

دو روش تبدیل ویژگی مبتنی بر الگوریتم‌های ژنتیک برای کاهش خطای دسته‌بندی ماشین بردار پشتیبان

فاطمه حسین‌خانی^۱ و بابک ناصرشریف^۲

^۱ معاونت آموزشی، دانشگاه علوم پزشکی قزوین، قزوین، ایران
^۲ دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر، دانشگاه صنعتی خواجه نصیرالدین طوسی، تهران، ایران

چکیده

در بازشناسی الگو، یکی از روش‌های افزایش دقت بازشناسی، بهره‌گیری از روش‌های متمایزسازی است. این روش‌ها یا به صورت تبدیل متمایزسازی بر ویژگی‌ها به کار می‌روند یا از روش‌های یادگیری متمایزسازی برای آموزش دسته‌بند استفاده می‌کنند. به طور معمول معیار تبدیلات متمایزسازی متفاوت با معیار آموزش و یا خطای دسته‌بندهای متمایزسازی است. در مقاله حاضر، برای هماهنگ کردن معیار تبدیل ویژگی و نیز معیار دسته‌بندی ماشین بردار پشتیبان روشی برای تخمین تبدیل ویژگی با استفاده از الگوریتم ژنتیک (GA) پیشنهاد می‌شود که معیار تبدیل آن کمینه کردن خطای دسته‌بندی ماشین بردار پشتیبان است. علاوه بر این، روشی برای تخمین تبدیل ویژگی با استفاده از الگوریتم ژنتیک دوهدفه، پیشنهاد می‌شود که معیار این تبدیل پیشنهادی تمایز بین دسته‌ای (مطابق با معیار روش‌های تبدیل ویژگی) و کمینه کردن خطای دسته‌بندی ماشین بردار پشتیبان به صورت هم‌زمان است. ارزیابی بر روی دادگان UCI نشان می‌دهد که استفاده از معیارهای هم‌زمان خطای دسته‌بندی و تمایز بین دسته‌ای در تبدیل ویژگی سبب بهبود عملکرد تبدیلات ویژگی متمایزسازی متداول در افزایش دقت دسته‌بندی ماشین بردار پشتیبان می‌شود؛ علاوه بر اینکه استفاده از تبدیل ویژگی با معیار خطای دسته‌بندی نسبت به دیگر روش‌های شناخته شده تبدیل ویژگی و نیز روش دوهدفه، دقت دسته‌بندی ماشین بردار پشتیبان را بیشتر افزایش می‌دهد.

واژگان کلیدی: تبدیل ویژگی، متمایزسازی، ماشین بردار پشتیبان، الگوریتم ژنتیک، دسته‌بندی.

۱- مقدمه

برای بازشناسی الگو، به طور معمول اشیاء به تعدادی طبقه یا دسته، دسته‌بندی می‌شوند. برای آنکه روند بازشناسی و دسته‌بندی موفق عمل کند، هم باید ویژگی‌های مناسبی برای توصیف الگوها به کار رود و هم روش دسته‌بندی انتخاب شود که برای مسأله بازشناسی مناسب باشد. گاه ویژگی‌های تعریف شده برای الگوها به خوبی آنها را در جهت جداسازی‌شان توصیف نمی‌کنند؛ یا تعداد آنها زیاد است که در این شرایط روش‌های تبدیل یا کاهش ویژگی می‌توانند مؤثر باشند؛ به علاوه انتخاب یک دسته‌بند که برای تمام انواع داده‌ها مناسب باشد، در عمل امکان‌پذیر نیست. روش‌های تبدیل ویژگی متمایزسازی و نیز دسته‌بندهای متمایزسازی روش‌هایی هستند که برای افزایش دقت دسته‌بندی و رفع ضعف‌های مذکور پیشنهاد شده‌اند. شایان ذکر است که

روش‌های متمایزسازی معیار بهینه کردن دسته‌بند منطبق با معیار ارزیابی دسته‌بند است و از این رو دسته‌بند متمایزسازی متناسب با شرایطی که استفاده می‌شود (داده‌های مورد استفاده و هدف دسته‌بندی) آموزش می‌بیند. روش‌های دسته‌بند متمایزسازی در مقابل روش‌های مولد مانند مدل مخفی مارکف و مدل مخلوط‌های گاوسی ارائه شده‌اند که چنین خاصیتی را ندارند.

در روش‌های تبدیل ویژگی، تبدیل خطی یا غیرخطی بر ویژگی‌ها اعمال می‌شود که به طور معمول معیار و هدف استقلال، متعامدسازی، ایجاد تمایز میان ویژگی‌ها و افزایش و یا کاهش ابعاد ویژگی‌هاست. در مواردی که دادگان را ذاتاً نمی‌توان با یک خط یا ابرصفحه به صورت خطی جدا کرد، از تبدیل‌های غیرخطی، نظیر تبدیل‌های مبتنی بر هسته یا برخی تبدیلات مبتنی بر خمینه استفاده می‌شود (لو و همکاران، ۲۰۰۶).

مطالعات زیادی در زمینه روش‌های تبدیل داده و ویژگی انجام شده است. از جمله روش‌های تبدیل ویژگی خطی می‌توان به موارد زیر اشاره کرد. تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های اصلی^۱ (PCA) براساس مقادیر ویژه و بردارهای ویژه عمل می‌کند و بردارهای ویژه‌ای را بر می‌گرداند که دارای مقدار ویژه بزرگ‌تری باشند (جولیف، ۱۹۸۶). روش تجزیه و تحلیل تفکیک‌پذیری خطی^۲ (LDA) براساس معیار فیشر عمل می‌کند. این روش با ناظر سعی در به‌دست‌آوردن تبدیلی دارد که واریانس درون‌دسته‌ای را کاهش و واریانس میان‌دسته‌ای را افزایش دهد (لوک و همکاران، ۲۰۰۱). عدم همبستگی دادگان در دسته‌بندی مطلوب است و از این رو روش تجزیه و تحلیل تفکیک‌پذیری خطی غیر همبسته^۳ (ULDA) مطرح شده است. این روش تبدیلی بدست می‌دهد که علاوه بر افزایش معیار فیشر، همبستگی آماری مؤلفه‌های ویژگی را کاهش می‌دهد (جین و همکاران، ۲۰۰۱). از جمله روش‌های غیرخطی می‌توان به تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های اصلی غیرخطی^۴ (NLPCA) اشاره کرد که مشابه با PCA برای تعیین و کاهش همبستگی داده‌ها به کار می‌رود. روش PCA همبستگی خطی بین ویژگی‌ها را مشخص؛ اما NLPCA همبستگی خطی و غیرخطی بین ویژگی‌ها را بدون توجه به ماهیت غیرخطی داده‌ها مشخص می‌کند. در روش NLPCA یک شبکه عصبی برای تعیین نگاشت غیرخطی آموزش داده می‌شود (مالتوس، ۱۹۹۸ و زورس و همکاران، ۱۹۹۸). دیدگاه غیرخطی دیگر استفاده از تابع هسته است؛ به این معنی که ابتدا با تابع هسته داده‌ها به فضای غیرخطی نگاشت داده می‌شوند و در این فضا نگاشت خطی اعمال می‌شود. این ایده در روش‌های تبدیل ویژگی نظیر تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های اصلی مبتنی بر هسته^۵ (KPCA) و آنالیز متمایزسازی خطی مبتنی بر هسته^۱ (K LDA) به کار می‌رود (بهزاد زمانی و همکاران، ۱۳۸۹). ایده هسته در ماشین بردار پشتیبان (SVM) غیرخطی نیز به کار می‌رود (وینیک، ۱۹۹۸ و کریستینا و همکاران، ۲۰۰۰). تمام روش‌های خطی و غیر خطی نام برده در بالا از معیارهای مبتنی بر تعامد، استقلال یا تمایز بین دسته داده‌ها استفاده می‌کنند و معیار تبدیل آنها با معیار خطا و نوع روش دسته‌بندی مرتبط نیست.

برخی از روش‌های تبدیل یا انتخاب ویژگی با استفاده از الگوریتم‌های تکاملی به‌دست می‌آیند. از این روش‌ها می‌توان به یک روش بهبود تمایز طبقه‌ای مبتنی بر الگوریتم انتخاب ویژگی اشاره کرد که برای دسته‌بندی تصاویر سنجش از راه دور ارائه شده است (حسین فیاضی و همکاران، ۱۳۹۱). در این روش مسأله انتخاب ویژگی با جستجو در یک فضای بهینه است که در آن طبقه‌های مختلف به‌طور مؤثرتر قابل تمایز هستند. عملیات جستجو با استفاده از الگوریتم ژنتیک انجام می‌شود؛ هر فرزند یک انتخاب از زیرفضا بوده و تابع برازندگی یک اندازه‌گیری از جداسازی طبقه‌ها در هر زیر فضا است (استیفان و همکاران، ۲۰۰۷). در روشی دیگر برای بهینه‌سازی فضای ویژگی در مسائل بازشناسی الگو از الگوریتم ژنتیک برای بهبود کارایی مجموعه داده‌ها و دسته‌بندی‌ها به‌وسیله دسته‌بندی‌هایی از جمله: رگرسیون خطی و بیز استفاده شده است (ژیجیان و همکاران، ۲۰۰۳). به‌منظور غلبه بر مشکلات مربوط به ویژگی‌های موجود در مسائل مربوط به توصیف سیگنال‌های صوتی از جمله: کمبود قدرت افتراق و همچنین به‌منظور کاهش انتخاب ویژگی دستی در این گونه مسائل، استفاده از الگوریتم‌های تکاملی پیشنهاد می‌شود. در این الگوریتم‌ها یک تکنیک سنتز ارزیابی ویژگی پیشنهاد شده است که بر روی عملگرهای خطی و غیر خطی بهینه جستجو می‌شود، این فرآیند جستجو براساس الگوریتم تکاملی بهینه‌سازی ذرات صورت می‌گیرد (تونی و همکاران، ۲۰۱۲). از دیگر کاربردهای الگوریتم ژنتیک چندهدفه در انتخاب ویژگی، ترکیب معیارهای مختلف فیلترینگ است که مبتنی بر ویژگی‌های کلی داده بوده و با توجه به همبستگی ویژگی‌های طبقه‌ها، جستجو را بر روی زیرمجموعه‌ای از ویژگی‌ها انجام می‌دهد (نیوتن و همکاران، ۲۰۱۱).

در مورد دسته‌بندی، یکی از مهم‌ترین دسته‌بندی‌های متمایزسازی ماشین بردار پشتیبان^۷ (SVM) است. SVM براساس معیار بیشینه‌کردن حاشیه‌ها برای متمایزسازی و دسته‌بندی داده‌های آموزشی بکار می‌رود. ابرصفحه‌های زیادی می‌توانند داده‌ها را برای دسته‌بندی، بین دو دسته تقسیم کنند. انتخاب مناسب ابرصفحه بهینه با استفاده از بردارهای پشتیبان نشان‌دهنده بزرگ‌ترین جداکننده و یا حاشیه بین دو دسته است (خان و همکاران، ۲۰۱۲). برای

⁷Support Vector Machine

¹Principal Component Analysis (PCA)

²Linear Discriminant Analysis (LDA)

³Uncorrelated LDA (ULDA)

⁴Nonlinear Principal Component Analysis (NLPCA)

⁵Kernel Principal Component Analysis (KPCA)

⁶Kernel Linear Discriminant Analysis (K LDA)

مطالعات زیادی در زمینه روش‌های تبدیل داده و ویژگی انجام شده است. تجزیه و تحلیل متمایزساز خطی (LDA)، تجزیه و تحلیل متمایزساز خطی هتروسداسستیک¹ (HLDA)، تجزیه و تحلیل متمایزساز خطی توانی² (PLDA) و تجزیه و تحلیل متمایزساز خطی ناهمبسته³ (ULDA)، چندین نمونه از روش‌های تبدیل ویژگی متمایزساز می‌باشند.

۲-۱- تجزیه و تحلیل متمایزساز خطی

تجزیه و تحلیل متمایزساز خطی یک تبدیل خطی بهینه را پیدا می‌کند که ویژگی‌های اولیه را از فضای n بعدی به یک فضای k بعدی ($k < n$) نگاشت می‌دهد، به طوری که نسبت واریانس بین دسته‌ای به واریانس درون دسته‌ای افزایش یابد (لوک و همکاران، ۲۰۰۱). فرض یکسان بودن واریانس دسته‌ها در روش LDA، عملکرد این روش را زمانی که واریانس دسته‌ها مشابه نیست، ضعیف می‌کند. سایر روش‌های تبدیل ویژگی از جمله: تجزیه و تحلیل متمایزساز هتروسداسستیک³ (HDA)، (HLDA) و (PLDA) این فرض را از LDA حذف کرده‌اند. نحوه به دست آوردن ماتریس تبدیل LDA به صورت زیر است:

$$B_{LDA} = \arg \max_B J_{LDA}(B) = \arg \max_B \frac{B^T S_b B}{B^T S_w B} \quad (1)$$

که در آن S_b و S_w به ترتیب ماتریس پراکندگی بین دسته‌ای و ماتریس پراکندگی درون دسته‌ای هستند که با استفاده از روابط زیر محاسبه می‌شوند:

$$S_b = \sum_{i=1}^c (u_i - u)(u_i - u)^T \quad (2)$$

$$S_w = \sum_{j=1}^{N_i} (x_i(j) - \mu_i)(x_i(j) - \mu_i)^T \quad (3)$$

در این روابط $x_i(j)$ ، μ_i ، u_i میانگین دسته i ، تعداد دسته‌ها، N_i تعداد نمونه‌ها در دسته i ، میانگین کل دسته‌ها است.

۲-۲- تجزیه و تحلیل متمایزساز خطی

ناهمبسته

تجزیه و تحلیل متمایزساز خطی ناهمبسته، برای استخراج بردارهای ویژگی با ویژگی‌های ناهمبسته پیشنهاد شده است.

دسته‌بندی دسته‌ها، ماشین بردار پشتیبان را می‌توان برای دسته‌بندی داده‌های تفکیک‌پذیر خطی، تفکیک‌ناپذیر خطی، در دو یا چندین دسته به کار برد. وقتی داده‌ها به صورت خطی جدا نمی‌شوند، از ایده هسته در قالب ماشین بردار پشتیبان استفاده می‌شود (وینیک، ۱۹۹۸ و دودا و همکاران، ۲۰۰۱).

در هر حال چنان‌که گفته شد، تبدیل‌های داده‌ای که بر روی دادگان به کار می‌روند، معیاری غیر از معیار بیشینه حاشیه و خطای دسته‌بندی ماشین بردار پشتیبان را به کار می‌گیرند. سؤالی که ایجاد می‌شود، این است که کدام تبدیل ویژگی برای ماشین بردار پشتیبان مناسب‌تر است. برای پاسخ به این سؤال، در مقاله حاضر دو روش پیشنهادی مورد بررسی قرار می‌گیرد. در روش پیشنهادی نخست، تبدیل ویژگی متمایزساز مبتنی بر الگوریتم ژنتیک تک‌هدفه با هدف کمینه کردن خطای ماشین بردار پشتیبان پیشنهاد می‌شود. در روش پیشنهادی دوم، روشی برای تخمین تبدیل ویژگی با استفاده از الگوریتم ژنتیک دوهدفه پیشنهاد می‌شود که به صورت هم‌زمان بتوان معیارهای افزایش تمایز بین دسته‌ای و کاهش خطای دسته‌بندی ماشین بردار پشتیبان را در تبدیل ویژگی در نظر گرفت. این روش‌ها با یکدیگر و دیگر روش‌های متداول متمایزساز تبدیل ویژگی مقایسه شده‌اند.

ادامه مقاله به این صورت تنظیم شده است. در بخش دوم بررسی تبدیلات ویژگی متمایزساز صورت می‌گیرد. در بخش سوم تبدیل ویژگی مبتنی بر الگوریتم ژنتیک تک‌هدفه و در بخش چهارم تبدیل ویژگی‌های مبتنی بر الگوریتم ژنتیک دو هدفه بررسی می‌شود. بخش پنجم، ارزیابی نتایج روش‌های تبدیل ویژگی را برای ماشین بردار پشتیبان و دادگان UCI دربردارد. در نهایت، بخش ششم نیز حاوی نتیجه‌گیری است.

۲- تبدیلات ویژگی متمایزساز

تبدیل ویژگی مسأله مهمی در شناسایی الگوست. هدف اصلی آن انتقال ویژگی‌های دادگان از فضای اصلی به فضای جدید با ابعاد مساوی یا کم‌تر است، که در این فضا توصیف ساختار داده‌ها بهتر انجام می‌گیرد. این توصیف می‌تواند براساس معیارهای متفاوتی نظیر متمایزسازی یا تعامد ویژگی‌ها باشد. این توصیف در مورد معیارهای متمایزسازی سبب می‌شود که داده‌ها بهتر از هم تفکیک پذیر شوند.

¹ Heteroscedastic Linear Discriminant Analysis (HLDA)

² Power Linear Discriminant Analysis (PLDA)

³ Heteroscedastic Discriminant Analysis (HDA)

البته هر دو روش LDA و ULDA کلاسیک، وقتی که کل ماتریس پراکندگی غیرتکین است، ماتریس تبدیل یکسانی فراهم می‌کنند. براساس این هم‌ارزی، الگوریتم‌های مختلف کارآمدی از ULDA برای محاسبه بردارهای متمایز ساز بهینه آن ارائه شده است. در یک روش ULDA که مبتنی بر قطری بودن ماتریس‌های پراکندگی است، تبدیلی به‌دست می‌آید که علاوه بر افزایش معیار فیشر، کاهش همبستگی مؤلفه‌های ویژگی تبدیل یافته به‌طور آماری را در نظر دارد. این ماتریس به‌صورت زیر به‌دست می‌آید:

$$B_{ULDA} = \arg \max_B \frac{|B^T S_b B|}{|B^T S_t B + \mu I_1|} \quad (4)$$

که در آن S_t و S_b به ترتیب ماتریس پراکندگی بین‌دسته‌ای و ماتریس پراکندگی کلی هستند و $\mu > 0$ و I_1 ماتریس هماتی است. یک خصوصیت کلیدی ULDA این است که ویژگی‌ها در فضای نگاشت یافته که ممکن است بعد آن نیز کاهش یافته باشد، با همدیگر ناهمبسته هستند (به ، ۲۰۰۵).

۲-۳- تجزیه و تحلیل متمایز ساز خطی هتروسداستیک

تجزیه و تحلیل متمایز ساز خطی هتروسداستیک نخستین بار توسط (کومار ، ۱۹۹۷ و کومار و همکاران ، ۱۹۹۸) پیشنهاد شده تا تعمیمی از LDA باشد. در HLDA فرض می‌شود فضای ویژگی اصلی n -بعدی را به دو زیرفضای آماری مستقل می‌توان تقسیم کرد: درحالی‌که در P بعد مفید (حاوی اطلاعات متمایز ساز)، دسته‌ها به‌خوبی جدا شده‌اند و در $(n-p)$ ابعاد مزاحم ، دسته‌ها هم‌پوشانی دارند. از سوی دیگر، از نظر آماری با بررسی ماتریس کواریانس کلی و ماتریس کواریانس هر دسته ، ماتریس تبدیل استخراج شده از HLDA بهتر از ماتریس تبدیل LDA عمل می‌کند (زو و همکاران ، ۲۰۰۹). برای پیدا کردن تبدیل HLDA، یک مدل با در نظر گرفتن فرضیه بالا (جداسازی به p و $n-p$ بعد) ایجاد می‌شود. ماتریس تبدیل این روش با کمینه‌شدن مقدار تابع هدف زیر به‌دست می‌آید:

$$\xi^* ((x_1, c_1), \dots, (x_L, c_L)) = \sum_c N_c \log(p(c)) + L \log|B| - \sum_c \frac{N_c}{2} \log \left| (B)^p \sum_c (B^p)^T \right| - \frac{L}{2} \log \left| B^{n-p} \sum_c (B^{n-p})^T \right| - \frac{nL}{2} \log(2\pi e) \quad (5)$$

که در آن L مجموعه آموزشی (بردارهای ستونی) از x_1, \dots, x_L ، با n بعد است که بر حسب طبقه آنها با c_1, \dots, c_L که $c_i \in \{1, \dots, C\}$ مشخص می‌شود، C تعداد طبقه‌ها، N_c تعداد نمونه‌های طبقه c نام است و با توجه به آن $N_1 + N_2 + \dots + N_C = L$ و $p(c)$ احتمال پیشین رخداد دسته c است (زو و همکاران ، ۲۰۰۹).

۲-۴- آنالیز متمایز ساز خطی توانی

در این زیر بخش چارچوب جدیدی که تجزیه و تحلیل متمایز ساز خطی توانی نامیده می‌شود ارائه شده است (ساکایی و همکاران ، ۲۰۰۷). این روش یک تفسیر جدید را با استفاده از LDA استاندارد و HDA ایجاد می‌کند. HDA، تجزیه و تحلیل متمایز ساز خطی است که در چارچوب تخمین بیش‌ترین درست‌نمایی^۱ می‌رود و آن را می‌توان معادل غیرخطی HLDA دانست. تابع هدف روش PLDA به‌صورت زیر تعریف می‌شود:

$$F_{PLDA}(B, m) = \frac{|S_b|^{-m} \frac{1}{m}}{|\sum_{k=1}^c P_k S_k|^m} \quad (6)$$

که در آن S_b ماتریس کواریانس بین‌دسته‌ای ، S_k ماتریس کواریانس دسته k ، m و $P_k = \frac{N_k}{N}$ وزن دسته k ام و m یک پارامتر کنترلی است. هر چه m بزرگ‌تر می‌شود، دسته‌ها با واریانس بزرگ‌تر در مخرج معادله (۶) غالب می‌شوند. متقابلاً هر چه m کوچک‌تر می‌شود، دسته‌ها با واریانس کوچک‌تر در مخرج معادله (۶) غالب می‌شوند. بنابراین، تابع هدف این روش تبدیل ویژگی با انتخاب پارامترهای مختلف m ، می‌تواند تابع هدف‌های مختلف از این روش را نشان دهد (ساکایی و همکاران ، ۲۰۰۷). زمانی که پارامتر کنترلی برابر با صفر می‌شود، تابع هدف روش HDA به‌دست می‌آید و زمانی که پارامتر کنترلی برابر یک باشد، تابع هدف روش LDA به‌دست می‌آید.

۳- محاسبه تبدیل ویژگی مبتنی بر

الگوریتم ژنتیک تک‌هدفه

تبدیلات متمایز ساز معرفی شده در بخش قبل، هنگامی که به عنوان پیش پردازش بکار می‌روند، معیارهایی مستقل از معیار خطای دسته‌بند مورد استفاده دارند. لذا در این بخش با استفاده از الگوریتم ژنتیک تک‌هدفه، یک ماتریس تبدیل

¹Maximum Likelihood

است، جمعیت نخستین را به صورت تصادفی در این بازه تولید می‌کنیم.

۳-۲- عمل گر انتخاب

فرآیند انتخاب، فرزندی از جمعیت را براساس برانندگی انتخاب می‌کند. یکی از سازوکارهای انتخاب، استفاده از عمل گر انتخابی به عنوان انتخاب تورنمنت^۱ است. برای عمل گر انتخاب از روش انتخاب تورنمنت سه تایی، میان سه فرزند منتخب به طور تصادفی، از میان جمعیت، جهت انتخاب فرزند برتر بین سه فرزند استفاده می‌کنیم. در این مقاله انتخاب جمعیت فرزندان در نسل بعد از ترکیب جمعیت نسل فعلی و انتخاب مجموعه‌ای از فرزندان نسل بعدی انجام شده است. از آنجا که همه بهترین فرزندان نسل قبلی و فعلی براساس روش مرتب‌سازی در جمعیت اضافه شده‌اند، نخبه‌گرایی^۲ تضمین شده است و بنابراین این روند تکرار، نسل‌های بعدی را تولید می‌کند.

۳-۳- عمل گر ترکیب

در این مقاله برای عمل گر ترکیب از سه روش: تک‌نقطه‌ای، دو نقطه‌ای و یکنواخت استفاده کرده‌ایم که استفاده از هر روش با هر بار فراخوانی این عمل گر به صورت تصادفی انجام می‌شود. این عمل گر با دو والد کار کرده و دو فرزند هم تولید می‌کند. انتخاب دو والد با روش تورنمنت انجام می‌شود. درصد عمل گر تقاطع $0/9$ است.

۳-۴- عمل گر جهش^۳

به علت بزرگی فضای جستجو و برای فرار از بهینه‌های محلی از این عمل گر استفاده می‌شود. برای عمل گر جهش، از بین جمعیت یک فرزند به صورت تصادفی انتخاب و سپس یکی از ژن‌های (درایه‌های ماتریس) آن فرزند نیز به صورت تصادفی انتخاب می‌شود و مقدار اختلاف آن درایه از یک به دست می‌آید. درصد عمل گر جهش $0/20$ است.

۳-۵- تابع برانندگی^۴ (شایستگی)

همان‌طور که در قبل نیز گفته شد، هر کروموزوم یک ماتریس تبدیل ویژگی خطی است و برای سنجش شایستگی در تابع برانندگی از معیار کمینه کردن دقت دسته‌بندی SVM

ویژگی تخمین زده می‌شود که معیار آن کمینه کردن خطای دسته‌بندی ماشین بردار پشتیبان است. در این راستا تابع برانندگی الگوریتم ژنتیک تک‌هدفه بر حسب خطای دسته‌بندی ماشین بردار پشتیبان تعریف می‌شود.

الگوریتم‌های ژنتیکی براساس تئوری تکاملی داروین هستند و نخستین بار در دهه ۷۰ میلادی توسط جان هلند مطرح شدند. این الگوریتم‌ها با یک مجموعه از جواب‌ها که کروموزوم‌ها نام دارد، شروع می‌شوند و الگوریتم در بین مجموعه کروموزوم‌ها بهترین جواب را جستجو می‌کند. همچنین با استفاده از یک تابع برانندگی، میزان مناسب بودن هر کروموزوم مشخص می‌شود. با اعمال عملگرهای ژنتیکی بر روی کروموزوم‌ها، الگوریتم در چند نسل تکرار می‌شود تا زمانی که کل جمعیت به جواب‌های مناسب هم‌گرا شود (جن و همکاران، ۲۰۰۶).

۳-۱- جمعیت نخستین

راه‌حل‌های مختلفی برای تولید جمعیت نخستین وجود دارد از جمله مقداردهی نخستین تصادفی، مقدار دهی نخستین یکسان و سایر. نیاز به روشی است که بتوانیم از یک طرف به یک مجموعه جواب قابل قبول برسیم و از طرف دیگر جمعیت نخستین در نتیجه نهایی تأثیرگذار نباشد، از این رو، جمعیت نخستین می‌بایست به گونه‌ای انتخاب شود که به الگوریتم ژنتیک کمک کرده تا با توجه به ذات آن، هم‌چون جستجو در فضا، تنوع در جمعیت و انتخاب بهترین‌ها، به دنبال راه‌حل‌های بهینه بگردد و هم‌چنین سرعت مسأله را افزایش دهد. بنابراین، مقداردهی نخستین تصادفی در این مقاله به کار رفته است. قابل ذکر است که یکی از آزمایش‌های انجام شده در این زمینه، استفاده از ماتریس تبدیل حاصل از روش تبدیل داده LDA به عنوان جمعیت نخستین بود؛ اما در نهایت با توجه به تعداد تکرار فرآیند انتخاب در الگوریتم ژنتیک، دقت دسته‌بندی این روش و روشی که در آن جمعیت نخستین تصادفی انتخاب شده بود، برابر شد. در نهایت برای تمامی روش‌ها مقداردهی نخستین تصادفی برای ماتریس‌های تبدیل و در واقع جمعیت نخستین در الگوریتم ژنتیک انتخاب شد.

برای ایجاد جمعیت نخستین، با فرض داشتن d ویژگی برای هر نمونه از داده‌ها، ماتریس نگاشت داده‌ها یک ماتریس $d*d$ است و هر درایه ماتریس در فاصله $[-1,1]$

¹ Tournament Selection

² Elitism

³ Mutation

⁴ Fitness Function

استفاده می‌شود. نوع دسته داده‌های آموزشی و آزمایشی را داریم. تابع برازندگی برای دسته‌بند SVM به‌منظور تخمین تعداد دادگان درست تخمین زده شده به‌صورت زیر است:

$$F = \frac{N_{cor}}{N} \quad (7)$$

که در آن N_{cor} ، تعداد دادگان آزمایشی درست تشخیص داده شده و N تعداد کل دادگان آزمایشی است و دادگان آموزشی برای الگوریتم ژنتیک، همان دادگان آموزشی ماشین بردار پشتیبان هستند.

۴- تبدیل ویژگی‌های مبتنی بر الگوریتم ژنتیک دوهدفه

همان‌طور که گفته شد، تبدیلات متمایزساز معرفی شده در بخش ۲، هنگامی که به‌عنوان پیش‌پردازش به‌کار می‌روند، معیارهایی مستقل از معیار خطای دسته‌بند مورد استفاده دارند و در بخش ۳، یک تبدیل ویژگی با الگوریتم ژنتیک تک‌هدفه با معیار کمینه‌کردن خطای دسته‌بندی ماشین بردار پشتیبان برای تابع برازندگی تعریف شد. در این بخش با هدف در نظر گرفتن وضعیت داده‌ها و تمایز بین دسته‌ای آنها در کنار کمینه‌شدن خطای ماشین بردار پشتیبان، پیشنهاد می‌شود با استفاده از الگوریتم ژنتیک چندهدفه تبدیل ویژگی تخمین زده شود که معیار آن بیشینه‌شدن تابع هدفی از خانواده تبدیلات متمایزساز و کمینه‌کردن خطای دسته‌بندی ماشین بردار پشتیبان به‌صورت هم‌زمان باشد.

در این روش، دو تابع برای برازندگی تعریف می‌شود. به‌عنوان نخستین تابع هدف، از معیار فیشر روش‌های متمایزساز خطی استفاده شده است و همچنین برای تعریف دومین تابع هدف، از خطای دسته‌بندی ماشین بردار پشتیبان استفاده شده است که در ادامه شرح داده خواهد شد.

در پیاده‌سازی بسیاری از مسائل، به‌طور معمول ما با مواردی روبه‌رو هستیم که شامل یک هدف نیستند و اغلب مسائلی چندهدفه هستند یعنی می‌خواهیم به‌طور هم‌زمان چندین هدف را بهینه‌سازی کنیم. بهینگی هم‌زمان چند هدف با هم امکان‌پذیر نیست و در مسائل چندهدفه، به‌طور معمول هدف‌ها در تناقض با یکدیگر هستند و مسائلی مانند مقیاس هر هدف، مشکلات زیادی را ایجاد می‌کند. از این رو چگونگی ترکیب این اهداف بسیار مهم است. روش‌های زیادی بدین منظور وجود دارد.

یکی از کاراترین این روش‌ها، نسخه دوم الگوریتم ژنتیک با مرتب‌سازی نامغلوب یا NSGA-II است. الگوریتم NSGA-II یکی از پرکاربردترین و قدرتمندترین الگوریتم‌های موجود برای حل مسائل بهینه‌سازی چندهدفه است و کارایی آن در حل مسائل مختلف، به اثبات رسیده است. سرینیواس و دب در سال ۱۹۹۵ روش بهینه‌سازی NSGA را برای حل مسائل بهینه‌سازی چندهدفه معرفی کردند (سرینیواس و همکاران، ۱۹۹۵). نکات برجسته‌ای که در مورد این روش بهینه‌سازی وجود دارند، عبارتند از:

- جوابی که هیچ جواب دیگری، به‌طور قطع بهتر از آن نباشد، دارای امتیاز بیشتری است. جواب‌ها براساس این که چند جواب بهتر از آن‌ها وجود داشته باشند، رتبه‌بندی و مرتب می‌شوند.
 - شایستگی (برازندگی) برای جواب‌ها بر حسب رتبه آن‌ها و عدم غلبه سایر جواب‌ها، اختصاص می‌یابد.
 - از شیوه اشتراک برازندگی^۱ برای جواب‌های نزدیک استفاده می‌شود تا به این ترتیب پراکندگی جواب‌ها به‌نحو مطلوبی تنظیم و جواب‌های به‌طور یکنواخت در فضای جستجو پخش شوند.
- با توجه به حساسیت به‌نسبه زیادی که نحوه عملکرد و کیفیت جواب‌های الگوریتم NSGA به پارامترهای اشتراک برازندگی و سایر پارامترها دارند، نسخه دوم الگوریتم NSGA با نام NSGA-II توسط دب و همکارانش در سال ۲۰۰۰ معرفی شد (دب و همکاران، ۲۰۰۲). ویژگی‌های عمده این الگوریتم عبارتند از:

- تعریف فاصله تراکمی^۲ به‌عنوان ویژگی جایگزین برای شیوه‌هایی مانند اشتراک برازندگی.
- استفاده از عملگر انتخاب تورنمنت دودویی.
- ذخیره و بایگانی کردن جواب‌های نامغلوب که در مراحل قبلی الگوریتم به‌دست آمده‌اند (تضمین نخبه‌گرایی). جواب‌های نامغلوب به‌دست‌آمده از حل مسأله بهینه‌سازی چندهدفه، بیش‌تر به نام جبهه پارتو شناخته می‌شوند (دب و همکاران، ۲۰۰۲).

۴-۱- جمعیت اولیه

همان‌طور که در بخش ۳-۱ ذکر شد، برای ایجاد جمعیت نخستین، با فرض داشتن d ویژگی برای هر نمونه از داده‌ها، ماتریس نگاشت داده‌ها یک ماتریس $d*d$ است و هر درایه

¹Fitness Sharing

²Crowding Distance

عمل‌گر تقاطع تک‌نقطه‌ای در رشته‌های باینری را شبیه‌سازی می‌کند. این عمل‌گر با دو والد کار کرده و دو فرزند هم تولید می‌کند و این دو والد عبارتند از:

$$c_{1,k} = \frac{1}{2}[(1-B_k)p_{1,k} + (1+B_k)p_{2,k}] \quad (8)$$

$$c_{2,k} = \frac{1}{2}[(1+B_k)p_{1,k} + (1-B_k)p_{2,k}] \quad (9)$$

که در آن $c_{i,k}$ ، فرزند i ام با مؤلفه k ام است، والد انتخاب شده می‌باشد و $B_k \geq 0$ ، یک نمونه از یک عدد تصادفی تولید شده است که دارای تابع چگالی زیر است:

$$p(B) = \frac{1}{2}(\eta_c + 1)B^{\eta_c}, \text{ if } 0 \leq B \leq 1 \quad (10)$$

$$p(B) = \frac{1}{2}(\eta_c + 1)\frac{1}{B^{\eta_c+2}}, \text{ if } B > 1 \quad (11)$$

این توزیع را می‌توان از یک تعداد نمونه تصادفی یکنواخت u بین $(0, 1)$ ، به دست آورد که شاخص توزیع برای عمل‌گر تقاطع است و مقدار آن ≈ 2.0 می‌باشد. این است که:

$$B(u) = \frac{1}{(2u)^{(\eta+1)}} \quad (12)$$

$$B(u) = [2(1-u)]^{\frac{1}{(\eta+1)}} \quad (13)$$

درصد عملگر تقاطع ≈ 0.9 است.

۴-۴- عمل‌گر جهش چندجمله‌ای

به علت بزرگی فضای جستجو و برای فرار از بهینه‌های محلی از این عمل‌گر استفاده شده است. عمل‌گر جهش به صورت زیر در این الگوریتم محاسبه می‌شود:

$$c_k = p_k + (p_k^u - p_k^l)\delta_k \quad (14)$$

که در آن c_k فرزند، p_k والد با کران بالای p_k^u و کران پایینی p_k^l و δ_k متغیر کوچکی است که یک توزیع چندجمله‌ای را با رابطه زیر محاسبه می‌کند:

$$\delta_k = \frac{1}{(2r_k)^{\eta_m+1}} - 1, \text{ if } r_k < 0.5 \quad (15)$$

$$\delta_k = 1 - [2(1-r_k)]^{\eta_m+1}, \text{ if } r_k \geq 0.5 \quad (16)$$

که در آن r_k یک تعداد نمونه تصادفی یکنواخت بین $(0,1)$ است و η_m شاخص توزیع جهش و مقدار آن بیست است. احتمال جهش $\frac{1}{n}$ است که در آن n تعداد متغیرهای تصمیم‌گیری می‌باشد با توجه به دو متغیر تصمیم‌گیری مقدار آن 0.5 است (کناک و همکاران، ۲۰۰۶ و دب و همکاران، ۲۰۰۲).

ماتریس در فاصله $[0,1]$ است، جمعیت نخستین را به صورت تصادفی در این بازه تولید می‌کنیم. با فرض داشتن چهار ویژگی، ماتریس نگاشت داده‌ها در شکل (۴-۱) نشان داده شده است.

$X_{1,1}$	$X_{1,2}$	$X_{1,3}$	$X_{1,4}$
$X_{2,1}$	$X_{2,2}$	$X_{2,3}$	$X_{2,4}$
$X_{3,1}$	$X_{3,2}$	$X_{3,3}$	$X_{3,4}$
$X_{4,1}$	$X_{4,2}$	$X_{4,3}$	$X_{4,4}$

(شکل ۴-۱): ماتریس نگاشت داده‌ها برای ۴ ویژگی

۴-۲- عمل‌گر انتخاب

در این مقاله با استفاده از روش انتخاب تورنمنت دودویی، فرزندهایی از جمعیت را براساس تابع برازندگی انتخاب می‌کند. در روش انتخاب دودویی، دو جواب تصادفی از میان جمعیت انتخاب و سپس میان این دو جواب، مقایسه‌ای انجام می‌شود و هر کدام که بهتر باشد، در نهایت انتخاب می‌شود. مبنای انتخاب و گزینش اعضای جمعیت براساس دو پارامتر رتبه مغلوب‌نشدن و فاصله ازدحام است. در ابتدا، جمعیت فرزندان با ترکیب جمعیت نسل فعلی و انتخاب مجموعه‌ای از فرزندان نسل بعدی انجام می‌شود. از آنجا که همه بهترین فرزندان نسل قبلی و فعلی در جمعیت اضافه شده‌اند، نخبه‌گرایی تضمین شده است. اعضای جمعیت تازه تشکیل‌یافته، ابتدا برحسب رتبه از روش مرتب‌سازی نامغلوب و به صورت صعودی مرتب می‌شوند. اعضای از جمعیت که رتبه یکسانی دارند، برحسب فاصله ازدحامی و به صورت نزولی مرتب می‌شوند؛ حال اعضای جمعیت در درجه نخست برحسب رتبه و در درجه دوم برحسب فاصله ازدحامی مرتب‌سازی شده‌اند. برابر با تعداد افراد جمعیت اصلی، اعضای از بالای فهرست مرتب‌شده انتخاب می‌شوند و بقیه اعضای جمعیت دور ریخته می‌شوند. اعضای انتخاب‌شده جمعیت نسل بعدی را تشکیل می‌دهند و چرخه مذکور در این بخش، تا محقق شدن شرایط خاتمه، تکرار می‌شود.

۴-۳- عمل‌گر تقاطع

در این مقاله از عمل‌گر تقاطع باینری شبیه‌سازی شده (SBX^1) استفاده کرده‌ایم. این عمل‌گر اصول کاری

¹Simulated Binary Crossover

۴-۵- تابع برازندگی (شایستگی)

همانطور که در قبل نیز گفته شد، هر فرزند یک ماتریس تبدیل ویژگی خطی است که برای سنجش شایستگی آن باید از بیشینه شدن معیار فیشر خانواده‌ای از تبدیلات متمایزسازی خطی و کمینه کردن نرخ خطای دسته‌بند ماشین بردار پشتیبان به صورت توأمان استفاده شود.

تابع ارزیاب نخست برای تمایز بیشتر بین طبقه‌ها با توجه به تابع هدف هر یک از روش‌های تبدیل ویژگی صورت می‌گیرد و هدف بیشینه شدن این توابع است. ارزیابی تابع نخست در هر یک از روش‌های تبدیل ویژگی براساس توابع هدف معرفی شده در (۱)، (۴)، (۵) و (۶) جایگزین می‌شود. B ماتریس تبدیل $d*d$ است که به صورت تصادفی در ابتدا ایجاد شده است و d تعداد ویژگی‌های هر مجموعه داده است.

تابع ارزیاب دوم برای کمینه کردن خطای دسته‌بند ماشین بردار پشتیبان برحسب تعداد نمونه‌های آزمایشی درست تشخیص داده شده، مشابه رابطه (۷) تعریف می‌شود.

ازدحامی در هر جبهه بین دو فرزند به صورت زیر محاسبه می‌شود:

$$I(d_k) = \frac{I(k+1).m - I(k-1).m}{f_m^{\max} - f_m^{\min}} \quad (17)$$

که در آن $I(k+1).m$ ، فاصله ازدحام تابع هدف m از فرزند k ام را نشان می‌دهد.

در پیاده‌سازی این مقاله، SVM در دو بخش مجزا بکار برده شده است، نرم‌افزار MATLAB و Weka. هم در نرم‌افزار MATLAB از تولباکس LIBSVM و هم در نرم‌افزار Weka از تولباکس LIBSVM استفاده شده است.

۵- ارزیابی روش‌های پیشنهادی

جهت ارزیابی روش‌های پیشنهادی از ۹ مجموعه داده: Iris، Jonosphere، Diabetes، Wine، Tae، Cmc، Glass، Waveform و Vowel از پایگاه داده UCI استفاده شده است که مشخصات آنها در جدول (۵-۱) مشخص شده است.

(جدول ۵-۱): ساختار دادگان دوبعدی مورد استفاده

تعداد دسته‌ها	تعداد نمونه‌ها	تعداد ویژگی‌ها	نام دادگان
۳	۱۵۰	۴	Iris
۶	۲۱۴	۹	Glass
۳	۱۴۷۳	۹	Cmc
۳	۱۵۱	۵	Tae
۳	۱۷۸	۱۳	Wine
۲	۷۶۸	۸	Diabetes
۳	۵۰۰۰	۲۱	Waveform
۱۱	۹۹۰	۱۳	Vowel

از SVM به صورت خطی و مبتنی بر هسته چندجمله‌ای درجه دوم و هسته گاوسین با پارامتر ۵ برای ارزیابی روش‌های پیشنهادی استفاده شده است. برای ارزیابی روش‌ها، ۶۰٪ داده‌ها از هر دادگان به عنوان داده آموزشی و ۴۰٪ بقیه به عنوان داده آزمایشی در نظر گرفته شده است. برنامه با استفاده از نرم‌افزار MATLAB نوشته شده و جهت دسته‌بندی داده‌ها نیز از نرم‌افزار Weka استفاده شده است. زیربخش نخست نتایج حاصل از دسته‌بندی‌های مختلف را نشان می‌دهد. در زیربخش دوم ارزیابی نتایج تبدیل ویژگی مبتنی الگوریتم ژنتیک تک‌هدفه و تبدیلات

۴-۶- روش مرتب‌سازی نامغلوب

اعضای جمعیت در داخل جبهه‌هایی (دسته‌هایی) قرار می‌گیرند؛ به گونه‌ای که اعضای موجود در جبهه اول، یک مجموعه به طور کامل غیرمغلوب توسط دیگر اعضای جمعیت فعلی است. اعضای موجود در جبهه دوم نیز به همین مینا تنها توسط اعضای جبهه نخست مغلوب شده و این روند به همین صورت در جبهه‌های دیگر ادامه یافته تا به تمام اعضای موجود در هر جبهه، یک رتبه بر مبنای شماره جبهه اختصاص داده شود. به جبهه نخست رتبه یک، به جبهه دوم رتبه دو و به همین ترتیب به آخرین جبهه رتبه‌ای برابر با شماره آخرین جبهه اختصاص داده می‌شود.

۴-۷- فاصله ازدحام

پس از اینکه مرتب‌سازی نامغلوب براساس رتبه، کامل می‌شود، فاصله ازدحام همه فرزندان در جمعیت با یک مقدار فاصله ازدحام تخصیص داده می‌شود. فاصله ازدحام براساس فاصله اقلیدسی بین فرزندان در یک جبهه به فرزندان هر جبهه تخصیص داده می‌شود. به این ترتیب که، بعد از مرتب شدن ذرات در هر جبهه براساس تابع هدف f_m ، فاصله ازدحامی ذره نخست و آخر در هر جبهه برابر بی‌نهایت قرار می‌گیرد $I(d_1) = \infty$ و $I(d_n) = \infty$. سپس فاصله

متمایزسازی و در زیربخش سوم ارزیابی نتایج تبدیل ویژگی مبتنی بر الگوریتم ژنتیک دوهدفه نشان داده می‌شود و در زیربخش چهارم مقایسه این روش‌ها بررسی می‌شود.

۱-۵- ارزیابی نتایج تبدیل ویژگی مبتنی

الگوریتم ژنتیک تک‌هدفه

اندازه جمعیت در الگوریتم ژنتیک ۳۰ و حداکثر تعداد نسل‌ها ۱۰۰ در نظر گرفته شده است. شرط توقف، رسیدن به حداکثر تعداد نسل‌هاست و یا اینکه بهترین فرزندان با تابع برازندگی کمینه مقدار دقت دسته‌بندی SVM انتخاب شده باشند.

در جدول (۲-۵) نتایج قبل و بعد از انجام تبدیلات ویژگی متمایزسازی و نتایج الگوریتم ژنتیک تک‌هدفه نشان داده شده است. نام روش‌های تبدیل بر روی ستون‌ها و نام دسته‌بند و دادگان بر روی ردیف‌ها ذکر شده‌اند. در جدول، لفظ Normal بیان‌گر حالتی است که هیچ نوع تبدیل ویژگی به‌کار نرفته است،^۱ GA-MCE بیان‌گر روش پیشنهادی مبتنی بر الگوریتم ژنتیک است.

در روش GA-MCE تبدیل ویژگی مرتبط با هر یک از روش‌های SVM به‌صورت خطی و مبتنی بر هسته چندجمله‌ای درجه دوم و هسته گاوسین با پارامتر پنج به‌صورت جداگانه به‌دست آمده و سپس دقت دسته‌بندی هر یک از آنها محاسبه شده است.

در جدول (۲-۵) نتایج حاکی از آن است که روش‌های LDA، ULDA، HLDA و PLDA، زمانی که برای تبدیل ویژگی‌ها به‌کار می‌روند و ماشین بردار پشتیبان برای ویژگی‌های تبدیل‌یافته آموزش می‌بینند، درصد بازشناسی آن نیز بهبود می‌یابد. در روش GA-MCE، نتایج حاکی از آن است که آموزش روش‌های تبدیل ویژگی خطی با الگوریتم ژنتیک نسبت به سایر روش‌های تخمین تبدیل بدون الگوریتم ژنتیک مشابه خود دقت دسته‌بندی بالاتری را ایجاد می‌کند و یا کارایی هم‌پایی را دارد.

نتایج نشان می‌دهند که در اکثر روش‌های پیشنهادی و برای اکثر دادگان، دقت دسته‌بندی مبتنی بر توابع هسته نسبت به حالت دقت دسته‌بندی با تابع SVM خطی بیشتر است و یا کارایی هم‌پایی دارد.

در جدول (۲-۵) بهترین نتایج به‌صورت ضخیم و زیرخطدار، دقت‌های در رتبه دوم به صورت ضخیم و

دقت‌های دارای رتبه سوم به‌صورت زیرخطدار نشان داده شده‌اند.

۲-۵- ارزیابی نتایج تبدیل ویژگی مبتنی بر

الگوریتم ژنتیک دوهدفه

اندازه جمعیت در الگوریتم ژنتیک ۱۰۰ و حداکثر تعداد نسل‌ها ۲۰۰ در نظر گرفته شده است. شرط توقف، رسیدن به حداکثر تعداد نسل‌هاست و یا این‌که بهترین فرزندان با تابع برازندگی بیشینه‌شدن معیار فیشر خانواده‌ای از تبدیلات متمایزسازی خطی و کمینه مقدار دقت دسته‌بندی SVM به‌طور توأمان انتخاب شده باشند.

در جدول (۳-۵) و جدول (۴-۵)، نام روش‌های تبدیل بر روی ستون‌ها و نام دسته‌بند و دادگان بر روی ردیف‌ها ذکر شده‌اند. در جدول، لفظ Normal بیان‌گر حالتی است که هیچ نوع تبدیل ویژگی به‌کار نرفته است؛ همچنین $GA(HLDA+SVM_MCE)$ ، $MGA(LDA+SVM_MCE)$ ، $GA(PLDA+SVM_MCE)$ و $MGA(ULDA+SVM_MCE)$ بیان‌گر حالتی است که ماتریس تبدیل، با استفاده از الگوریتم ژنتیک دوهدفه و تابع برازندگی بیشینه‌شدن معیار فیشر خانواده‌ای از تابع برازندگی بیشینه‌شدن معیار فیشر خانواده‌ای از تبدیلات متمایزسازی خطی و کمینه مقدار دقت دسته‌بندی LIBSVM به‌طور توأمان به‌دست آمده است.

این جداول برای نمایش و مقایسه روش‌های دوهدفه با روش‌های استاندارد متمایزسازی متناظرشان به‌کار رفته‌اند. با مقایسه روش‌های Normal، LDA و MGA $(LDA+SVM_MCE)$ در جدول (۳-۵) نتایج نشان می‌دهد که بر روی اکثر دادگان روش LDA نسبت به Normal بهتر بوده و روش $(LDA+SVM_MCE)$ MGA همچنین نسبت LDA دقت دسته‌بندی بیشتری دارد؛ که این نشان‌گر مؤثر بودن در نظر گرفتن توأمان معیارهای متمایزسازی و خطای طبقه‌بندی است. با مقایسه روش‌های ULDA و $MGA(ULDA+SVM_MCE)$ در جدول (۳-۵)، می‌توان مشاهده کرد که در نظر گرفتن خطای طبقه‌بندی به‌همراه معیار متمایزسازی ULDA سبب افزایش کارایی آن در بهبود نتایج دسته‌بندی SVM شده است.

در جدول (۴-۵) نیز مقایسه روش‌های PLDA و $MGA(PLDA+SVM_MCE)$ نشان‌گر نتایج بهتر برای روش تبدیل ویژگی $MGA(PLDA+SVM_MCE)$ است که

^۱Genetic Algorithm-Minimum Classification Error

(جدول ۵-۲) : دقت دسته‌بندی SVM مبتنی بر هسته‌های مختلف و بر روی دادگان مختلف جهت ارزیابی روش‌های تبدیلات

متمايز ساز و الگوریتم ژنتیک تک‌هدفه

دسته‌بند SVM مبتنی بر هسته	دادگان	Normal	LDA	HLDA	ULDA	PLDA	GA-MCE
خطی	Iris	۹۸.۳۳	۱۰۰	۹۸.۳۳	۱۰۰	۱۰۰	۱۰۰
	Glass	۵۵.۸۱	۵۲.۳۳	۵۶.۹۸	۵۸.۱۴	۵۲.۳۳	۷۴.۴۲
	Cmc	۴۲.۷۸	۴۴.۶۵	۴۹.۵۸	۴۴.۴۸	۴۳.۴۶	۵۱
	Tae	۵۰	۵۰	۵۰	۵۰	۴۵	۵۵
	Wine	۹۸.۵۹	۱۰۰	۱۰۰	۱۰۰	۹۴.۳۷	۱۰۰
	Diabetes	۷۹.۴۸	۷۸.۸۳	۷۸.۵	۷۸.۸۳	۷۸.۱۸	۸۱.۱۱
	Waveform	۸۷.۴۵	۸۷.۴۵	۸۷.۵	۸۷.۶	۸۷.۵	۸۸
	Vowel	۴۸.۰۵	۴۹.۷۸	۴۸.۰۵	۴۸.۲۷	۴۵.۶۷	۶۷.۱۱
چند جمله‌ای درجه دوم	Iris	۹۸.۳۳	۱۰۰	۹۸.۳۳	۱۰۰	۱۰۰	۱۰۰
	Glass	۶۶.۲۸	۷۰.۹۳	۶۹.۷۷	۷۰.۹۳	۶۳.۹۵	۷۷.۲۴
	Cmc	۵۱.۲۷	۵۱.۶۱	۵۱.۱۰	۵۱.۶۱	۵۲.۱۲	۵۶.۶۷
	Tae	۵۵	۵۶.۶۷	۵۵	۵۳.۳۳	۵۵	۵۶.۶۷
	Wine	۹۸.۵۹	۱۰۰	۱۰۰	۱۰۰	۹۲.۹۶	۱۰۰
	Diabetes	۸۱.۱۱	۷۹.۴۸	۷۹.۸	۷۸.۵	۷۷.۲	۸۲.۴۸
	Waveform	۸۷.۶	۸۷.۴۵	۸۷.۵۵	۸۶.۶۵	۸۷.۶	۸۸.۱۳
	Vowel	۵۱.۰۸	۵۳.۴۶	۵۲.۸۱	۵۱.۵۲	۴۳.۵۱	۷۵.۲۱
تابع پایه شعاعی یا پارامترگاما ۵	Iris	۹۶.۶۷	۹۸.۳۳	۹۶.۶۷	۹۸.۳۳	۹۸.۳۳	۹۸.۳۳
	Glass	۶۷.۴۴	۷۶.۷۴	۷۰.۹۳	۷۰.۹۳	۶۹.۷۷	۷۹.۰۷
	Cmc	۵۰.۲۵	۵۰.۰۸	۴۸.۳۹	۴۹.۹۲	۵۲.۶۳	۵۵.۹۵
	Tae	۵۸.۳۳	۵۵	۵۶.۶۷	۵۵	۵۵	۶۰
	Wine	۹۸.۵۹	۹۴.۳۷	۹۸.۵۹	۹۸.۵۹	۹۴.۳۷	۱۰۰
	Diabetes	۷۵.۵۷	۷۶.۵۵	۷۸.۵	۷۷.۵۲	۷۱.۹۹	۸۱.۱۱
	Waveform	۸۷.۶۵	۸۵.۲	۸۵.۱	۸۶.۶۵	۸۷.۲۵	۸۸.۴۵
	Vowel	۵۸.۰۱	۴۸.۴۸	۵۰.۶۵	۵۳.۹۰	۲۵.۳۲	۶۸.۸۳

(جدول ۵-۳): دقت دسته‌بندی SVM مبتنی بر هسته‌های مختلف و بر روی دادگان مختلف جهت ارزیابی روش‌های تبدیل ویژگی با الگوریتم ژنتیک دوهدفه با توابع هدف LDA، ULDA و خطای طبقه‌بندی SVM

دسته‌بند SVM مبتنی بر هسته	دادگان	Normal	LDA	MGA (LDA+ SVM_MCE)	ULDA	MGA (ULDA+ SVM_MCE)
خطی	Iris	۹۸.۳۳	۱۰۰	۱۰۰	۱۰۰	۱۰۰
	Glass	۵۵.۸۱	۵۲.۳۳	۶۹.۷۷	۵۸.۱۴	۶۸.۶
	Cmc	۴۲.۷۸	۴۴.۶۵	۴۹.۹۲	۴۴.۴۸	۵۱.۶۱
	Tae	۵۰	۵۰	۵۰	۵۰	۵۰
	Wine	۹۸.۵۹	۱۰۰	۹۸.۵۹	۱۰۰	۱۰۰
	Diabetes	۷۹.۴۸	۷۸.۸۳	۸۰.۴۵	۷۸.۸۳	۷۷.۵۱
	Waveform	۸۷.۴۵	۸۷.۴۵	۸۸.۴	۸۷.۶	۸۸.۴۵
	Vowel	۴۸.۰۵	۴۹.۷۸	۳۴.۸۵	۴۸.۲۷	۴۸.۴۸
چند جمله‌ای درجه دوم	Iris	۹۸.۳۳	۱۰۰	۱۰۰	۱۰۰	۹۸.۳۳
	Glass	۶۶.۲۸	۷۰.۹۳	۷۲.۱۴	۷۰.۹۳	۷۱
	Cmc	۵۱.۲۷	۵۱.۶۱	۵۳	۵۱.۶۱	۵۳.۶۵
	Tae	۵۵	۵۶.۶۷	۵۸.۳۳	۵۳.۳۳	۵۳.۳۳
	Wine	۹۸.۵۹	۱۰۰	۹۸.۵۹	۱۰۰	۱۰۰
	Diabetes	۸۱.۱۱	۷۹.۴۸	۷۸.۵	۷۸.۵	۷۵.۲۵
	Waveform	۸۷.۶	۸۷.۴۵	۸۶.۹	۸۶.۶۵	۸۷.۲
	Vowel	۵۱.۰۸	۵۳.۴۶	۴۰.۷	۵۱.۵۲	۶۲.۵۵
تابع پایه شعاعی با پارامتر گاما ۵	Iris	۹۶.۶۷	۹۸.۳۳	۱۰۰	۹۸.۳۳	۹۸.۳۳
	Glass	۶۷.۴۴	۷۶.۷۴	۷۷.۸۴	۷۰.۹۳	۷۴.۴۸
	Cmc	۵۰.۲۵	۵۰.۰۸	۵۰.۷۶	۴۹.۹۲	۵۱.۱۰
	Tae	۵۸.۳۳	۵۵	۵۶.۶۷	۵۵	۶۳.۳۴
	Wine	۹۸.۵۹	۹۴.۳۷	۹۰.۱۴	۹۸.۵۹	۹۰.۱۴
	Diabetes	۷۵.۵۷	۷۶.۵۵	۷۳	۷۷.۵۲	۶۸.۴
	Waveform	۸۷.۶	۸۵.۲	۸۶.۷۵	۸۶.۶۵	۸۶.۹
	Vowel	۵۸.۰۱	۴۸.۴۸	۶۰.۴	۵۳.۹۰	۶۴.۳

هر دو معیار PLDA و کاهش خطای کلاس‌بندی را مد نظر قرار می‌دهد.

همچنین با مقایسه روش‌های HLDA و MGA (HLDA+SVM_MCE) در جدول (۴-۵) نشان می‌دهد که بر روی اکثر دادگان روش (HLDA+SVM_MCE) نسبت HLDA دارای دقت دسته‌بندی بیشتری است. نتایج این روش‌ها، حاکی از آن است که آموزش روش‌های تبدیل ویژگی خطی با الگوریتم ژنتیک دوهدفه نسبت به سایر روش‌های تخمین تبدیل بدون الگوریتم ژنتیک دوهدفه مشابه خود دقت دسته‌بندی بالاتری را ایجاد می‌کند و یا کارایی هم‌پایی را دارد.

این مطلب نشان‌گر آن است که توجه هم‌زمان به دو معیار توأم تمایز دسته‌ها و خطای دسته‌بندی در کارایی روش تبدیل ویژگی مؤثر بوده است.

۵-۳- مقایسه روش‌های پیشنهادی

در ابتدا دقت دسته‌بندی دادگان معرفی شده با SVM به صورت خطی و مبتنی بر هسته چندجمله‌ای و تابع پایه شعاعی به دست آمد که نتایج مبتنی بر هسته نسبت به حالت خطی در اکثر دادگان نتایج بهتری را داشتند.

در روش پیشنهادی اول، تبدیل ویژگی متمایزساز مبتنی بر الگوریتم ژنتیک تک‌هدفه با هدف کمینه‌کردن خطای ماشین بردار پشتیبان به‌عنوان تابع برازندگی پیشنهاد شد. این روش در اکثریت دادگان و نسبت به اکثریت روش‌های ارائه شده در این مقاله، هم در دسته‌بندی خطی و هم در دسته‌بندی مبتنی بر هسته دقت دسته‌بندی بیشتر و کیفیت بازشناسی الگوی بهتری را فراهم می‌کند.

در روش پیشنهادی دوم، روشی برای تخمین تبدیل ویژگی با استفاده از الگوریتم ژنتیک دوهدفه پیشنهاد شد که به صورت هم‌زمان بتوان معیارهای افزایش تمایز بین دسته‌های کاهش خطای دسته‌بندی ماشین بردار پشتیبان را در تخمین ماتریس تبدیل ویژگی در نظر گرفت. نتایج به دست آمده از هر یک از این روش‌ها با توجه به نوع تبدیل ویژگی به کاررفته نسبت به روش متناظر خود که بدون استفاده از الگوریتم ژنتیک بود، کارایی بیشتری را داشت. همچنین در این روش پیشنهادی، نتایج مبتنی بر هسته نسبت به حالت خطی در اکثر دادگان نتایج بهتری را داشتند.

به این ترتیب با توجه به شکل (۵-۱) می‌توان گفت تبدیل ویژگی مبتنی بر الگوریتم ژنتیک تک‌هدفه با هدف

کمینه‌کردن خطای ماشین بردار پشتیبان به‌عنوان تابع برازندگی رتبه نخست دقت دسته‌بندی را دارد و بعد از آن استفاده توأم آن دو معیار تمایز بین دسته‌ای و بیشینه حاشیه در مرتبه دوم قرار دارد. تبدیلات متمایزساز ویژگی هم که توجهی به خطای دسته‌بندی ندارند، در رتبه سوم قرار می‌گیرند. این روش‌ها نسبت به دقت دسته‌بندی به دست آمده از ماشین بردار پشتیبان، دقت دسته‌بندی را به خوبی افزایش می‌دهند. از یک سو، جواب‌های به دست آمده از الگوریتم ژنتیک چندهدفه، با توجه به دارا بودن تکنیک‌های منحصر به فرد جستجو و بازه‌ای از جواب‌های بهینه، با اطمینان بیشتری به‌عنوان جواب‌های بهینه طرح می‌شود و محدود به پذیرفتن یک جواب واحد بهینه نیست.

از سویی دیگر، الگوریتم ژنتیک چندهدفه برگرفته از روش‌های تصمیم‌گیری در دنیای واقعی است که شخص تصمیم‌گیرنده با مجموعه‌ای از اهداف و معیارهای متضاد و متعارض روبه‌روست. در واقع استفاده از الگوریتم ژنتیک چندهدفه انعطاف‌پذیری و مزیت بیشتری را نسبت به الگوریتم ژنتیک تک‌هدفه فراهم می‌کند که تنها استفاده از یک روش تصمیم‌گیری در هر بار استفاده وجود دارد. از این رو، بهینه‌سازی چندین تابع هدف مختلف و گاه متضاد منجر به کاهش دقت دسته‌بندی نسبت به الگوریتم ژنتیک تک‌هدفه می‌شود.

متوسط کارایی روش‌های پیشنهادی مورد بررسی و مقایسه قرار گرفت. شکل (۵-۲) نشان می‌دهد که با بررسی و مقایسه متوسط کارایی روش‌های پیشنهادی و سایر روش‌های بررسی شده، الگوریتم ژنتیک تک‌هدفه متوسط کارایی بهتری را نسبت به سایر روش‌ها تولید می‌کند و الگوریتم ژنتیک دوهدفه همچنین متوسط کارایی بهتری را نسبت به روش‌های تبدیل ویژگی متناظر خود تولید می‌کند.

۶- نتیجه‌گیری

در مقاله حاضر، یک روش تبدیل ویژگی با الگوریتم ژنتیک تک‌هدفه پیشنهاد شد که برای تخمین تبدیل از دقت دسته‌بندی ماشین بردار پشتیبان به‌عنوان تابع برازندگی استفاده می‌کند. این روش به منظور هماهنگ کردن معیار تبدیلات متمایزساز برای ایجاد تمایز بین دسته‌ها و نیز معیار دسته‌بندی ماشین بردار پشتیبان برای بیشینه حاشیه بین آنها به کار برده شد. از آنجا که تبدیل ویژگی پیشنهادی برای ماشین بردار پشتیبان و معیار آن خطای دسته‌بندی بوده،

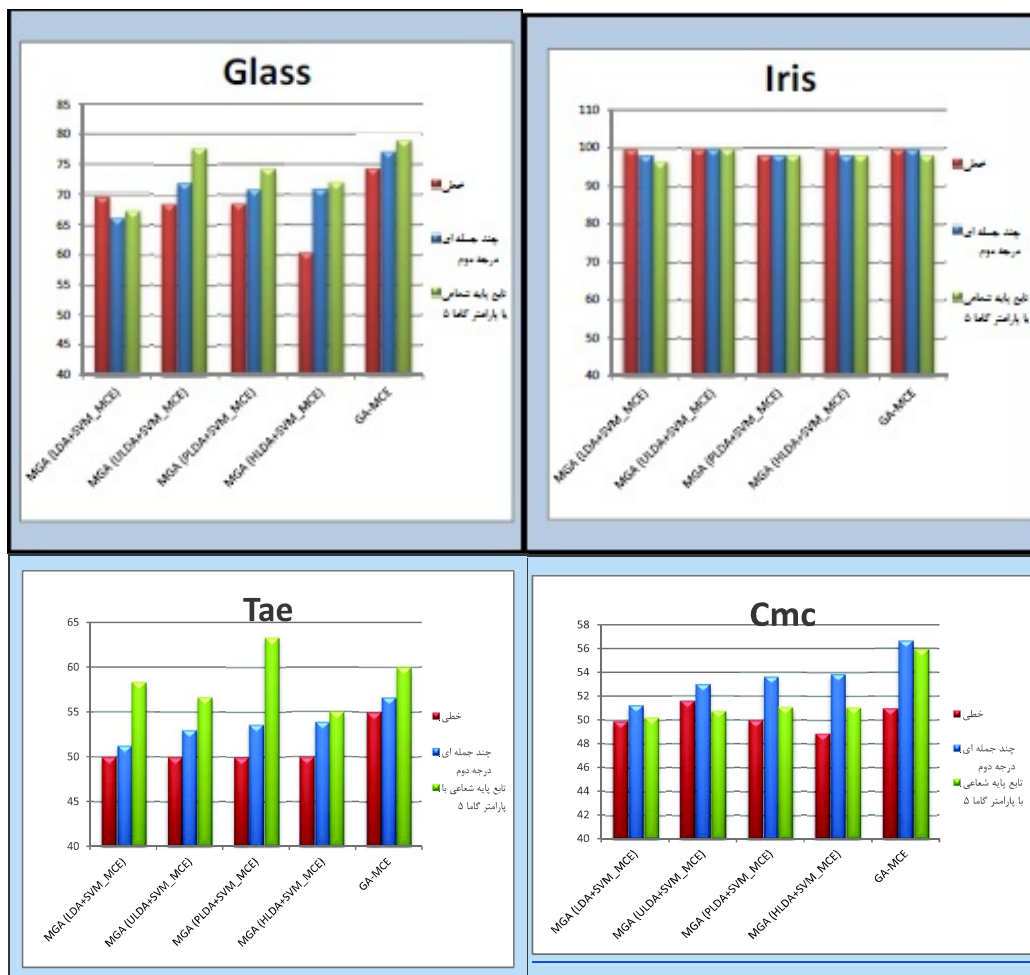
(جدول ۵-۴): دقت دسته‌بندی SVM مبتنی بر هسته‌های مختلف و بر روی دادگان مختلف جهت ارزیابی روش‌های تبدیل ویژگی با الگوریتم ژنتیک دودسته با توابع هدف PLDA، HLDA و خطای طبقه‌بندی SVM

دسته‌بند SVM مبتنی بر هسته	دادگان	Normal	PLDA	MGA (PLDA+SVM_MCE)	HLDA	MGA (HLDA+SVM_MCE)
خطی	Iris	۹۸.۳۳	۱۰۰	۹۸.۳۳	۹۸.۳۳	۱۰۰
	Glass	۵۵.۸۱	۵۲.۲۳	۶۸.۶	۵۶.۹۸	۶۰.۴۷
	Cmc	۴۲.۷۸	۴۳.۴۶	۵۰	۴۹.۵۸	۴۸.۹
	Tae	۵۰	۴۵	۵۰	۵۰	۵۱.۶۷
	Wine	۹۸.۵۹	۹۴.۳۷	۱۰۰	۱۰۰	۱۰۰
	Diabetes	۷۹.۴۸	۷۸.۱۸	۷۶.۲۲	۷۸.۵	۸۲.۴۱
	Waveform	۸۷.۴۵	۸۷.۵	۸۸.۵۵	۸۷.۵	۸۸.۴
	Vowel	۴۸.۰۵	۴۵.۶۷	۳۹	۴۸.۰۵	۵۱.۱
چند جمله‌ای درجه دوم	Iris	۹۸.۳۳	۱۰۰	۹۸.۳۳	۹۸.۳۳	۱۰۰
	Glass	۶۶.۲۸	۶۳.۹۵	۷۱	۶۹.۷۷	۷۲.۱۴
	Cmc	۵۱.۲۷	۵۲.۱۲	۵۳.۸۸	۵۱.۱۰	۵۳.۳۱
	Tae	۵۵	۵۵	۵۸.۳۳	۵۵	۵۵
	Wine	۹۸.۵۹	۹۲.۹۶	۱۰۰	۱۰۰	۱۰۰
	Diabetes	۸۱.۱۱	۷۷.۲	۷۶.۸۷	۷۹.۸	۷۸.۱۸
	Waveform	۸۷.۶	۸۷.۶	۸۷.۸	۸۷.۵۵	۸۸.۱۵
	Vowel	۵۱.۰۸	۴۳.۵۱	۴۸.۵	۵۲.۸۱	۵۳.۴۶
تابع پایه شعاعی با پارامترگاما ۵	Iris	۹۶.۶۷	۹۸.۳۳	۹۸.۳۳	۹۶.۶۷	۱۰۰
	Glass	۶۷.۴۴	۶۹.۷۷	۷۲.۰۸	۷۰.۹۳	۷۷.۸۴
	Cmc	۵۰.۲۵	۵۲.۶۳	۵۱.۱۰	۴۸.۳۹	۵۵
	Tae	۵۸.۳۳	۵۵	۵۵	۵۶.۶۷	۶۰
	Wine	۹۸.۵۹	۹۴.۳۷	۹۱.۵۵	۹۸.۵۹	۹۸.۵۹
	Diabetes	۷۵.۵۷	۷۱.۹۹	۶۷.۱	۷۸.۵	۶۷.۱
	Waveform	۸۷.۶	۸۷.۲۵	۸۲.۴۵	۸۵.۱	۸۷.۲۵
	Vowel	۵۸.۰۱	۲۵.۳۲	۶۱	۵۰.۶۵	۷۲.۵

دادگان نشان می‌دهد روش الگوریتم ژنتیک تک‌هدفه با تابع برازندگی کمینه‌کردن خطای دسته‌بندی ماشین بردار پشتیبان بهترین تبدیل ویژگی را ایجاد می‌کند و بالاترین دقت دسته‌بندی و درصد بازشناسی الگو را به خود اختصاص می‌دهد. در روش پیشنهادی مبتنی بر الگوریتم ژنتیک دوهدفه، دقت دسته‌بندی نسبت به هر یک از روش‌های تبدیل ویژگی متناظر آن بالاترست. از سویی دیگر، با توجه به بهینه‌سازی چندین تابع هدف مختلف و گاه متضاد به‌طور هم‌زمان در الگوریتم ژنتیک دوهدفه، دقت دسته‌بندی کمتری نسبت به الگوریتم ژنتیک تک‌هدفه ایجاد می‌شود.

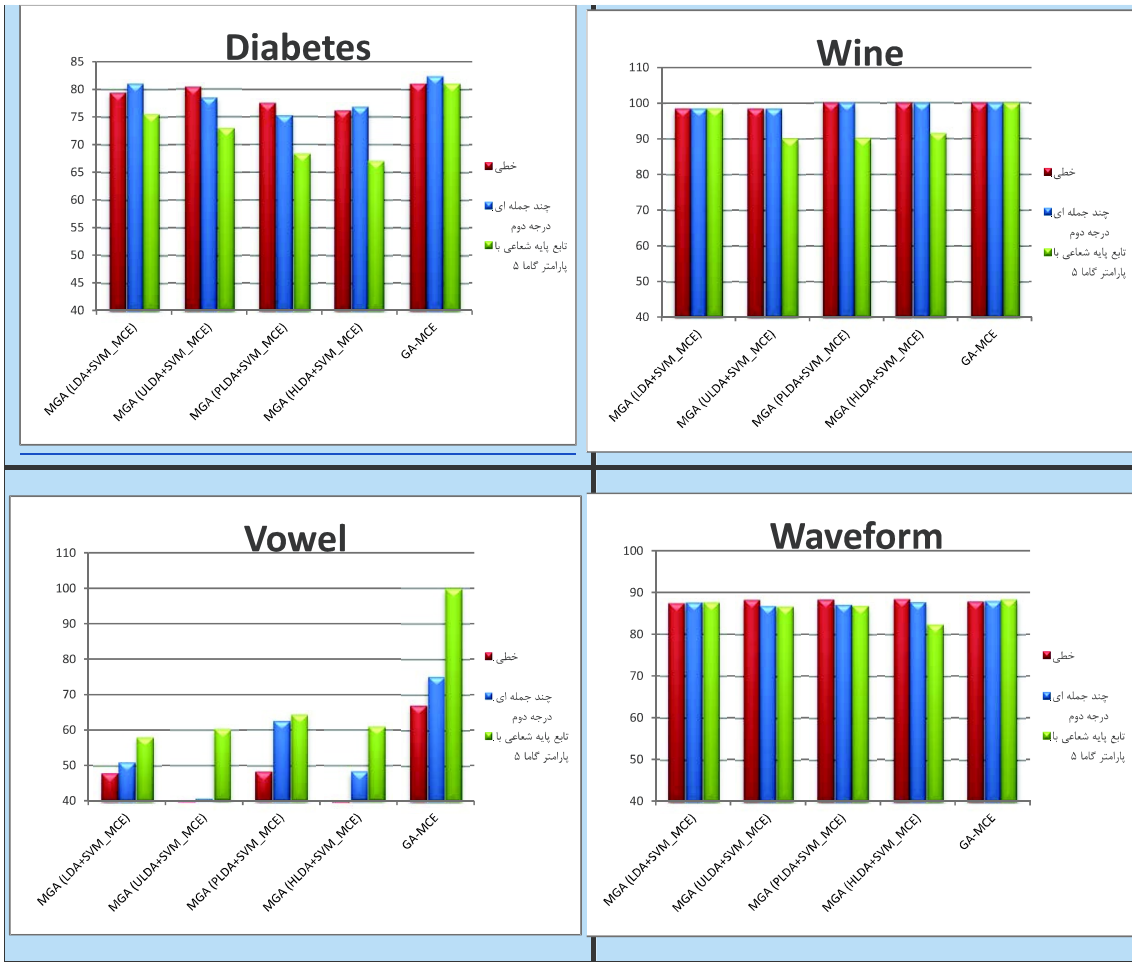
طبیعی است که تبدیل ایجادشده تحت همان شرایط مؤثر است و قاعدتاً با تعویض نوع یا پارامترهایی نظیر نوع کرنل دقت افت خواهد کرد؛ چون تبدیل پیشنهادی مقاوم به شرایط این چنینی نیست. از این‌رو، یک روش تبدیل ویژگی با الگوریتم ژنتیک دوهدفه پیشنهاد شد که برای تخمین تبدیل از بیشینه‌شدن معیار فیشر برای تمایز میان دسته‌های هر یک از روش‌های تبدیلات متمایزساز و کمینه‌کردن خطای دسته‌بندی SVM به‌طور توأمان به‌عنوان تابع برازندگی استفاده می‌کند.

ارزیابی نتایج در کلیه حالات دسته‌بندی به‌صورت خطی و براساس تابع هسته‌های مختلف و بر روی کلیه

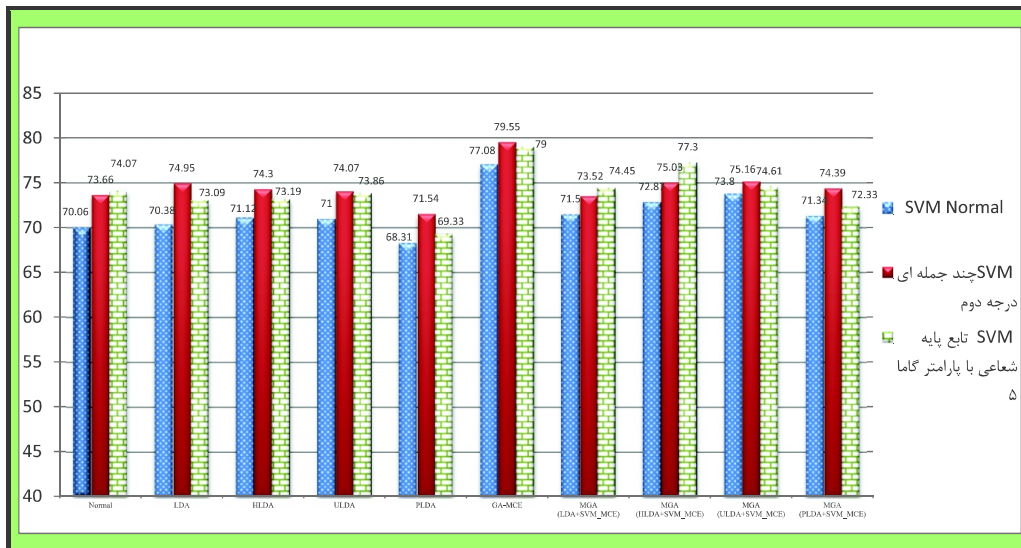


شکل ۵-۱): دقت دسته‌بندی SVM مبتنی بر هسته‌های مختلف و بر روی دادگان مختلف جهت مقایسه روش‌های

مبتنی بر الگوریتم ژنتیک تک‌هدفه و الگوریتم ژنتیک دوهدفه



(ادامه شکل ۵-۱): دقت دسته‌بندی SVM مبتنی بر هسته‌های مختلف و بر روی دادگان مختلف جهت مقایسه روش‌های مبتنی بر الگوریتم ژنتیک تک‌هدفه و الگوریتم ژنتیک دوهدفه



(شکل ۵-۲): متوسط کارایی روش‌های پیشنهادی

۷- مراجع

- Konak, A., Coit, D.W., Smith, A.E., 2006, Multi-objective optimization using genetic algorithms: A tutorial, *Reliability Engineering and System Safety* 91, pp. 992-1007.
- Kumar, N., 1997, Investigation of Silicon-Auditory Models and Generalization of Linear Discriminant Analysis for Improved Speech Recognition. Ph.d. thesis, John Hopkins University, Baltimore, USA.
- Kumar, N., Andreou, A.G., 1998, Heteroscedastic discriminant analysis and reduced rank HMMs for improved speech recognition, *Speech communication*, 26(4), pp. 283-297.
- Law, M.H.C., Jain, A.K., 2006, Incremental nonlinear dimensionality reduction by manifold learning, *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol. 28 Iss. 3, pp. 377-391.
- Loog, M., Duin, R.P.W., Haeb-Umbach, R., 2001, Multiclass Linear Dimension Reduction by Weighted Pairwise Fisher Criteria, *Pattern Analysis And Machine Intelligence*, IEEE Transactions On, Vol. 23, No. 7., pp. 762-766.
- Malthouse, E.C., 1998, Limitations of Nonlinear PCA as performed with generic Neural Networks, *IEEE Transaction on Neural Networks*, Vol. 9, No. 1, pp. 165-73.
- Newton, S., Ana Carolina, L., Huei Diana, L., 2011, Multi-objective Genetic Algorithm Evaluation in Feature Selection, *Evolutionary Multi-Criterion Optimization*, Vol. 6576, pp. 462-476.
- Sakai, M., Kitaoka, N., Nakagawa, S., 2007, Power linear discriminant analysis, Paper presented at the Signal Processing and Its Applications, ISSPA, 9th International Symposium.
- Srinivas, N., Deb, K., 1995, Multi-objective function optimization using non-dominated sorting genetic algorithms, *Evolutionary Computation*, vol. 3, pp. 221-248.
- Toni, M., Serkan, K., Jenni, R., Moncef, G., 2012, An evolutionary feature synthesis approach for content-based audio retrieval, *European Signal Processing Conference (EUSIPCO)*, pp. 1474-1478.
- Tzovaras, D., Strintzis, M. G., 1998, Use of Nonlinear Principal Component Analysis and Vector Quantization for Image Coding, *IEEE Transactions On Image Processing*, Vol. 7, No. 8.
- Vapnik, V. N., 1998, *Statistical Learning Theory*, John Wiley & Sons Inc.
- Ye, J., 2005, Characterization of a Family of Algorithms for Generalized Discriminant Analysis on Undersampled Problems, *Journal of Machine Learning Research*, Vol 6, pp. 483-502.
- Zhijian, H., Min, P., Erik, G., Yong, H., Gaoping, L., 2003, Genetic Algorithm Optimized Feature Trans-
- زمانی، بهزاد، اکبری، احمد، ناصر شریف، بابک، ۱۳۸۹، تبدیل ویژگی با استفاده از خطای دسته‌بندی کمینه مبتنی بر هسته برای بازشناسی الگو و رفتار، *دوفصل‌نامه پردازش علائم و داده‌ها*، شماره یک، پیاپی ۱۳.
- فیاضی، حسین، دهقانی، حمید، حسینی، مجتبی، ۱۳۹۱، مروری بر محاسبات تکاملی در تجزیه طیفی تصاویر ابرطیفی، *نشریه علمی-ترویجی محاسبات نرم*، شماره دوم، صفحه ۴۶-۵۹.
- Campbell, W.M., Campbell, J.P., Reynolds, D.A., Singer, E., Torres-Carrasquillo, P.A., 2006, Support vector machines for speaker and language recognition, *Computer Speech and Language*, vol 20, No. 2-3, pp. 210-229.
- Cristianini, N., Shawe-Taylor, J., 2000, *An Introduction to Support Vector Machines and other kernel-based learning methods* Cambridge University Press.
- Deb, K., Pratap, A., Agarwal, S., Meyarivan, T., 2002, A Fast and Elitist Multiobjective Genetic Algorithm NSGA-II, *IEEE Transactions on evolutionary computation*, Vol. 6, No. 2, pp. 182-197.
- De Stefano, C., Fontanella, F., Marrocco, C., Schirinz, G., 2007, A feature selection algorithm for class discrimination improvement, *Geoscience and Remote Sensing Symposium*, IEEE International on, pp. 425-428.
- Duda, Richard O, Hart, Peter E, & Stork, David G., 2001. *Pattern classification*: John Wiley & Sons, New York, , ISBN 0-471-05669-3.
- Gen, M., Yun, Y., 2006, Soft computing approach for reliability optimization: state of the art survey, In *Proceedings of the Reliability engineering and system safety*, pp. 1008-1026.
- Jin, Z., Yang, J.Y., Hu, Z.S., Lou, Z., 2001, Face recognition based on the uncorrelated discriminant transformation, *Pattern Recognition* 34 (7), 1405-1416.
- Jolliffe, I.T., *Principal Component Analysis*, Springer-Verlag, New York, 1986.
- Khan, N.M., Ksantini, R., Ahmadb, I.S., Boufama, B., 2012, A novel SVM+NDA model for classification with an application to face recognition, *Pattern Recognition*, Vol 45, pp. 66-79.

formation— A Comparison with Different Classifiers, Genetic and Evolutionary Computation — GECCO, Vol.2724, pp. 2121-2133.

Zhou,H., Karakos,D., Andreou,A.G. , 2009 , A Semi-supervised Version of Heteroscedastic Linear Discriminant Analysis , Paper presented at the ISCA , pp.848-851.

<http://archive.ics.uci.edu/ml/datasets.html>.

<http://www.cs.waikato.ac.nz/ml/weka>.



فاطمه حسین خانی متولد ۱۳۶۰ در

قزوین است. ایشان درجه کارشناسی را

در رشته مهندسی کامپیوتر گرایش

نرم‌افزار از دانشگاه آزاد اسلامی قزوین

در سال ۱۳۸۲ دریافت کرد و وی

موفق به اخذ درجه کارشناسی ارشد در رشته مهندسی

کامپیوتر گرایش هوش مصنوعی از دانشگاه آزاد اسلامی

قزوین در سال ۱۳۹۲ گردید. زمینه پژوهشی ایشان

بازشناسی الگو و داده‌کاوی است.

نشانی رایانامه ایشان عبارت است از :

Fatemeh_hoseinkhani@yahoo.com



بابک ناصرشریف متولد ۱۳۵۳ در

تهران است. ایشان درجه کارشناسی را

در رشته مهندسی کامپیوتر گرایش

سخت‌افزار از دانشگاه صنعتی امیرکبیر

در سال ۱۳۷۶ دریافت کرد و موفق به

اخذ درجه کارشناسی ارشد و دکتری در رشته مهندسی

کامپیوتر گرایش هوش مصنوعی از دانشگاه علم و صنعت

ایران در سال های ۱۳۷۹ و ۱۳۸۶ شد. نام‌برده از مهر سال

۱۳۸۶ تا خرداد ۱۳۹۰ عضو هیأت علمی گروه مهندسی

کامپیوتر در دانشکده فنی گیلان و از مهر سال ۱۳۹۰ تا

کنون عضو هیأت علمی دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر

در دانشگاه صنعتی خواجه نصیرالدین طوسی است. زمینه

پژوهشی ایشان ، بازشناسی گفتار و مقاوم سازی آن،

پردازش و بهبود گفتار، واژه‌یابی گفتار و بازشناسی الگوست.

نشانی رایانامه ایشان عبارت است از :

bnasersharif@eetd.kntu.ac.ir