

یک مدل انتخاب ویژگی برای پیش بینی پذیرش در ICU موارد تایید شده COVID-19 بر اساس دو الگوریتم های تکاملی با PCA و SVM

محسن تاجگردان^۱، دکتر محبوبه شمسی^۲، دکتر عبدالرضا رسولی^۳

^۱ گروه کامپیوتر، دانشکده برق و کامپیوتر، دانشگاه صنعتی قم، قم،

tajgardan.m@qut.ac.ir

^۲ گروه کامپیوتر، دانشکده برق و کامپیوتر، دانشگاه صنعتی قم، قم،

Shamsi@qut.ac.ir

^۳ گروه کامپیوتر، دانشکده برق و کامپیوتر، دانشگاه صنعتی قم، قم،

rasouli@qut.ac.ir

چکیده

تشخیص درست و بموقع بیماری ها در نجات بیمار و کاهش هزینه ها موثر است ما با پیش بینی اینکه آیا بیمار COVID-19 نیاز به بستری در بخش ICU خواهد داشت، پای را فراتر نهاده ایم. علاوه بر آن عواملی که بیشترین تاثیر بر پیش بینی خود داریم را بیان می کنیم ما برای انجام اینکار از ترکیب چند الگوریتم استفاده کرده ایم الگوریتم طبقه بندی ما SVM^۱ که به شدت به تعیین دقیق پارامترهای خود وابسته است ما برای بهینه کردن پارامترهای SVM و انتخاب زیر مجموعه ای از ویژگی ها از الگوریتم ژنتیک یا PSO استفاده کردیم و همچنین برای کاهش ابعاد و تسهیل در امر طبقه بندی از الگوریتم PCA^۲ استفاده می نماییم.

کلمات کلیدی

COVID-19، PSO-PCA، PSO-SVM، GA-PCA، GA-SVM، PSO-GA

الگوریتم های تکاملی برای انتخاب ویژگی های اصلی و بهینه سازی پارامتر طبقه بندی کننده ها که با الگوریتم تکاملی ترکیب شده اند استفاده می کنیم.

۱- مقدمه

بیماری همه گیر COVID-19 کل جهان را تحت تاثیر قرار داده است. سیستم های مراقبت های بهداشتی طاقت فرسا برای چنین درخواست شدید و طولانی برای تخت های ICU، متخصصان، تجهیزات محافظت شخصی و منابع مراقبت های بهداشتی آماده نیستند. داده های پزشکی معمولاً دارای ویژگی^۳ زیادی هستند و زمینه خوبی برای عملیات داده کاوی و ایجاد دانش فراهم می سازد. در سیستم مراقبت های بهداشتی همان طور که انتظار می رود تشخیص درست و بموقع بیمارها در نجات بیمار و کاهش هزینه ها موثر است ما در این پایان نامه پای را فراتر گذاشته و به پیش بینی اینکه آیا بیمار به مراقبت ویژه احتیاج دارد می پردازیم. و همچنین تشخیص عوامل تاثیر گذار در پذیرش در ICU موارد تایید شده COVID-19 را انجام خواهیم داد. ما از

۲- کارهای مرتبط

استفاده از طبقه بندی SVM به شدت به تنظیم پارامترهای آن بستگی دارد همچنین انتخاب ویژگی های اصلی از داده های غیر موثر نقش مهمی را در بالا بردن نتیجه ایفا می کند. در این مقاله [۱] از الگوریتم ژنتیک برای بهینه سازی پارامتر SVM و انتخاب ویژگی استفاده می شود.

در این مقاله [۲] ابتدا کاهش ابعاد با الگوریتم PCA انجام می شود بعد الگوریتم Hidden Markov Model به تشخیص فعالیت های انسانی می پردازد و الگوریتم ژنتیک نیز به بهبود دقت طبقه بندی کمک می کند. در این

مقاله [۳] 1DCNN-PSO-SVM مطرح شده است. ورودی مدل سیگنال ارتعاش اصلی یا طاقان گیربکس توربین بادی است. که به یک لایه کانولوشن داده می شود. خروجی آن ورودی الگوریتم ترکیبی PSO-SVM است. و در نهایت خروجی نتیجه تشخیص خطا است. الگوریتم طبقه بندی SVM برای تشخیص خطا استفاده می شود. الگوریتم PSO برای بهینه سازی است. پارامترهای مربوط به طبقه بندی SVM و برای بهبود دقت و اثربخشی تشخیص عیب است. در این مقاله [۴] از چند دیتاست استفاده شده است. که آنها را با چند روش انتخاب ویژگی آزمایش کرده است. از میان آنها روش ReliefF-based clustering (RFC) را پیشنهاد می کند. و نتیجه را با الگوریتم طبقه بندی J48 نشان می دهد.

در این مقاله [۵] برای انتخاب ویژگی از یک الگوریتم مبتنی بر ReliefF-based clustering (RFC) استفاده می کند. که برای محاسبه ارتباط بین هر یک از ویژگی ها و کلاس هدف و حذف ویژگی های نامربوط ویژگی ها طبقه بندی می شوند ، سپس ویژگی ها با توجه به رابطه بین ویژگی های باقی مانده خوشه بندی می شوند ، و در نهایت ویژگی های نماینده هر خوشه انتخاب می شود. سپس با یک الگوریتم طبقه بندی مثل J48 و با Naïve Bayes خطای تشخیص نرم افزار را بدست آورده است. و با AUC و یا F-value میزان مشابهت پیش بینی را بدست آورده است. در این مقاله [۶] از ترکیب الگوریتم بهینه سازی کلونی زنبور عسل و الگوریتم طبقه بندی SVM استفاده شده است. این مدل دقت ژن های اندازگیری شده را محاسبه می کند. این الگوریتم عملکرد بهتر در مقایسه با مطالعه های قبلی دارد ولی همچنان هزینه محاسباتی بالایی به دلیل بالا بودن ابعاد را دارد.

در این مقاله [7] دو الگوریتم ترکیبی داریم. یکی PSO* با SVM و دیگری GA* با SVM است. که هر دو الگوریتم با تمام داده ها آموزش می بینند که بدلیل ابعاد بالا داده ها وقت گیر هست. در این مقاله [8] Information Gain (IG) با SVM برای دستیابی به بهترین عملکرد طبقه بندی سرطان ترکیب شده است. IG برای نسیب ترین و آموزنده ترین ژن ها از اصل مجموعه داده ها انتخاب شده است. و سپس SVM برای فیلتر کردن استفاده شده است. در این مقاله [9] از طبقه بندی کننده LIBSVM استفاده می شود. برای ارزیابی ژن های اطلاعاتی به دست آمده نویسندگان ، در این مقاله به انتخاب حداقل تعداد ژن ها اهمیت می دهند در نتیجه آنها بالاترین دقت را در نظر نگرفتند.

در این مقاله [10] correlation-based feature selector (CFS) الگوریتم فیلتر و بسته بندی است. این الگوریتم با الگوریتم ماشین لرنینگ مختلف مثل SVM، decision tree و naive Bayes ترکیب شده است. و بر روی دیتاست acute و diffuse large B-cell lymphoma leukemia microarray اجرا شده است. در این مقاله [11] طبقه بندی بین بافتهای طبیعی و سرطانی و بین بافت های مختلف انواع سرطان ها مسئله بسیار مهمی را نشان می دهد. انتخاب تعداد کم ژن های آموزنده چالش اصلی در مسئله تشخیص سرطان در نظر گرفته شده است. الگوریتم Barnacles Mating Optimizer (BMO)، که از رفتار barnacles در طبیعت تقلید می کند . برای حل مشکلات بهینه سازی و انتخاب ژن، استفاده می شود. الگوریتم بهینه ساز (BMO) با ماشین های بردار پشتیبانی (SVM) به نام BMO-SVM ترکیب شده است. نتایج تجربی برتری را نشان داده است. رویکرد BMO-SVM را در برابر چندین الگوریتم بهینه سازی فرا-ابتکاری شناخته شده مانند الگوریتم ازدحام (Tunicate) (TSA) ، الگوریتم

ژنتیک (GA)، بهینه سازی ازدحام ذرات (PSO) و کلنی مصنوعی زنبور عسل (ABC) پیشنهاد کرده است. شایان ذکر است که الگوریتم پیشنهادی ما نسبت به الگوریتم های دیگر درصد برتری اطلاعاتی بالایی را به دست می آورد.

در این مقاله [۱۲] از PCA برای کاهش ابعاد و از SVM برای طبقه بندی استفاده کرده است. ابتدا SVM با kernel های linear و RBF با هم مقایسه می شود. که RBF به نتایج بهتری دست می یابد. و سپس RBF-SVM با سایر طبقه بندی کننده ها مثل K-nearest neighbors، naive Bayes (NB)، AdaBoost، decision tree (DT)، (KNN) مقایسه و نتایج بهتر را کسب کرده است.

۳- پیش زمینه

در این بخش به توصیف الگوریتم ها استفاده شده می پردازیم.

۳-۱- الگوریتم ژنتیک

الگوریتم ژنتیک (GA) یک الگوریتم جستجوی اکتشافی تطبیقی است. که در مرحله اول بصورت تصادفی به تولید جمعیت می پردازد. و در مراحل بعد جمعیت از ترکیب کروموزوم های منتخب مرحله قبل تولید می شود. و با یک احتمال پایین روی کروموزوم ها جهش انجام می شود تا از افتادن در بهینه محلی جلوگیری شود.

۳-۲- الگوریتم PSO

ایده اصلی الگوریتم Particle swarm optimization (PSO) از حرکت جمعی حیوانات ، از جمله پرندگان گرفته شده است. پرندگان هنگام فرود محل زندگی خود را بر اساس کمترین خطر و بیشترین امکانات تعیین می کنند. نحوه انتخاب براساس تجربه و ادراک شخصی هر پرنده (pBest) و همچنین مشاهده حرکات سایر پرندگان یا دانش اجتماعی (gBest) است. در الگوریتم PSO ، پرندگان ذراتی نامیده می شوند که به طور تصادفی تشکیل می شوند. در هر مرحله ، ذرات موجود در فضای مسئله نسبت به مرحله قبل جای مناسب تری می گیرند. تناسب آنها با تابع هدف تعیین می شود. برخلاف ژنتیک ، الگوریتم PSO معمولاً برای مشکلات پیوسته استفاده می شود. اما ما از الگوریتم باینری آن برای حل مسئله گسسته خود استفاده کردیم. صفر و یک نشانگر وجود یا عدم وجود ویژگی های ما است.

۳-۳- الگوریتم SVM

الگوریتم های یادگیری ماشین نظارت شده مثل بردار ماشین پشتیبان (SVM) روشی برای رگرسیون و هم طبقه بندی است. که ما از طبقه بندی آن استفاده کردیم. SVM یک روش تشخیص الگوی است که از تئوری یادگیری آماری بر اساس ایده اصل به حداقل رساندن ریسک ساختاری تهیه شده است. در صورت حصول اطمینان از صحت طبقه بندی، SVM می تواند با حداکثر رساندن فاصله طبقه بندی، قابلیت تعمیم دستگاه یادگیری را بهبود بخشد. و ما از کرنل RBF آن استفاده کردیم. بزرگترین مزیت SVM این است که بر یادگیری بیش از حد و بعد زیاد غلبه می کند که هر دو منجر به پیچیدگی محاسباتی و بهینه محلی می شوند. این یک روش مؤثر برای جلوگیری از بهینه محلی است و از مزایای منحصر به فرد در مواجهه با مشکلات پیچیده مانند نمونه های محدود، داده های بعدی و غیرخطی بالا برخوردار است [۱].

۴-۳- الگوریتم PCA

جدول (۴) شکل کروموزوم را نشان می دهد. f یک رشته بیتی به طول n است که ۱ وجود ویژگی در آن ستون را نشان می دهد و ۰ عدم وجود را نشان می دهد و ضریب پنالتی C و پارامتر γ مربوط به پارامترهای SVM هستند که باید بهینه شوند. و N پارامتر PCA است که تعداد ستون های خروجی را مشخص می کند.

۴-۳- الگوریتم PSO-SVM

الگوریتم PSO بر خلاف الگوریتم ژنتیک برای حل مساله های پیوسته بکار می رود. ما از PSO باینری برای حل مساله های گسسته استفاده کردیم.

جدول (۵) : شکل جمعیت در PSO-SVM

$C_{0,0}$...	$C_{0,p}$	$\gamma_{0,0}$..	$\gamma_{0,m}$	$f_{0,0}$...	$f_{0,n}$
$C_{1,0}$...	$C_{1,p}$	$\gamma_{1,0}$..	$\gamma_{1,m}$	$f_{1,0}$...	$f_{1,n}$
...
$C_{q,0}$...	$C_{q,p}$	$\gamma_{q,0}$..	$\gamma_{q,m}$	$f_{q,0}$...	$f_{q,n}$

جدول (۵) شکل جمعیت PSO را نشان می دهد. f یک رشته بیتی به طول n است که ۱ وجود ویژگی در آن ستون را نشان می دهد و ۰ عدم وجود را نشان می دهد و ضریب پنالتی C یک رشته بیتی به طول p است و پارامتر γ یک رشته بیتی به طول m است مربوط به پارامترهای SVM هستند که به اعداد صحیح رمزگشایی می شود. و q تعداد جمعیت است.

۴-۴- الگوریتم PSO-PCA

این الگوریتم شبیه PSO-SVM است با این تفاوت که داده ها قبل از ورود به الگوریتم SVM وارد الگوریتم PCA می شود و کاهش ابعاد در آن صورت می گیرد بعد وارد الگوریتم SVM می شود.

جدول (۴) : شکل جمعیت در PSO-PCA

$C_{0,0}$	$C_{0,p}$	$\gamma_{0,0}$	$\gamma_{0,m}$	$k_{0,0}$	$k_{0,l}$	$f_{0,1}$	$f_{0,n}$
$C_{1,0}$	$C_{1,p}$	$\gamma_{1,0}$	$\gamma_{1,m}$	$k_{1,0}$	$k_{1,l}$	$f_{1,1}$	$f_{1,n}$
...
$C_{q,0}$	$C_{q,p}$	$\gamma_{q,0}$	$\gamma_{q,m}$	$k_{q,0}$	$k_{q,l}$	$f_{q,1}$	$f_{q,n}$

جدول (۴) شکل جمعیت PSO را نشان می دهد. f یک رشته بیتی به طول n است که یک وجود ویژگی در آن ستون را نشان می دهد و صفر عدم وجود را نشان می دهد و ضریب پنالتی C یک رشته بیتی به طول p است و پارامتر γ یک رشته بیتی به طول m است مربوط به پارامترهای SVM هستند که به اعداد صحیح رمزگشایی می شود و k یک رشته بیتی به طول l است مربوط به پارامتر PCA است که تعداد ستون های خروجی را مشخص می کند و به عدد صحیح رمزگشایی می شود. و q تعداد جمعیت است.

آنالیز مولفه اصلی Principal Component Analysis یا به اختصار PCA می گویند. یکی از کاربردهای اصلی PCA در عملیات کاهش ویژگی Dimensionality Reduction است. این الگوریتم می تواند همان طور که داده های آموزشی را تغییر دهد همچنین داده های آزمایشی را همانطور تغییر دهد. PCA می تواند مولفه های اصلی را شناسایی کند و به ما کمک می کند تا به جای اینکه تمامی ویژگی ها را مورد پردازش کنیم، یک سری ویژگی هایی را ارزش بیشتری دارند، را انتخاب کنیم. در واقع PCA آن ویژگی هایی را که ارزش بیشتری فراهم می کنند برای ما استخراج می کند.

۴-۴- مدل های پیشنهادی

۴ الگوریتم ترکیبی پوششی را پیشنهاد کرده و به تشریح و مقایسه آن می پردازیم.

۱-۴- الگوریتم GA-SVM

عملکرد RBF-SVM به شدت با پارامترهای هسته آن γ و ضریب پنالتی C ارتباط دارد و نکته مهم در بهبود دقت طبقه بندی، انتخاب پارامترهای مناسب است. در حال حاضر، روش های بهینه سازی پارامترهای زیادی وجود دارد. می توان از الگوریتم ژنتیک برای بهینه سازی پارامترهای RBF-SVM استفاده کرد. انتخاب زیر مجموعه ویژگی ها یکی دیگر از فاکتورهای مهم تأثیرگذار بر عملکرد طبقه بندی کننده است زیرا ویژگی اصلی حاوی مقدار زیادی از اطلاعات اضافی است که ارتباط مستقیمی با مدل سازی ندارد و از این طریق مقدار محاسبات را افزایش می دهد و از این طریق دقت طبقه بندی را کاهش می دهد. حال می توان انتخاب ویژگی و بهینه سازی پارامتر را با یک الگوریتم مثل ژنتیک مدیریت کرد.

جدول (۴۱) : شکل کروموزوم در GA-SVM

C	γ	f_1	f_2	f_3	f_4	...	f_{n-2}	f_{n-1}	f_n
-----	----------	-------	-------	-------	-------	-----	-----------	-----------	-------

جدول (۴۲) شکل کروموزوم را نشان می دهد. f یک رشته بیتی به طول n است که ۱ وجود ویژگی در آن ستون را نشان می دهد و ۰ عدم وجود را نشان می دهد و ضریب پنالتی C و پارامتر γ مربوط به پارامترهای SVM هستند که باید بهینه شوند.

۲-۴- الگوریتم GA-PCA

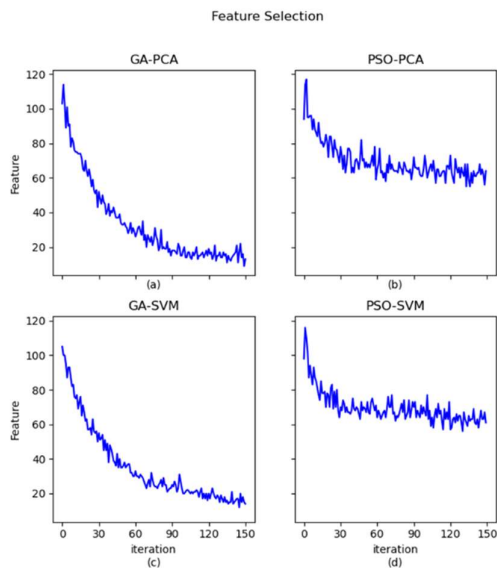
این الگوریتم شبیه GA-SVM است با این تفاوت که داده ها قبل از ورود به الگوریتم SVM وارد الگوریتم PCA می شود و کاهش ابعاد در آن صورت می گیرد بعد وارد الگوریتم SVM می شود.

جدول (۳) : شکل کروموزوم در GA-PCA

C	γ	N	f_1	f_2	f_3	...	f_{n-2}	f_{n-1}	f_n
-----	----------	-----	-------	-------	-------	-----	-----------	-----------	-------

۵- ارزیابی و آزمایش

ما در تابع هدف دو هدف را دنبال می کنیم. یکی بالا بردن عملکرد (AUC) و دیگری محدود کردن تعداد ویژگی است. پس برای بررسی نتیجه باید مجموع نتایج را بررسی کنیم. در شکل (۱) قسمت (a) GA-PCA بهترین نتیجه را بدست نیاورده ولی نتیجه قابل قبول است و اعوجاج کمتری نسبت به سایر قسمت ها دارد. قسمت (b) PSO-PCA اعوجاج قابل مشاهده است و بدتریت AUC را داراست ولی تفاوت آنچنانی با بهترین AUC را ندارد. قسمت (c) GA-SVM اعوجاج زیاد است و دومی AUC را داراست قسمت (d) PSO-SVM اعوجاج وجود دارد و دارای بهترین AUC است.



شکل ۵-۲ محدود شدن تعداد ویژگی ها در مراحل

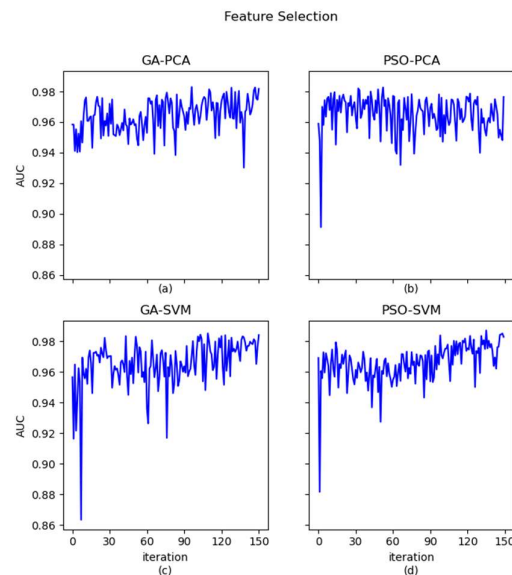
در شکل (۱) تقریباً AUC های برابری دارد و قسمت (a) اعوجاج کمتری دارد پس به نتایج در شکل (۲) می پردازیم قسمت (a) الگوریتم GA-PCA کمترین ویژگی ها را دارد که آن را بهترین نتیجه در نظر می گیریم.

۶- نتیجه

ما در الگوریتم های بهینه ساز علاوه بر انتخاب ویژگی که توسط یک رشته بیت انجام می شود که یک انتخاب ویژگی و صفر عدم انتخاب ویژگی را نشان می دهد بهینه سازی پارامترهای SVM و PCA را نیز انجام می دهیم. پارامترهای SVM شامل دو پارامتر C و گاما هست. که در کرنل RBF در طبقه بند کننده SVM به شدت به آنها وابسته است. و PCA شامل پارامتر کامپوننت هست که در این الگوریتم مشخص کننده تعداد ابعادی است که باید حفظ شود. تعیین مقدار این پارامتر ها هر کدام چالشی برای این الگوریتم ها محسوب می شود که همه آنها را ما با یک الگوریتم بهینه ساز حل کردیم. در شکل (۲) قسمت (a) الگوریتم GA-PCA کمترین ویژگی ها را دارد و همچنین بهترین عملکرد را دارا می باشد. که آن را بهترین نتیجه در نظر می گیریم.

سپاسگزاری

استاد گرانقدر دکتر محبوبه شمسی بسیار سپاسگزارم چرا که بدون راهنمایی های ایشان تامین این پایان نامه بسیار مشکل می نمود. هم چنین از استاد گرانقدر دکتر عبدالرضا رسولی به دلیل یاری ها و راهنمایی های بی چشم داشتشان که بسیاری از سختی ها را برایم آسان نمودند، کمال تشکر را دارم.



شکل (۱): محاسبه AUC در مراحل مختلف

در شکل (۲) قسمت (a) GA-PCA به کمترین ویژگی ها دست یافته است. قسمت (b) و قسمت (d) نتایج خوبی کسب نکرده و PSO عملکرد خوبی نداشته است قسمت (c) دومین نتیجه را بدست آورده پس الگوریتم ژنتیک بهتر عمل کرده است و PCA نیز عملکرد آن را بهبود بخشیده است.

- Evolutionary Computation, 25-28 Sept. 2007 2007, pp. 284-290, doi: 10.1109/CEC.2007.4424483.
- [8] L. Gao, M. Ye, X. Lu, and D. Huang, "Hybrid Method Based on Information Gain and Support Vector Machine for Gene Selection in Cancer Classification," *Genomics, Proteomics & Bioinformatics*, vol. 15, no. 6, pp. 389-395, 2017/12/01/ 2017, doi: <https://doi.org/10.1016/j.gpb.2017.08.002>.
- [9] C. Chang, "LIBSVM : A library for support vector machines," <http://www.csie.ntu.edu.tw/~cjlin/libsvm>, 2001 2001. [Online]. Available: <https://ci.nii.ac.jp/naid/10031098564/en/>.
- [10] Y. Wang et al., "Gene selection from microarray data for cancer classification—a machine learning approach," *Computational Biology and Chemistry*, vol. 29, no. 1, pp. 37-46, 2005/02/01/ 2005, doi: <https://doi.org/10.1016/j.compbiolchem.2004.11.001>.
- [11] E. H. Houssein, D. S. Abdelminaam, H. N. Hassan, M. M. Al-Sayed, and E. Nabil, "A Hybrid Barnacles Mating Optimizer Algorithm With Support Vector Machines for Gene Selection of Microarray Cancer Classification," *IEEE Access*, vol. 9, pp. 64895-64905, 2021, doi: 10.1109/ACCESS.2021.3075942.
- [12] Y. Zhang, D. Xiao, and Y. Liu, "Automatic Identification Algorithm of the Rice Tiller Period Based on PCA and SVM," *IEEE Access*, vol. 9, pp. 86843-86854, 2021, doi: 10.1109/ACCESS.2021.3089670.
- [1] Z. Tao, L. Huiling, W. Wenwen, and Y. Xia, "GA-SVM based feature selection and parameter optimization in hospitalization expense modeling," *Applied Soft Computing*, vol. 75, pp. 323-332, 2019/02/01/ 2019, doi: <https://doi.org/10.1016/j.asoc.2018.11.001>.
- [2] A. M. A. El-Maaty and A. G. Wassal, "Hybrid GA-PCA Feature Selection Approach for Inertial Human Activity Recognition," in *2018 IEEE Symposium Series on Computational Intelligence (SSCI)*, 18-21 Nov. 2018 2018, pp. 1027-1032, doi: 10.1109/SSCI.2018.8628702.
- [3] X. Zhang, P. Han, L. Xu, F. Zhang, Y. Wang, and L. Gao, "Research on Bearing Fault Diagnosis of Wind Turbine Gearbox Based on 1DCNN-PSO-SVM," *IEEE Access*, vol. 8, pp. 192248-192258, 2020, doi: 10.1109/ACCESS.2020.3032719.
- [4] X. Xiaolong, C. Wen, and W. Xinheng, "RFC: A feature selection algorithm for software defect prediction," *Journal of Systems Engineering and Electronics*, vol. 32, no. 2, pp. 389-398, 2021, doi: 10.23919/JSEE.2021.000032.
- [5] N. D. Cilia, C. D. Stefano, F. Fontanella, and A. S. D. Freca, "Feature Selection as a Tool to Support the Diagnosis of Cognitive Impairments Through Handwriting Analysis," *IEEE Access*, vol. 9, pp. 78226-78240, 2021, doi: 10.1109/ACCESS.2021.3083176.
- [6] H. M. Alshamlan, G. Badr, and Y. Al-Ohali, "ABC-SVM: Artificial Bee Colony and SVM Method for Microarray Gene Selection and Multi Class Cancer Classification," *International Journal of Machine Learning and Computing*, vol. 6, pp. 184-190, 2016.
- [7] E. Alba, J. Garcia-Nieto, L. Jourdan, and E. Talbi, "Gene selection in cancer classification using PSO/SVM and GA/SVM hybrid algorithms," in *2007 IEEE Congress on*

زیر نویس ها

- ⁴ Particle Swarm Optimization
⁵ Genetic Algorithm
⁶ Fitness

- ¹ Support Vector Machine
² Principal Component Analysis
³ Feature