

گزارش تمرین سوم

درس شناسایی الگو

نویسنده: حمیدرضا ابوئی

شماره دانشجویی: ۴۰۲۶۱۷۵۰۹

استاد: دکتر دلیری

تاریخ: ۷ بهمن ۱۴۰۲

بردار ویژگی های استخراج شده از سه گروه مختلف از بیماری آلزایمر با استفاده از تئوری گراف، داده شده است. با استفاده از روش اعتبار سنجی Leave one out و تعمیم روش SVM به حالت سه کلاسه (با هر رویکردی که میتوانید)، طبقه بندی دادگان را انجام داده و کانفیوژن ماتریس را برای بهترین دقت بدست آمده رسم کنید (کانفیوژن ماتریس 3 در 3). از هر روش انتخاب ویژگی (فیشر، کراسکال والیس و ...) میتوانید استفاده کنید. (استفاده از چند روش انتخاب ویژگی مختلف و گزارش دقت های حاصل از هر کدام نمره اضافی دارد)

```
«دیتا مربوط به ویژگی های استخراج شده از سه گروهه
```

فرض كنيد مثلا سه گروه شامل سالم، افسرده خفيف، افسرده ضعيف

برا هر گروه ۱۰ تا سابجکت داریم.

برای هر سابجکت ۲۶ تا مقدار آستانه تعریف شده. و در هر آستانه هم ۱۱۶ تا ناحیه مغزی داریم (حالا اینجوری هم میشه در نظر گرفت که ۱۱۶ تا ناحیه داریم و ۲۶ تا آستاته برای هر ناحیه تعریف شده، فرقی نمیکنه در کل)

برای هر کدوم از این ۱۱۶ تا ناحیه تقسیم بندی شده در ۲۶ آستانه، اگر ماتریس مربوطشو باز کنید ۹ مقدار ویژگی تعریف شده که هر کدوم از این ۹ تا، نماینده ی یکی از ویژگی های گرافه.»

در این پروژه، با توجه به توضیحات داده شده و بررسی دیتاست متوجه میشویم که گروه سوم دارای ۱۱ سابجکت میباشد.

در ابتدا پس از لود کردن دادهها، نیازمند این هستیم که همه دادههای موجود را به یک ماتریس تبدیل کنیم بدین منظور، دادهها و ویژگیهای استخراج شده را در کنار هم قرار میدهیم و سپس لیبل هر گروه را در یک متغیر دیگر تعیین میکنیم.

```
%% Read data
```

load('.\hw3 TA data pattern.mat');

```
%% Create matrix - gather all data into one single matrix
TH = 26; % number of thresholds
all_region_matrix_gp1 = [];
all_region_matrix_gp2 = [];
all_region_matrix_gp3 = [];

for region = 1:116
    region_matrix_gp1 = [];
    region_matrix_gp2 = [];
    region_matrix_gp3 = [];

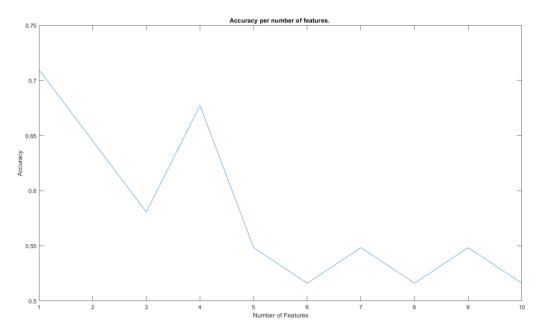
    for q = 1:TH
        region_matrix_gp1 = [region_matrix_gp1; All_gp1_local_feature{1,region}{q}];
        region_matrix_gp2 = [region_matrix_gp2; All_gp2_local_feature{1,region}{q}];
        region_matrix_gp3 = [region_matrix_gp3; All_gp3_local_feature{1,region}{q}];
        region_matrix_gp3 = [region_matrix_gp3; All_gp3_local_feature{1,region}{q}];
        redion_matrix_gp3 = [region_matrix_gp3];
        redion_matrix_gp3 = [region_matrix_gp3];
        redion_matrix_gp3 = [reg
```

```
all_region_matrix_gp1 = [all_region_matrix_gp1 ;region_matrix_gp1];
    all_region_matrix_gp2 = [all_region_matrix_gp2 ; region_matrix_gp2];
    all_region_matrix_gp3 = [all_region_matrix_gp3 ;region_matrix_gp3];
end
All_features = [all_region_matrix_gp1, all_region_matrix_gp2,
all_region_matrix_gp3]';
num sub gp1 = 10;
num_sub_gp2 = 10;
num sub gp3 = 11;
sb = num_sub_gp1 + num_sub_gp2 + num_sub_gp3;
label = [ones(1,num sub gp1),ones(1,num sub gp2)*2,ones(1,num sub gp3)*3];
   در این مرحله میدانیم که ۱۰ دادهی اول مربوط به گروه اول، ۱۰ داده دوم مربوط به گروه دوم و ۱۱ داده سوم مربوط به گروه
سوم می باشد. بدین ترتیب برای عدم ایجاد بایاس اولیه، دادهها را shuffle می کنیم. بدین منظور از تابع randperm متلب استفاده
                                                         می کنیم تا اندیسهای رندوم شده را برایمان ایجاد کند.
rl = randperm(sb); % random label
data = All features(rl,:);
label = label(rl);
   در ادامه الگوریتم کراس ولیدیشن را با متد leave-one-out پیاده سازی می کنیم. بدین ترتیب تعداد foldها را با تعداد دادهها
                                                                 برابر می گذاریم از روش زیر استفاده می کنیم:
%% cross-validation
numfold = sb;
indices = crossvalind('kfold',sb,numfold); %leave-one-out
در ادامه، مشخص می کنیم که قصد داریم چه تعداد ویژگی برتر را در مرحلهی انتخاب ویژگی، انتخاب کنیم. در اینجا ما قصد داریم
                                                             مقایسه کنیم بنابراین یک بازه به آن داده می شود:
feature_selection_range = 1:10;
  پس از پیش تعریف بر خی متغیرهای دیگر، وارد حلقهی کراس ولیدیش میشویم و در هر بار حلقه مراحل زیر را دنبال می کنیم.
                                                                  ابتدا دادههای ترین و تست را جدا می کنیم.
correct num = zeros(numfold,numel(feature selection range));
confusion_matrix= zeros(3,3,numel(feature_selection_range));
for i = 1:numfold
    % Seperate train and test
    X_train = data(indices~=i,:);
    Y_train = label(indices~=i);
    X test = data(indices==i,:);
    Y_test = label(indices==i);
        سیس قصد داریم که از دادگان آموزش استفاده کنیم و ویژگی ها را نرمالایز کنیم تا بایاسی برای ویژگی ها به وجود نیاید:
    % Normalization
    train_mean = mean(X_train);
```

```
train std = std(X train);
    X_train = (X_train - train_mean)./train_std;
    X test = (X test - train mean)./train std;
    در ادامه مي توانيم الگوريتههاي انتخاب ويژگي را اعمال كنيم. در اينجا از الگوريتم Chi2 بدين منظور استفاده شده كه ترتيب
    اهمیت ویژگیها را مشخص می کند. سپس برای راحتی کار، ترتیب ویژگیها را در دیتاست اصلی مطابق الگوریتم Chi2 مرتب
                                                                                                مي كنيم.
    ranking = fscchi2(X_train,Y_train);
    X_train = X_train(:,ranking);
    X_test = X_test(:,ranking);
               در ادامه در یک حلقه، تعداد ویژگیهای برتر مورد نظر را انتخاب می کنیم و دیتاست جدید را مشخص می کنیم:
    for j = feature_selection_range
         X_train_fs = X_train(:,1:j);
         X \text{ test fs} = X \text{ test(:,1:j)};
 در این مرحله، از الگوریتم SVM برای طبقهبندی استفاده می کنیم. اما الگوریتم اصلی صرفا برای دو کلاس قابل استفاده می باشد.
  اما با استفاده از تعميم آن با استفاده از روش one-vs-all سعى بر طبقهبندي صحيح دادهها داريم. بدين منظور سه بار الگوريتم
SVM را بر روی دادههایمان اعمال می کنیم. هر سری یکی از کلاسها به عنوان کلاس بر گزیده و باقی کلاسها در کلاس دوم قرار
   می گیرند. سیس از مدل آموزش دیده برای محاسبهی خروجی مدل با ورودی تست استفاده می کنیم. بدین منظور، از predict
  استفاده می کنیم و از خروجی آن، score را نیز که نمایانگر likelihood تعلق ورودی به آن کلاس است می گیریم. دومین مقدار
     score مشخص کنندهی likelihood تعلق ورودی به کلاس دوم است. این مقادیر را جمع آوری کرده و در انتها، کلاسی که
                                         بیشترین score را داشته باشد به عنوان کلاس پیش بینی شده معرفی می شود.
         % One-vs-all classification
         SVMModels = cell(3,1);
         Scores = zeros(1,3);
         for k = 1:3
              Y_train_new = (Y_train==k);
              SVMModels{k} = fitcsvm(X_train_fs,Y_train_new);
              [a,score]=predict(SVMModels{k},X test fs);
              Scores(k) = score(:,2); % Second column contains positive-class scores
         [~,Y_pred] = max(Scores,[],2);
  در ادامه، برای محاسبهی دقت، در صورت درست بودن پیش بینی، یک متغیر مشخص می کند که در انتها میانگین گیری خواهد
                                                                                                    شد.
         correct_num(i,j) = correct_num(i,j) + (Y_pred==Y_test);
                               همچنین برای هر یک از تعداد ویژگیهای برتر، یک confusion matrix محاسبه می شود:
         confusion matrix(Y test,Y pred,j) = confusion matrix(Y test,Y pred,j)+1;
                                       محاسبهی دقت و نمایش آن نیز پس از خارج شدن از تمام حلقهها انجام میشود.
accs = mean(correct num);
```

figure();

```
plot(feature_selection_range, accs)
xlabel("Number of Features");
ylabel("Accuracy");
title("Accuracy per number of features. ");
```



در انتها نیز، کانفیوژن ماتریس مربوط به بهترین دقت نمایش داده می شود:

```
[M,i] = max(accs);
fprintf("Best accuracy confusion matrix:\n");
disp(confusion_matrix(:,:,i));
output:
Best accuracy confusion matrix:
    6     1     3
    2     7     1
```

همچنین برای انتخاب ویژگی میتوان از روشهای دیگری مانند فیشر استفاده کرد. بدین منظور از کتابخانهی FSL استفاده می کنیم. متاسفانه در اینجا، به دلیل مشکلات خود کتابخانه امکان اجرا و نمایش نتایج وجود نداشت اما کد آن و تعلقات آن موجود می باشد:

```
% ranking = spider wrapper(X train,Y train,numF,lower('fisher'));
```

با تشكر.