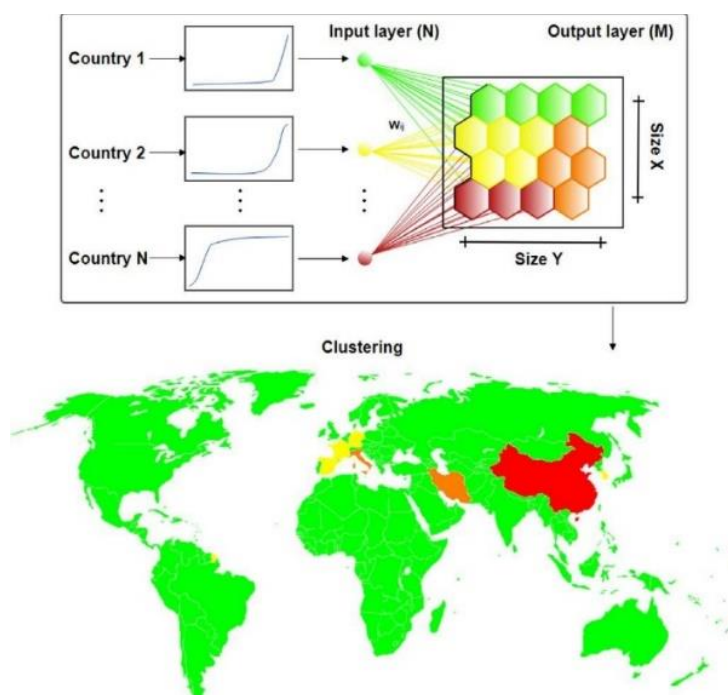
$$Dist = \sqrt{\sum_{i=0}^{i=n} (V_i - W_i)^2} \quad (1)$$

برای محاسبه‌ی شباهت بین بردار ورودی و وزن‌های درون شبکه، از فرمول (۱) استفاده می‌شود که در آن، V بردار ورودی فعلی و W بردار وزن گره است.

در فرمول (۲) نحوه‌ی کاهش شعاع بهترین واحد منطبق (BMU) نمایش داده شده است.

$$\sigma(t) = \sigma_0 \exp\left(-\frac{t}{\lambda}\right) \quad (2)$$

حرف یونانی σ ، عرض شبکه را در زمان t_0 نشان می‌دهد و حرف یونانی λ ، ثابت زمانی را نشان می‌دهد. t مرحله زمانی فعلی است (به معنی تکرار حلقه).



شکل ۲. یک مثال از شبکه‌ی عصبی SOM برای خوشه‌بندی و طبقه‌بندی کشورها

روش‌های پیشنهادی

پایگاه داده‌ی مورد استفاده برای آزمایش‌های انجام‌شده در (Santosh, 2020) از تبادل اطلاعات بشردوستانه (HDX) (Kotu et al., 2018) به دست آمده است که شامل داده‌های کشورهایی است که موارد COVID-19 از ۲۲ ژانویه ۲۰۲۰ تا ۱۳ مه ۲۰۲۰ اتفاق افتاده است. داده‌ها شامل موارد تأییدشده‌ی بهبودیافتگان و مرگ‌ومیر برای کشورها است.

در شکل ۲، نمونه‌ای از شبکه‌ی عصبی SOM مورد استفاده برای خوشه‌بندی و طبقه‌بندی کشورها نشان داده شده است. همچنین، مجموعه داده‌های ۳۲ ایالت مکزیک بسته به الگوهای شباهت پایگاه داده از مجموعه داده‌های مکزیک در وبسایت دولت مکزیک به دست آمده است (Melin et al., 2020). شکل ۳، ساختار SOM مورد استفاده برای خوشه‌بندی ۳۲ ایالت مکزیک را نشان می‌دهد.

در مورد ۳۲ ایالت مکزیک، دو مورد از شایع‌ترین بیماری‌های موجود در جمعیت نیز مورد بررسی قرار گرفتند که عبارت‌اند از فشارخون بالا و دیابت. این امر به منظور یافتن شباهت‌ها و تشکیل گروه‌بندی بر اساس ایالات بین بیماری‌ها و Covid-19 است. پایگاه داده‌ی این بیماری‌ها از وبسایت داده‌های باز مؤسسه تأمین اجتماعی مکزیک (IMSS) به دست آمده است (Mostafa, 2010).

اغلب مراحل آموزش به دو بخش جداگانه تقسیم می‌شوند؛ مرحله‌ی خودسازمان‌دهی و مرحله‌ی همگرایی. خودسازمان‌دهی همان وزنی است که از تصادفی‌سازی اولیه تا ساختار کلی فضای ورودی تربیت می‌شود (Fanelli & Piazza, 2020). مرحله همگرایی در زمانی قابل انجام است که نرخ همسایگی و میزان یادگیری به حداقل مقادیر خود می‌رسند و شبکه برای مطابقت بهتر با فضای ورودی، وزن‌های آموخته‌شده را اصلاح می‌کند. این مرحله در (Robson, 2020) ۵۰۰ برابر تعداد نوروهای موجود در نقشه‌ی خروجی اجرا می‌شود اما ممکن است برای برخی از اندازه‌های نقشه، غیر قابل اجرا باشد (Precup et al., 2020). برای مجموعه داده‌های بزرگ‌تر می‌توان تعداد دوره‌ها را کاهش داد تا بتوان زمان آموزش معقول‌تری داشت (Precup et al., 2019).

مطالعه‌ی انجام‌شده در (Fanelli & Piazza, 2020)، برای ایجاد مجموعه داده‌های آزمایش و آموزش، از پایگاه داده کوهن، موریسون و دائو (Sanchez et al., 2014) از ویروس کرونا و سایر تصاویر اشعه‌ی ایکس مربوط به بیماری‌های مرتبط با قفسه‌ی سینه استفاده کرده‌اند. در این پایگاه داده، تصاویر اشعه‌ی ایکس قفسه‌ی سینه از بیمارانی که با ویروس کرونا (SARS) یا SARS-CoV-1، SARS-CoV-2 یا COVID-19 مرتبط هستند، وجود دارد. تصاویر به دو دسته تقسیم می‌شوند؛ آلوده و غیر آلوده. ابتدا، به دلیل وضوح تصویر متفاوت، باید هر تصویر در ابعاد یکسان تغییر اندازه یابد. در روش Fanelli and Piazza (۲۰۲۰) از OpenCV (Beck et al., 2020) در پایتون ۳٫۷ استفاده کردند تا این تصاویر با تغییر اندازه‌ی جدید ایجاد کنند و سپس مقادیر خاکستری آن‌ها را به‌عنوان لیست پایتون برگردانند. همان‌طور که در شکل نشان داده شده است، ۲۰٪ باقی‌مانده، به‌عنوان یک مجموعه‌ی آزمایش در نظر گرفته شده است. سپس برچسب‌ها از مجموعه‌ی آموزش برداشته می‌شوند اما برای مجموعه‌ی آزمایش باقی می‌مانند.

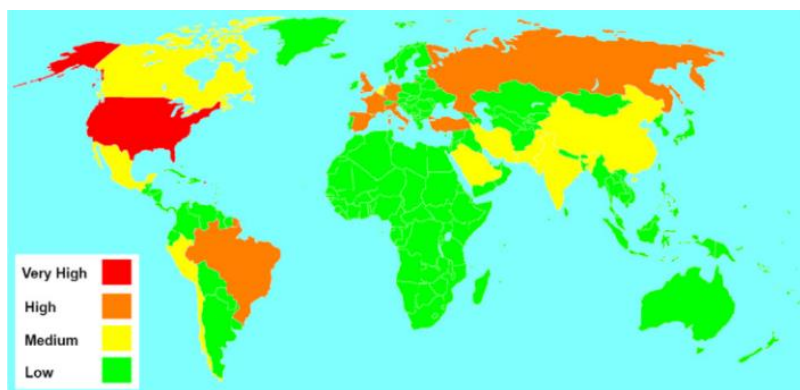
نتایج

روش پیشنهادی مبتنی بر نقشه‌های خودتنظیمی کوهن، برای تشکیل گروه‌بندی‌ها یا خوشه‌های کشورهای جهان، مورد استفاده قرار گرفت و پس از آن، برای طبقه‌بندی آن‌ها و با در نظر گرفتن ۴ کلاس با توجه به شدت تعداد ویروس کرونا انجام شد؛ بسیار زیاد، زیاد، متوسط و کم (به ترتیب با قرمز، نارنجی، زرد و سبز در نقشه‌ها نشان داده شده است). در جدول ۱، کشورها بر اساس تعداد مواردی که در خوشه‌ها اتفاق می‌افتند و سپس به ترتیب حروف الفبا در داخل خوشه‌ها قرار می‌گیرند. در شکل‌های زیر، ما نتایج به‌دست آمده را با روش پیشنهادی با استفاده از مجموعه داده‌های موجود در دسترس از موارد تأییدشده، بهبودیافته و مرگ نشان می‌دهیم.

جدول ۱. نتایج موارد تأییدشده‌ی کرونا در سراسر جهان (تا ۱۳ مه ۲۰۲۰)

| Cluster | Country | Value |
|-----------|--------------------|---------|
| Very High | United States (US) | 1390361 |
| | Brazil | 189157 |
| High | France | 178184 |
| | Germany | 174098 |
| | Italy | 222104 |
| | Russia | 242271 |
| | Spain | 228691 |
| | Turkey | 143114 |
| | United Kingdom | 230986 |
| Medium | Belgium | 53981 |
| | Canada | 73568 |
| | Chile | 34381 |
| | China | 84024 |
| | India | 78055 |
| | Iran | 112725 |
| | Mexico | 40186 |
| | Netherlands | 43410 |
| | Pakistan | 35298 |
| | Peru | 76306 |
| | Saudi Arabia | 44830 |
| | Afghanistan | 5226 |
| Low | Albania | 880 |
| | Algeria | 6253 |
| | ... | ... |

در شکل ۳، نمودار خوشه‌های تشکیل شده با روش SOM را نشان می‌دهیم که به‌وضوح، کلاس‌های موارد تأییدشده‌ی Covid-19 را در دوره‌ی زمانی ۲۰۲۰/۰۱/۲۲ تا ۲۰۲۰/۰۵/۱۳ نشان می‌دهد.



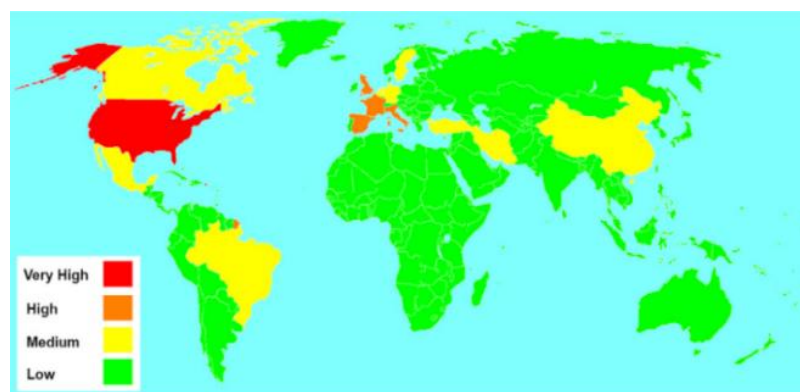
شکل ۳. طبقه‌بندی کشورها بر اساس موارد تأییدشده‌ی ویروس کرونا

در شکل ۴، یک طرح از خوشه‌های تشکیل شده با روش SOM را نشان می‌دهیم که به‌وضوح، کلاس‌های موارد بهبودیافته‌ی Covid-19 را برای دوره‌ی زمانی ۲۲ ژانویه ۲۰۲۰ تا ۱۳ مه ۲۰۲۰ نشان می‌دهد.



شکل ۴. طبقه‌بندی کشورها بر اساس موارد بهبودیافته

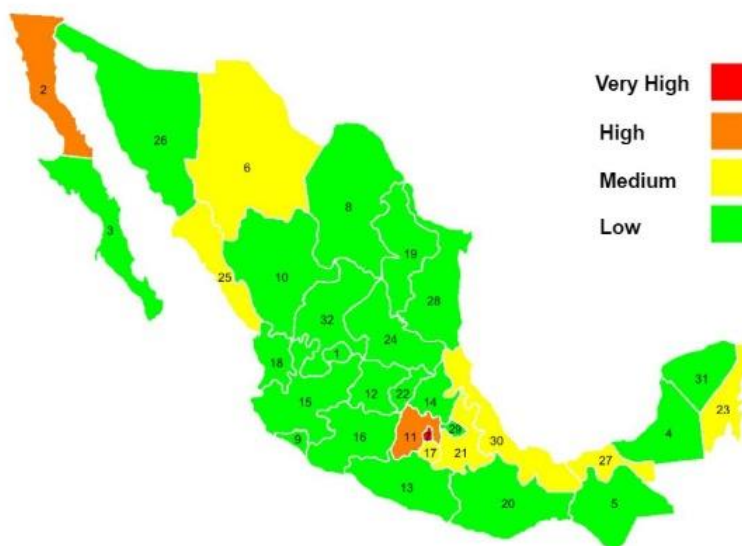
این تحلیل را می‌توان برای توزیع جغرافیایی مرگ‌ومیر ناشی از ویروس کرونا در سراسر جهان انجام داد. در شکل ۵، یک طرح از خوشه‌های تشکیل شده با روش SOM را نشان می‌دهیم که به‌وضوح، کلاس‌های مربوط به موارد مرگ Covid-19 را از ۲۲ ژانویه سال ۲۰۲۰ تا ۱۳ مه سال ۲۰۲۰ نشان می‌دهد.



شکل ۵. طبقه‌بندی کشورها بر اساس موارد مرگ‌ومیر

علاوه بر این، همان تجزیه و تحلیل را می‌توان برای تقسیم جغرافیایی مرگ ناشی از ویروس کرونا در ایالات مکزیک انجام داد. در شکل ۶، یک طرح از خوشه‌های تشکیل شده با روش SOM را نشان می‌دهیم که کلاس‌های مربوط به موارد مرگ Covid-19 را برای دوره‌ی زمانی ۲۷ فوریه سال ۲۰۲۰ تا ۱۳ مه سال ۲۰۲۰ نشان می‌دهد.

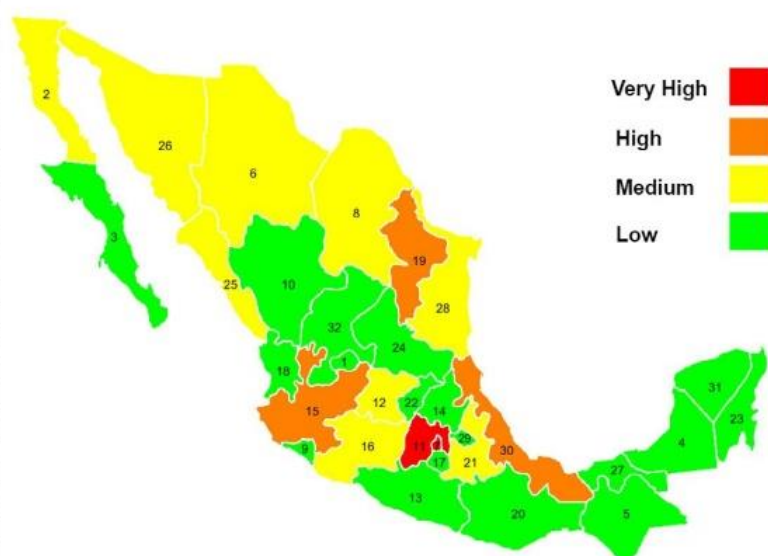
| States | # |
|---------------------|----|
| Aguascalientes | 1 |
| Baja California | 2 |
| Baja California Sur | 3 |
| Campeche | 4 |
| Chiapas | 5 |
| Chihuahua | 6 |
| Ciudad de México | 7 |
| Coahuila | 8 |
| Colima | 9 |
| Durango | 10 |
| Estado de México | 11 |
| Guanajuato | 12 |
| Guerrero | 13 |
| Hidalgo | 14 |
| Jalisco | 15 |
| Michoacán | 16 |
| Morelos | 17 |
| Nayarit | 18 |
| Nuevo León | 19 |
| Oaxaca | 20 |
| Puebla | 21 |
| Querétaro | 22 |
| Quintana Roo | 23 |
| San Luis Potosí | 24 |
| Sinaloa | 25 |
| Sonora | 26 |
| Tabasco | 27 |
| Tamaulipas | 28 |
| Tlaxcala | 29 |
| Veracruz | 30 |
| Yucatán | 31 |
| Zacatecas | 32 |



شکل ۶. طبقه‌بندی ایالات مکزیک بر اساس موارد مرگ و میر

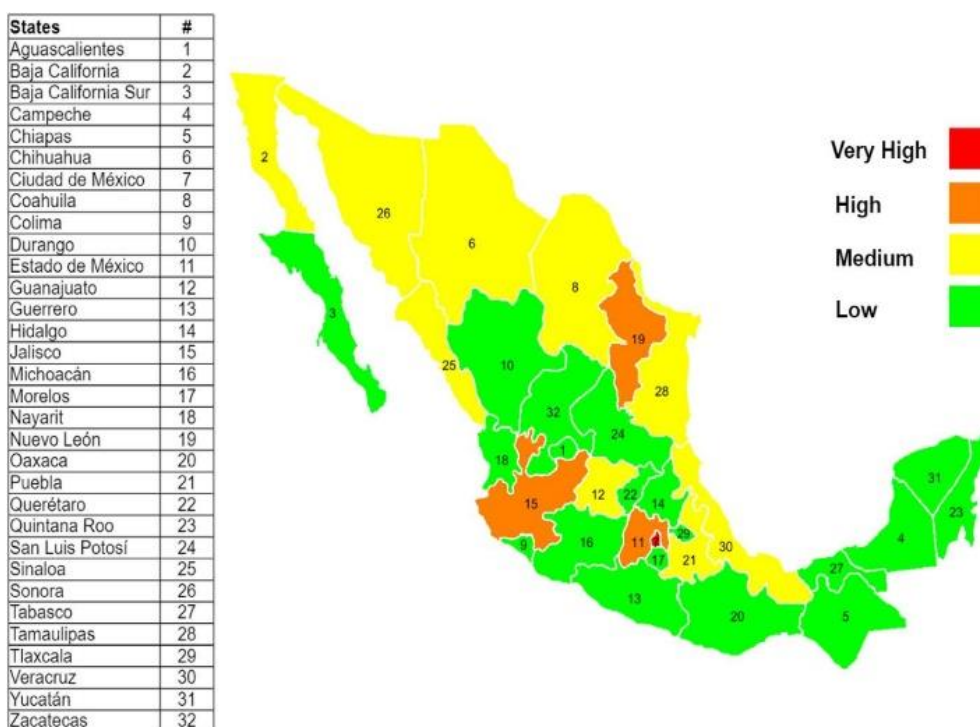
همچنین، رابطه‌ی احتمالی مرگ و میر ویروس کرونا با بیماری‌های مزمن تحلیل رفتگی و بیماری‌های دیابت، بررسی شده است. بر این اساس، ما خوشه‌بندی SOM را نیز در داده‌های عمومی موجود در مکزیک از این موارد اعمال کردیم (Precup et al., 2019; Precup et al., 2020) در شکل ۷، می‌توانیم نتایج خوشه‌بندی ایالت‌های مکزیک را با توجه به تعداد موارد فشارخون بالا از سال ۲۰۰۰ تا ۲۰۱۸ پیدا کنیم.

| States | # |
|---------------------|----|
| Aguascalientes | 1 |
| Baja California | 2 |
| Baja California Sur | 3 |
| Campeche | 4 |
| Chiapas | 5 |
| Chihuahua | 6 |
| Ciudad de México | 7 |
| Coahuila | 8 |
| Colima | 9 |
| Durango | 10 |
| Estado de México | 11 |
| Guanajuato | 12 |
| Guerrero | 13 |
| Hidalgo | 14 |
| Jalisco | 15 |
| Michoacán | 16 |
| Morelos | 17 |
| Nayarit | 18 |
| Nuevo León | 19 |
| Oaxaca | 20 |
| Puebla | 21 |
| Querétaro | 22 |
| Quintana Roo | 23 |
| San Luis Potosí | 24 |
| Sinaloa | 25 |
| Sonora | 26 |
| Tabasco | 27 |
| Tamaulipas | 28 |
| Tlaxcala | 29 |
| Veracruz | 30 |
| Yucatán | 31 |
| Zacatecas | 32 |



شکل ۷. طبقه‌بندی ایالات مکزیک بر اساس موارد فشارخون بالا

علاوه بر این، در شکل ۸، ما می‌توانیم نتایج حاصل از خوشه‌بندی ایالات مکزیک را با توجه به تعداد موارد دیابت، از سال ۲۰۰۰ تا ۲۰۱۸ پیدا کنیم.

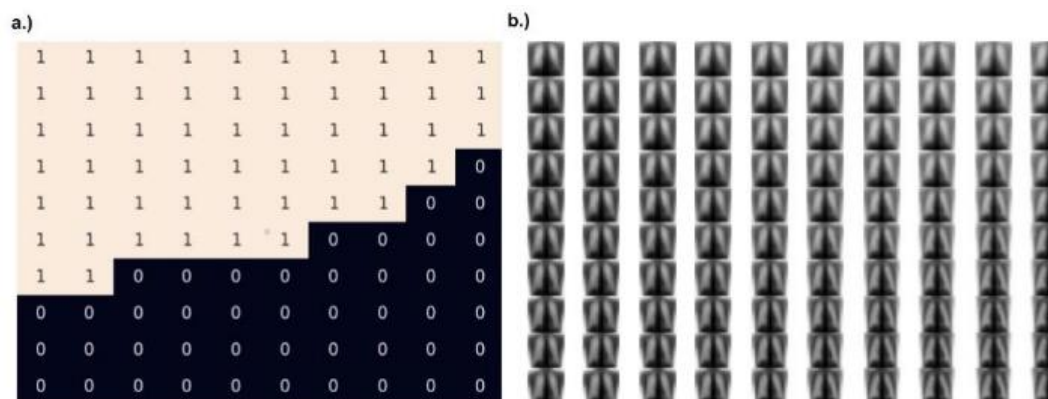


شکل ۸. طبقه‌بندی ایالات مکزیک بر اساس موارد دیابت

یک بار دیگر، اگر تصاویر ۶ و ۸ را مقایسه کنیم، می‌توان دریافت که بین ایالات، با تعداد بیشتر مرگ‌ومیر و با موارد بیشتر دیابت شباهتی وجود دارد که رابطه‌ی بین این متغیرها را تأیید می‌کند. در این راستا، ما معتقدیم می‌توان با استفاده از تعداد موارد فشارخون و دیابت، مدلی برای تخمین تعداد موارد ویروس کرونا ایجاد کرد که می‌تواند تعامل بین این متغیرها را منعکس کند (Santosh, 2020).

به همین ترتیب، نتایج مطالعه‌ی انجام‌شده در کشور برزیل، نشان می‌دهد که مناطق شمالی (N) و شمال شرقی (NE) دارای بالاترین میزان موارد جدید ابتلا، بهبود و مرگ‌ومیر توسط COVID-19 در هر ۱۰۰۰۰۰ نفر است. به دنبال آن، منطقه‌ی جنوب شرقی (SE)، پرجمعیت‌ترین منطقه در کشور و سپس مناطق جنوب (S) و مرکز غربی (CW)، کمترین نرخ را داشتند. گزارش‌ها نشان می‌دهند که بیشترین موارد COVID-19 در برزیل در منطقه‌ی جنوب شرقی است. اگرچه شبکه SOM نشان داده است که بالاترین نرخ در هر ۱۰۰۰۰۰ نفر در مناطق شمالی و شمال شرقی کشور است (Robson, 2019).

مطالعه‌ی تصاویر اشعه‌ی ایکس (Fanelli & Piazza, 2020)، با مجموعه‌ی آموزشی دارای ۱۴۸ تصویر و برای یادگیری دومرحله‌ای است که باید تقریباً ۵۱ هزار دوره اجرا شود. اگرچه دو دسته داده‌ی سالم و بیمار وجود دارد اما عکس‌برداری از قفسه‌ی سینه‌ی بیمار در مقابل فرد سالم، از نظر طرح کلی فضای ورودی، تفاوت چندانی ندارد. پارامترهایی برای فاز خودسازمان‌دهی تنظیم شده‌اند که برای ۱۰۰۰ دوره اجرا شود و سپس در مرحله‌ی هم‌گرایی، ۶۰۰۰ دوره اجرا شود. شکل ۹، نقشه‌ی وزن شبکه و نقشه‌ی خروجی شبکه آموزش‌دیده در مجموعه‌ی آزمایش را نشان می‌دهد. خوشه‌ی سالم ۴۵٪ نقشه را تشکیل می‌دهد در حالی که خوشه‌ی بیمار ۵۵٪ باقی‌مانده را تشکیل می‌دهد.



شکل ۹. (الف) نقشه‌ی خروجی که به ترتیب ۰ و ۱ را به‌عنوان فرد سالم و بیمار نشان می‌دهد، (ب) نقشه‌ی وزنی مربوطه

به‌عنوان کارهای قابل انجام در آینده، ما تصور می‌کنیم که هر دو جنبه‌ی مکانی و زمانی گسترش ویروس کرونا را در یک روش یکپارچه برای دستیابی به یک دیدگاه کامل و راه‌حل برای این مسئله، ادغام کنیم. همچنین، می‌توانیم سایر تکنیک‌های هوشمند (مانند منطق فازی و الگوریتم‌های تکاملی) را نیز در نظر بگیریم.

منابع

- ... (2020). Gobierno de Mexico. [Online]. Available: <https://www.gob.mx/salud/documentos/coronavirus-covid-19-comunicado-tecnico-diario-238449>. [Accessed 13 05 2020].
- ... (2020). The Humanitarian Data Exchange (HDX). [Online]. Available: <https://data.humdata.org/dataset/novel-coronavirus-2019-ncov-cases>. [Accessed 13 05 2020].
- Apostolopoulos, I. D., & Mpesiana, T. A. (2020). Covid-19: automatic detection from x-ray images utilizing transfer learning with convolutional neural networks. *Physical and engineering sciences in medicine*, 43, 635-640.
- Beck, B. R., Shin, B., Choi, Y., Park, S., & Kang, K. (2020). Predicting commercially available antiviral drugs that may act on the novel coronavirus (SARS-CoV-2) through a drug-target interaction deep learning model. *Computational and structural biotechnology journal*, 18, 784-790.
- Dima, G. C., Copelli, M., & Mindlin, G. B. (2018). Anticipated synchronization and zero-Lag phases in population neural models. *International Journal of Bifurcation and Chaos*, 28(08), 1830025.
- Fanelli, D., & Piazza, F. (2020). Analysis and forecast of COVID-19 spreading in China, Italy and France. *Chaos, Solitons & Fractals*, 134, 109761.
- Galvan, D., Effting, L., Cremasco, H., & Conte-Junior, C. A. (2021). The spread of the COVID-19 outbreak in Brazil: an overview by Kohonen self-organizing map networks. *Medicina*, 57(3), 235.
- Gao, P., Zhang, H., Wu, Z., & Wang, J. (2020). Visualising the expansion and spread of coronavirus disease 2019 by cartograms. *Environment and Planning A: Economy and Space*, 52(4), 698-701.
- Haselbeck, V., Kordilla, J., Krause, F., & Sauter, M. (2019). Self-organizing maps for the identification of groundwater salinity sources based on hydrochemical data. *Journal of Hydrology*, 576, 610-619.
- Kamel Boulos, M. N., & Geraghty, E. M. (2020). Geographical tracking and mapping of coronavirus disease COVID-19/severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) epidemic and associated events around the world: how 21st century GIS technologies are supporting the global fight against outbreaks and epidemics. *International journal of health geographics*, 19(1), 1-12.
- King, B., Barve, S., Ford, A., & Jha, R. (2020, August). Unsupervised clustering of COVID-19 chest X-ray images with a self-organizing feature map. In *2020 IEEE 63rd international midwest symposium on circuits and systems (MWSCAS)* (pp. 395-398). IEEE.
- Kotu, V., Deshpande, B. (2018). *Data science: concepts and practice*. Morgan Kaufmann.

- Malone, J., McGarry, K., Wermter, S., & Bowerman, C. (2006). Data mining using rule extraction from Kohonen self-organising maps. *Neural Computing & Applications*, 15, 9-17.
- Melin, P., Monica, J. C., Sanchez, D., & Castillo, O. (2020). Analysis of spatial spread relationships of coronavirus (COVID-19) pandemic in the world using self organizing maps. *Chaos, Solitons & Fractals*, 138, 109917.
- Mostafa, M. M. (2010). Clustering the ecological footprint of nations using Kohonen's self-organizing maps. *Expert Systems with Applications*, 37(4), 2747-2755.
- Precup, R. E., Teban, T. A., Albu, A., Borlea, A. B., Zamfirache, I. A., & Petriu, E. M. (2020). Evolving fuzzy models for prosthetic hand myoelectric-based control. *IEEE Transactions on Instrumentation and Measurement*, 69(7), 4625-4636.
- Precup, R. E., Teban, T. A., Albu, A., Borlea, A. B., Zamfirache, I. A., & Petriu, E. M. (2019, June). Evolving fuzzy models for prosthetic hand myoelectric-based control using weighted recursive least squares algorithm for identification. In *2019 IEEE International Symposium on Robotic and Sensors Environments (ROSE)* (pp. 1-6). IEEE.
- Rao, A. S. S., & Vazquez, J. A. (2020). Identification of COVID-19 can be quicker through artificial intelligence framework using a mobile phone-based survey when cities and towns are under quarantine. *Infection Control & Hospital Epidemiology*, 41(7), 826-830.
- Robson, B. (2020). Computers and viral diseases. Preliminary bioinformatics studies on the design of a synthetic vaccine and a preventative peptidomimetic antagonist against the SARS-CoV-2 (2019-nCoV, COVID-19) coronavirus. *Computers in biology and medicine*, 119, 103670.
- Sanchez, M. A., Castillo, O., Castro, J. R., & Melin, P. (2014). Fuzzy granular gravitational clustering algorithm for multivariate data. *Information Sciences*, 279, 498-511.
- Santosh, K. C. (2020). AI-driven tools for coronavirus outbreak: need of active learning and cross-population train/test models on multitudinal/multimodal data. *Journal of medical systems*, 44, 1-5.
- Sarkodie, S. A., & Owusu, P. A. (2020). Investigating the cases of novel coronavirus disease (COVID-19) in China using dynamic statistical techniques. *Heliyon*, 6(4).
- Shereen, M. A., Khan, S., Kazmi, A., Bashir, N., & Siddique, R. (2020). COVID-19 infection: Emergence, transmission, and characteristics of human coronaviruses. *Journal of advanced research*, 24, 91-98.
- Sohrabi, C., Alsafi, Z., O'Neill, N., Khan, M., Kerwan, A., Al-Jabir, A., ... & Agha, R. (2020). World Health Organization declares global emergency: A review of the 2019 novel coronavirus (COVID-19). *International journal of surgery*, 76, 71-76.
- Wolski, G. J., & Kruk, A. (2020). Determination of plant communities based on bryophytes: The combined use of Kohonen artificial neural network and indicator species analysis. *Ecological Indicators*, 113, 106160.
- Wyns, B., Boullart, L., Sette, S., Baeten, D., Hoffman, I., & De Keyser, F. (2004). Prediction of arthritis using a modified Kohonen mapping and case based reasoning. *Engineering Applications of Artificial Intelligence*, 17(2), 205-211.
- Zhong, L., Mu, L., Li, J., Wang, J., Yin, Z., & Liu, D. (2020). Early prediction of the 2019 novel coronavirus outbreak in the mainland China based on simple mathematical model. *IEEE access*, 8, 51761-51769.

