**HỌC VIỆN CÔNG NGHỆ BƯU CHÍNH VIỄN THÔNG**

**KHOA CÔNG NGHỆ THÔNG TIN 1**



**ĐỒ ÁN TỐT NGHIỆP**

**ĐỀ TÀI**

**SỬ DỤNG GIẢI THUẬT DI TRUYỀN ĐỂ XÁC ĐỊNH TRỌNG SỐ CHO MẠNG NƠ RON TẾ BÀO BẬC HAI**

|  |  |
| --- | --- |
| **Sinh viên thực hiện:** | **PHẠM DUY TUẤN** |
| **Mã sinh viên:** | **B19DCCN618** |
| **Lớp:** | **D19CNPM02** |
| **Khóa:** | **2019 - 2024** |
| **Hệ:** | **Đại học chính quy** |
| **Giảng viên hướng dẫn:** | **PGS. TS. NGUYỄN QUANG HOAN** |

**Hà Nội, tháng 11/2023**

**HỌC VIỆN CÔNG NGHỆ BƯU CHÍNH VIỄN THÔNG**

**KHOA CÔNG NGHỆ THÔNG TIN 1**



**ĐỒ ÁN TỐT NGHIỆP**

**ĐỀ TÀI**

**SỬ DỤNG GIẢI THUẬT DI TRUYỀN ĐỂ XÁC ĐỊNH TRỌNG SỐ CHO MẠNG NƠ RON TẾ BÀO BẬC HAI**

|  |  |
| --- | --- |
| **Sinh viên thực hiện:** | **PHẠM DUY TUẤN** |
| **Mã sinh viên:** | **B19DCCN618** |
| **Lớp:** | **D19CNPM02** |
| **Khóa:** | **2019 - 2024** |
| **Hệ:** | **Đại học chính quy** |
| **Giảng viên hướng dẫn:** | **PGS. TS. NGUYỄN QUANG HOAN** |

**Hà Nội, tháng 11/2023**

# LỜI CẢM ƠN

Lời đầu tiên, em xin bày tỏ lòng biết ơn sâu sắc đến PGS. Nguyễn Quang Hoan – thầy hướng dẫn của em. Cảm ơn thầy vì đã luôn tận tình hướng dẫn chỉ dạy cho em trong suốt quá trình làm đồ án.

Đồng thời, em xin gửi lời cảm ơn chân thành đến NCS. Dương Đức Anh – người đã cùng em nghiên cứu về đề tài “Sử dụng giải thuật di truyền để xác định trọng số cho mạng nơ ron tế bào bậc hai”.

Để có thể hoàn thành được đồ án này, không thể không kể đến công sức của các thầy cô trong khoa Công nghệ thông tin khi đã tạo điều kiện thuận lợi cho em trong quá trình học tập và thực hiện đồ án.

Cuối cùng, em xin cảm ơn gia đình, bạn bè vì đã luôn bên cạnh động viên, hỗ trợ em trong quá trình hoàn thiện đồ án.

Tuy em đã có gắng hoàn thành đồ án trong khả năng cho phép nhưng không thể tránh khỏi những thiếu sót. Em rất mong nhận được sự thông cảm, nhận xét cũng như góp ý của quý thầy cô.

Em xin chân thành cảm ơn!

**Hà Nội, tháng 12 năm 2023**

**Sinh viên thực hiện**

**Phạm Duy Tuấn**

# NHẬN XÉT, ĐÁNH GIÁ, CHO ĐIỂM (Của giảng viên hướng dẫn)

………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………

Điểm:………………….(Bằng chữ:………………………………………………...)

Đồng ý/Không đồng ý cho sinh viên bảo vệ trước hội đồng chấm tốt nghiệp?

Hà Nội, ngày….tháng….năm 202….

GIẢNG VIÊN HƯỚNG DẪN

NGUYỄN CÔNG HOAN

# NHẬN XÉT, ĐÁNH GIÁ, CHO ĐIỂM (Của giảng viên phản biện)

………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………………

Điểm: ……………………....(Bằng chữ: ………………………………………….)

Đồng ý/Không đồng ý cho sinh viên bảo vệ trước hội đồng chấm tốt nghiệp?

Hà Nội, ngày….tháng….năm 202….

GIẢNG VIÊN PHẢN BIỆN

# MỤC LỤC

[LỜI CẢM ƠN i](#_Toc154216456)

[NHẬN XÉT, ĐÁNH GIÁ, CHO ĐIỂM (Của giảng viên hướng dẫn) ii](#_Toc154216457)

[NHẬN XÉT, ĐÁNH GIÁ, CHO ĐIỂM (Của giảng viên phản biện) iii](#_Toc154216458)

[MỤC LỤC iv](#_Toc154216459)

[DANH MỤC TỪ VIẾT TẮT vi](#_Toc154216460)

[DANH MỤC KÝ HIỆU vii](#_Toc154216461)

[DANH MỤC CÁC BẢNG viii](#_Toc154216462)

[DANH MỤC HÌNH VẼ ix](#_Toc154216463)

[MỞ ĐẦU 1](#_Toc154216464)

[CHƯƠNG I: TỔNG QUAN VỀ MẠNG NƠ RON TẾ BÀO 3](#_Toc154216465)

[1.1. Tổng quan về mạng nơ ron 3](#_Toc154216466)

[1.1.1. Định nghĩa và cấu trúc 3](#_Toc154216467)

[1.1.2. Phân loại mạng nơ ron 4](#_Toc154216468)

[1.2. Mạng nơ ron tế bào chuẩn 5](#_Toc154216469)

[1.2.1. Cấu trúc của mạng nơ ron tế bào chuẩn 5](#_Toc154216470)

[1.2.2. Luật học trong mạng nơ ron tế bào chuẩn 7](#_Toc154216471)

[1.3. Mạng nơ ron tế bào bậc hai 8](#_Toc154216472)

[1.3.1. Cấu trúc của mạng nơ ron tế bào bậc hai 8](#_Toc154216473)

[1.3.2. Luật học trong mạng nơ ron tế bào bậc hai 13](#_Toc154216474)

[1.4. Kết chương 14](#_Toc154216475)

[CHƯƠNG II: PHƯƠNG PHÁP XÁC ĐỊNH TRỌNG SỐ CỦA MẠNG NƠ RON TẾ BÀO BẬC HAI BẰNG GIẢI THUẬT DI TRUYỀN 15](#_Toc154216476)

[2.1. Giải thuật di truyền 15](#_Toc154216477)

[2.2. Thuật toán xác định trọng số của mạng nơ ron tế bào bậc hai bằng giải thuật di truyền 19](#_Toc154216478)

[2.3. Thuật toán giải phương trình vi phân 23](#_Toc154216479)

[2.4. Độ phức tạp của thuật toán GA cho SOCeNNs 23](#_Toc154216480)

[2.5. Kết chương 23](#_Toc154216481)

[CHƯƠNG III: THỰC NGHIỆM VÀ ĐÁNH GIÁ 24](#_Toc154216482)

[3.1. Bộ dữ liệu thực nghiệm 24](#_Toc154216483)

[3.2. Công cụ thực nghiệm 24](#_Toc154216484)

[3.3. Thực nghiệm 24](#_Toc154216485)

[3.4. Kết chương 24](#_Toc154216486)

[KẾT LUẬN 25](#_Toc154216487)

[TÀI LIỆU THAM KHẢO 26](#_Toc154216488)

# DANH MỤC TỪ VIẾT TẮT

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| STT | Ký hiệu hoặc từ viết tắt | Diễn giải (tiếng Anh) | Diễn giải (tiếng Việt) |
| 1 | AI |  | Trí tuệ nhân tạo |
| 2 | ANN |  | Mạng nơ ron nhân tạo |
| 3 | CeNN |  | Mạng nơ ron tế bào |
| 4 | SOCeNNs |  | Mạng nơ ron tế bào bậc hai |
| 5 | GA | Genetic Algorithm | Giải thuật di truyền |
| 6 | FNN | Feedforward neural network | Mạng nơ ron truyền thẳng |
| 7 | RNN | Recurrent neural network | Mạng nơ ron phản hồi |

# DANH MỤC KÝ HIỆU

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| STT | Kí hiệu | Ý nghĩa |
|  |  |  |
|  |  |  |

# DANH MỤC CÁC BẢNG

[Bảng 1.1. Bảng phân bố tế bào lân cận của tế bào trung tâm C(i,j), tương ứng r=1 8](#_Toc154216664)

[Bảng 1.2. Bảng giá trị bậc hai đối với đầu vào, ra tại vị trí lân cận (i-1,j-1) 10](#_Toc154216665)

[Bảng 1.3. Bảng giá trị bậc hai đối với đầu vào, ra tại vị trí lân cận C(i-1,j) 11](#_Toc154216666)

[Bảng 1.4. Bảng giá trị bậc hai đối với đầu vào, ra tại vị trí lân cận C(i-1,j+1) 11](#_Toc154216667)

[Bảng 1.5. Bảng giá trị bậc hai đối với đầu vào, ra tại vị trí lân cận C(i,j-1) 11](#_Toc154216668)

[Bảng 1.6. Bảng giá trị bậc hai đối với đầu vào, ra tại vị trí lân cận C(i,j) 11](#_Toc154216669)

[Bảng 1.7. Bảng giá trị bậc hai đối với đầu vào, ra tại vị trí lân cận C(i,j+1) 11](#_Toc154216670)

[Bảng 1.8. Bảng giá trị bậc hai đối với đầu vào, ra tại vị trí lân cận C(i+1,j-1) 11](#_Toc154216671)

[Bảng 1.9. Bảng giá trị bậc hai đối với đầu vào, ra tại vị trí lân cận C(i+1,j) 12](#_Toc154216672)

[Bảng 1.10. Bảng giá trị bậc hai đối với đầu vào, ra tại vị trí lân cận C(i+1,j+1) 12](#_Toc154216673)

# DANH MỤC HÌNH VẼ

[Hình 1.1. Mô tả cấu trúc của mạng nơ ron 3](#_Toc154216676)

[Hình 1.2. Mô hình mạng nơ ron truyền thẳng 4](#_Toc154216677)

[Hình 1.3. Mô hình mạng nơ ron phản hồi 5](#_Toc154216678)

[Hình 1.4. Mô tả mạng nơ ron tế bào chuẩn kích thước MxN 6](#_Toc154216679)

[Hình 1.5. Sơ đồ khối mạng nơ ron tế bào chuẩn 6](#_Toc154216680)

[Hình 1.6. Hàm tương tác đầu ra của nơ ron tế bào chuẩn 7](#_Toc154216681)

[Hình 1.7. Các trọng số của mạng nơ ron tế bào chuẩn 7](#_Toc154216682)

[Hình 1.8. Cấu trúc tổng quát mạng nơ ron tế bào bậc hai 10](#_Toc154216683)

[Hình 1.9. Sơ đồ cấu trúc CNNs bậc hai quy đổi 13](#_Toc154216684)

[Hình 1.10. Lưu đồ thuật toán giải thuật di truyền 18](#_Toc154216685)

[Hình 11: Lưu đồ khái quát thuật toán GA cho SOCeNNs 22](#_Toc154216686)

# MỞ ĐẦU

Trí tuệ nhân tạo (AI) đang là lĩnh vực được quan tâm nhiều nhất trong thời đại ngày nay. Trong đó, mạng nơ ron – một kiến trúc mô phỏng bộ não con người – đang được chú trọng nhiều hơn cả. Dựa theo hướng của luồng tín hiệu, mạng nơ ron sẽ chia làm hai loại gồm mạng nơ ron truyền thằng và mạng nơ ron phản hồi (hay còn gọi là mạng nơ ron truyền ngược hoặc mạng nơ ron hồi quy). Ngoài ra, mạng nơ ron còn được chia thành mạng nơ ron truyền thống (còn gọi là mạng nơ ron kinh điển) và mạng học sâu (được phát triển từ mạng nơ ron truyền thống, còn được gọi là mạng nơ ron hiện đại). Đồ án này sẽ tập trung vào một mô hình mạng nơ ron truyền thống phản hồi tên là mạng nơ ron tế bào (CeNN).

Mạng nơ ron tế bào được L. Chua và L. Yang đề xuất năm 1988. Từ đó cho tới nay, công bố của các nhà nghiên cứu cho thấy mạng nơ ron tế bào có thể được áp dụng tốt cho các bài toán nhận dạng và xử lý ảnh tốc độ cao.

Năm 2020, ở Việt Nam, thầy Nguyễn Tài Tuyên cùng với các cộng sự đã phát triển mô hình mạng nơ ron tế bào bậc hai (hay còn gọi là mạng nơ ron tế bào bậc cao) (viết tắt là SOCeNNs) từ mô hình mạng nơ ron tế bào của L. Chua. Trong công bố của mình, thầy Tuyên đã trình bày về tính ổn định và tính ứng dụng của mô hình SOCeNNs nhưng chưa đưa ra phương pháp cụ thể để xác định bộ trọng số phù hợp cho mô hình.

Đổi lại, trong khoa học máy tính, có một giải thuật thường được sử dụng để tối ưu kết quả cho các bài toán tìm kiếm. Đó là giải thuật di truyền (GA)

Mục tiêu của đồ án này là sử dụng giải thuật di truyền để xác định trọng số cho mạng nơ ron tế bào bậc hai rồi sử dụng mô hình đó cho bài toán lọc biên ảnh.

Dựa theo mục tiêu đó thì đồ án sẽ có cấu trúc như sau:

* **Chương 1: Tổng quan về mạng nơ ron tế bào.**

Trong chương này, lần lượt trình bày chi tiết các khái niệm về mạng nơ ron, mạng nơ ron tế bào, mạng nơ ron tế bào bậc hai và các công bố liên quan.

* **Chương 2: Phương pháp xác định trọng số của mạng nơ ron tế bào bậc hai bằng giải thuật di truyền.**

Chương này tập trung chủ yếu vào việc trình bày chi tiết giải thuật di truyền và phương pháp xác định trọng số của mạng nơ ron tế bào bậc hai bằng giải thuật di truyền.

* **Chương 3: Thực nghiệm và đánh giá**

Trong chương này, xây dựng thuật toán và lập trình chương trình để kiểm nghiệm phương pháp đã trình bày ở chương hai. Rồi từ đó đánh giá kết quả thu được.

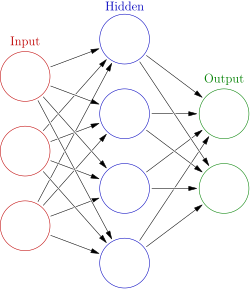
# CHƯƠNG I: TỔNG QUAN VỀ MẠNG NƠ RON TẾ BÀO

Nội dung của chương này sẽ tập trung tìm hiểu về mạng nơ ron, cách phân loại cũng như cấu trúc của từng loại mạng nơ ron. Rồi từ đó đi sâu vào chi tiết về mạng nơ ron tế bào và cuối cùng là mạng nơ ron tế bào bậc hai. Ta sẽ thống nhất gọi tên mạng nơ ron tế bào do L. Chua tạo ra là mạng nơ ron tế bào bậc nhất (CeNN) còn mạng nơ ron tế bào do thầy Tuyên phát triển từ mạng của L. Chua là mạng nơ ron tế bào bậc hai (SOCeNNs).

## Tổng quan về mạng nơ ron

### Định nghĩa và cấu trúc

Mạng nơ ron nhân tạo (ANN) (còn được gọi là mạng nơ-ron) là một nhánh của các mô hình học máy được xây dựng bằng cách mô phỏng mạng lưới thần kinh của bộ não con người.



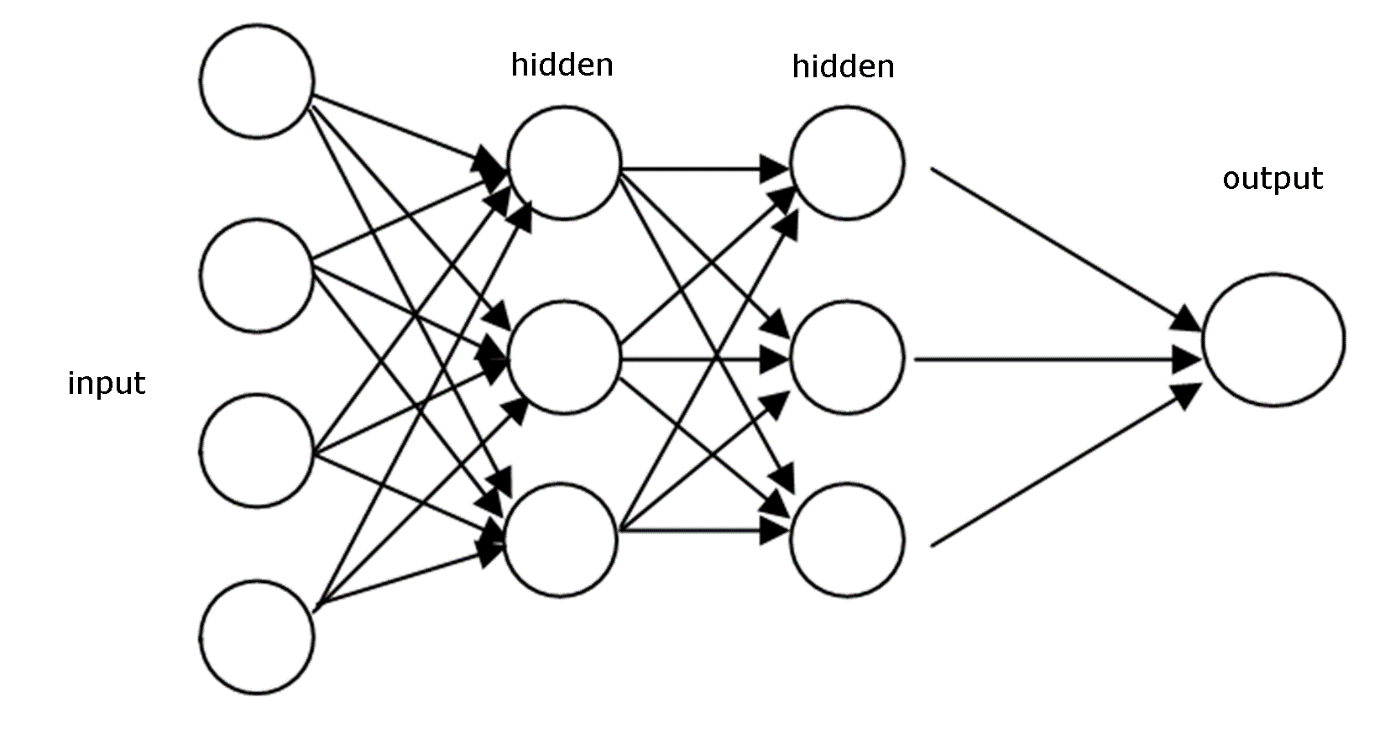
Hình 1.1. Mô tả cấu trúc của mạng nơ ron

Hình trên mô tả cấu trúc của mạng nơ ron. Cụ thể, mỗi nút tròn đại diện cho một tế bào nơ ron và một mũi tên đại diện cho một kết nối từ đầu ra của một tế bào nơ ron này đến đầu vào của một tế bào nơ ron khác.

### Phân loại mạng nơ ron

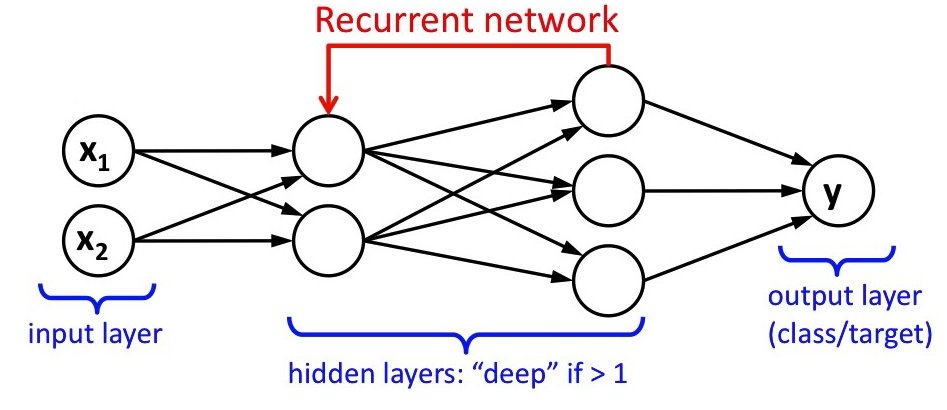
Dựa theo hướng của luồng tín hiệu, mạng nơ ron được phân làm hai loại là mạng nơ ron ruyền thẳng và mạng nơ ron phản hồi.

Trong mạng nơ ron truyền thẳng (FNN), luồng dữ liệu là một chiều từ lớp trước đến lớp sau mà không có kết nối nào tồn tại giữa các nơ ron trong cùng một lớp. Mỗi tế bào của FNN chỉ nhận đầu vào từ lớp ngay trước đó và truyền đầu ra cho lớp sau đó. Không có chu trình (chu kỳ) hoặc vòng lặp trong FNN. Về phương diện học tập hệ thống, FNN thuận tiện cho việc lập trình lại và có thể xử lý các câu hỏi phi tuyến tính.



Hình 1.2. Mô hình mạng nơ ron truyền thẳng

Trái lại với mạng nơ ron truyền thẳng, một nơ ron trong mạng nơ ron phản hồi (còn được gọi là mạng nơ ron truyền ngược hay mạng nơ ron hồi quy) có thể truyền dữ liệu đầu ra của nó cho các nơ ron khác trong cùng hay các lớp trước nó, hoặc cũng có thể truyền lại dữ liệu cho chính nơ ron đó. Các thuật toán sẽ được điều chỉnh đồng thời bởi các tín hiệu từ các nơ ron khác dựa trên tập dữ liệu tiền tri thức. Việc hiệu chuẩn lặp đi lặp lại góp phần vào độ mạnh và độ chính xác tuyệt vời của mạng nơ ron nhân tạo. Mạng nơ ron phản hồi thường được sử dụng để phân tích hình ảnh, chẩn đoán và dự đoán kết quả.



Hình 1.3. Mô hình mạng nơ ron phản hồi

## Mạng nơ ron tế bào chuẩn

### Cấu trúc của mạng nơ ron tế bào chuẩn

Mạng nơ ron tế bào thực chất là một mảng các tế bào (cell) với kích thước M x N. Trong đó C(i,j) là một tế bào của mạng nơ ron tế bào với i=1,...,M; j=1,...,N.

Láng giềng r của một tế bào C(i, j) trong một mạng nơ ron tế bào được xác định bởi biểu thức sau:

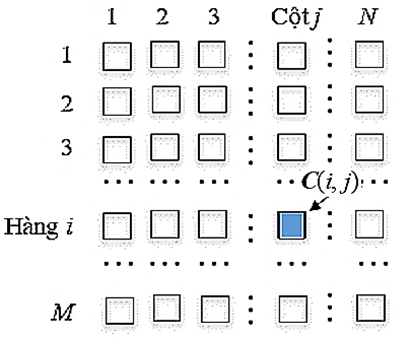
|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  |  | *(1)* |

*với 1 ≤ k ≤ M ; 1 ≤ l ≤ N*

Trong đó r là bán kính lân cận của một tế bào, r có giá trị nguyên dương

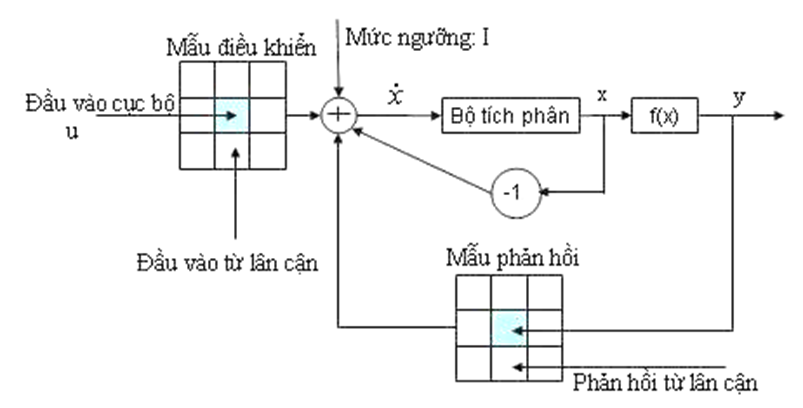
Ở đây ta chỉ xét , tức là mỗi nơ ron C(i,j) sẽ có 8 nơ ron láng giềng là C(i-1,j), C(i-1,j-1), C(i-1,j+1), C(i,j-1), C(i,j+1), C(i+1,j), C(i+1,j-1), C(i+1,j+1).

Một mạng nơ ron tế bào chuẩn kích thước MxN chiều được biểu diễn theo hình 1.4, với vị trí C(i,j) đặt trong hệ tọa độ Đề các 2 chiều, thể hiện tế bào tại cột i và hàng j trong mạng.



Hình 1.4. Mô tả mạng nơ ron tế bào chuẩn kích thước MxN

Theo như mô tả của L. Chua, mô hình luồng tín hiệu vào ra của từng nơ ron trong mạng được biểu diễn bằng sơ đồ dưới đây:



Hình 1.5. Sơ đồ khối mạng nơ ron tế bào chuẩn

Trong đó, mẫu điều khiển và mẫu phản hồi lần lượt là ma trận điều khiển B và ma trận phẩn hồi A. Hai ma trận này đều là ma trận 3x3. Ma trận đầu vào u, ma trận đầu ra y, ma trận trạng thái x và mức ngưỡng I.

Phương trình trạng thái:

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  |  | *(2)* |

Hàm đầu ra của mạng nơ ron tế bào như sau (hàm bão hòa):

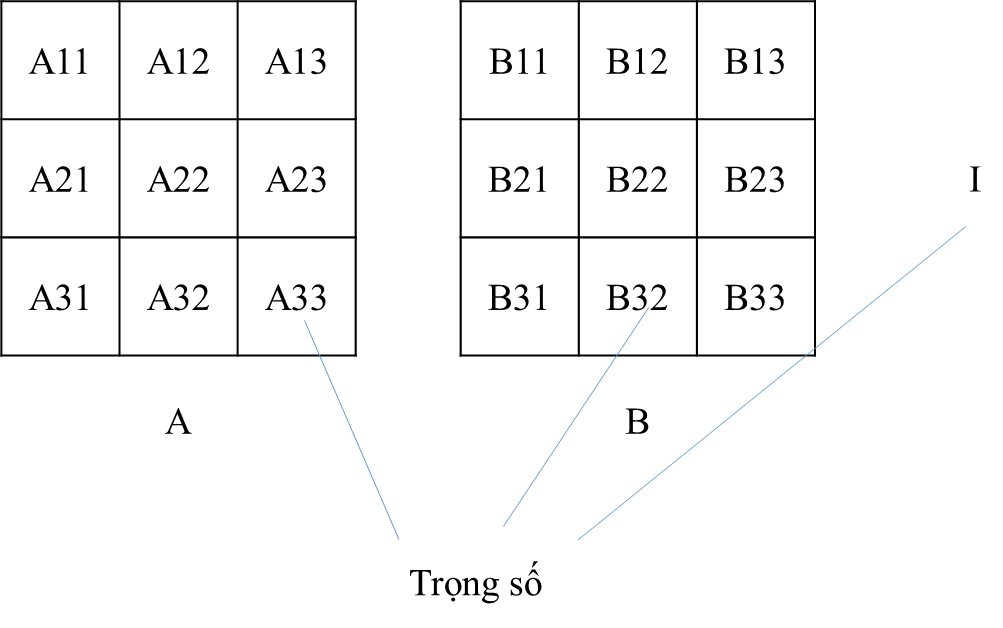
|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  |  | *(3)* |



Hình 1.6. Hàm tương tác đầu ra của nơ ron tế bào chuẩn

### Luật học trong mạng nơ ron tế bào chuẩn

Dữ liệu đầu ra của mạng nơ ron tế bào chuẩn phụ thuộc vào dữ liệu đầu vào, ma trận điều khiển B, ma trận phản hồi A và mức ngưỡng I. Vì vậy, quá trình học của mạng nơ ron tế bào là quá trình xác định các giá trị của bộ ma trận A, B và mức ngưỡng I từ bộ dữ liệu đầu vào, đầu ra cho trước. Ta gọi các giá trị của ma trận A, B và mức ngưỡng I là các trọng số.



Hình 1.7. Các trọng số của mạng nơ ron tế bào chuẩn

Như vậy, bộ trọng số của CeNN sẽ là [A11, A12, A13, A21, A22, A23, A31, A32, A33, B11, B12, B13, B21, B22, B23, B31, B32, B33, I] với 19 trọng số.

Tuy nhiên, theo L. Chua, để CeNN đạt được sự ổn định thì hai ma trận A, B phải đối xứng tâm. Tức là đối với ma trận A, ta có A11 = A33, A12 = A32, A13 = A31, A21 = A23. Tương tự với ma trận B, ta có B11 = B33, B12 = B32, B13 = B31, B21 = B23. Điều này có nghĩa là, thay vì phải tìm tất cả 19 giá trị của bộ trọng số thì ta chỉ cần tìm 5 giá trị của ma trận A là A11, A12, A13, A21, A22 và 5 giá trị của ma trận B là B11, B12, B13, B21, B22 cùng với mức ngưỡng I. Khi đó, bộ trọng số cần xác định sẽ chỉ còn lại là [A11, A12, A13, A21, A22, A23, A31, A32, A33, B11, B12, B13, B21, B22, B23, B31, B32, B33, I] với 11 trọng số.

## Mạng nơ ron tế bào bậc hai

Mạng nơ ron tế bào bậc hai (SOCeNNs) được đề xuất bởi N.T.Tuyen từ mô hình của CeNN và được phát triển bởi D.D.Anh

### Cấu trúc của mạng nơ ron tế bào bậc hai

Một tế bào trong CeNNs được định nghĩa là tổng của phép nhân chập giữa các tín hiệu đầu ra và các tín hiệu điều khiển bất kỳ đối với các tế bào lân cận *C(k, l)* và *C(m, n)* của tế bào *C(i, j),* trong đó lân cận của tế bào là tập các tế bào quanh tế bào trung tâm *C(i, j)* với các bán kính *r* tương ứng. Bán kính ở đây được hiểu là số lớp kế cận với tế bào trung tâm *C(i, j).* Khi *r=1* tức là lớp kế cận gần nhất bao gồm 08 tế bào tương tác cộng với chính nó tạo thành một bộ 09 tế bào gọi là láng giềng hay lân cận của *C(i, j).*

Bảng 1.1. Bảng phân bố tế bào lân cận của tế bào trung tâm C(i,j), tương ứng r=1

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| *C(i-1, j-1)* | *C(i-1, j)* | *C(i-1, j+1)* |
| *C(i, j-1)* | *C(i, j)* | *C(i, j+1)* |
| *C(i+1, j-1)* | *C(i, j+1)* | *C(i+1, j+1)* |

Năm 2020, NCS. D.D.Anh cùng cộng sự đã phát triển cấu trúc mạng nơ ron tế bào bậc cao và sử dụng đại diện là mạng nơ ron tế bào bậc hai (SOCeNNs) tại bài báo [1]. Cấu trúc mạng SOCeNNs được xây dựng dựa trên cấu trúc mạng nơ ron tế bào chuẩn (bậc nhất), gồm bộ các trọng số điều khiển đầu vào bậc nhất B1, trọng số phản hồi đầu ra bậc nhất A1, trọng số đầu vào bậc hai B2 và trọng số phản hồi đầu ra bậc hai A2 và trọng số ngưỡng I (Theo hình 1.7). Khi đó, cấu trúc của SOCeNNS bao gồm:

Phương trình trạng thái:

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  |  | *(4)* |

Hàm đầu ra:

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  |  | *(5)* |

Trong đó:

*i, j:* Thể hiện vị trí của tế bào *C(i, j)* trong SOCeNNs; *i, j* ϵ N\*

*r:* Bán kính lân cận của tế bào *C(i, j),* chọn *r=1;*

*k, l; m, n:* Thể hiện vị trí các tế bào lân cận của *C(i, j)* tương ứng với bán kính lân cận*; k, l; m, n* ϵ N\*

: Tín hiệu trạng thái của tế bào *C(i, j);*

: Tín hiệu đầu ra của tế bào *C(i, j);*

: Tín hiệu đầu vào của tế bào *C(i, j);*

: Tín hiệu đầu ra của SOCeNNs;

: Tín hiệu đầu vào của SOCeNNs;

: Ma trận trọng số phản hồi thành phần bậc nhất, kích thước *(3x3);*

: Ma trận trọng số phản hồi thành phần bậc hai, kích thước *(9x9);*

: Ma trận trọng số đầu vào của thành phần bậc nhất, kích thước *(3x3);*

: Ma trận trọng số đầu vào của thành phần bậc hai, kích thước *(9x9);*

*M, N:* Kích thước của mạng SOCeNNs

**I***:* Ma trận trọng số ngưỡng SOCeNNs, kích thước *(1x1);*

**U***:* Ma trận tín hiệu đầu vào lân cận của tế bào *C(i, j);*

**Y***:* Ma trận tín hiệu đầu ra lân cận của tế bào *C(i, j) ;*



Hình 1.8. Cấu trúc tổng quát mạng nơ ron tế bào bậc hai

Cụ thể đối với tế bào *C(i,j)* với bán kính lân cận *r=1*, các thành phần đầu vào, đầu ra bậc hai nó sẽ được thể hiện như sau:

Đầu vào, đầu ra bậc hai của *C(i,j)* tại vị trí tế bào *C(i-1,j-1)*

Đầu vào:

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  |  | *(6)* |

Đầu ra:

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  |  | *(7)* |

Khi đó đầu vào, đầu ra bậc hai của tế bào có vị trí C*(i-1, j-1)* có được trình bày theo dưới đây.

Bảng 1.2. Bảng giá trị bậc hai đối với đầu vào, ra tại vị trí lân cận (i-1,j-1)

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| |  |  |  | | --- | --- | --- | | *ui-1j-1\* ui-1j-1* | *ui-1j\* ui-1j-1* | *ui-1j+1\* ui-1j-1* | | *uij-1\* ui-1j-1* | *uij\* ui-1j-1* | *uij+1\* ui-1j-1* | | *ui+1j-1\* ui-1j-1* | *ui+1j\* ui-1j-1* | *ui+1j+1\* ui-1j-1* | | |  |  |  | | --- | --- | --- | | *yi-1j-1\* yi-1j-1* | *yi-1j\* yi-1j-1* | *yi-1j+1\* yi-1j-1* | | *yij-1\* yi-1j-1* | *yij\* yi-1j-1* | *yij+1\* yi-1j-1* | | *yi+1j-1\* yi-1j-1* | *yi+1j\* yi-1j-1* | *yi+1j+1\* yi-1j-1* | |

Đối với các tế bào lân cận khác còn lại của C(i,j), nghiên cứu sinh sử dụng tính chất tương tự, là tạo ra từng bảng giá trị bậc hai tương ứng với từng tế bào như dưới đây:

Bảng 1.3. Bảng giá trị bậc hai đối với đầu vào, ra tại vị trí lân cận C(i-1,j)

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| |  |  |  | | --- | --- | --- | | *ui-1j-1\* ui-1j* | *ui-1j\* ui-1j* | *ui-1j+1\* ui-1j* | | *uij-1\* ui-1j* | *uij\* ui-1j* | *uij+1\* ui-1j* | | *ui+1j-1\* ui-1j* | *ui+1j\* ui-1j* | *ui+1j+1\* ui-1j* | | |  |  |  | | --- | --- | --- | | yi-1j-1\* yi-1j | yi-1j\* yi-1j | yi-1j+1\* yi-1j | | yij-1\* yi-1j | yij\* yi-1j | yij+1\* yi-1j | | yi+1j-1\* yi-1j | yi+1j\* yi-1j | yi+1j+1\* yi-1j | |

Bảng 1.4. Bảng giá trị bậc hai đối với đầu vào, ra tại vị trí lân cận C(i-1,j+1)

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| |  |  |  | | --- | --- | --- | | *ui-1j-1\* ui-1j+1* | *ui-1j\* ui-1j+1* | *ui-1j+1\* ui-1j+1* | | *uij-1\* ui-1j+1* | *uij\* ui-1j+1* | *uij+1\* ui-1j+1* | | *ui+1j-1\* ui-1j+1* | *ui+1j\* ui-1j+1* | *ui+1j+1\* ui-1j+1* | | |  |  |  | | --- | --- | --- | | *yi-1j-1\* yi-1j+1* | *yi-1j\* yi-1j+1* | *yi-1j+1\* yi-1j+1* | | *yij-1\* yi-1j+1* | *yij\* yi-1j+1* | *yij+1\* yi-1j+1* | | *yi+1j-1\* yi-1j+1* | *yi+1j\* yi-1j+1* | *yi+1j+1\* yi-1j+1* | |

Bảng 1.5. Bảng giá trị bậc hai đối với đầu vào, ra tại vị trí lân cận C(i,j-1)

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| |  |  |  | | --- | --- | --- | | *ui-1j-1\* uij-1* | *ui-1j\* uij-1* | *ui-1j+1\* uij-1* | | *uij-1\* uij-1* | *uij\* uij-1* | *uij+1\* uij-1* | | *ui+1j-1\* uij-1* | *ui+1j\* uij-1* | *ui+1j+1\* uij-1* | | |  |  |  | | --- | --- | --- | | *yi-1j-1\* yij-1* | *yi-1j\* yij-1* | *yi-1j+1\* yij-1* | | *yij-1\* yij-1* | *yij\* yij-1* | *yij+1\* yij-1* | | *yi+1j-1\* yij-1* | *yi+1j\* yij-1* | *yi+1j+1\* yij-1* | |

Bảng 1.6. Bảng giá trị bậc hai đối với đầu vào, ra tại vị trí lân cận C(i,j)

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| |  |  |  | | --- | --- | --- | | *ui-1j-1\* uij* | *ui-1j\* uij* | *ui-1j+1\* uij* | | *uij-1\* uij* | *uij\* uij* | *uij+1\* uij* | | *ui+1j-1\* uij* | *ui+1j\* uij* | *ui+1j+1\* uij* | | |  |  |  | | --- | --- | --- | | yi-1j-1\* yij | yi-1j\* yij | yi-1j+1\* yij | | yij-1\* yij | yij\* yij | yij+1\* yij | | yi+1j-1\* yij | yi+1j\* yij | yi+1j+1\* yij | |

Bảng 1.7. Bảng giá trị bậc hai đối với đầu vào, ra tại vị trí lân cận C(i,j+1)

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| |  |  |  | | --- | --- | --- | | *ui-1j-1\* uij+1* | *ui-1j\* uij+1* | *ui-1j+1\* uij+1* | | *uij-1\* uij+1* | *uij\* uij+1* | *uij+1\* uij+1* | | *ui+1j-1\* uij+1* | *ui+1j\* uij+1* | *ui+1j+1\* uij+1* | | |  |  |  | | --- | --- | --- | | *yi-1j-1\* yij+1* | *yi-1j\* yij+1* | *yi-1j+1\* yij+1* | | *yij-1\* yij+1* | *yij\* yij+1* | *yij+1\* yij+1* | | *yi+1j-1\* yij+1* | *yi+1j\* yij+1* | *yi+1j+1\* yij+1* | |

Bảng 1.8. Bảng giá trị bậc hai đối với đầu vào, ra tại vị trí lân cận C(i+1,j-1)

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| |  |  |  | | --- | --- | --- | | *ui-1j-1\* ui+1j-1* | *ui-1j\* u i+1j-1* | *ui-1j+1\* u i+1j-1* | | *uij-1\* u i+1j-1* | *uij\* u i+1j-1* | *uij+1\* u i+1j-1* | | *ui+1j-1\* u i+1j-1* | *ui+1j\* u i+1j-1* | *ui+1j+1\* u i+1j-1* | | |  |  |  | | --- | --- | --- | | *yi-1j-1\* y i+1j-1* | *yi-1j\* y i+1j-1* | *yi-1j+1\* y i+1j-1* | | *yij-1\* y i+1j-1* | *yij\* y i+1j-1* | *yij+1\* y i+1j-1* | | *yi+1j-1\* y i+1j-1* | *yi+1j\* y i+1j-1* | *yi+1j+1\* y i+1j-1* | |

Bảng 1.9. Bảng giá trị bậc hai đối với đầu vào, ra tại vị trí lân cận C(i+1,j)

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| |  |  |  | | --- | --- | --- | | *ui-1j-1\* ui+1j* | *ui-1j\* u i+1j* | *ui-1j+1\* u i+1j* | | *uij-1\* u i+1j* | *uij\* u i+1j* | *uij+1\* u i+1j* | | *ui+1j-1\* u i+1j* | *ui+1j\* u i+1j* | *ui+1j+1\* u i+1j* | | |  |  |  | | --- | --- | --- | | *yi-1j-1\* y i+1j* | *yi-1j\* y i+1j* | *yi-1j+1\* y i+1j-1* | | *yij-1\* y i+1j* | *yij\* y i+1j* | *yij+1\* y i+1j* | | *yi+1j-1\* y i+1j* | *yi+1j\* y i+1j* | *yi+1j+1\* y i+1j* | |

Bảng 1.10. Bảng giá trị bậc hai đối với đầu vào, ra tại vị trí lân cận C(i+1,j+1)

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| |  |  |  | | --- | --- | --- | | *ui-1j-1\* ui+1j+1* | *ui-1j\* u i+1j+1* | *ui-1j+1\* u i+1j+1* | | *uij-1\* u i+1j+1* | *uij\* u i+1j+1* | *uij+1\* u i+1j+1* | | *ui+1j-1\* u i+1j+1* | *ui+1j\* u i+1j+1* | *ui+1j+1\* u i+1j+1* | | |  |  |  | | --- | --- | --- | | *yi-1j-1\* y i+1j+1* | *yi-1j\* y i+1j+1* | *yi-1j+1\* y i+1j+1* | | *yij-1\* y i+1j+1* | *yij\* y i+1j+1* | *yij+1\* i+1j+1* | | *yi+1j-1\* y i+1j+1* | *yi+1j\* y i+1j+1* | *yi+1j+1\* y i+1j+1* | |

Từ các định nghĩa về tín hiệu đầu vào, đầu ra bậc hai, để xác định bộ ma trận trọng số cho SOCeNNs, với *r=1*, biến đổi các ma trận trọng số phản hồi bậc hai **A2** thành 09 bộ trọng số **A21, A22, A23, A24, A25, A26, A27, A28, A29**tương ứng với 09 bảng tín hiệu đầu ra bậc hai*;* ma trận **B2** thành 09 bộ **B21, B22, B23, B24, B25, B26, B27, B28, B29**tương ứng với 09 bảng giá trị tín hiệu đầu vào bậc hai. Khi đó, mỗi một bộ trọng số bậc hai này sẽ nhân tích chập với các tín hiệu đầu vào hoặc đầu ra bậc hai tương ứng theo hình (1.8). Như vậy, về mặt hình thức các ma trận trọng số bậc hai tương đồng với các ma trận trọng số bậc nhất và có kích thước *3x3*.

Với cách biến đổi đó, biểu thức (4) viết lại như sau:

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  |  | *(8)* |

Khi đó SOCeNNs có thể được mô tả bằng cấu trúc tương ứng như sau:



Hình 1.9. Sơ đồ cấu trúc CNNs bậc hai quy đổi

Trong đó:

*r, s*: Thứ tự của tế bào lân cận bậc hai tương ứng với các bộ trọng số đầu vào, đầu ra bậc hai quy đổi

**A21***(i,j;r,s), ..,* **A29***(i,j;r,s):* Ma trận trọng số phản hồi đầu ra bậc hai SOCeNNs, kích thước *(3x3)*

**B21***(i,j;r,s), ..,* **B29***(i,j;r,s):* Ma trận trọng số đầu vào bậc hai SOCeNNs, kích thước *(3x3)*

### Luật học trong mạng nơ ron tế bào bậc hai

Tương tự như CeNN, quá trình học trong SOCeNNs là quá trình xác định giá trị của các bộ ma trận A1, A21,… ,A29, B1, B21,… B29 (20 ma trận) và mức ngưỡng I. Hơn nữa, cũng giống với CeNN, để mạng đạt được sự ổn định thì các ma trận trên phải đối xứng tâm. Từ đó suy ra, ta chỉ cần xác định 5 trọng số cho mỗi ma trận. Vậy nên, số lượng trọng số trong bộ trọng số sẽ là trọng số.

## Kết chương

Vậy là ta đã đi hết chương I của đồ án: tổng quan về mạng nơ ron tế bào. Thông qua chương này, ta đã biết về định nghĩa cơ bản của mạng nơ ron, hệ thống phân loại mạng nơ ron, cấu trúc của một mạng nơ ron tế bào chuẩn và quan trọng nhất là cấu trúc, mô hình, sơ đồ luồng dữ liệu đầu vào đầu ra của mạng nơ ron tế bào bậc hai. Đây là những kiến thức cơ bản cần thiết để phát triển cho các chương tiếp theo.

# CHƯƠNG II: PHƯƠNG PHÁP XÁC ĐỊNH TRỌNG SỐ CỦA MẠNG NƠ RON TẾ BÀO BẬC HAI BẰNG GIẢI THUẬT DI TRUYỀN

Chương này sẽ trình bày phương pháp để xác định bộ trọng số phù hợp cho SOCeNNs với đầu vào cụ thể thông qua giải thuật di truyền (GA). Vì vậy, trước đó, ta sẽ tìm hiểu qua về giải thuật di truyền và luật học trong SOCeNNs.

## Giải thuật di truyền

Trong sinh học, tính trạng của một sinh vật là những đặc điểm về hình thái, cấu tạo, sinh lý, sinh hoá, di truyền… của sinh vật đó. Mà tính trạng của sinh vật được quyết định bởi bộ gen của sinh vật đó. Vì vậy, quá trình tiến hóa của sinh vật để giữ lại, phát triển tính trạng tốt và loại bỏ tính trạng xấu cũng chính là quá trình tối ưu hóa gen. Theo thuyết tiến hóa của Darwin, quá trình tiến hóa sẽ diễn ra thông qua 4 cơ chế sau đây:

* Di truyền: Thệ hệ trước sẽ truyền lại bộ gen cho thế hệ sau. Như vậy thì con cái sẽ kế thừa một phần hoặc toàn bộ các tính trạng của bố mẹ.
* Lai tạo: Bộ gen của bố và mẹ được tách ra và tổ hợp lại theo nhiều cách khác nhau để tạo ra bộ gen của con cái. Góp phần tạo lên sự đa dạng sinh học.
* Đột biến: Đôi khi con cái có thể sở hữu một gen không đến từ bố cũng không đến từ mẹ. Điều này dẫn đến sự xuất hiện của những bộ gen hoàn toàn mới chưa từng có trong quần thể.
* Chọn lọc tự nhiên: Các cá thể sở hữu bộ gen tối ưu hơn (tính trạng tốt hơn), sẽ có khả năng sống sót cao hơn và tiếp tục di truyền bộ gen đó cho thế hệ sau.

Giải thuật di truyền (GA) là một thuật toán tối ưu hóa được lấy cảm ứng từ quá trình chọn lọc và tiến hóa tự nhiên. Ở đây, GA được sử dụng để tìm một giải pháp gần đúng cho các bài toán tìm kiếm hay bài toán tối ưu. Tức là từ tập các lời giải ban đầu thông qua nhiều bước tiến hóa hình thành các tập hợp mới với lời giải tốt hơn và cuối cùng sẽ tìm được lời giải gần tối ưu.

GA thuộc lớp các giải thuật xuất sắc nhưng lại rất khác các giải thuật ngẫu nhiên vì chúng kết hợp các phần tử tìm kiếm trực tiếp và ngẫu nhiên. Khác biệt quan trọng giữa tìm kiếm của GA và các phương pháp tìm kiếm khác là GA duy trì và xử lý một tập các lời giải, gọi là một quần thể. Trong GA, việc tìm kiếm giả thuyết thích hợp được bắt đầu với một quần thể, hay một tập hợp có chọn lọc ban đầu của các giả thuyết. Các cá thể của quần thể hiện tại khởi nguồn cho quần thể thế hệ kế tiếp bằng các hoạt động lai ghép và đột biến ngẫu nhiên – được lấy mẫu sau các quá trình tiến hóa sinh học. Ở mỗi bước, các giả thuyết trong quần thể hiện tại được ước lượng liên hệ với đại lượng thích nghi, với các giả thuyết phù hợp nhất được chọn theo xác suất là các hạt giống cho việc sản sinh thế hệ kế tiếp, gọi là cá thể. Cá thể nào phát triển hơn, thích ứng hơn với môi trường sẽ tồn tại và ngược lại sẽ bị đào thải. GA có thể dò tìm thế hệ mới có độ thích nghi tốt hơn. GA giải quyết các bài toán quy hoạch toán học thông qua các quá trình cơ bản: lai tạo, đột biến và chọn lọc cho các cá thể trong quần thể. Dùng GA đòi hỏi phải xác định được: khởi tạo quần thể ban đầu, hàm đánh giá các lời giải theo mức độ thích nghi – hàm mục tiêu, các toán tử di truyền tạo hàm sinh sản.

Ưu điểm của giải thuật di truyền [2]:

* Khả năng xử lý trong các bài toán phức tạp: GA rất thích hợp cho các bài toán phức tạp, không gian nhiều chiều hay bài toán phi tuyến. Nó có khả năng đưa ra nhiều phương án và xử lý các vấn đề có nhiều biến số và các điều kiện rằng buộc.
* Có khả năng giải quyết các bài toán ngẫu nhiên, hoặc nhiễu: Trong trường hợp giải quyết các bài toán có nhiễu hoặc biến thay đổi ngẫu nhiên. GA có khả năng đưa ra các giải pháp phù hợp với những thay đổi của các vấn đề.
* Tối ưu hóa: GA sử dụng cho các bài toán tìm cực trị của hàm toán học, đặc biệt trong các hàm phức tạp. GA tìm kiếm sự tối ưu toàn cục trong các vấn đề tối ưu hóa đa phương thức, có nhiều điểm tối ưu cục bộ. Giải thuật di truyền hạn chế sự tối ưu cục bộ bằng cách sử dụng một lượng lớn các giá trị dữ liệu của nhiều vùng khác nhau trong miền không gian giải pháp.
* Không cần mô hình cụ thể: Giải thuật di truyền không cần yêu cầu mô hình toán học chính xác của đối tượng, hay độ dốc của hàm đặc tính. Chính vì vậy, GA phù hợp cho các bài toán chưa rõ mô hình toán học hay khó xây dựng mô hình toán học.

Đối với các bài toán sử dụng giải thuật di truyền hầu như đều tuân theo một cấu trúc tương tự nhau và chia ra làm một số bước chính như sau [3]:

* Bước khởi tạo: Tạo ra một tập các cá thể mẫu ban đầu các giải pháp cho bài toán – nhiễm sắc thể. Mã hóa các nhiễm sắc thể bằng các Gen theo cách mà thuật toán có thể thực hiện. Tùy thuộc nhu cầu của bài toán mà dùng Gen cơ số 2 hay cơ số 10.
* Bước đánh giá hàm phù hợp: Sử dụng hàm phù hợp đánh giá mức độ tương quan của mỗi cá thế trong quần thể. Hàm phù hợp xác định cách giải quyết vấn đề của mỗi cá thể, nó phụ thuộc vào bài toán cụ thể cần giải quyết.
* Bước chọn lọc: Chọn các cá thể từ quần ban đầu để tạo thành nhóm cha mẹ. Quá trình chọn lọc thường ưu tiên các cá thể có khả năng thích ứng cao hơn, nó dựa trên khái niệm chọn lọc tự nhiên.
* Bước lai tạo: Ghép các cá thể từ nhóm cha mẹ ban đầu để tạo ra thế hệ tiếp theo. Áp dụng quy tắc lai ghép để trao đổi tính chất di truyền giữa bố mẹ, tạo ra một hoặc nhiều con cái. Mục tiêu của quá trình lai tạo là kết hợp các đặc điểm của cha mẹ để tạo ra một thế hệ tốt hơn.
* Bước đột biến: Đưa ra các thay đổi ngẫu nhiên không thường xuyên đối với thế hệ tiếp theo. Đột biến làm tăng thêm sự đa dạng cho quần thể và tạo ra những cá thể mới có tính đột phá đối với thế hệ tiếp theo. Tỷ lệ đột biến thường thấp để ngăn chặn sự gián đoạn quá mức (Trong một số trường hợp không cần dùng đến bước này trong quá trình thực hiện Giải thuật di truyền)
* Thay thế: Từ các thế hệ con cái mới được tạo ra, tiến hành thay thế quần thể chứa chứa cha mẹ ban đầu bằng quần thế chứa các thế hệ mới. Những cá thể có thành tích tốt nhất có thể được chuyển giao sang thế hệ tiếp theo.
* Kết thúc: Thực hiện quá trình lặp các bước chọn lọc, lai ghép, đột biến và thay thế cho một số thế hệ xác định hoặc cho đến khi đáp ứng điều kiện kết thúc của hàm phù hợp.



Hình 2.1. Lưu đồ thuật toán giải thuật di truyền

## Thuật toán xác định trọng số của mạng nơ ron tế bào bậc hai bằng giải thuật di truyền

Đối với bài toán cụ thể xác định bộ trọng số cho mạng nơ ron tế bào bậc cao, ta lựa chọn các đặc tính của bộ trọng số và mạng nơ ron tế bào bậc cao để tạo ra các Gen, Nhiễm sắc thể, quần thể phù hợp. Nội dung chi tiết được trình bày như sau:

*Gen*: Việc lựa chọn Gen cho mạng nơ ron tế bào là bước quan trọng trong quá trình tối ưu hóa việc tính toán các trọng số phục vụ cho bài toán xác định biên ảnh. Đồ án này sử dụng gen cơ số 10, . Mỗi gen sẽ là một trong các số từ (0 – 9) hoặc là dấu (+), (-) để thể hiện số dương hoặc số âm. Do việc tính toán các bộ trọng số mạng nơ ron tế bào là quá trình tối ưu hóa liên tục, việc lựa chọn Gen cơ số 10 là hoàn toàn thích hợp. Các gen thập phân này có khả năng dẫn đến sự đa dạng cao hơn trong quần thể. Các gen có giá trị thực có thể biểu thị trọng số và độ lệch của các nơ-ron trong mạng lưới thần kinh.

*Nhiễm sắc thể*: Mỗi một trọng số trong bộ 101 trọng số của SOCeNNs là một nhiễm sắc thể. Giá trị mỗi nhiễm sắc thể nằm trong đoạn [-9.99, +9.99].

*Quần thể*: Bao gồm 101 quần thể cha mẹ tương ứng với 101 NST trọng số cần xác định trong ma trận trọng số tổng W của SOCeNNs. Từ 101 quần thể cha mẹ này sẽ tạo ra một quần thể bao gồm các NST trọng số tại ma trận trọng số tổng W. Mỗi quần thể có 20 bộ NST cha, mẹ dùng để lai tạo và đột biến.

*Hàm phù hợp*: Sử dụng hàm phù hợp (hàm mục tiêu) cho bài toán xác định đường biên của ảnh. Theo từng yêu cầu của bài toán xác định biên ảnh cung cấp bộ số lượng mẫu phù hợp cho việc học của SOCeNNs. Phương trình .

*Xác định giá trị trạng thái**, đầu vào bậc hai và đầu ra bậc hai của SOCeNNs:*Giá trị trạng thái  khi SOCeNNs đạt trạng thái ổn định được xác định theo biểu thức (2.24), còn giá trị đầu ra bậc nhất được xác định theo biểu thức (2.2). Từ đó xác định giá trị các thành phần đầu vào, đầu ra bậc hai cho SOCeNNs.

***Thuật toán GASOCeNNs được trình bày cụ thể như sau:***

*Input: Cho*

1. Cấu trúc mạng nơ ron tế bào bậc hai thỏa mãn các biểu thức (2.1) đến (2.4)
2. Giá trị sai lệch 
3. Chọn bộ ma trận tổng **W[0]** ban đầu



1. Chọn 101 quần thể cha me ban đầu, với Gen cơ số 10, mỗi cá thể cha mẹ có 5 Gen (bao gồm cả dấu)
2. Chọn tỷ lệ lai tạo và đột biến

*Output: Bộ trọng số W của SoCeNNs*

*Bước 1: Khởi tạo*

Khởi tạo các điều kiện ban đầu của thuật toán theo các dữ liệu đã cung cấp tại Input.

*Bước 2: Đánh giá hàm phù hợp:*



Bước 2.1.: Nếu chuyển sang bước 3

Bước 2.2: Nếu giá trị trọng số thỏa mãn bài toán. Chuyển sang bước 7.

*Bước 3*: Tính giá trị trạng thái  đầu ra tính toán  của SOCeNNs biểu thức (1.51) và (1.39) tương ứng.

*Bước 4:* Tính các giá trị đầu vào bậc hai , đầu ra bậc hai  của SOCeNNs theo biểu thức (2.5) và (2.6)

*Bước 5*: Lai tạo

Tiến hành lai tạo từng quần thể cha mẹ đối với mỗi trọng số của CeNNs, lựa chọn NST tối tư tương ứng với mỗi NST trong ma trận trọng số bằng cách tính hàm phù hợp được tạo ra bởi mỗi NST mới. NST mới nào tạo ra hàm phù hợp nhỏ nhất sẽ được lựa chọn để thay thế vào NST ban đầu của SOCeNNs. Thực hiện phép lai tạo theo nguyên tắc từ trái qua phải của ma trận **W** tức là từ  đến I.

Bước 5.1: Khi  chuyển sang bước 7

Bước 5.2: Khi  chuyển sang bước 6

*Bước 6:* Thực hiện phép đột biến cho một số trọng số trong mạng. Quay lại bước 2 để xác định ma trận trọng số cho các vòng tiếp theo.

*Bước 7:* Dừng thuật toán.

Lưu đồ thuật toán của GA cho SOCeNNs:



Hình 2.2: Lưu đồ khái quát thuật toán GA cho SOCeNNs

## Thuật toán giải phương trình vi phân

## Độ phức tạp của thuật toán GASOCeNNs

## Kết chương

Tại chương 2, sinh viên đã thực hiện được một số nội dung sau đây:

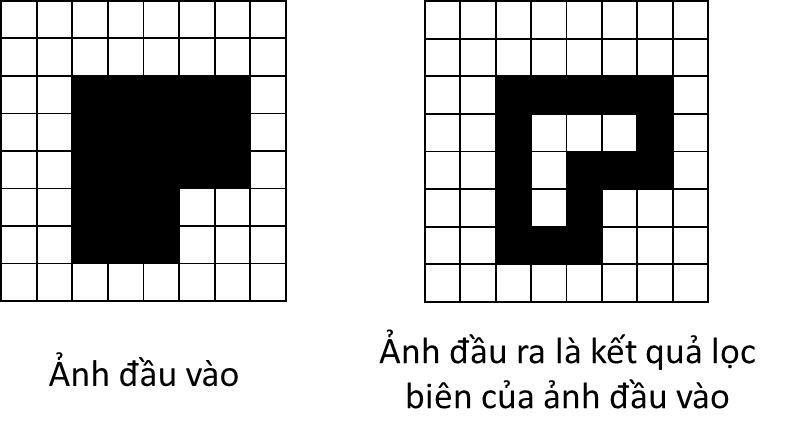
* Khái quát chung về giải thuật di truyền, nguyên lý cũng như ý nghĩa của nó.
* Xây dựng được chi tiết thuật toán GASOCeNNs. Sinh viên sẽ thực nghiệm và đánh giá thuật toán này trong chương tiếp theo.
* Tính toán độ phức tạp của thuật toán.

# CHƯƠNG III: THỰC NGHIỆM VÀ ĐÁNH GIÁ

Trong chương này, sinh viên tiến hành thực nghiệm thuật toán GASOCeNNs cho bài toán lọc biên ảnh. Cụ thể, chạy thuật toán GASOCeNNs với bộ dữ liệu cho trước để tìm ra bộ trọng số phù hợp với bài toán lọc biên ảnh cho SOCeNNs. Rồi lại sử dụng bộ trọng số tìm được để lọc biên cho một số ảnh cụ thể. Từ đó đánh giá khả năng lọc biên của bộ trọng số tìm được.

## Bộ dữ liệu thực nghiệm

Bộ dữ liệu sẽ gồm 5 mẫu. Mỗi mẫu là một ảnh đầu vào và một ảnh đầu ra là kết quả lọc biên của ảnh đầu vào. Ảnh đầu vào và đầu ra có cùng kích thước.



Hình 3.1. Mô tả mẫu dữ liệu

## Công cụ thực nghiệm

### Ngôn ngữ lập trình

Ngôn ngữ lập trình được sử dụng là ngôn ngữ Python.

Python là một ngôn ngữ lập trình bậc cao cho các mục đích lập trình đa năng, do Guido van Rossum tạo ra và lần đầu ra mắt vào năm 1991. Python được thiết kế với ưu điểm mạnh là dễ đọc, dễ học và dễ nhớ. Python là ngôn ngữ có hình thức rất sáng sủa, cấu trúc rõ ràng, thuận tiện cho người mới học lập trình và là ngôn ngữ lập trình dễ học. Cấu trúc của Python còn cho phép người sử dụng viết mã lệnh với số lần gõ phím tối thiểu.

Quan trọng nhất là Python được được sử dụng cực kì phổ biến trong việc phát triển trí tuệ nhân tạo và có rất nhiều thư viện hỗ trợ cho việc tính toán khoa học và giải các bài toán về mạng nơ ron. Đó là lí do tại sao sinh viên lại chọn Python làm ngôn ngữ lập trình trong đồ án này.

### Công cụ lập trình

Công cụ được sử dụng để lập trình là Visual studio code.

Visual Studio Code là một trong những trình soạn thảo mã nguồn rất phổ biến được các lập trình viên sử dụng. Với các ưu điểm nổi bật là sự nhanh chóng, nhẹ, hỗ trợ đa nền tảng cùng nhiều tính năng và là mã nguồn mở chính. Visual Studio Code ngày càng được ưa chuộng sử dụng, là lựa chọn hàng đầu của các lập trình viên.

### Thư viện sử dụng

## Thực nghiệm

## Đánh giá

## Kết chương

# KẾT LUẬN

# **TÀI LIỆU THAM KHẢO**

|  |  |
| --- | --- |
| [1] | N. Q. Hoan, N. T. Tuyen and D. D. Anh, "Kiến trúc và Ổn định của mạng nơ ron tế bào bậc hai," *Tạp chí Khoa học và Công nghệ Đại học Sư phạm Kỹ thuật Hưng Yên,* vol. 27, no. 9, pp. 91-97, 2020. |
| [2] | A. Vié, Qualities, Challenges and Future of Genetic Algorithms: a Literature Review, Oxford, United Kingdom: University of Oxford, 2021. |
| [3] | M. Negnevitsky, Artificial Intelligence, London, England: Addison-Wesley, 2005. |