پروژه نهایی درس یادگیری ماشین

فهرست مطالب

۲														A	مقدم	١
٣														ب مسئله و شرح پروژه	تعرية	١
~	 													تعریف کلی مسئله .	١.٢	
~														جمع آوری داده		
~	 													گزارش اولیه	٣.٢	
۴														گروه بندی		
۴															۵.۲	
۵	 													پیش پردازش	۶.۲	
١.	 													طبقه بندی	٧.٢	
18	 													خوشه بندى	۸.۲	

فصل ۱

مقدمه

به طور کلی هدف از این پروژه انجام صفر تا صد یک پروژه واقعی یادگیری ماشین است. در این پروژه ما با چالشهایی روبه رو خواهیم شد که بعضاً در دیگر پروژه های دانشگاهی یادگیری ماشین با آن روبه رو نبوده ایم. به عنوان مثال در اکثر پروژه ها داده (بعضاً پیش پردازش شده) در اختیار ما قرار می گرفت اما ما در این پروژه بخش جمع آوری داده را خواهیم داشت.

فصل ۲

تعریف مسئله و شرح پروژه

۱.۲ تعریف کلی مسئله

هدف نهایی این پروژه طبقه بندی و خوشه بندی ساز ها به صورت تکنوازی در ۶ دسته بندی ویولون، تار، سه تار، سنتور، نی و پیانو است. که ما برای هر کدام از این دسته ها داده های مورد نظر(تکنوزی) را جمع آوری کرده ایم.

۲.۲ جمع آوری داده

هر دانشجو بصورت انفرادی برای هر گروه مشخص شده ۵ آهنگ جمع آوری کرده است(یعنی هر نفر ۳۰ آهنگ) که هیچکدام از آهنگ ها تکراری نیست و برای یکدست بودن داده ها همگی آهنگ ها در فرمت (128 kb mp3) انتخاب شده اند.

۳.۲ گزارش اولیه

در این مرحله بصورت گروهی گزارشی تهیه کردیم و در آن راجع به انواع این ساز ها و آهنگ های ساخته شده با آن ها اطلاعاتی را شرح دادیم.

۴.۲ گروه بندی

شماره دانشجویی	نام خانوادگی	نام
۸۱۰۱۰۰۳۵	رزمی	سياوش
۸۱۰۱۰۰۲۹۵	آهمند	محسن
۸۱۰۱۰۰۴۷۶	ملكي	مهيار
11.1	قهرماني	امين

۵.۲ تمیز سازی داده ها

حال پس از جمع آوری داده ها لازم است با پردازش اولیه داده ها آن ها را آماده برای مراحل بعدی پروژه کنیم ٔ تمیز سازی داده ها نیز بخشی حیاتی از فرایند تجزیه و تحلیل داده ها است.

اگر داده های ما مغایرت یا خطایی داشته باشد، می توانیم پیش بینی کنیم که نتایج ما نیز ناقص خواهند ىو **د**.

تمیزسازی دادهها فقط مورد حذف دادههای اشتباه نیست، اگرچه این مهم اغلب بخشی از آن است. در مبحث تمیزسازی داده ها، تمرکز اصلی بیشتر بر روی شناسایی داده های متقلب و (در صورت امکان) اصلاح آنها، انجام مي شود.

"دادههای متقلب" شامل مواردی مانند دادههای ناقص، نادرست، بیربط، خراب یا با قالببندی نادرست هستند. این فرایند همچنین شامل تکثیر یا "برداشتن" است که به طور موثر به معنی ادغام یا حذف نقاط داده يكسان مى باشد.

اما چرا اصلاح این نوع خطاها تا این حد مهم است؟

پاسخ به اندازه کافی ساده است: اگر این کار را نکنیم، آنها بر نتایج تجزیه و تحلیل ما تأثیر میگذارند. از آنجا که تجزیه و تحلیل دادهها معمولا برای اطلاع رسانی تصمیمات کسب و کار مورد استفاده قرار میگیرد، نتایج باید دقیق باشند در این حالت، به سادگی حذف دادههای متقلب یا ناقص ایمن تر به نظر می رسد.

اما این مسئله نیز مشکلاتی را ایجاد می کند: "یک مجموعه داده ناقص نیز بر نتایج تجزیه و تحلیل ما تأثیر می گذارد". به همین دلیل یکی از اهداف اصلی تمیزسازی دادهها، سالم نگه داشتن هر چه بیشتر یک مجموعه داده است. این امر به بهبود قابلیت اطمینان بینش ما، کمک می کند.

¹Preparing Data for Machine Learning

که در این پروژه ما داده های خراب، بی کیفیت و آهنگ هایی که ترکیبی از چند ساز بودن را از آهنگ های سالم بصوت دستی جداسازی کردیم.

۶.۲ پیش پردازش

تمییز سازی: تعداد زیادی از نمونه فایل های ارسالی مناسب برای استفاده در پروژه نبودند به طور مثال دارای صدای های اضافه (صدای ساز یا صدای آواز)، یا مربوط به ساز های غیر از سازهای مشخص شده (مثلا به جای نی صدای دودوک یا فلوت و یا ویالن سل بجای ویالون) که تمامی اینها توسط اعضای گروه بررسی و نمونه های نامناسب جداسازی شد.

بارگذاری:

۱ - اسکن کردن دایر کتوری نمونه ها:

درابتدا نام دایر کتوری که نمونه ها در آن ذخیره شده اند در متغیر path ذخیره می شود، اسم تمام ساز ها در آرایه ایی به نام instruments ذخیره می گردد سپس یک حلقه برای تمامی فولدر هایی که نامشان در instrument هست اجرا می شود و نام فایل هایی که با پسوند mp3 در این سابفولدر ها هستند به ارایه files و همچنین نام ساز را نیز به آرایه labels اضافه میکند.

Label encoding - 2

برای استفاده از کتابخانه های sklearn نیاز است که لیبل های فایل به فرمت عددی به ماژول ها داده شود بنابرین با استفاده labelEncoder این لیبل هارا به عدد تبدیل میکنیم.

برای بارگذاری و پیش پردازش آهنگ ها از پکیج librosa استفاده شد، این پکیج مشخصاً برای کاربرد های MIR (Music information retrieval) های

برای بارگذاری یک فایل صوتی نیاز به مشخص کردن نرخ نمونه برداری یا Sampling rate هست که در ثانیه از فایل نمونه گرفته می شود، هرچه این نرخ دقیق تر باشد نمونه برداری ما دقیق تر اما زمانبرتر است و فضای بیشتری احتیاج دارد، با توجه به این موضوع نرخ ۴۴۱۰۰ نمونه در ثانیه برای اینکار انتخاب شد.

سیگنال صوتی پس از باگذاری توسط librosa به صورت یک آرایه یک بعدی تبدیل می شود که به همراه نرخ نمونه برداری آن به خروجی داده می شود.

به طور پیش فرض در صورتی که فایل ورودی به شکل استریو باشد (خروجی صدا برای دو اسپیکر طراحی شده باشد) متد load در این کتابخانه ابتدا این دو خروجی را با همدیگر میانگین میگیرد و سپس از آن نمونه برداری می کند.

به این جهت که حجم فایل ها بسیار زیاد بود وبرای بارگذاری آنها مدت زمان مدیدی صرف میشد پس بررسی دقت نتیجه، تصمیم گرفته شد که از هر فایل به شکل نمونه های n ثانیه ایی رندم انتخاب شود بدین شکل مدت زمان باگذاری به طور چشمگیری کاهش یافت البته با مشخص کردن پارامتر n تعداد نمونه هایی که از هر فایل انتخاب می شود قابل تغییر است.

پس از بارگذاری فایل در قدم بعد هر آرایه را نرمالایز کردیم تا تمام ورودی ها به شکل یکسانی تبدیل شوند و اگر نمونه ایی دارای شدت صدای بالاتر یا پایین تری بود در روند train مدل تداخل ایجاد نکند

حال پس از بارگذاری نمونه به تابعی به نام $get_features$ داده می شود تا ویژگی های آن استخراج گردد.

٣- استخراج ويژگى:

برای استخراج ویژگی های هر نمونه فایل یک تابع تعریف شد که با گرفتن یک نمونه به عنوان ورودی با استفاده از توابع کتابخانه librosa اقدام به استخراج ویژگی ها کرده و در نهایت ۲۶ ویژگی مختلف را به عنوان خروجی تحویل میدهد، در ادامه به شرح هر کدام از این ویژگی ها می پردازیم:

chromogram در زبان انگلیسی به معنای نت های ۱۲ گانه موسیقی است و chromo در زبان انگلیسی به معنای نت های ۱۲ گانه موسیقی است و chromogram با استفاده از متد در کتابخانه librosa با استفاده از متد chroma_stft

Root-meat-square: که همان جذر میانگین مربعات مقادیر سیگنال صوتی است و با متد rms به دست می آید

Spectral centroid : این مقدار مکان مرکز طیف موج را نشان میدهد که به عنوان معیاری برای spectral_centroid : این مقدار مکان مرکز طیف صوت به کار می رود و با دستور

Spectral_bandwidth : این مقدار میزان انحراف مقادیر از مرکز طیف موج را نمایش می دهد و با دستور spectral_bandwidth به دست می آید.

Spectral rolloff: فرکانسی است که مقدار معینی از انرژی موج در فرکانس های کمتر از آن قرار می گیرد ، به طور مثال فرکانسی را میدهد که بیشتر از ۸۵ درصد از انرژی موج در فرکانس های کمتر از آن قرار دارد و با دستور spectral_rolloff به دست می آید.

Zero crossing rate یا ZCR: میانگین نرخی است که موج در واحد زمان از مقدار مثبت به مقدار

منفی و بالعکس تغییر میکند و در تشخیص گفتار و موسیقی کاربرد زیادی دارد و با دستور zero_crossing_rate منفی و بالعکس تغییر میکند و در تشخیص گفتار و موسیقی کاربرد زیادی دارد و با دست می آید

mfc یا cepstrum mel-frequency : Mel-frequency cepstral coefficients یا mfc نمایش توان طیف موج صوتی در بازه زمان هست که بر حسب تبدیل خطی کسینوس بر روی طیف توان لگاریتمی به دست می آید

ستند که MFC را تشکیل می دهند، این ضرایب توسط coefficients MFC یا MFC تابع mfcc تابع mfcc به نوان خروجی می دهد

لازم به ذکر است که تمامی این توابع برای محاسبه این مقادیر پنجره هایی به طول مشخص را از نمونه انتخاب و این مقادیر را برای آن محاسبه میکنند به طور پیشفرض هر پنجره ۲۰۴۸ sample طول دارد و هر دو پنجره به اندازه sample ۵۱۲ از هم فاصله دارند که این مقادیر با توجه به نرخ نمونه برداری rate که ما برای تابع مشخص میکنیم ممکن است مدت زمان متفاوتی داشته باشند، در اینجا ما مقادیر پیشرفض را تغییر ندادیم

بنابرین هر تابع خروجی را به شکل ماتریسی از مقادیر که برای هر frame محاسبه شده به عنوان خروجی میدهد حال ما برای اینکه یک مقدار را به عنوان ویژگی برای هر فایل صوتی نگهداری کنیم مقادیر را برای تمام پنجره ها میانگین میگیریم.

در نهایت تمامی این مقادیر برای هر فایل نمونه به عنوان یک ردیف در ماتریس feature_vectors ذخیره می شود.

برای راحتی کار و به دلیل اینکه با هردفعه اجرای کد مجبور به انجام دوباره این کار نباشیم پس از محسابه ماتریس feature_vector را با استفاده از ماژول pickle در یک مکان ذخیره میکنیم تا در دفعات بعد تنها لازم به بازگذاری همین فایل باشد.

: Standardization - 4

حال پس از محاسبه ماتریس ویژگی ها برای یکسان کردن مقادیر همه ستون ها اقدام به Standardization حال پس از sklearn آنها میکنیم برای اینکار از ماژول Standardscaler کتابخوانه sklearn استفاده کردیم و پس از fit کردن آن مقادیر جدید را در متغیر Scaled_feature_vector ذخیره کردیم

۷.۲ طبقه بندی

الگوريتم نزديك ترين همسايه ٢

این الگوریتم (k) نزدیکترین همسایه، یکی از الگوریتم های پر استفاده ی یادگیری ماشین است که جزء الگوریتم های بدون پارامتر (یعنی هیچ فرضی در مورد توزیع داده ها ندارد) و lazy Learning (زمان یادگیری کوتاه اما زمان حدس زدن طوالانی) است. هدف این الگوریتم استفاده از دیتاست هایی است که نقاط داده در آن ها بصورت مجزا بوده و در چندین دسته قرار گرفته اند.

غیر پارامتری بودن این الگوریتم بسیار خوب است زیرا اغلب داده ها در دنیای واقعی از فرضیات نظری معمول، تبعیت نمی کنند. از این رو زمانی که دانش قبلی درباره توزیع داده ها نداریم، یکی از بهترین گزینه ها برای کلاس بندی، استفاده از الگوریتم KNN است.

مزايا و معايب:

از جمله مزایای الگوریتم Knn می توانیم به سادگی این الگوریتم، عدم نیاز به در اختیار داشتن فرضیات دربارهی داده (که مخصوصا در خصوص داده های غیرخطی بسیارکاربردی است)، دقت بسیار بالا، کاربردی برای انواع مسائل (کلسیفیکیشن و رگرسیون) اشاره کنیم.

با این وجود این الگوریتم نقاط ضعفی هم دارد. یکی از مهمترین نقاط ضعف آن، حجم زیاد محاسبات است زیرا این الگوریتم داده های آموزشی را نگهداری می کند. همین موضوع باعث می شود تا به حافظهی بسیار زیادی هم نیاز داشته باشم. زمان حدس زدن (Prediction) این الگوریتم هم طولانی خواهد بود. از طرفی ویژگی های غیر مرتبط واندازه داده ها هم روی این الگوریتم تاثیر میگذارد.

تعیین پارامتر (k)

این پارامتر که نقش اساسی در تعیین مرز های تصمیم دارد، به عنوان Smoothing Factor محسوب میشود. هر چقدر مقدار این پارامتر بزرگتر باشد مرز های تصمیم Smoothing تر خواهند بود. با کوچک انتخاب کردن مقدار کا ممکن است به دادههای Train فیت بشویم و در بررسی دادههای تست با مشکلاتی از جمله Overfitting روبرو شویم.

اما بهترین مقدار برای k چقدر است ؟ در واقع بسته به مساله ما دارد و هیچ معیار از پیش تعیین شده ای برای انتخاب بهینه ی پارامتر نداریم. ایده ی استفاده شده برای یافتن بهینه ترین حالت این پارامتر بررسی k Error rate برای باده ی

مقادیر مختلف Knn و رسم نمودار آنها بود تا با توجه به نمودار بدست آمده بهترین مقدار را برای این مساله تشخیص دهیم

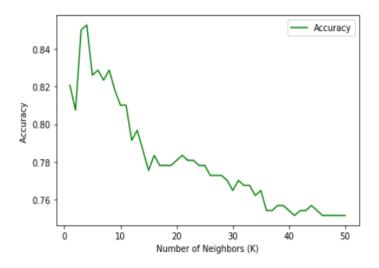
²Knn Algotithm

Finding best parameters

```
K = 50
acc = []
for n in range(1,K+1):
    clf = KNeighborsClassifier(n_neighbors = n).fit(X_train, y_train)
    yhat = clf.predict(X_test)
    acc.append(metrics.accuracy_score(y_test, yhat))

acc = np.array(acc)
print( "The best accuracy is", round(acc.max()*100, 2), "% with k =", acc.argmax()+1)
plt.plot(range(1,K+1),acc,'g',label='Accuracy')
plt.legend()
plt.ylabel('Accuracy ')
plt.xlabel('Number of Neighbors (K)')
plt.tight_layout()
plt.show()
```

The best accuracy is 85.29 % with k = 4



باتوجه به نمودار فوق بهترین مقدار برای پارامتر k برابر ۴ میباشد که دقت این کلسیفایر به ۸۵ درصد میرسد.

معیار های ارزشیابی این الگوریتم:

ابتدا به معرفی ۶ معیار می پردازیم که بر اساس آنها دقت و صحت الگوریتم ها را سنجیدهایم.

معادل True Positive عبارت است از tp/(tp+fp) که در آن tp/(tp+fp) عبارت است. در واقع معنی این عبارت توانایی کلسیفایر در عدم نامگذاری نمونههای نفی به عنوان False Positive نمونه مثبت است.

است. معنی این false negative که در آن tp/(tp+fn) که در آن Recall عبارت است و عبارت است. عبارت این است تواناییکلسیفایر در یافتن تمام نمونه های مثبت چقدر است.

F-BETA : به معنی میانگین وزنی Recall و Precision است. بهترین مقدار بتا برابر ۱ و بدترین آن برابر ۱ است. یک بودن بتا بیانگر این است که هر دپی معیار فوق الذکر درجه اهمیت یکسانی دارند.

را نشان میدهد.(تعداد نمونه های مورد بررسی در y_True یا تعداد نمونه های مورد بررسی در y_True هر کلاس)

Macro : معیار های هر برچسب را محاسبه می کنیم و میانگین غیروزنی آنها را می یابیم.

Support : معیار های هر برچسب را محاسبه می کنیم و میانگین وزنی آنهارا بر حسب Weighted : بیان می کنیم.

حال به بررسی معیار های فوق که برای الگوریتم KNN بدست آمده اند، می پردازیم.

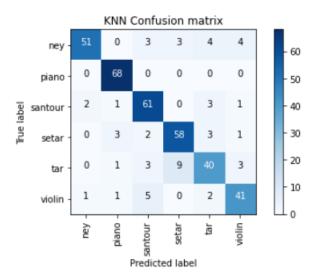
Scores

```
f1_score.append(metrics.f1_score(y_test, y_pred, average='macro'))
precision.append(metrics.precision_score(y_test, y_pred, average='macro'))
recall.append(metrics.recall_score(y_test, y_pred, average='macro'))
accuracy.append(metrics.accuracy_score(y_test, y_pred))
print(metrics.classification_report(y_test, y_pred))
```

	precision	recall	f1-score	support
0	0.94	0.78	0.86	65
1	0.92	1.00	0.96	68
2	0.82	0.90	0.86	68
3	0.83	0.87	0.85	67
4	0.77	0.71	0.74	56
5	0.82	0.82	0.82	50
accuracy			0.85	374
macro avg	0.85	0.85	0.85	374
weighted avg	0.85	0.85	0.85	374

مقادیر بدست آمده برای ۶ کلاس نی، پیانو، سنتور، سه تار، تار و ویولن به ترتیب به شرح فوق است.

ماتریس Confusion



از نمودار فوق میتوان دقت تشخیص هر ساز را فهمید. همانطور که از نمودار فوق پیداست ضعیفترین عملکرد مربوط به ساز تار است و الگویتم کا به اشتباه ساز تار را به عنوان سه تار تشخیص داده است. که این امر بابت شبیه بودن صدا های تار پ سه تاربه یکدیگر است.بهترین عملکرد تشخیص مربوز به ساز پیانو است که تمام موارد را به درستی تشخیص داده است.

Cross Validation

```
clf = make_pipeline(preprocessing.StandardScaler(), knn_clf)
scores = cross_val_score(clf, X, y, cv=10, scoring='accuracy')
accuracy_cv.append([scores.min(),scores.mean(),scores.max()])
print('lowest accuracy is', scores.min())
print('highest accuracy is', scores.max())
print('average accuracy is', scores.mean())

lowest accuracy is 0.784
highest accuracy is 0.888
average accuracy is 0.8352
```

الگوريتم رگرسيون لجستيک^۳

رگرسیون لجستیک یک روش یادگیری ماشین است و یکی از محبوب ترین تکنیک ها برای طبقه بندی داده ها است.در مسئله طبقه بندی هنگامی که باید کلاس را از کلاس دیگر تشخیص داد، استفاده می شود. این الگوریتم برای پیش بینی متغیر وابسته طبقهای با استفاده از یک مجموعه داده شده از متغیر های مستقل استفاده می شود.

مزایای رگرسیون لجستیک:

الگوریتم رگرسیون لجستیک یک تکنیک بسیار پر کاربرد و کار آمد است، به منابع محاسباتی زیادی احتیاج ندارد. بسیار قابل تفسیر است. خروجی احتمالات پیش بینی شده را به خوبی کالیبره می کند و رگرسیون یک خط مبنای خوب است که می توان از آن برای اندازه گیری عملکرد الگوریتم های پیچیده تر استفاده کرد. مزیت دیگر رگرسیون لجستیک این است که اجرای آن بسیار آسان است و آموزش آن بسیار کار آمد است. مانند رگرسیون خطی، رگرسیون لجستیک هنگامی که ویژگی هایی را که با متغیر خروجی ارتباط ندارند و همچنین ویژگی هایی که بسیار شبیه به یکدیگر هستند را حذف می کنید، بهتر عمل می کند. بنابراین مهندسی ویژگی نقش مهمی در عملکرد رگرسیون لجستیک و خطی دارد.

تعيين پارامتر ها:

Max_iter : حداكثر تعداد انجام شده براى همگرايي

Logistic Regression

Finding best parameters

حال به بررسی معیار های ارزیابی که برای الگوریتم رگرسیون لجستیک بدست آمدهاند، می پردازیم.

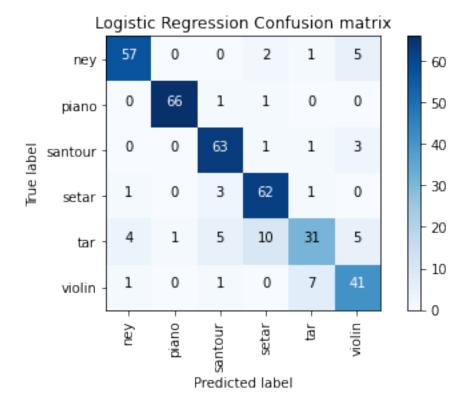
³: Logistic Regression Algorithm

Scores

f1_score.append(metrics.f1_score(y_test, y_pred, average='macro'))
precision.append(metrics.precision_score(y_test, y_pred, average='macro'))
recall.append(metrics.recall_score(y_test, y_pred, average='macro'))
accuracy.append(metrics.accuracy_score(y_test, y_pred))
print(metrics.classification_report(y_test, y_pred))

	precision	recall	f1-score	support
0	0.90	0.88	0.89	65
1	0.99	0.97	0.98	68
2	0.86	0.93	0.89	68
3	0.82	0.93	0.87	67
4	0.76	0.55	0.64	56
5	0.76	0.82	0.79	50
accuracy			0.86	374
macro avg	0.85	0.85	0.84	374
weighted avg	0.85	0.86	0.85	374

: Confusion ماتریس



همانطور که از شکل پیداست ضعیف ترین تفکیک ساز مرتبط با ساز های تار و سه تار است . بهترین عملکرد هم برای تشخیص صدا های تار و پیانو نسبت به الگوریتم الگوریتم در تشخیص صدا های تار و پیانو نسبت به الگوریتم دو عملکرد ضعیف تری داشته است. اما در سایر ساز ها عملکرد به نسبت بهتری نشان داده است. دقت هر دو الگوریتم را در این مساله می توان معادل هم دانست.

Cross Validation

```
clf = make_pipeline(preprocessing.StandardScaler(), lr_clf)
scores = cross_val_score(clf, X, y, cv=10, scoring='accuracy')
accuracy_cv.append([scores.min(),scores.mean(),scores.max()])
print('lowest accuracy is', scores.min())
print('highest accuracy is', scores.max())
print('average accuracy is', scores.mean())
```

lowest accuracy is 0.8387096774193549 highest accuracy is 0.944 average accuracy is 0.8809548387096774

الگوريتم ٔ SVM

ماشین بردار پشتیبان SVM یک الگوریتم نظارتشده یادگیری ماشین است که هم برای مسائل طبقهبندی و هم مسائل رگرسیون قابل استفاده است؛ با این حال از آن بیشتر در مسائل طبقهبندی استفاده می شود.

مزایا و معایب الگوریتم ماشین بردار پشتیبان

مزايا

حاشیه جداسازی برای دستههای مختلف کاملاً واضح است.

در فضاهای با ابعاد بالاتر کارایی بیشتری دارد.

در شرایطی که تعداد ابعاد بیش از تعداد نمونهها باشد نیز کار می کند.

یک زیر مجموعه از نقاط تمرینی را در تابع تصمیم گیری استفاده می کند (که به آنها بردارهای پشتیبان گفته می شود)، بنابراین در مصرف حافظه نیز به صورت بهینه عمل می کند.

⁴Support Vector Machine algorithm

معايب

هنگامی که مجموعه دادهها بسیار بزرگ باشد، عملکرد خوبی ندارد، زیرا نیازمند زمان آموزش بسیار زیاد ست.

است. هنگامی که مجموعه داده نویز زیادی داشته باشد، عملکرد خوبی ندارد و کلاسهای هدف دچار همپوشانی می شوند.

مآشین بردار پشتیبان به طور مستقیم تخمینهای احتمالاتی را فراهم نمی کند و این موارد با استفاده از یک اعتبارسنجی متقابل (Cross Validation) پرهزینه پنج گانه انجام میشوند. این امر با روش SVM موجود در کتابخانه،scikit-kearn پایتون مرتبط است.

تعيين پارامتر ها:

کرنل: این پارامتر پیش از این مورد بررسی قرار گرفت. گزینه های گوناگونی شامل «poly»، «linear» کرنل: این پارامتر rbf و poly برای خط rbf برای کرنل وجود دارند و در حالت پیش فرض کرنل روی پارامتر rbf قرار دارد. poly و poly برای خط جداساز غیر راست مفید هستند.

گاما (gamma): ضریب کرنل برای poly ،rbf و sigmoid است. هرچه مقدار گاما بیشتر باشد، الگوریتم تلاش می کند برازش را دقیقاً بر اساس مجموعه دادههای تمرینی انجام دهد و این امر موجب تعمیم یافتن خطا و وقوع مشکل بیش برازش (Over-Fitting) می شود.

ن پارامتر پارامتر جریمه C، برای جمله خطا است. این پارامتر همچنین برقراری تعادل بین مرزهای تصمیم گیری هموار و طبقه بندی نقاط داده تمرینی را کنترل می کند.

Finding best parameters

best parameters of the model are: {'C': 10, 'gamma': 0.01, 'kernel': 'rbf'}

همانطور که در شکل مشخص است ، پارامتر های این الگوریتم نشان داده شده است.

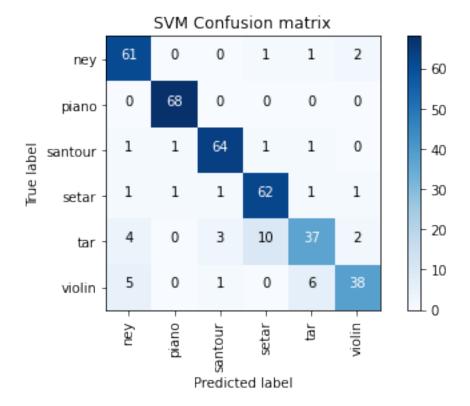
حال به برسی معیار های ارزیابی که برای الگوریتم SVM بدست آمده اند ، می پردازیم.

Scores

f1_score.append(metrics.f1_score(y_test, y_pred, average='macro'))
precision.append(metrics.precision_score(y_test, y_pred, average='macro'))
recall.append(metrics.recall_score(y_test, y_pred, average='macro'))
accuracy.append(metrics.accuracy_score(y_test, y_pred))
print(metrics.classification_report(y_test, y_pred))

	precision	recall	f1-score	support
0	0.85	0.94	0.89	65
1	0.97	1.00	0.99	68
2	0.93	0.94	0.93	68
3	0.84	0.93	0.88	67
4	0.80	0.66	0.73	56
5	0.88	0.76	0.82	50
accuracy			0.88	374
macro avg	0.88	0.87	0.87	374
weighted avg	0.88	0.88	0.88	374

: Confusion ماتریس



با توجه به نمودار ضعیف ترین عملکرد همانند روش های قبل مربوط به تشخیص ساز تار و بهترین متعلق به پیانو می باشد.با توجه به اعداد بدست آمده متوجه میشویم که عملکرد الگوریتم SVM از دو الگوریتم قبلی کمی کار آمد تر است و برای مساله ما روش بهتری محسوب می شود. با اعتبار سنجی انجام شده به دقت ماینگین ۹۰ درصد میرسیم که آمار بسیار خوبی محسوب می شود.

به شکل زیر توجه کنید.

Cross Validation

```
clf = make_pipeline(preprocessing.StandardScaler(), svm_clf)
scores = cross_val_score(clf, X, y, cv=10, scoring='accuracy')
accuracy_cv.append([scores.min(),scores.mean(),scores.max()])

print('lowest accuracy is', scores.min())
print('highest accuracy is', scores.max())
print('average accuracy is', scores.mean())

lowest accuracy is 0.8548387096774194
```

lowest accuracy is 0.8548387096774194 highest accuracy is 0.944 average accuracy is 0.9051419354838709

الگوريتم درخت تصميم ا

درخت تصمیم که هدف اصلی آن، دسته بندی داده هاست، مدلی در داده کاوی است که مشابه فلو چارت، ساختاری درخت مانند را جهت اخذ تصمیم و تعیین کلاس و دسته یک داده خاص به ما ارائه می کند. چنانچه متغیری وابسته عددی باشد دسته بندی ما یک مساله رگرسیون و چنانچه طبقهای باشد، دسته بندی از نوع، رده بندی ما یک مساله رگرسیون و چنانچه طبقهای باشد، دسته بندی از نوع، رده بندی (Classification)

درخت تصمیم یک مدل خودتوصیف است یعنی به تنهایی و بدون حضور یک فرد متخصص در آن حوزه، نحوه دسته بندی را به صورت گرافیکی نشان می دهد و به دلیل همین سادگی و قابل فهم بودن، روش محبوبی در داده کاوی محسوب می شود. البته در مواردی که تعداد گرههای درخت زیاد باشد، نمایش گرافیکی و تفسیر آن می تواند کمی پیچیده باشد.

مزایا و معایب درخت تصمیم:

مزايا:

احتیاجی به تخمین تابع توزیع نیست. آمادهسازی دادهها برای یک درخت تصمیم، ساده یا غیرضروری است.

⁵Decision tree algorithm

(روشهای دیگر اغلب نیاز به نرمالسازی داده یا حذف مقادیر خالی یا ایجاد متغیرهای پوچ دارند) درخت تصمیم یک روش غیرپارامتریک است و نیاز به تنظیم خاصی برای افزایش دقت الگوریتم ندارد.

معایب درخت تصمیم:

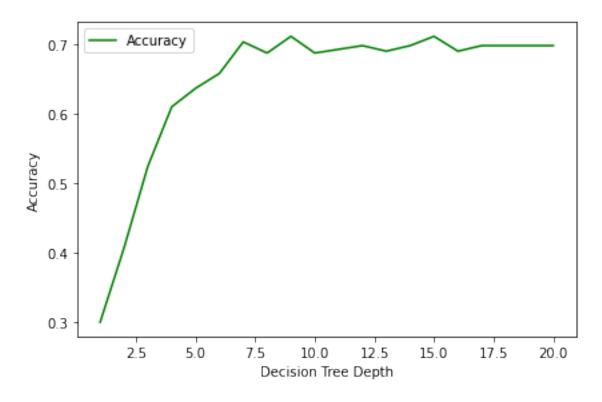
در موارد با تعداد دسته های زیاد و نمونه آموزشی کم، احتمال خطا بالاست. تولید درخت تصمیم گیری، هزینه محاسباتی بالا دارد. در مسائلی که دسته ها شفاف نباشند و همپوشانی داشته باشند، خوب عمل نمی کنند. در مسائلی که درخت بزرگ باشد امکان است خطاها از سطحی به سطحی دیگر جمع می شوند (انباشته شدن خطای لایه ها و تاثیر بر روی یکدیگر)

یافتن پارامتر بهینه:

Finding best parameters

```
depths = 20
DTCA = []
for i in range(1,depths+1):
    clf = DecisionTreeClassifier(max_depth = i, class_weight='balanced', random_state=0)
    clf.fit(X_train, y_train)
    y_pred = clf.predict(X_test)
    DTCA.append(accuracy_score(y_test, y_pred))

DTCA = np.array(DTCA)
print("The accuracy of Decision Tree with max_depth =", DTCA.argmax()+1 , " is : ", round(DTCA.max()*100, 2), "%")
plt.plot(range(1,depths+1), DTCA,'g',label='Accuracy')
plt.legend()
plt.ylabel('Accuracy')
plt.xlabel('Decision Tree Depth')
plt.tight_layout()
plt.show()
```



با توجه به نمودار فوق بیشترین دقت این الگوریتم در عمق ۹ درخت و به میزان ۱۲.۷۱ درصد است.

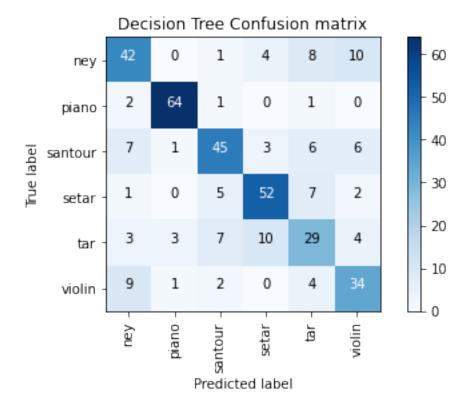
حال در ادامه به برسی معیار های ارزیابی که برای الگوریتم (decision tree) بدست آمده اند ، میپردازیم.

Scores

f1_score.append(metrics.f1_score(y_test, y_pred, average='macro'))
precision.append(metrics.precision_score(y_test, y_pred, average='macro'))
recall.append(metrics.recall_score(y_test, y_pred, average='macro'))
accuracy.append(metrics.accuracy_score(y_test, y_pred))
print(metrics.classification_report(y_test, y_pred))

	precision	recall	f1-score	support
Ø	0.66	0.65	0.65	65
1	0.93	0.94	0.93	68
2	0.74	0.66	0.70	68
3	0.75	0.78	0.76	67
4	0.53	0.52	0.52	56
5	0.61	0.68	0.64	50
accuracy			0.71	374
macro avg	0.70	0.70	0.70	374
weighted avg	0.71	0.71	0.71	374

: Confusion ماتریس



با توجه به نمودار بدست آمده و مقایسه مقادیر معیار های ارزیابی الگوریتم ، واضح است که این روش به نسبت روش های قبل از دقت کمتری برخوردار بوده و بیشترین میزان خطا را دارد.

Cross Validation

```
clf = make_pipeline(preprocessing.StandardScaler(), dt_clf)
scores = cross_val_score(clf, X, y, cv=10, scoring='accuracy')
accuracy_cv.append([scores.min(),scores.mean(),scores.max()])
print('lowest accuracy is', scores.min())
print('highest accuracy is', scores.max())
print('average accuracy is', scores.mean())

lowest accuracy is 0.6370967741935484
highest accuracy is 0.792
average accuracy is 0.7322451612903226
```

در بهترین عملکرد خود نهایتا به دقت ۷۹ درصد می توانیم برسیم که حتی از بدترین عملکرد سایر الگوریتم ها نیز کمتر می باشد.

m MLP 6 الگوريتم

پرسپترون چند لایه، به انگلیسی: (Multilayer perceptron) دسته ای از شبکههای عصبی مصنوعی پیشخور است. یک لایه ورودی، یک لایه پنهان و یک لایه پیشخور است. یک لایه ورودی، یک لایه پنهان و یک لایه خروجی. به جز گرههای ورودی، هر گره یک نورون است که از یک تابع فعالسازی غیر خطی استفاده می کند. MLP از تکنیک یادگیری نظارت شده به نام Backpropagation برای آموزش استفاده می کند. لایههای متعدد آن و فعالسازی غیر خطی آن MLP را از یک پرسپترون خطی متمایز می کند. در واقع می تواند دادههایی را متمایز کند که به صورت خطی قابل تفکیک نیستند.

مزایای استفاده از الگوریتم شبکه عصبی:

از فواید استفاده از این الگوریتم می توان به موارد زیر اشاره کرد:

یادگیری انطباق پذیر (Adaptive Learning): یادگیری انطباق پذیر یعنی قابلیت یادگیری و نحوه انجام وظایف بر پایه اطلاعات داده شده برای تمرین و تجربه های مقدماتی.

سازماندهی توسط خود (Self Organization): سازماندهی توسط خود یعنی یک شبکه هوش مصنوعی سازماندهی یا ارائه اش را برای اطلاعاتی که در طول دوره یادگیری دریافت می کند، خودش ایجاد کند.

⁶Multilayer perceptron algorithm

عملکرد به هنگام (Real Time Operation): در عملکرد به هنگام و به موقع، محاسبات شبکه هوش مصنوعی می تواند به صورت موازی انجام شود و سخت افزار های مخصوصی طراحی و ساخته شده که می تواند از این قابلیت استفاده کنند.

تعيين پارامتر ها:

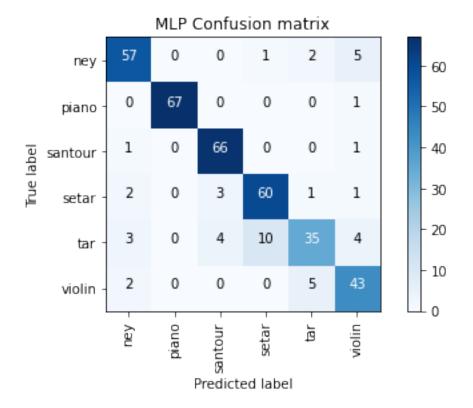
Finding best parameters

Scores

f1_score.append(metrics.f1_score(y_test, y_pred, average='macro'))
precision.append(metrics.precision_score(y_test, y_pred, average='macro'))
recall.append(metrics.recall_score(y_test, y_pred, average='macro'))
accuracy.append(metrics.accuracy_score(y_test, y_pred))
print(metrics.classification_report(y_test, y_pred))

	precision	recall	f1-score	support
0	0.88	0.88	0.88	65
1	1.00	0.99	0.99	68
2	0.90	0.97	0.94	68
3	0.85	0.90	0.87	67
4	0.81	0.62	0.71	56
5	0.78	0.86	0.82	50
accuracy			0.88	374
macro avg	0.87	0.87	0.87	374
weighted avg	0.88	0.88	0.87	374

: Confusion ماتریس



دقت بالا و صحت داده های تخمینی توسط این روش کاملا قابل شهود است.همانند متد های قبل ضعیف ترین عملکرد مربوط به تشخیص صدای تار و سه تار است.

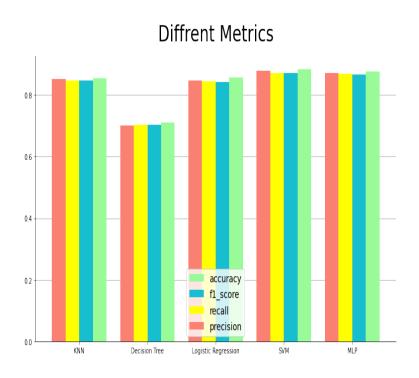
Cross Validation

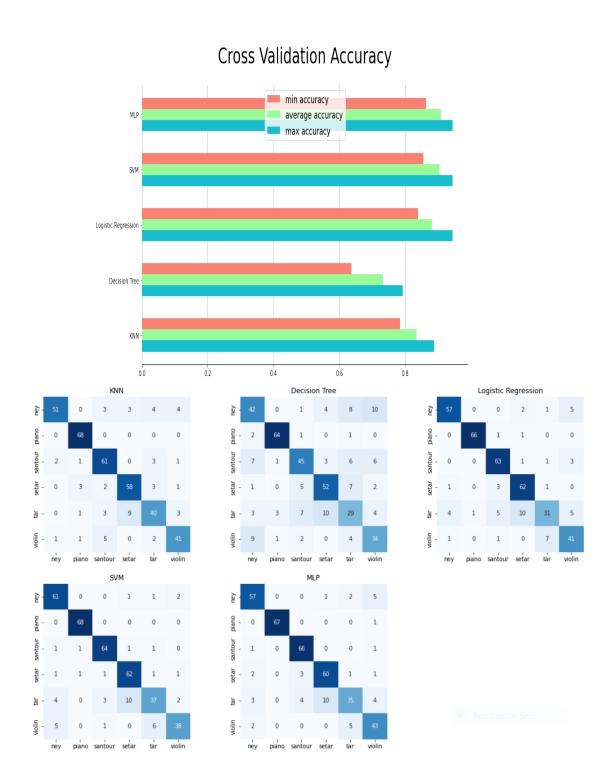
```
clf = make_pipeline(preprocessing.StandardScaler(), mlp_clf)
scores = cross_val_score(clf, X, y, cv=10, scoring='accuracy')
accuracy_cv.append([scores.min(),scores.mean(),scores.max()])
print('lowest accuracy is', scores.min())
print('highest accuracy is', scores.max())
print('average accuracy is', scores.mean())

lowest accuracy is 0.8629032258064516
highest accuracy is 0.9435483870967742
average accuracy is 0.9083419354838711
```

بدترین عملکرد این الگوریتم حتی از بهترین های برخی دیگر از الگوریتم ها بهتر عمل می کند.و در حالت ایده آل دقت ۹۴ درصدی داشته است که تقریبا از همه ی الگوریتم ها بهتر محسوب می شود.

جمع بندي





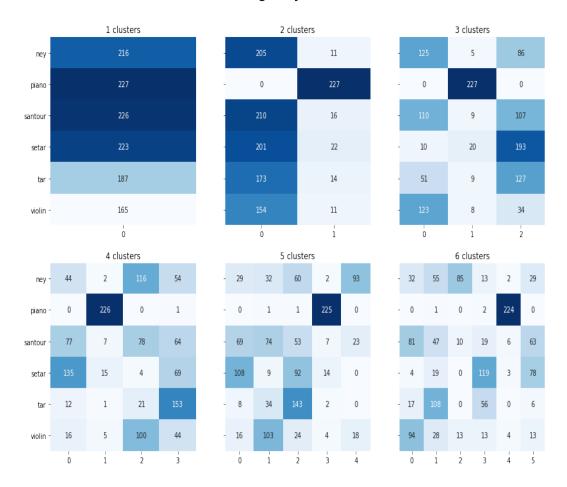
۸.۲ خوشه بندی

Kmean

روش Kmean جزء روش های یادگیری بدون نظارت هست که هدف آن خوشه بندی کردن داده ها بر اساس ویژگی های آن هاست. در این روش نیاز به یک تابع امتیاز برای ارزیابی میزان کیفیت خوشه بندی داریم.

(Partitioning Clus- الگوریتم خوشهبندی تفکیکی Kmean میانگین از گروه روشهای خوشهبندی تفکیکی Kmean میانگین از گروه روشهای به شرطی که n محسوب می شود و درجه پیچیدگی محاسباتی آن برابر با O(ndk+1) است، به شرطی که i تعداد خوشهها باشد. همچنین پیچیدگی زمانی برای این الگوریتم برابر با O(nkdi) است، که البته منظور از i تعداد تکرارهای الگوریتم برای رسیدن به جواب بهینه است.

Contingency Matrices



شكل فوق روند خوشه بندي ساز ها را مشخص مي كند.

ابتدا یک خوشه داریم و همه ی داده ها از ساز های مختلف باهم در خوشه شماره ، هستند. پس از افزایش تعداد خوشهها به دو عدد، می بینیم که در خوشه شماره یک غالب داده های تشکیل دهنده ی خوشه مربوط به ساز پیانو است. در واقع می توان گفت با در نظر گرفتن ۲ خوشه ، یک خوشه کاملا به پیانو تعلق می گیرد و خوشه دیگر به بقیه ساز ها. نکته ی مهم این است که از همین دو نمودار می توان فهمید صدای ساز پیانو و ویژگی هایی که در فرکانس های آن نهفته شده، بسیار متمایز با سایر ساز ها هستند.

در ادامه با افزایش تعداد خوشه ها به ۳ عدد ، خوشه شماره یکام را می توان متعلق به پیانو دانست زیرا که همچنان داده های این ساز در این خوشه تفاوت چشمگیری با سایرین دارد. خوشه های شماره ۰ و ۲ به طور تقریبا یکنواختی از مابقی ساز ها هستند. ساز هایی مثل (تار و سهتار، نی و ویولن) به دلیل شباهت، در یک کلاستر قرار گرفتهاند.با افزایش خوشه ها به ۴ عدد میبینیم که تقریبا داده های غالب در خوشه های ۱،۰و۳ چشمگیر هستند. به عنوان مثال در خوشه شماره ۳ ، ۱۵۳ عدد از دادهها مربوط به تار است و در خوشه شماره ۰ ، ۱۳۵ عدد داده ی ساز سه تار وجود دارد.

نهایتا در خوشه بندی آخر همانطور که قابل مشاهده است برخی خوشه ها را نمی توان صراحتا و با اطمینان گفت که متعلق به چه سازی هستند.

متریک های بدست امده از خوشههای مختلف به شکل زیر است.

Metrics

```
print('\n')
print('type\t\t\ttime\tR-Score\tAMI\tNMI\tHomo\tComp\tV-meas\tSilh\tCH-score DB-score')
print(110 * '_')

clustering_fit_stats(KMeans(n_clusters= 2, random_state= 0), name="K-means with k=2", data= X)
clustering_fit_stats(KMeans(n_clusters= 3, random_state= 0), name="K-means with k=3", data= X)
clustering_fit_stats(KMeans(n_clusters= 4, random_state= 0), name="K-means with k=4", data= X)
clustering_fit_stats(KMeans(n_clusters= 5, random_state= 0), name="K-means with k=5", data= X)
clustering_fit_stats(KMeans(n_clusters= 6, random_state= 0), name="K-means with k=6", data= X)
clustering_fit_stats(KMeans(n_clusters= 6, random_state= 0), name="K-means with k=6", data= X)
clustering_fit_stats(KMeans(n_clusters= 6, random_state= 0), name="K-means with k=6" & UMAP", data= reduced_X)
```

type	time	R-Score	e AMI	NMI	Homo	Comp	V-meas	Silh	CH-score	DB-score
K-means with k=2	0.111s	0.148	0.291	0.292	0.191	0.618	0.292	0.150	225.527	1.745
K-means with k=3	0.094s	0.247	0.339	0.341	0.272	0.456	0.341	0.155	208.216	2.163
K-means with k=4	0.144s	0.296	0.365	0.368	0.326	0.423	0.368	0.140	187.359	2.054
K-means with k=5	0.104s	0.307	0.373	0.376	0.352	0.403	0.376	0.148	170.683	2.017
K-means with k=6	0.153s	0.340	0.394	0.398	0.395	0.401	0.398	0.140	155.776	2.011
K-means with k=6 & UMAF	0.0995	0.439	0.470	0.473	0.473	0.473	0.473	0.109	128.474	2.312

معرفي پارامتر ها:

Shorthand	full name
homo	homogeneity score
compl	completeness score
v-meas	V measure
ARI	adjusted Rand index
AMI	adjusted mutual information
silhouette	silhouette coefficient

Homogeneity: A clustering result satisfies homogeneity if all of its clusters contain only data points which are members of a single class.

completeness: A clustering result satisfies completeness if all the data points that are members of a given class are elements of the same cluster.

Nmi: Normalized Mutual Information between two clusterings.

Ami : Adjusted Mutual Information between two clusterings.

Ch-score: (Calinski and Harabasz score) The score is defined as ratio between the within-cluster dispersion and the between-cluster dispersion.

Db score: (Davies-Bouldin score) The score is defined as the average similarity measure of each cluster with its most similar cluster, where similarity is the ratio of within-cluster distances to between-cluster distances. Thus, clusters which are farther apart and less dispersed will result in a better score.

به عنوان مثال معیار ch-score بیانگر پراکندگی درون کلاسی به پراکندگی بین کلاسی را نشان می دهد. پس در واقع هرچه این عدد کوچکتر شود به معنی این است که به حالت ایده آل نزدیک تر می شویم . با مشاهده ی مقادیر این معیار برای خوشه های متفاوت می بینیم که با افزایش خوشه ها این نسبت کمتر شده و به مقادیر مطلوب تر نزدیک می شویم و همینطور با برسی معیار db-score که بیانگر این است که هرچقدر کلاستر ها از هم دور تر باشند و پراکندگی کمتری داشته باشند ، نمره ی بهتری از این معیار را میگیرند . با برسی خوشه های مختلف شاهد افزایش این مقدار در حالت ۶ کلاستره کاهش ابعاد یافته به کمک umap

umap ⁷ معرفی

همانطور که از نامش پیداست تکنیکی برای کاهش ابعاد است و به ما کمک می کند که پس از کاهش دادن ابعاد بتوانیم داده را در نموداری ۲ بعدی نشان بدهیم.

در این پروژه سعی بر آن شده که یک بار بدوت استفاده از umap عمل خوشه بندی را انجام دهیم و مقادیر متریک های ان را بدست آوریم ، سپس کلاسترینگ را یکبار دیگر بر مبنای umap انجام دهیم.

در ادامه به تاثیر و عملکرد این روش برای افزایش دقت خوشه بندی ها پی می بریم .

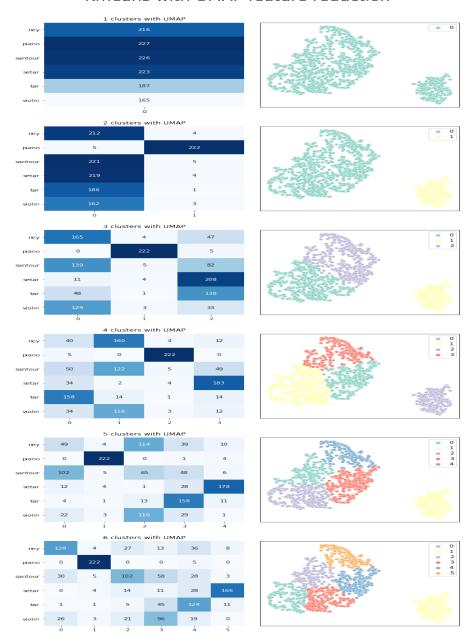
ney setar tar violin piano santour

UMAP on original data

پس از کاهش ابعاد به دو بعد نمودار فوق بدست میاید.همانطور که مشخص است داده ها در هم تنیده شده هستند . در ادامه به پیاده سازی الگوریتم خوشه بندی Kmean با استفاده از umap میپردازیم.

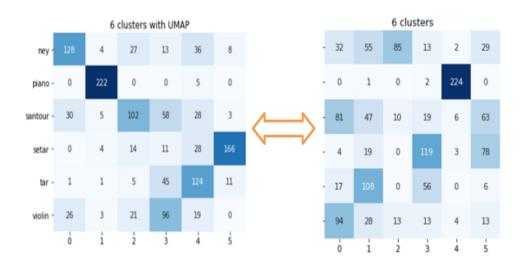
⁷Uniform Manifold Approximation and Projection for Dimension Reduction

Kmeans with UMAP feature reduction



همانطور که از نمودار ها پیداست با استفاده از umap برای کاهش ابعاد، خوشه بندی ها دقت بیشتری پیدا کرده اند .در ابتدا چون خوشه ها یکی هستند ، همه داده ها به یک رنگ درامده اند . هرچند که اختلاف فاصله ای زیادی با داده های متراکم سمت راست پایین تصویر دارند. با افزایش تعداد خوشه ها بلافاصله نقاط دورتر به یک کلاستر جداگانه تبدیل میشوند. به نظر میرسد که این کلاستر همان داده های مرتبط با ساز پیانو باشد . زیرا در ماتریس ها هم درایه های بدست آمده ، بیانگر وجه تمایز خاص پیانو با سایر ساز ها بودند.با افزایش کلاستر ها به شش عدد به شکل اخر میرسیم که تقریبا میتواند بیانگر این باشد که هر کلاستر به کدام ساز اختصاص دارد.

مقایسه قبل و بعد از feature reduction :



همانطور که ملاحظه میکنید پس از انجام feature reduction اختلاف تعداد داده ها از هر ساز بیشتر میشود و داده ی Max هر خشوه نمایان تر میشود.

از این رو می توان برای آن خوشه راحتر تصمیم گیری کرد و دسته ها را با دقت بیشتری از هم تمیز داد.

خوشهبندی سلسله مراتبی 8

یکی از روشهای «یادگیری ماشین» Machine Learning که به «آموزش بدون نظارت» -Un. (Clustering Analysis) است. میل خوشه بندی هر مشاهده ممکن است در بیش از یک خوشه قرار گیرد زیرا براساس سطوح مختلف فاصله، خوشهها تشکیل می شود. بنابراین هر خوشه ممکن است زیر مجموعه خوشه دیگر در سطحی از فاصله قرار گیر د.

به هر حال خوشه بندی روش است که به کمک «ویژگیها» Features یا «صفتها» Attributes مشاهدات، آن را به گروههای مشابه طبقه بندی می کند.

⁸Hierarchical Clustering

مزایای خوشهبندی سلسله مراتبی

نمایشهای حاصل از خوشهبندی سلسله مراتبی می تواند حاوی اطلاعات مفید و سودمندی باشد.

دندروگرامها روش جالب و آموزندهای برای مصورسازی هستند.

دندرو گرامها به ویژه زمانی سودمند هستند که دیتاستها شامل روابط سلسله مراتبی واقعی باشند.

معایب خو شهبندی سلسله مراتبی

این روش نسبت به دادههای پرت بسیار حساس هستند و در صورت وجود این گونه دادهها عملکرد مدل تا حد زیادی کاهش پیدا می کند.

به لحاظ محاسباتی بسیار گران است.

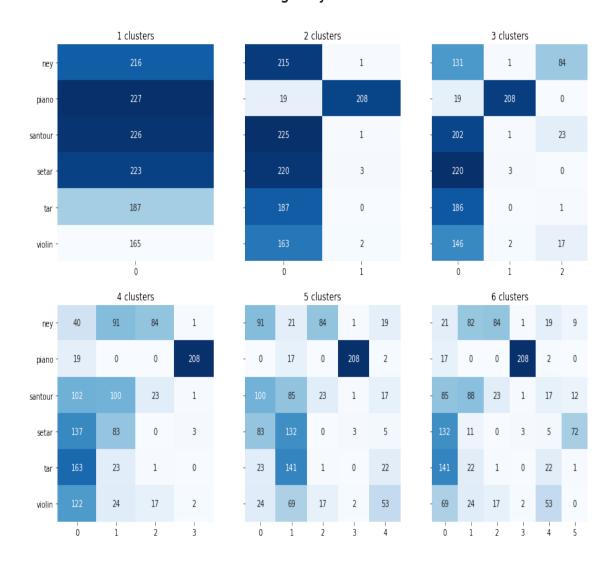
پیچیدگی زمانی الگوریتم خوشهبندی سلسله مراتبی تجمیعی

در الگوریتم HAC پیچیدگی زمانی برابر با $\mathrm{O}(\mathrm{n3})\mathrm{O}(\mathrm{n3})$ و فضای مورد نیاز حافظه نیز برابر با $\mathrm{O}(\mathrm{n2})\mathrm{O}(\mathrm{n2})$

بنابراین با افزایش حجم داده ها، سرعت و فضای حافظه برای اجرای عملیات خوشهبندی به شدت افزایش می یابد. به همین دلیل معمولا از این الگوریتم برای خوشهبندی «کلان داده» Big Data استفاده نمی شود.

: Contingency Matrix of Diffrent Clusters

Contingency Matrices



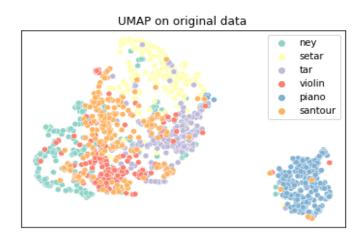
همانطور که از روال خوشه بندی بالا مشخص است وقتی تعداد دسته ها به ۲ عدد میرسد ،غالب داده ی کلاستر شماره ۱ را داده های پیانو تشکیل میدهند. با افزایش خوشه ، خوشه نی به وجود میاد .(دقت شود وقتی میگویم خوشه نی ، منظور این است که داده های نی مربوط به آن کلاستر از سایر داده ها بیشتر هستند پس احتمال اینکه در آینده آن خوشه متعلق به نی شود بیشتر از سایر ساز هاست)

در خوشه ۴ تایی دیگر نمیتوان مشخص کرد داده غالب هر دسته کدام اند. داده ها در هم تنیده شده هستند واحتمال همه ی ساز ها باهم برابر است. نهایتا هم در خوشه ۶ تایی همانند خوشه ۴ تایی اطمینانی برای تشخیص هر دسته وجود ندارد.

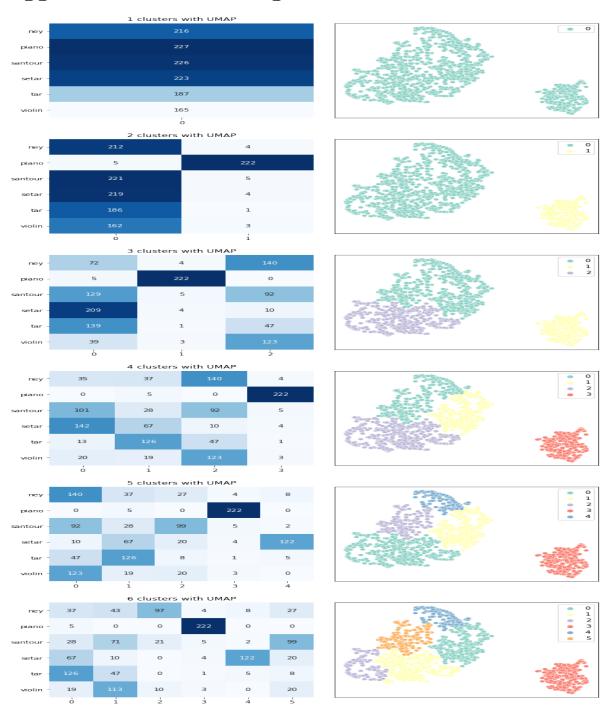
با مقایسه نمودار فوق و نمودار مربوط به kmean متوجه میشویم که نمودار kmean خوشه بندی ها را بهتر انجام داده است و فاصله ی بین کلاسی خوشه ها بیشتر بود. شکل زیر متریک های بدست آمده این الگوریتم می باشد.

type	time	R-Score	e AMI	NMI	Homo	Comp	V-meas	Silh	CH-score	DB-score
Agglomerative with 2 clusters	0.143s	0.128	0.334	0.335	0.211	0.817	0.335	0.141	200.262	1.522
Agglomerative with 3 clusters	0.131s	0.154	0.357	0.359	0.256	0.598	0.359	0.151	157.979	2.030
Agglomerative with 4 clusters	0.089s	0.216	0.346	0.349	0.296	0.426	0.349	0.114	149.179	2.337
Agglomerative with 5 clusters	0.088s	0.245	0.342	0.345	0.315	0.382	0.345	0.099	133.072	2.299
Agglomerative with 6 clusters	0.090s	0.267	0.369	0.373	0.357	0.390	0.373	0.100	120.492	2.395
Agglomerative with 6 clusters & UMAP	0.101s	0.367	0.431	0.434	0.429	0.440	0.434	0.114	128.927	2.334

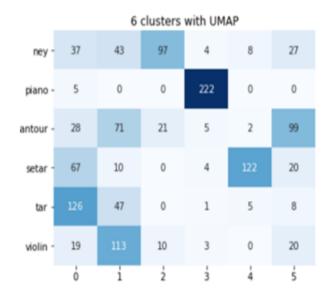
در ادامه با اعمال umap همین روند را تکرار میکنیم تا ببینیم به نتایج بهتر میرسیم یا خیر.

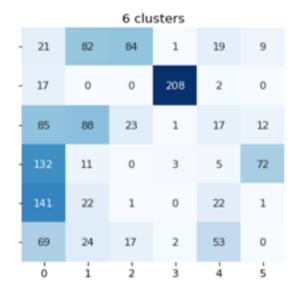


Agglomerative Clustering with UMAP feature reduction



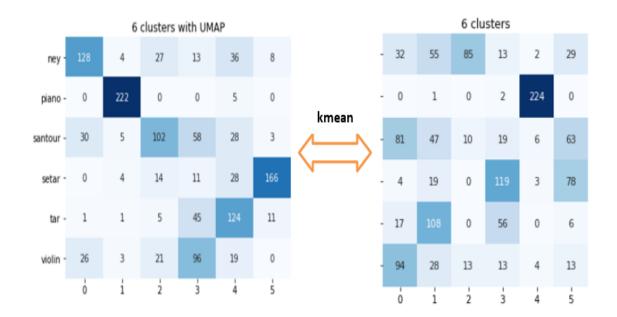
مقایسه خوشه های ۶ تایی و تاثیر ۶ تایی و تاثیر

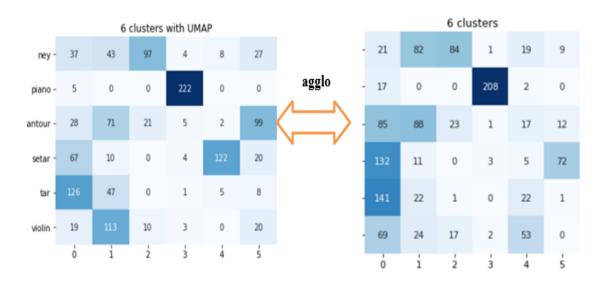




در این روش که از Umap استفاده شده ،داده های غالب کلاس ها به ترتیب عبارتند از: ۹۹، ۱۲۲، ۲۲۲، ۹۷، ۱۱۳ که با سایر داده ها اختلاف بسیاری دارند. در این روش داده های غالب مشخص نیستند و نمیتوان اظهار نظر کرد که هرخوشه متعلق به کدام ساز است. به عنوان مثال در خوشه شماره ۰ داده های سه تار و تار بسیار احتمال نردیکی بهم دارند در خوشه شماره ۱ داده های نی و سنتورنزدیک هم دیگرند

با مقايسه مقادير فوق تاثير چشمگير feature reduction قابل شهود است. مقايسه روش Agglomerative و kmean:



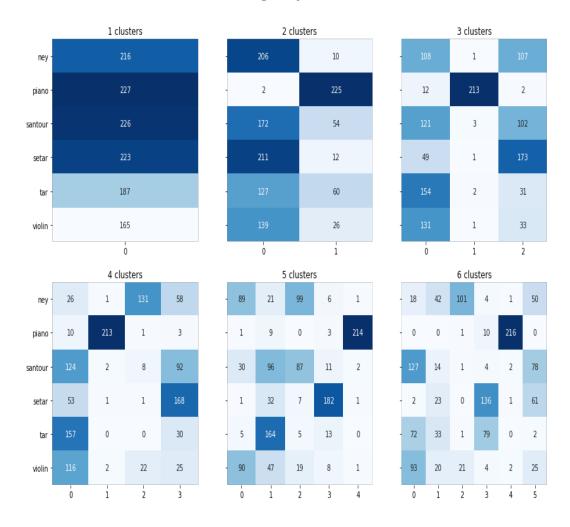


\mathbf{GMM} الگوريتم

مزايای الگوريتم GMM

GMM یک روش خوشهبندی نرم است که نقاط نمونه را به چندین خوشه نسبت میدهد. این ویژگی موجب شده الگوریتم هسریع ترین الگوریتم در یادگیری مدلهای مخلوط تبدیل شود. در این روش خوشهها به لحاظ تعداد و اشکال متفاوت و انعطاف پذیر هستند.

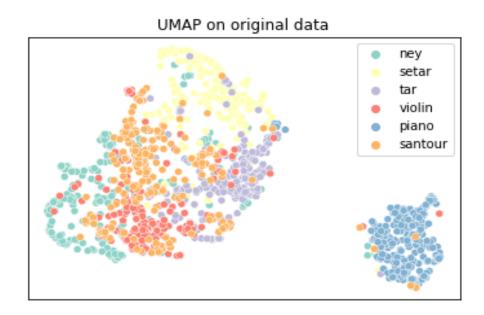
Contingency Matrices



در این روش هم همانند روش قبل تعداد خوشه ها به مرور افزایش یافته و روند دسته بندی داده ها قابل مشاهده است.

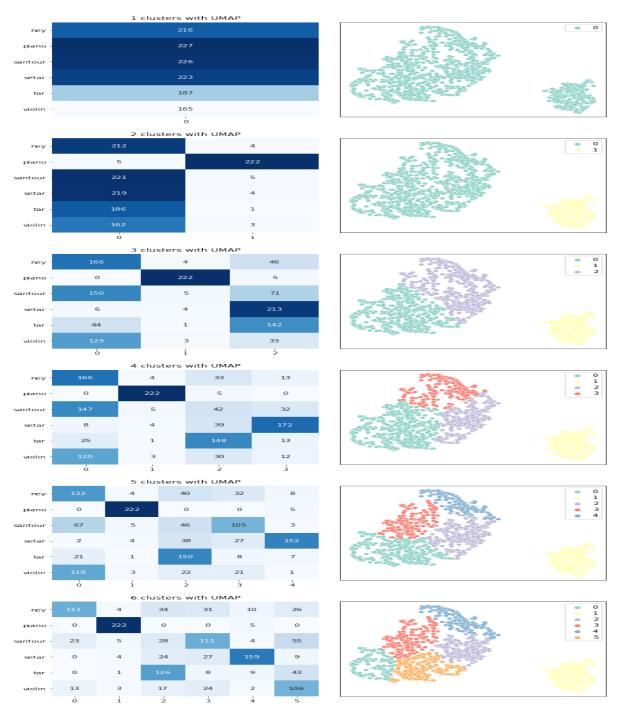
type	time	R-Score	AMI	NMI	Homo	Comp	V-meas	Silh	CH-score	DB-score
Gaussian Mixture with 2 clusters	0.123s	0.143	0.239	0.240	0.162	0.466	0.240	0.116	188.899	2.152
Gaussian Mixture with 3 clusters	0.203s	0.219	0.337	0.338	0.267	0.462	0.338	0.111	165.675	2.591
Gaussian Mixture with 4 clusters	0.215s	0.303	0.415	0.418	0.361	0.495	0.418	0.109	144.080	2.403
Gaussian Mixture with 5 clusters	0.241s	0.411	0.474	0.476	0.449	0.507	0.476	0.106	132.806	2.400
Gaussian Mixture with 6 clusters	0.344s	0.362	0.443	0.446	0.441	0.451	0.446	0.094	112.217	2.908
Gaussian Mixture with 6 clusters & UMAP	0.043s	0.426	0.458	0.461	0.460	0.462	0.461	0.113	130.404	2.219

تاثیر استفاده از umap در روش GMM بیشتر از هر پارامتر دیگری روی زمان همگرایی اثر گذاشته است.



استفاده از umap و کاهش ابعاد بر روی داده های اصلی

Gaussian Mixture with UMAP feature reduction



معایب GMM

الگوریتم GMM نسبت به مقادیر اولیه بسیار حساس است و این مقادیر میتواند کیفیت عملکرد آن را تحت تأثیر قرار دهند.

GMM ممكن است با كمينه محلى همگرا شود و همين امر باعث ميشود اين الگوريتم كمتر بهينه باشد.

زمانی که به ازای هر مخلوط نقطه کافی وجود نداشته باشد، الگوریتم واگرا میشود و راهکارهایی با احتمال درستنماییهای بینهایت پیدا میکند، مگر این که کوواریانس میان دادهها را به صورت مصنوعی تنظیم کنیم.

جمع بندی نهایی

type	time	R-Score	e AMI	NMI	Homo	Comp	V-meas	Silh	CH-score	DB-score
K-means	0.141s	0.340	0.394	0.398	0.395	0.401	0.398	0.140	155.776	2.011
K-means with UMAP	0.108s	0.439	0.470	0.473	0.473	0.473	0.473	0.109	128.474	2.312
Agglomerative	0.086s	0.267	0.369	0.373	0.357	0.390	0.373	0.100	120.492	2.395
Agglomerative with UMAP	0.063s	0.367	0.431	0.434	0.429	0.440	0.434	0.114	128.927	2.334
GMM	0.349s	0.362	0.443	0.446	0.441	0.451	0.446	0.094	112.217	2.908
GMM with UMAP	0.041s	0.426	0.458	0.461	0.460	0.462	0.461	0.113	130.404	2.219

	Kmeans without UMAP							Agglomerative without UMAP								Gaussian Mixture without UMAP						
ney -	32	55	85	13	2	29	ney -	21	82	84	1	19	9	ney -	18	42	101	4	1	50		
piano -	0	1	0	2	224	0	piano -	17	0	0	208	2	0	piano -	0	0	1	10	216	0		
santour -	81	47	10	19	6	63	santour -	85	88	23	1	17	12	santour -	127	14	1	4	2	78		
setar -	4	19	0	119	3	78	setar -	132	11	0	3	5	72	setar -	2	23	0	136	1	61		
tar -	17	108	0	56	0	6	tar -	141	22	1	0	22	1	tar -	72	33	1	79	0	2		
violin -	94	28	13	13	4	13	violin -	69	24	17	2	53	0	violin -	93	20	21	4	2	25		
	Ó	i	2	3	4	5		Ó	i	2	3	4	5		Ó	i	2	3	4	5		
Kmeans with UMAP Agglomerative with UMAP Gaussian Mixture with UMAP															A.D.							
	Kmeans with UMAP																					
ney -	128	4	27	13	36	8	ney -	37	43	97	4	8	27	ney -	111	4	34	31	10	26		
piano -	0	222	0	0	5	0	piano -	5	0	0	222	0	0	piano -	0	222	0	0	5	0		
santour -	30	5	102	58	28	3	santour -	28	71	21	5	2	99	santour -	23	5	28	111	4	55		
setar -	0	4	14	11	28	166	setar -	67	10	0	4	122	20	setar -	0	4	24	27	159	9		
tar -	1	1	5	45	124	11	tar -	126	47	0	1	5	8	tar -	0	1	126	8	9	43		
violin -	26	3	21	96	19	0	violin -	19		10	3	0	20	violin -	13	3	17	24	2	106		
	Ó	i	2	3	4	5		Ó	i	2	3	4	5		Ó	i	2	3	4	5		

GMs یک الگوریتم احتمالی است. با تخصیص احتمالات به نقاط داده، می توانیم بیان کنیم که چقدر حدس ما به اینکه یک نقطه داده معین به یک خوشه خاص تعلق دارد، قوی است. اگر هر دو الگوریتم را مقایسه کنیم، به نظر می رسد که GM ها قوی تر هستند. با این حال، GM ها معمولاً نسبت به kmean کند تر هستند، زیرا برای رسیدن به همگرایی، تکرارهای بیشتری از الگوریتم EM نیاز است. آنها همچنین می توانند به سرعت به یک حداقل محلی همگرا شوند که راه حل چندان مطلوبی نیست. هرچند kmean الگوریتم خوشه بندی بسیار مناسبی است، اما بیشتر مناسب مواقعی است که از قبل تعداد دقیق خوشه ها را می دانیم و با توزیع های کروی شکل سرو کار داریم.

