The 2nd National Conference on Geospatial Information Technology (NCGIT)

K.N.Toosi University of Technology
Faculty of Geomatics Engineering

18 January 2017

دومین کنفرانس ملی مهندسی فناوری اطلاعات مکانی

دانشگاه صنعتی خواجه نصیرالدین طوسی
دانشکده مهندسی نقشه‌برداری
۲۹ دی ماه ۱۳۹۵

انتخاب پارامترهای تکنیک SVM توسط الگوریتم ژنتیک جهت طبقه‌بندی داده‌های LiDAR

محمد حاجب[۱*]، آرا تومانیان[۲] ، زینب آذرخش[۳] ، فرشاد کریمی[۴]

۱- مربی گروه سنجش از دور و GIS دانشگاه شهید بهشتی
۲- استادیار گروه سنجش از دور و GIS دانشگاه تهران
۳- دانشجوی دکترای سنجش از دور دانشگاه شهید بهشتی
۴- کارشناس ارشد سنجش از دور و GIS دانشگاه شهید بهشتی

چکیده :

طبقه‌بندی یک مرحله مهم در استخراج اطلاعات از تصاویر سنجش از دور است. SVM یک روش طبقه‌بندی نظارت شده است که قادر به غلبه بر مشکلاتی نظیر کم بودن تعداد داده‌های آموزشی، توزیع غیرخطی کلاس‌ها و بزرگ بودن ابعاد فضای ویژگی می‌باشد. یک محدودیت در بکارگیری SVM انتخاب مقدار مناسب برای پارامترهای ورودی آن است چراکه کارایی این روش به شدت تحت تاثیر مقادیر این پارامترها است. در این تحقیق از الگوریتم بهینه‌سازی ژنتیک جهت غلبه بر این محدویت استفاده می‌شود. الگوریتم ژنتیک به‌کار گرفته شده در این تحقیق از Individual هایی استفاده می‌کند که به روش مقادیر حقیقی کدگذاری شده‌اند. از معیار Kappa به‌عنوان تابع برازندگی و همچنین از روش‌های Arithmetic و Non-uniform به‌ترتیب برای عملگرهای ترکیب و جهش استفاده می‌شود. الگوریتم ارائه شده بروی یک مجموعه داده لیدار مربوط به منطقه ای در غرب آلمان پیاده سازی شد و نتایج آن با روش سنتی جستجوی شبکه‌ای مقایسه گردید. نتایج این ارزیابی حاکی از مقدار ۹۶.۲۲ درصد دقت کلی و کاپای ۰.۹۵۱ می‌باشد که در مقایسه با روش جستجوی شبکه‌ای نتایج بهتری را ارئه داده است.

واژه‌های کلیدی : ماشین بردار پشتیبان، الگوریتم ژنتیک، لیدار، انتخاب پارامتر.

نویسنده مکاتبه کننده : محمد حاجب
آدرس پستی :
تلفن :
آدرس پست الکترونیک :

۱- مقدمه

طبقه‌بندی یک مرحله مهم در استخراج اطلاعات از تصاویر سنجش از دور است بطوریکه در [1]، بیان شده است که طبقه‌بندی یا هدف نهایی از حل یک مساله با رویکرد سنجش از دور است، یا برای رسیدن به هدف نهایی لازم است تا طبقه‌بندی انجام شود. روش‌های غیر پارامتریک نظیر شبکه‌های عصبی مصنوعی (ANN) و ماشین‌های بردار پشتیان (SVM)، بدون در نظر گرفتن یک مدل توزیع خاص، پیکسل‌های نامعلوم را طبقه‌بندی می‌کنند که این امر از خطاهای مربوط به تعریف یک مدل نامناسب یا غیر دقیق در روش‌های کلاسیک آماری نظیر بیشترین شباهت MLH جلوگیری می‌کند[۲]. اما تکنیکANN با مشکلاتی نظیر کندی در همگرایی و همچنین نیاز به داده‌های آموزشی زیادی جهت رسیدن به دقت‌های بالا مواجه است. SVM یک روش طبقه‌بندی نظارت شده مبتنی بر نظریه یادگیری آماری است که عملکرد موفقیت آمیزی در زمینه‌های مختلف پیدا کرده است. SVM قادر به غلبه بر مشکلاتی نظیر کم بودن تعداد داده‌های آموزشی، توزیع غیرخطی کلاس‌ها و بزرگ بودن ابعاد فضای ویژگی می‌باشد[۳]. این توانائی‌ها SVM را به گزینه‌ای مناسب برای کاربردهای سنجش از دور تبدیل کرده است. در پژوهش‌های متعددی دقت بالاتر SVM نسبت به تکنیک‌های جدید نظیر ANN و درخت تصمیم‌گیری و همچنین روش‌های احتمالی سنتی نظیر MLH به اثبات رسیده است [۴]. یک محدودیت در بکارگیری SVM انتخاب مقدار مناسب برای پارامترهای ورودی آن است چراکه کارایی این روش به شدت تحت تاثیر مقادیر این پارامترها است[۵]. سه رویکرد کلی برای تعیین مقدار این پارامترها وجود دارد. **استفاده از مقادیر پیش فرض:** نرم افزارهای مختلف که SVM را پیاده‌سازی می‌کنند ممکن است برای هر کرنل، مقادیر پیش فرض متفاوتی برای پارامترها داشته باشند. به‌عنوان مثال گاهی مقدار ۱ برای پارامتر C و مقدار وارون تعداد ویژگی‌ها برای پارامتر g در نظر گرفته می‌شود[۶]. **تعیین مقادیر به‌صورت دستی با روش آزمون و خطا:** روش جستجوی شبکه‌ای روش رایج در انتخاب مدل مناسب برای SVM است. در این روش کیفیت تمام مجموعه جواب های ممکن ارزیابی می‌شود و آن دسته از پارامترهایی که کمترین خطای طبقه‌بندی را دارند در نهایت انتخاب می‌شوند. این روش بسیار زمان‌بر می‌باشد و نیز محدودیت‌هایی در تراکم شبکه مورد استفاده وجود دارد [۷]. و **تنظیم مقادیر از طریق یک روش بهینه‌سازی فرا ابتکاری**: بدلیل نواقص رویکردهای قبلی و اینکه ماهیت مساله به گونه‌ای است که دارای راه حل تحلیلی با روش‌های ریاضی نمی‌باشد، استفاده از روش‌های فراابتکاری مانند الگوریتم ژنتیک گزینه مناسبی برای حل این مساله است.

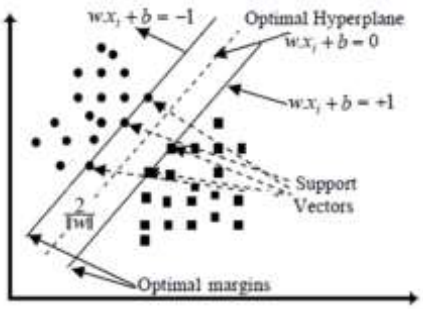
الگوریتم ژنتیک در تحقیقات متعددی همراه با دیگر تکنیک‌های یادگیری ماشینی برای اهداف مختلف استفاده شده است. در [۸] الگوریتم ژنتیک بطور موفقیت آمیزی برای تنظیم پارامترهای شبکه عصبی مورد استفاده قرار گرفت. در [۹] از الگوریتم ژنتیک برای استخراج قواعد از شبکه‌های عصبی استفاده شد و در [۱۰] الگوریتم ژنتیک برای انتخاب یک زیر مجموعه از ویژگی‌ها بکار گرفته شد. کوانگ و همکاران مقادیر پارامترهای SVM را بوسیله GA چندهدفه با در نظر گرفتن معیارهای recall و کران خطای leave-one-out (LOO)، بدست آوردند [۱۱]. کرنل‌ها توسط ترکیب محدب توابع چند جمله‌ای، گاوسی و سیگموئید بدست آمدند. وزن هر کرنل در این ترکیب توسط GA تعیین گردید. همچنین در برخی تحقیقات از الگوریتم ژنتیک برای تنظیم پارامترهای SVM جهت طبقه‌بندی چند کلاسه استفاده شده است [۱۲، ۱۳ و ۱۴]. در [۱۲] از GA برای بهینه‌سازی مقدار پارامتر g در SVM دو کلاسه در تفکیک 1AA استفاده شده است. در این آزمایش با ثابت نگه داشتن مقدار C و با استفاده از GA، مقادیر g در کرنل RBF برای برخی از مقادیر ثابت C تصحیح گردید. پارامترهای SVM که توسط GA تنظیم شدند، نتایج اندکی بهتر را نسبت به نتایج گزارش شده از روش آزمون و خطا ارائه کردند. در تحقیق [۱۵] از یک کدگذاری باینری برای انتخاب پارامترهای SVM استفاده شد که تخمین خطای ارزیابی متقابل و کران خطا LOO را کاهش داد. آنها الگوریتم خود را در یک سیستم تشخیص پزشکی با موفقیت استفاده کردند. آنها اشاره کردند که راه حل GA می‌تواند نقطه شروع خوبی برای دیگر روش‌های انتخاب پارامتر باشد که می‌تواند به راه حل اولیه ارائه شده، حساس باشند. در [۱۶] با

روش کدگذاری مقادیر حقیقی برای جستجو پارامترهای C و g در SVM دو کلاسه، با استفاده از محدوده خطای LOO به عنوان تابع تناسب، بکار گرفته شد. آنها نتایج به دست آمده توسط GA را با نتایج بدست آمده از یک تکنیک انتخاب پارامتر غیر GA مقایسه کردند. GA نتایج کمی بهتر ارائه داد ولی نتایج از نظر آماری با نتایج بدست آمده از تکنیک غیر GA مقایسه نشدند. در [۱۷] مقادیر پارامترهای SVM دو کلاسه را جستجو کردند که قادر به حداقل رساندن محدوده LOO باشند. آنها برای تعیین مقادیر C و g، GA را با الگوریتم بهینه‌سازی شبه نیوتن ترکیب کردند. جواب‌های GA با مقادیر حقیقی واقعی کدگذاری شده بودند. آنها الگوریتم خود را در یک مجموعه داده چند کلاسه آزمایش کردند، اما پارامترها را برای هر طبقه‌پبندی کننده دو کلاسه بطور جداگانه تنظیم کردند. نتایج به‌دست آمده با نتایج روش‌های دیگر مقایسه نشدند.

به‌طور کلی می‌توان نتیجه گرفت که رویکرد استفاده از الگوریتم‌های فراابتکاری نتایج بهتری نسبت به استفاده از مقادیر پیش‌فرض نرم‌افزارها و روش‌های مبتنی بر سعی و خطا داشته است.

۲- ماشین بردار پشتیبان

درسال ۱۹۶۵محقق روسی به نام Vladimir Vapnik گامی مهم در طراحی دسته‌بندی‌کننده‌ها برداشت و ماشین‌های بردار پشتیبان ارائه داد. فرض کنید تعدادی از نمونه‌های آموزشی بصورت $\{x_1, x_2, \dots, x_n\}$ داشته باشیم که هر کدام یک بردار ویژگی d–بعدی بوده و دارای برچسب y_i هستند و $y_i \in \{-1,1\}$. هدف، حل یک مسأله دسته‌بندی دو کلاسه بصورت بهینه است. فرض کنید این دو کلاس را با یک فوق‌رویه H با معادله $H: w.x + b = 0$ بخواهیم از هم جدا کنیم. w بردار وزن است که عمود بر فوق‌رویه جدا کننده است و b مقدار Bias است. رابطه بین خاصیت تعمیم طبقه‌بندی کننده با نرم بردار وزن $\|w\|$ را می‌توان به این صورت توجیه کرد: فرض کنید داده‌های دو کلاس، جدایی‌پذیر باشند و بردارهای ویژگی مرزی کلاس اول روی فوق‌رویه H^+ و بردارهای و ویژگی مرزی کلاس دوم روی فوق‌رویه H^- قرار گیرند. فوق‌رویه‌های H^+ و H^- بصورت $H^+ : \mathrm{w.x + b = +1}$ و $H^-: \mathrm{w.x + b = -1}$ تعریف می‌شوند. نمونه‌هایی که بر روی فوق‌رویه‌های H^+ یا H^- قرار می‌گیرند بردار پشتیبان نامیده می‌شوند. ناحیه بین دو فوق‌رویه را حاشیه می‌گویند (شکل ۱).



شکل۱: ماشین بردار پشتیبان در حالت جدائی پذیر

فاصله بین دو فوق‌رویه H^+ و H^- برابر $\frac{2}{\|w\|}$ خواهد بود. اذا برای طراحی فوق‌رویه با حاشیه بهینه، باید یعنی $\|w\|$ مینیمم گردد. هدف این است که اولاً الگوها درست طبقه‌بندی گردند و ثانیاً بر روی و یا خارج از ناحیه مرزی واقع شوند، یعنی:

$$y_i(w.x_i + b) \geq 1 \quad for \quad i = 1,2,\dots,N$$ رابطه (۱)

فوق‌رویه با ناحیه مرزی بهینه بصورت رابطه (۲) خواهد بود:

$$\begin{cases} \underset{w,b}{\text{Minimize}} & \frac{1}{2}\|w\|^2 \\ \text{Subject to} & y_i(w.x_i + b) - 1 \geq 0 \\ & \text{for } \ i = 1,2,\dots,l \end{cases}$$ رابطه (۲)

برای حل مسأله فوق، از تکنیک ضرایب لاگرانژ استفاده می شود. پس از محاسبه ضرایب لاگرانژ، مقادیر w و b به‌صورت $b = y_i - w.x_i$ و $w = \sum_{i=1}^{l} \lambda_i\, y_i x_i$ محاسبه می‌شوند. تابع تصمیم‌گیری برای طبقه‌بندی به‌صورت رابطه (۳) می‌باشد:

$$F(x) = sign(w.x + b) = sign\left(\sum_{i=1}^{l} y_i\, \lambda_i (x.x_i) + b\right)$$ رابطه (۳)

در عمل ممکن است کلاس ها با هم همپوشانی داشته باشند و جدائی پذیر نباشند. در این حالت یک راه حل استاندارد استفاده از متغیرهای سستی(Slack variables) $\xi_i \geq 0$ است که در این صورت معادله (۲) به‌صورت معادله (۴) نوشته خواهد شد

$$y_i(w\,.x_i + b) \geq 1 - \xi_i \quad \text{for} \quad i = 1,2,\dots,l$$ رابطه (۴)

بنابراین فوق‌رویه بهینه با کمینه کردن تابع زیر بدست می‌آید

$$\begin{cases} \underset{w,b}{\text{Minimize}} & \frac{1}{2}\|w\|^2 + C\sum_1^l \xi_i \\ \text{Subject to} & y_i(w.x_i + b) \geq 1 - \xi_i \\ \text{and } \xi_i \geq 0 & \text{for } \ i = 1,2,\dots,l \end{cases}$$ رابطه (۵)

ثابت Cپارامتر جریمه نام دارد که توازن بین حاشیه جداکننده و تعداد نمونه‌های آموزشی را که در طرف اشتباه فوق رویه قرار گرفته‌اند را بر قرار می‌کند. اگر C کوچک انتخاب شود، تعداد بردارهای پشتیبان زیاد می‌شود و اگر C بزرگ انتخاب شود، با مسأله Overfitting روی داده‌های آموزشی مواجه می‌شویم که منجر به کاهش تعمیم پذیری طبقه‌بندی‌کننده می‌شود[۵].

وقتی جدایی پذیری کلاس‌ها بصورت غیرخطی است، می‌توان ابتدا داده‌ها را با یک تبدیل غیرخطی به یک فضای با بعد بالاتر انتقال داد و طبقه‌بندی را در آن فضا انجام داد. کرنل‌های خطی، چندجمله‌ای، تانژانت هایپربولیک و تابع پایه شعاعی(RBF) عمومی‌ترین کرنل‌ها هستند. کرنل RBF برخلاف کرنل خطی، نمونه‌ها را بصورت غیر خطی در فضای با بعد بیشتر می‌برد لذا در حالاتی که ارتباط بین برچسب کلاس‌ها و ویژگی‌ها غیر خطی است کارایی بالائی دارد[۷]. در کاربردهای سنجش از دور کرنل RBF نتایج بهتری را ارائه داده است [۱۸]. کرنل RBF بصورت رابطه (۶) تعریف می‌شود.

$$K(x.x_i) = \ exp(-g\|x - x_i\|^2)$$ رابطه (۶)

که در آن g عرض کرنل است. میزان دقت SVM تا حد زیادی بستگی به مقدار پارامترهای C و g دارد[۵]. مشکل این است که یک قانون کلی برای انتخاب این پارامترهای وجود ندارد و از قبل مشخص نیست که مقادیر C و g برای یک مسأله کدام است [۱۹]. این پارامترها بستگی به دامنه داده‌ها و نحوه توزیع آنها دارند و از یک طبقه‌بندی به یک طبقه‌بندی دیگر متفاوت است.

۳- الگوریتم ژنتیک

اصول اولیه الگوریتم ژنتیک در سال ۱۹۶۳ توسط Holland و همکارانش ارائه شد. آنان برای مدل‌سازی سیستم‌های مصنوعی به فرایند سازگاری در سیستم‌های طبیعی روی آوردند. الگوریتم ژنتیک می‌تواند در

مسایل بهینه‌سازی پیچیده به صورت کارامدی عمل کند. ایده این الگوریتم بهبود کیفیت جمعیت در یک پروسه تکراری می‌باشد. این پروسه شامل چهار مرحله ارزیابی، انتخاب، ترکیب و جهش می‌باشد. الگوریتم ژنتیک با یک مجموعه از جواب ها که در ابتدا بصورت تصادفی ساخته می‌شوند، شروع می‌شود. هر عضو به رشته‌ای که کروموزوم نامیده می‌شود، کدگذاری می‌شود. سپس کیفیت اعضا بوسیله تابع هدف اندازه‌گیری شده و متناسب با میزان کیفیت، مرحله انتخاب انجام می‌شود. به منظور ایجاد جمعیت جدید در گام بعد از عملگرهای ترکیب و جهش استفاده می‌گردد. این مراحل تا برقراری شرط توقف تکرار می‌شوند.

۳-۱- الگوریتم ژنتیک برای مساله های پیوسته

روش معمول در کدگذاری کروکوزوم ها استفاده از رشته‌های باینری است که برای متغیرهای بولین و گسسته مناسب می‌باشد. در صورتیکه متغیرها پیوسته باشند، استفاده از رشته‌های باینری دارای معایبی نظیر نیاز به تعداد بیت‌های زیاد برای نمایش هر متغیر پیوسته و در نتیجه بزرگ شدن فضای جستجو و پیچیده‌تر شدن مساله بهینه‌سازی، و عدم نزدیکی دو عدد حقیقی نزدیک به هم در فضای باینری می باشد. به همین علت در مساله های پیوسته از روش کدگذاری حقیقی استفاده می‌شود. برخی تحقیقات به مزایای این روش کد گذاری از جمله پایداری بیشتر و سرعت بالاتر اشاره کرده‌اند [۲۰].

عملگرهای ترکیب و جهش مختلفی برای جمعیت‌هایی که به صورت مقدار حقیقی کد گذاری شده‌اند، ارائه شده است. یک نمونه پر کاربرد از این عملگرهای ترکیب، روش Arithmetic است. در این روش دو کروموزوم $\vec{x} = (x_1, \dots, x_m)$ و $\vec{y} = (y_1, \dots, y_m)$ به عنوان والدین انتخاب می شوند و دو عضو جدید تولید شده پس از ترکیب عبارتند از $\overrightarrow{x'} = (x'_1, \dots, x'_m)$ و $\overrightarrow{y'} = (y'_1, \dots, y'_m)$ که مولفه‌های این اعضا جدید با روابط (۷ و ۸) به‌دست می‌آیند.

$$x'_i = a.y_i + (1-a)x_i \qquad \text{رابطه (۷)}$$

$$y'_i = a.x_i + (1-a)y_i \qquad \text{رابطه (۸)}$$

در این رابطه a یک عدد تصادفی بین ۰ و ۱ می‌باشد. مزیت روش ترکیب Arithmetic حفظ متغیرها در محدوده‌شان می‌باشد. یک روش جهش متداول در کد گذاری با اعداد حقیقی، روش Non-Uniform می‌باشد. هدف اعمال‌جهش بر j امین عنصر کروموزوم $\vec{x} = (x_1, \dots, x_m)$ می‌باشد. مقدار جدید پارامتر توسط رابطه (۹) محاسبه می‌شود.

$$x'_j = \begin{cases} x_j + \Delta(t, d_j - x_j) & if \quad z = 0 \\ x_j - \Delta(t, x_j - e_j) & if \quad z = 1 \end{cases} \qquad \text{رابطه (۹)}$$

در این رابطه (e_j, d_j) کران های متغیر، z یک عدد باینری تصادفی و t شماره تکرار کنونی است و $\Delta(t,y) = y\left(1 - r^{(1-t/T)^q}\right)$ که در آن r یک عدد تصادفی در بازه ۰ و ۱ می‌باشد، T بیشترین تکرار و q سطح وابستگی $\Delta(t,y)$ در ارتباط با شماره تکرار می‌باشد. این معادله یک عدد در بازه [0,y] می‌دهد. با اضافه شدن شماره تکرارها، این مقدار به صفر نزدیک می‌شود. بدین ترتیب در تکرارهای آخر مقدار جهش کمتر شده و تغییرات در محدوده نتایج به‌دست آمده متمرکز می‌شود (Intensification). مراحل فوق تا رسیدن به شرط توقف تکرار می‌شوند.

۴- الگوریتم پیشنهادی

در این بخش جزئیات پیاده‌سازی الگوریتم ژنتیک پیشنهاد شده، برای حل مساله بهینه سازی پارامترهای SVM در طبقه‌بندی داده‌های LiDAR، شامل نحوه نمایش کروموزوم، نحوه ارزیابی آنها و مراحل اصلی الگوریتم‌های به‌کارگرفته شده در تحقیق تشریح می‌شوند.

۴-۱- نحوه شکل دهی کروموزوم ها

از آنجاییکه پارامترهای C و g دارای مقادیر پیوسته هستند، برای کد گذاری کروموزوم‌ها از روش مقادیر حقیقی استفاده می‌شود. در تحقیق حاضر مقادیر یکسانی از پارامترهای C و g برای همه طبقه‌بندی‌کننده‌های دو کلاسه استفاده می‌شود.شکل (۲) یک نمونه کروموزوم برای حالت فوق را نشان می‌دهد.

همه طبقه بندی کننده ها

C	g
512.0	0.005

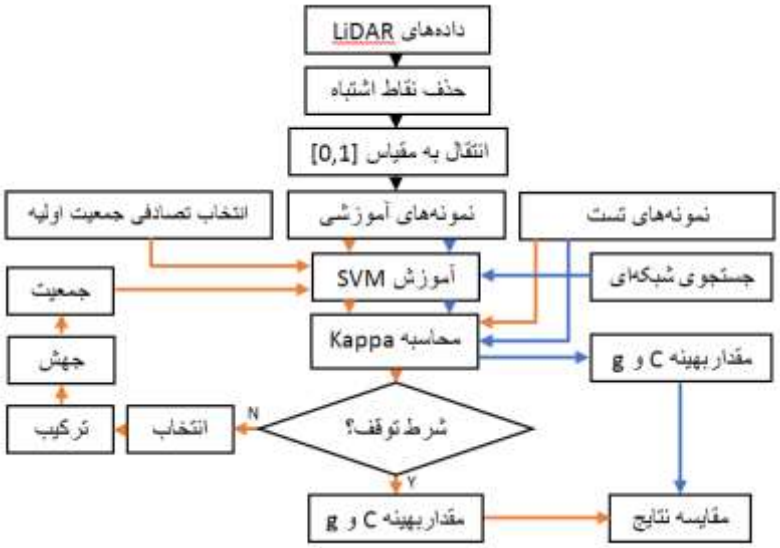
شکل ۲. نمونه کروموزوم مورد استفاده برای طبقه‌بندی چند کلاسه به روش تفکیک OAA

۴-۲- تابع برازندگی

در این تحقیق از معیار Kappa برای ارزیابی شایستگی هر individual استفاده می‌شود. الگوریتم ژنتیک به‌دنبال یافتن جوابی است که این معیار را بیشینه کند.

۴-۳- تشریح الگوریتم

در این تحقیق دو روش جستجوی شبکه‌ای و الگوریتم ژنتیک جهت انتخاب مقادیر مناسب برای طبقه‌بندی‌کننده SVM بکار گرفته شده‌اند و نتایج حاصل از آنها با هم مقایسه می‌شود. در ادامه جزئیات هر یک از این روش‌ها شرح داده می‌شوند. شکل ۳ فلوچارت مراحل انجام کار را نمایش می‌دهد. در این فلوچارت خطوط آبی مربوط به روش جستجوی شبکه‌ای و خطوط نارنجی مربوط به الگوریتم ژنتیک است.



شکل۳: فلوچارت مراحل انجام کار

۴-۳-۱- بهینه سازی پارامترهای SVM با استفاده از الگوریتم ژنتیک

با توجه به پیوسته بودن مقادیر پارامترهای C و g، الگوریتم ژنتیک به‌کار گرفته شده در این تحقیق از Individualهایی استفاده می‌کند که به روش مقادیر حقیقی کدگذاری شده‌اند. در مرحله بعد جمعیت اولیه به شکل تصادفی ایجاد می‌شود. سپس شایستگی هر عضو جمعیت با استفاده از تابع برازندگی مشخص می‌شود. برای این منظور ابتدا با استفاده از داده‌های آموزشی و مقدار پارامترهای مشخص شده توسط هر Individual، نسبت به آموزش SVM اقدام می‌شود، سپس با استفاده از داده‌های تست دقت طبقه‌بندی انجام شده براساس معیار Kappa اندازه‌گیری می‌شود. در ادامه با توجه به مقادیر به‌دست آمده برای هر Individual فرآیند انتخاب با استفاده از روش *چرخ رولت* صورت می‌پذیرد. همچنین از روش‌های Arithmetic و Non-uniform به‌ترتیب برای عملگرهای ترکیب و جهش استفاده می‌شود. مراحل فوق تا رسیدن به شرط توقف ادامه می‌یابند. شرط توقف در این تحقیق رسیدن به بیشترین تعداد تکرار است که توسط کاربر تعیین می‌شود.

۵- پیاده‌سازی روش پیشنهادی

روش پیشنهادی رو یک مجموعه داده پیاده‌سازی شد که نتایج آن در این بخش ارائه می‌گردد.

۵-۱- داده‌های مورد استفاده

داده‌های لیدار مورد استفاده در این تحقیق شامل داده‌های بازگشت اول و آخر فاصله و شدت می‌باشند. داده‌ها دارای ساختار شبکه‌ای منظم بوده و فاصله بین نقاط شبکه ۱ متر می‌باشد. یک تصویر هوایی با قدرت تفکیک بالا (۰/۲ متر) نیز از منطقه وجود دارد. این داده‌ها مربوط به شهر Castrop-Rauxel در غرب کشور آلمان است (شکل (۴)).

الف ب ج د ه

شکل۴: داده‌های مورد استفاده؛ الف) تصویر هوائی ب) بازگشت اول شدت ج) بازگشت آخر شدت د) بازگشت اول فاصله ه) بازگشت آخر فاصله

۵-۲- نتایج

به‌منظور آموزش SVM، تعداد ۶۰۰ نمونه بعنوان نمونه‌های آموزشی، با تفسیر بصری داده‌های فاصله و شدت LiDAR و نیز عکس رنگی هوایی منطقه انتخاب شدند. از این تعداد نمونه آموزشی، تعداد ۱۱۰ نمونه برای کلاس راه آسفالته، ۱۰۰ نمونه برای کلاس درختان، ۱۱۰ نمونه برای کلاس ساختمان، ۱۰۰ نمونه برای کلاس چمن و ۱۸۰ نمونه برای کلاس سیمان بودند. همچنین تعداد ۵۳۰ نقطه به‌عنوان نمونه‌های تست انتخاب گردیدند که از آنها برای تعیین میزان برازندگی Individual ها استفاده گردید.

فضای جستجو معادل محدوده تغییرات هر یک از دو پارامتر C و g بصورت فواصل $C \in [0.001,1000]$ و $g \in [0.0001,5]$ تعریف شد. مقادیر پارامترهای بکارگرفته شده در GA به‌صورت زیر بودند:

- جمعیت nPop=20
- تعداد تکرار MaxIt=100
- نرخ ترکیب Crossover probability=0.8
- نرخ جهش Presumption Mutation=0.04

شکل (۵) نتایج طبقه‌بندی داده‌های LiDAR با استفاده از SVM را نشان می‌دهد که در شکل (۵-الف) پارامترهای آن با استفاده از روش جستجوی شبکه‌ای و در شکل (۵-ب) با استفاده از الگوریتم ژنتیک به‌دست آمده اند. در جدول (۱) معیارهای ارزیابی دقت نتایج حاصل از هر دو روش، شامل دقت کلی و ضریب Kappa آورده شده است.

جدول ۱. معیارهای ارزیابی دقت نتایج حاصل

	دقت کلی (٪)	Kappa
GS-SVM	۹۴.۵۲	۰.۹۳۰
GA-SVM	۹۶.۲۲	۰.۹۵۱

الف

ب

شکل ۵ نتایج طبقه‌بندی داده‌های LiDAR با استفاده از SVM ، الف) GS_SVM ب) GA_SVM

همان‌طور که مشاهده می‌شود الگوریتم ژنتیک در انتخاب مقادیر مناسب برای پارامترهای SVM عملکرد بهتری داشته و مقادیر تعیین شده توسط آن منجر به طبقه‌بندی بهتری شده‌اند.

۶- بحث و نتیجه‌گیری

در این تحقیق توانایی دو روش جستجوی شبکه‌ای و الگوریتم ژنتیک در بهینه‌سازی پارامترهای SVM با هم مقایسه شده‌اند. نتایج حاکی از عملکرد بهتر الگوریتم ژنتیک در فرایند طبقه‌بندی داده‌های LiDAR است. این بهبود در نتایج طبقه‌بندی هم در معیارهای کمی مانند دقت کلی و ضریب Kappa قابل مشاهده است و هم به‌صورت کیفی قابل بررسی می‌باشد. همانطور که مناطق مشخص شده در شکل ۵ قابل مشاهده است، الگوریتم GA-SVM توانسته ساختمان‌های بلند را بدرستی طبقه‌بندی کند، حال آنکه در الگوریتم GS-SVM این ساختمان‌های بلند در کلاس درختان قرار گرفته‌اند. دلیل این امر شباهت ساختمان‌های بلند به درختان در داده‌های فاصله LiDAR است. با توجه به نتایج رضایت‌بخش روش پیشنهاد شده در طبقه بندی داده‌های LiDAR، بکارگیری آن جهت بهبود نتایج فرایند آشکارسازی تغییرات با استفاده از روش‌هایPost classification در تحقیقات آینده پیشنهاد می‌شود. طبق بررسی به‌عمل آمده، در تحقیقات گذشته در این زمینه هیچ مقایسه دقیق همراه با تکرار آزمایشات و انجام تحلیل آماری بین روش‌های فراابتکاری موجود جهت بهینه‌سازی پارامترهای SVM صورت نگرفته است که با توجه به ماهیت تصادفی این الگوریتم‌ها پیشنهاد می‌شود به این مهم پرداخته شود.

مراجع

[1] Lillesand, T.M. and Kiefer, R.W., 1994, Remote Sensing and Image Interpretation, 3rd. Ed., John Wiley and Sons, Inc.: Toronto.

[2] Mather P.M., 2001, Classification Methods for Remotely Sensed Data, Second Edition, john wiley & Sons.

[3] Burges, C.J.C., (1998). A Tutorial on Support Vector Machines for Pattern Recognition, Data Mining and knowledge Discovery, Vol. 2, pp. 121-167.

[4] Foody, G. M., & Mathur, A. (2004). A relative evaluation of multiclass image classification by support vector machines. IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing, 42, 1335–1343.

[5] Foody, G. M., & Mathur, A. (2006). The use of small training sets containing mixed pixels for accurate hard image classification: Training on mixed spectral responses for classification by a SVM. Remote Sensing of Environment 103, 179–189.

[6] Chang, C.-C., and Lin, C.-J., LIBSVM: A library for support vector machines. ACM Transactions on Intelligent Systems and Technology, 2:27:1{27:27, 2011. Software available at http://www.csie.ntu.edu.tw/~cjlin/libsvm.

[7] Hsu, C. W., Chang, C. C. and Lin, C. J., "A Practical Guideto Support Vector Classification," Technical Report, Department of Computer Science and Information Engineering, University of National Taiwan, Taipei, 2003, pp. 1-12.

[8] Lacerda, E., A. Carvalho, T.B. Tudermir, Model selection via genetic algorithms for RBF networks, J. Intell. Fuzzy Syst. 13 (2003) 111–122.

[9] Milare, C.R., Batista, G.E.A.P.A., Carvalho, A.C.P.L.F., Monard, M.C., Applying genetic and symbolic learning algorithms to extract rules from artificial neural networks, in: Proceedings of the Third Mexican International Conference on Artificial Intelligence, Lecture Notes in Computer Science, vol. 2972, Springer, Berlin, 2004, pp. 833–834.

[10] Souza, B.F., Carvalho, A.C.P.L.F., Gene selection based on multi-class SVMs and genetic algorithms, Genet. Mol. Res. 4 (3) (2005) 599–607.

[11] Quang, A.T., Zhang, Q.-L., Li, X., Evolving support vector machine parameters, in: Proceedings of the First International Conference on Machine Learning and Cybernetics, IEEE Computer Society Press, Silver Spring, MD, 2002, pp. 548–551.

[12] Xu, P., Chan, A.K., Support vector machines for multi-class signal classification with unbalanced samples, in: Proceedings of the International Conference on Neural Networks, 2003, pp. 1116–1119.

[13] Liepert, M., Topological fields chuncking for German with SVMs: optimizing SVM-parameters with GAs, in: Proceedings of the International Conference on Recent Advances in Natural Language Processing, RANLP 2003, 2003.

[14] Lorena, A.C., Carvalho, A.C.P.L.F., Multiclass SVM design and parameter selection with genetic algorithms, in: IEEE Proceedings of the Ninth Brazilian Symposium on Neural Networks, IEEE Digital Library, 2006.

[15] Cohen, G., Hilario, M., Geissbuhler, A., Model selection for support vector classifiers via genetic algorithms. An application to medical decision support, in: Proceedings of ISBMDA 2004, Lecture Notes in Computer Science, vol. 3337, Springer, Berlin, 2004, pp. 200–211.

[16] Chunhong, Z., Licheng, J., Automatic parameters selection for SVM based on GA, in: Proceedings of the Sixth World Congress on Intelligent Control and Automation, IEEE Computer Society Press, Silver Springer, MD, 2004, pp. 1869–1872.

[17] Kulkarni, A., Jayaraman, V.K., Kulkarni, B.D., Support vector classification with parameter tuning assisted by agent-based technique, Comput. Chem. Eng. 28 (2004) 311–318.

[18] Van der Linden, S., Rabe, A., Okujeni, A., Hostert, P., 2009. Image SVM classification, Application Manual: imageSVM version 2.0. Humboldt-Universität zu Berlin, Germany.

[19] Lin, H.T., C.J., Lin, 2003. A study on sigmoid kernels for SVM and the training of non- PSD kernels by SMO-type methods. Technical report, Department of Computer Science, National Taiwan University.

[20] Mitchell, M. An Introduction to Genetic Algorithms, MIT Press, Cambridge, MA, 1999.