

به نام خدا



دانشگاه صنعتی شریف

دانشکده مهندسی برق

هوش مصنوعی و محاسبات زیستی - دکتر حاجی پور

نیم سال اول ۱۳۹۹

گزارش پروژه پایانی

امید شرفی (۹۶۱۰۱۸۳۸)

فهرست مطالب

۲	۱ ساختار ذخیره سازی داده ها و ویژگی های استخراج شده
۲	۲ انتخاب ویژگی و کاهش بعد
۴	۳ نتایج
۴	۱.۳ ۱MLP
۴	۲.۳ ۲MLP
۵	۳.۳ RBF
۵	۴.۳ تحلیل نتایج
۶	۴ انتخاب ویژگی و کاهش بعد بر اساس الگوریتم های هوش ازدحامی
۶	۱.۴ الگوریتم ژنتیک
۶	۱.۱.۴ نتایج
۷	۲.۱.۴ تحلیل نتایج
۸	۲.۴ الگوریتم ازدحام ذرات
۸	۱.۲.۴ نتایج
۹	۲.۲.۴ تحلیل نتایج

۱ ساختار ذخیره سازی داده ها و ویژگی های استخراج شده

برای ذخیره سازی داده ها با توجه به این که ویژگی های مختلفی هم در آینده برای داده ها استخراج خواهد شد در نتیجه داده های آموزش و داده های تست نهایی را در دو struct مجزا در ابتدای امر ذخیره میکنیم. در ادامه تمام ویژگی های آماری و حوزه ی فرکانس اسلاید پروژه استخراج شد که در فیلد های مختلف داده ساختار در شکل زیر ذخیره شده است. همچنین ویژگی آنالوپی سیگنال نیز به عنوان ویژگی اضافه بر ویژگی های معرفی شده استفاده شد و در مجموع ۱۸۹۰ ویژگی استخراج شد. جدول تبدیل عدد ویژگی به ویژگی در کد مشخص هست که برای بخش های بعد میتوان بردار اعداد ویژگی های انتخاب شده را به این صورت به ویژگی مربوطه تناظر داد.

1x165 struct with 13 fields												
Fields	Data	Label	Var	DH	AR	FF	XC	SF	BP	PW	EN	sfeatures
1	30x256 d...	0 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
2	30x256 d...	0 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
3	30x256 d...	1 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
4	30x256 d...	1 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
5	30x256 d...	0 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
6	30x256 d...	1 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
7	30x256 d...	0 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
8	30x256 d...	0 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
9	30x256 d...	1 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
10	30x256 d...	1 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
11	30x256 d...	1 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
12	30x256 d...	0 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
13	30x256 d...	1 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
14	30x256 d...	0 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
15	30x256 d...	1 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
16	30x256 d...	0 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
17	30x256 d...	1 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
18	30x256 d...	1 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
19	30x256 d...	0 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
20	30x256 d...	0 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
21	30x256 d...	0 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...
22	30x256 d...	0 1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x30 str...	1x1530 do...

شکل ۱: ساختار ذخیره سازی داده ها و ویژگی های استخراج شده

۲ انتخاب ویژگی و کاهش بعد

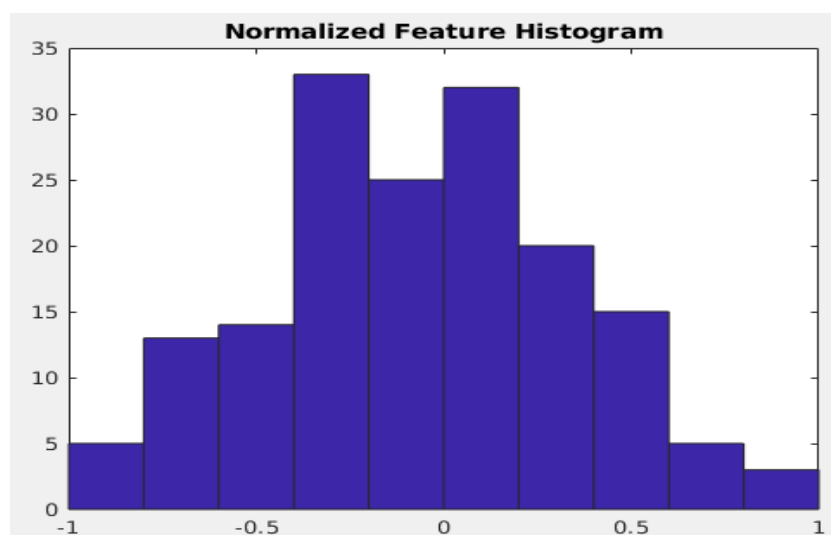
در ادامه برای کاهش بعد اولاً معیار فیشر یک بعدی برای تمام ویژگی ها اعمال شد و بر این اساس مرتب کردیم.

1x1 struct with 4 fields	
Field	Value
sFeatureMatrix	1530x165 double
Fisher_sFeatur...	1530x1 double
fFeatureMatrix	360x165 double
Fisher_fFeatur...	360x1 double

شکل ۲: ذخیره سازی نتایج معیار فیشر برای ویژگی ها

برای انتخاب اولاً چون تعداد ویژگی‌هایی که انتخاب میکنیم خودش یک پارامتر بود با چند عدد مختلف تست و خروجی شبکه MLP برای هر کدام حساب شد که نهایتاً تجمیع نتایج ما را به عدد ۱۰ ویژگی رساند. برای انتخاب ویژگی در این بخش یک کار ترکیبی انجام دادیم. اولاً برای این که از هر دو دسته ویژگی‌های آماری و فرکانسی داشته باشیم با توجه به تعداد ویژگی‌ها و میزان ضریب فیشر بهترین ویژگی‌ها در دو دسته ۴ ویژگی از حوزه فرکانس و ۶ ویژگی آماری انتخاب کردیم.

ثانیاً یک ایراد معیار فیشر این است که اگر واریانس دسته‌های هر لیبیل خیلی کم باشد امتیاز بالایی می‌گردد در صورتی که ممکنه است آن معیار واقعا به آن اندازه خوب نباشد. در نتیجه به جز این که سعی کردیم بهترین ویژگی‌ها با بزرگترین معیارهای فیشر را انتخاب کنیم در کنار هیستوگرام نرمالیزه شده ی آن ویژگی هم رسم شد که احیاناً اگر خیلی داد در یک بین مجتمع باشیم از ویژگی‌های دیگری استفاده کنیم.



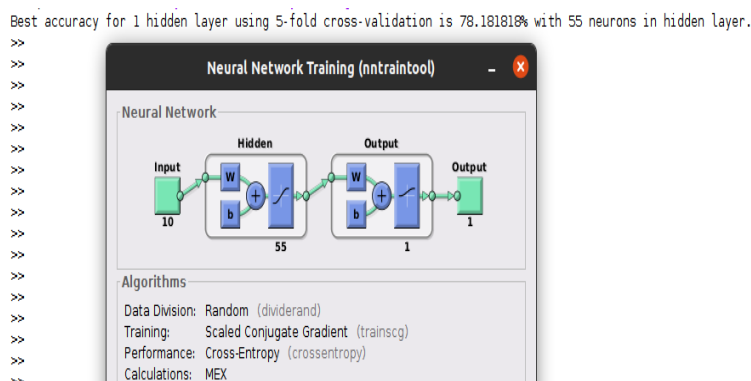
شکل ۳: استفاده از هیستوگرام نرمالیزه شده داده علاوه بر معیار فیشر برای انتخاب ویژگی

و در نهایت نیز ساخت ماتریس ویژگی‌ها به این صورت است که ویژگی‌های کنار هم ناشی از اعمال یک آماره یا اطلاعات خاص بر کانال‌های مختلف هستند. در نتیجه میدانیم که در تسک‌های علوم اعصابی ممکن است که ویژگی‌های مختلف یک کانال خاص بسته به تسک اهمیت پیدا کند اما در مورد ویژگی‌ها بد نیست در صورتی که معیار فیشرها نزدیک هستند برای کاهش احتمال همبستگی ویژگی‌ها وقتی که امتیاز فیشرها نزدیک است از آماره‌های مختلف استفاده کنیم. پس این مورد نیز تا حدودی معیار انتخاب ما بود.

۳ نتایج

۱.۳ ۱MLP

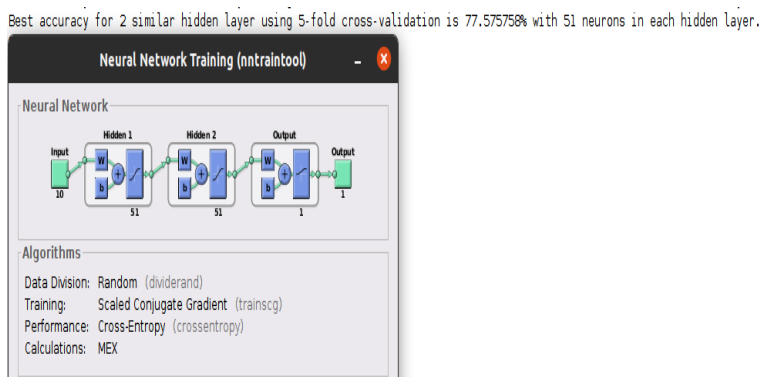
برای این بخش یک سری با ۲۶۰ ویژگی برتر بر مبنای تک انتخاب فیشر و یک بار هم با ۱۰ ویژگی ترکیبی ۶ ویژگی آماری و ۴ ویژگی حوزه ی زمان جلو رفتیم که نتایج حاصل ۱۰ ویژگی به اندازه کافی خوب بود. برای حالت تک لایه ابتدا سرچ در فضای تعداد نرون ۵ تا ۱۶۵ انجام گرفت و سپس چون نتیجه بهینه ۶۰ بود در فضای ۶۰ تا ۷۰ نرون انجام شد که بهترین نتیجه برای ۵۵ نرون در تک لایه ی پنهان به شرح زیر شد.



شکل ۴: بهترین نتیجه MLP تک لایه

۲.۳ ۲MLP

در فضای دولایه نیز برای کاهش ابعاد فضای جستجو با فرض اندازه یکسان در دو لایه پنهان پیش رفتیم که فرض معمولی هم در مقالات حوزه یادگیری ماشین هست. مشابه بخش قبل با دو مرحله جست و جو برای هایپرپارامتر تعداد نرون ها نتیجه ی زیر حاصل شد.



شکل ۵: بهترین نتیجه MLP دو لایه

۳.۳ RBF

با توجه به این در این بخش دو هایپرپارامتر برای جستجو داشتیم کمی جستجو سخت تر شد و پارامتر Spread نیز یک پارامتر پیوسته هست نهایت در چهار مرحله جستجو نتیجه به صورت زیر شد.

Best accuracy for RBF network using 5-fold cross-validation is 77.5758% with Spread = 6.700000 and MNS = 8
NEWFB, neurons = 0, MSE = 0.249991

شکل ۶: بهترین نتیجه شبکه RBF

۴.۳ تحلیل نتایج

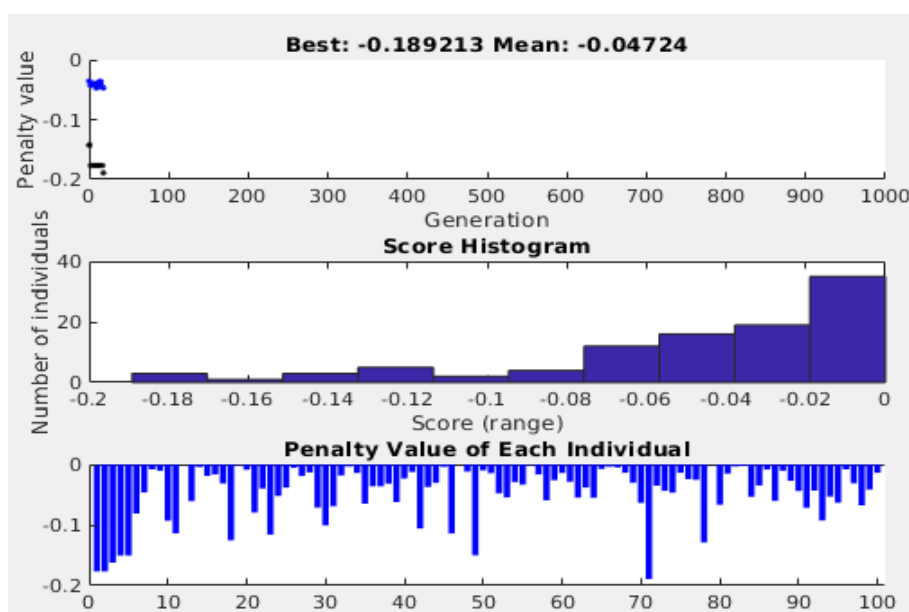
از دید مقایسه ای به نظر میرسد که دقت ها در هر دو رویکرد دقت های خوب و تقریباً برابری هستن و از این نظر تفاوتی وجود ندارد و شبکه RBF نیز میتواند به خوبی شبکه MLP بدون بزرگ کردن بیش از حد ابعاد کلاس فرضیه هایش درصد دقت مناسب دریافت کند.

۴ انتخاب ویژگی و کاهش بعد بر اساس الگوریتم های هوش ازدحامی

۱.۴ الگوریتم ژنتیک

برای اجرای الگوریتم تابع بهینه سازی بر اساس معیار چند بعدی فیشر تعریف شد. همچنین کروموزوم به طول ۱۰ تعریف شد که آلل های آن اعداد ۱ تا ۱۸۹۰ معیار هرکدام از ویژگی های ما بودن. با توجه به آن که اجرای هر تکرار الگوریتم در سیستم من بسیار زمان بر بود نتیجه بعد از چند تکرار نسل اولیه به شرح زیر درآمد.

۱.۱.۴ نتایج

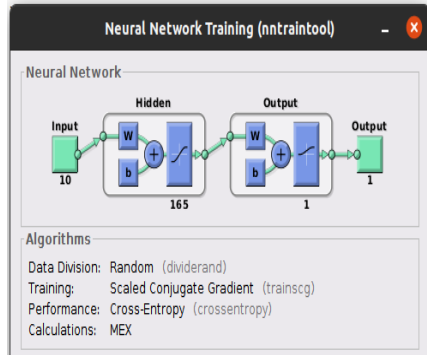


شکل ۷: اجرای الگوریتم ژنتیک

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	447	115	688	897	485	1267	379	646	477	1774

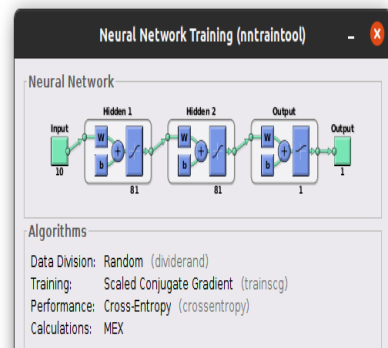
شکل ۸: بردار ویژگی منتخب (میزان فیشر چند بعدی = ۰.۱۸۹۲)

Best accuracy for 1 hidden layer using 5-fold cross-validation is 70.909091% with 165 neurons in hidden layer.



شکل ۹: بهترین نتیجه MLP تک لایه

Best accuracy for 2 similar hidden layer using 5-fold cross-validation is 72.121212% with 81 neurons in each hidden layer.
>>



شکل ۱۰: بهترین نتیجه MLP دو لایه

NEWRB, neurons = 0, MSE = 0.249991

Best accuracy for RBF network using 5-fold cross-validation is 75.151515% with Spread = 0.900000 and MNS = 12

شکل ۱۱: بهترین نتیجه شبکه RBF

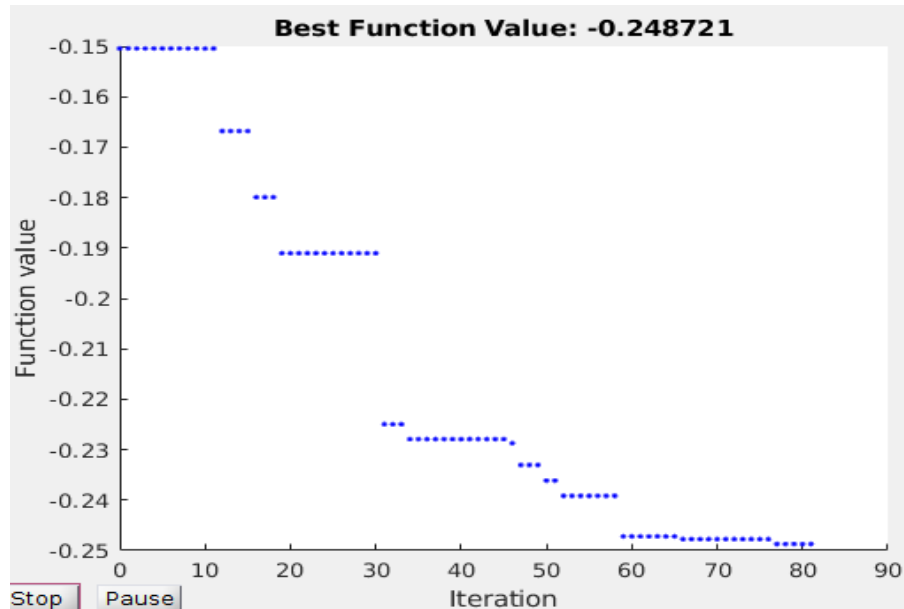
۲.۱.۴ تحلیل نتایج

نتایج به دست آمده تا حد خوبی در اوردر همان نتایج انتخاب دستی هستند. خب از یک طرف این موضوع میتواند ناشی از انتخاب خوب ما در حالت انتخاب ویژگی به صورت دستی باشد که همانطور که اشاره شد پارامترهای مختلفی در انتخاب دخیل شد. از طرفی اجرای الگوریتم ژنتیک روی سیستم من بسیار طول میکشید فلذا به نظر میرسد که ممکن است الگوریتم به بردارها با معیار فیشر چندبعدی بهتر (تابع هزینه کمتر) برسد که خب ما به چند تکرار اولیه الگوریتم و پاسخ قابل قبول اکتفا کردیم. در بخش آخر در الگوریتم PSO با توجه به این که این الگوریتم پیچیدگی کمتر و سرعت محاسباتی بالاتری دارد امکان اجرای الگوریتم با تعداد تکرارهای بیشتر ممکن است که در ادامه آن ها را خواهیم داشت.

۲.۴ الگوریتم ازدحام ذرات

در این روش نیز تابع هزینه و تعریف ذرات مشابه الگوریتم ژنتیک انجام شد. صرفاً بحث طبیعی بودن عدددهای بردار مکان ذره ها با توجه به تعریفی که داشتیم وجود داشت که در تعریف تابع هزینه و نهایتاً خروجی که از الگوریتم میگیریم تعریف شد.

۱.۲.۴ نتایج



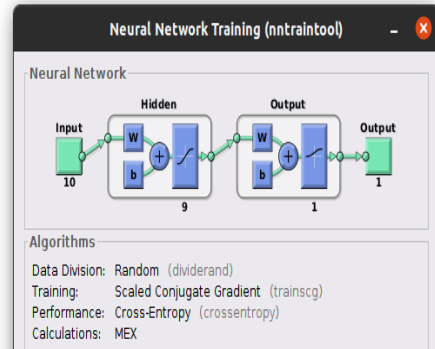
شکل ۱۲: اجرای الگوریتم PSO

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	478	92	478	370	1219	558	721	1221	848	334

شکل ۱۳: بردار ویژگی منتخب (میزان فیشر چند بعدی = ۰.۱۸۹۲)

Best accuracy for 1 hidden layer using 5-fold cross-validation is 71.515152% with 9 neurons in hidden layer.

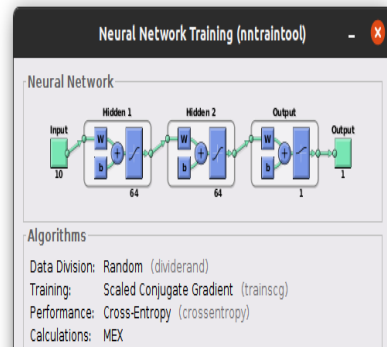
>>



شکل ۱۴: بهترین نتیجه MLP تک لایه

Best accuracy for 2 similar hidden layer using 5-fold cross-validation is 67.272727% with 64 neurons in each hidden layer.

>>



شکل ۱۵: بهترین نتیجه MLP دو لایه

Best accuracy for RBF network using 5-fold cross-validation is 73.333333% with Spread = 3.000000 and MNS = 3
NEWRB, neurons = 0, MSE = 0.249991

شکل ۱۶: بهترین نتیجه شبکه RBF

۲.۲.۴ تحلیل نتایج

نتایج دقت شبکه های حاصله با ویژگی های منتخب ی PSO نیز در حدود همان نتایج حاصل از الگوریتم ژنتیک هست.