

การปรับค่าพารามิเตอร์ของ ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึม

HIDDEN-MARKOV-MODEL PARAMETER TUNING
USING GENETIC ALGORITHM

สุภกิจ นุศยะสกุล
SUPAKIT NOOTYASKOOL

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์

บัณฑิตวิทยาลัย

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

พ.ศ. 2546

ISBN 974-824-309-7

การปรับค่าพารามิเตอร์ของ ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึม

HIDDEN-MARKOV-MODEL PARAMETER TUNING
USING GENETIC ALGORITHM



สุภกิจ นุตยะสกุล

SUPAKIT NOOTYASKOOL

เลขหมู่.....
เลขทะเบียน 49523
วัน, เดือน, ปี 24 ก.พ. 2547

b.....
i.....

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์
บัณฑิตวิทยาลัย
สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
พ.ศ. 2546

ISBN 974-324-309-7

**HIDDEN-MARKOV-MODEL PARAMETER TUNING
USING GENETIC ALGORITHM**

SUPAKIT NOOTYASKOOL

**A THESIS SUBMITTED IN PARTIAL FULFILLMENT
OF THE REQUIREMENT FOR THE DEGREE OF
MASTER OF ENGINEERING IN COMPUTER ENGINEERING
SCHOOL OF GRADUATE STUDIES
KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG**

2003

ISBN 974-324-309-7

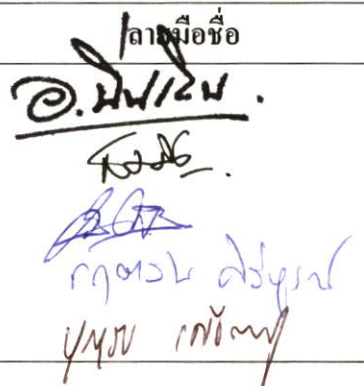
COPY RIGHT 2003

SCHOOL OF GRADUATE STUDIES

KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG

บัณฑิตวิทยาลัย
สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
ใบรับรองวิทยานิพนธ์

หัวข้อวิทยานิพนธ์ การปรับค่าพารามิเตอร์ของ ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล โดยใช้เจเนติกอัลกอริทึม
HIDDEN-MARKOV-MODEL PARAMETER TUNING USING GENETIC
ALGORITHM
ชื่อนักศึกษา นายสุภกิจ นุตยะสกุล
รหัสประจำตัว 44061629
ปริญญา วิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชา วิศวกรรมคอมพิวเตอร์
อาจารย์ผู้ควบคุมวิทยานิพนธ์ รศ.ดร.บุญธีร์ เครือตราชู

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์		ลายมือชื่อ
รศ.ดร.เอื้อน	ปิ่นเงิน	
ดร.สมศักดิ์	วัลย์รัชต์	
ดร.วิศิษฐ์	หิรัญกิตติ	
อาจารย์กฤตวัน	ศิริบุรณ์	
รศ.ดร.บุญธีร์	เครือตราชู	

วัน/เดือน/ปี ที่สอบ 28 กุมภาพันธ์ 2546 เวลา 13.00-15.00 น.

สถานที่สอบ ณ อาคาร 12 ชั้น ชั้น 4 (ห้อง E12-404)



วันที่.....28.....เดือน.....๒๖๕๖๐๖.....พ.ศ. ๒๕๔๖.....

หัวข้อวิทยานิพนธ์	การปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล โดยใช้เจเนติกอัลกอริทึม
นักศึกษา	นายสุภกิจ นุตยะสกุล
รหัสนักศึกษา	44061629
ปริญญา	วิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชา	วิศวกรรมคอมพิวเตอร์
พ.ศ.	2546
อาจารย์ผู้ควบคุมวิทยานิพนธ์	รศ.ดร.บุญธีร์ เครือตราฐ

บทคัดย่อ

ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลใช้อย่างแพร่หลายในการรู้จำเสียงพูด วิธีการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลมีหลายวิธี เช่น วิธีแบมวิซอัลกอริทึม หรือวิธีกาเดิน ซึ่งเป็นวิธีการแบบเดิมที่ใช้ปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล วิทยานิพนธ์นี้นำเสนอเจเนติกอัลกอริทึม ซึ่งเป็น Global search โดยใช้เจเนติกอัลกอริทึมปรับพารามิเตอร์ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลเพื่อให้ได้ค่าความน่าจะเป็นสูงสุดและค่าเปอร์เซ็นต์การรู้จำสูงสุด โดยเปรียบเทียบการสอน 3 วิธีคือ การสอนด้วยวิธีแบมวิซอัลกอริทึม, การสอนด้วยวิธีเจเนติกอัลกอริทึม และการสอนด้วยวิธีเจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับแบมวิซอัลกอริทึม ข้อมูลที่ใช้ในการสอนเป็นข้อมูลลายมือเขียนอักษรภาษาไทยแบบออนไลน์ โดยใช้ลักษณะเด่นจากรหัสลูกโซ่และการแบ่งส่วนตัวอักษร มีตัวอักษรทั้งหมด 38 รูป 3839 ตัว ผลลัพธ์การสอนด้วยวิธีเจเนติกอัลกอริทึม และการสอนด้วยวิธีเจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับแบมวิซอัลกอริทึม ให้ผลค่าความน่าจะเป็นของตัวอักษรและเปอร์เซ็นต์การรู้จำที่สูงกว่าการสอนด้วยวิธีแบมวิซอัลกอริทึม

Thesis Title	HIDDEN-MARKOV-MODEL PARAMETER TUNING USING GENETIC ALGORITHM
Student	Mr.Supakit Nootyaskool
Student ID.	44061629
Degree	Master of Engineering
Programme	Computer Engineering
Year	2003
Thesis Advisor	Assoc. Prof. Dr. Boontee Kruatrachue

ABSTRACT

Hidden Markov Model (HMM) have been used extensively for recognizing observation sequence especially in speech recognition. Iterative training procedure such as Baum-Welch, or gradient techniques are normally used to find locally optimize HMM parameters. This thesis presents genetic algorithm (GA) to perform global search for Hidden Markov Model (HMM) parameters that maximize probability of observation sequence given the model. In order to increase the convergence rate and parameters optimization, we combine iterative procedure with GA. The probability of observation sequence of the train model using iterative procedure, GA, and GA with iterative procedure will be compared along with their convergence rates. The test patterns are chain code sequences generated from 38 characters on 3839 patterns isolated on-line Thai handwritten characters. The recognition rate and the probability of the train observation sequences of GA were better than the iterative training.

กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์นี้สำเร็จด้วยดี ด้วยกำลังใจจากคุณพ่อ คุณแม่ของข้าพเจ้า ซึ่งไม่มีคำขอบคุณใดกล่าวตอบแทน สิ่งที่ท่านให้ได้

ด้วยคำแนะนำจาก รศ.ดร.บุญธีร์ เกรือตราฐ ซึ่งเป็นอาจารย์ผู้ควบคุมวิทยานิพนธ์ ทำให้การทดลองนี้สำเร็จได้ด้วยดี

ขอขอบคุณ ภาควิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง ที่สนับสนุนเครื่องคอมพิวเตอร์เพื่อใช้ในการทดลอง

และสุดท้ายขอขอบคุณ บัณฑิตวิทยาลัยที่ท่านสนับสนุนการทำวิทยานิพนธ์

สุภกิจ นุตยะสกุล

สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อภาษาไทย	I
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ	II
กิตติกรรมประกาศ	III
สารบัญ	IV
สารบัญตาราง	VIII
สารบัญรูป	IX
บทที่ 1 บทนำ	1
1.1 ความเป็นมาและความสำคัญ	1
1.2 ความมุ่งหมายและวัตถุประสงค์	2
1.3 ทฤษฎีแนวความคิดที่ใช้ในการวิจัย	2
1.4 ขอบเขตของการวิจัย	2
1.5 ขั้นตอนการศึกษา	3
1.6 ข้อยกเว้นของการศึกษา	3
1.7 รายละเอียดเครื่องคอมพิวเตอร์และอุปกรณ์ที่ใช้ในการทำวิจัย	3
1.8 รายละเอียดในแต่ละบท	3
บทที่ 2 ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล	4
2.1 บทนำ	4
2.2 ส่วนประกอบของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล	4
2.3 ชนิดของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล	5
2.1.1 แบบจำลองฟูลตี คอนเน็ค โทโปโลยี	6
2.1.2 รูปแบบจำลองเลฟ-ไค โทโปโลยี	6
2.4 ปัญหาพื้นฐานของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล	7
2.5 การคำนวณเพื่อแก้ปัญหา	7
2.5.1 ปัญหาที่ 1	7
2.5.1 กระบวนการไปข้างหน้า	8
2.5.2 กระบวนการย้อนกลับ	10
2.5.2 ปัญหาที่ 2	11

สารบัญ (ต่อ)

หน้า

2.5.3 ปัญหาที่ 3	13
2.6 กระบวนการสอนฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลและการใช้งาน	16
บทที่ 3 เจเนติกอัลกอริทึม	18
3.1 บทนำ	18
3.2 กระบวนการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึม	18
3.3 การแก้ปัญหาโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึม	20
3.4 ฟังก์ชันเป้าหมายกับฟังก์ชันความเหมาะสม	20
3.5 การกระทำทางพันธุกรรมของเจเนติกอัลกอริทึม	21
3.5.1 การครอสโอเวอร์	21
3.5.1 การมิวเตชัน	22
บทที่ 4 วิธีดำเนินการวิจัย	23
4.1 การทดลองของงานวิจัยที่ผ่านมา	23
4.2 วิธีการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้บ้มีวิอัลกอริทึม	25
4.3 วิธีการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึม	25
4.3.1 การแทนปัญหาให้อยู่ในรูปของโครโมโซม	26
4.3.2 การคัดเลือกประชากร	26
4.3.3 การครอสโอเวอร์	26
4.3.4 การมิวเตชัน	28
4.3.5 การฟังก์ชันเป้าหมายและฟังก์ชันความเหมาะสม	28
4.3.6 กระบวนการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล	29
4.4 วิธีการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึม ร่วมกับบ้มีวิอัลกอริทึมการกระทำทางพันธุกรรมของเจเนติกอัลกอริทึม	30
4.3.1 โครงสร้างแบบที่ 1 การกระทำบ้มีวิอัลกอริทึมกับประชากร ที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรม	31
4.3.1 โครงสร้างแบบที่ 2 การกระทำบ้มีวิอัลกอริทึมกับประชากรทั้งหมด	32
4.3.1 โครงสร้างแบบที่ 3 การกระทำบ้มีวิอัลกอริทึมกับประชากรเก่า	33

สารบัญ (ต่อ)

หน้า

4.3.1	โครงสร้างแบบที่ 4 การสุ่มเลือกประชากรที่ได้จากการกระทำทาง พันธุกรรมนำมากระทำข้ามวิธอัลกอริทึม	34
4.3.1	โครงสร้างแบบที่ 5 การสุ่มเลือกประชากรจากรประชากรทั้งหมดนำมา กระทำข้ามวิธอัลกอริทึม	35
4.3.1	โครงสร้างแบบที่ 6 การสุ่มเลือกประชากรจากประชากรทั้งหมด นำมากระทำข้ามวิธอัลกอริทึม	36
4.3.1	โครงสร้างแบบที่ 7 การกระทำข้ามวิธอัลกอริทึมกับประชากร ที่มีค่าความเหมาะสมต่ำ	37
4.3.1	โครงสร้างแบบที่ 8 การกระทำข้ามวิธอัลกอริทึมของจากงานวิจัย ของ Kwong	37
4.3.1	โครงสร้างแบบที่ 9 การกระทำข้ามวิธอัลกอริทึมกับประชากรที่มี ค่าความเหมาะสมสูงกับความเหมาะสมปานกลาง	38
4.5	ข้อมูลที่ใช้ในการสอนฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลและพารามิเตอร์ที่ใช้ในการทดลอง .	39
บทที่ 5	ผลการทดลอง	42
3.1	ผลการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล โดยใช้เจเนติกอัลกอริทึม ...	42
3.2.1	เปรียบเทียบผลการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้ เจเนติกอัลกอริทึมระหว่าง 30 ประชากรกับ 100 ประชากร	42
3.3.2	เปรียบเทียบผลการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้ เจเนติกอัลกอริทึมกับการใช้ข้ามวิธอัลกอริทึม	44
3.4	ผลการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล โดยใช้เจเนติกอัลกอริทึม ร่วมกับข้ามวิธอัลกอริทึม	46
3.5.1	การกระทำข้ามวิธอัลกอริทึมทุกประชากร	47
3.5.1	การสุ่มเลือกประชากรเพื่อนำมากระทำข้ามวิธอัลกอริทึม	53
3.5.1	การกระทำข้ามวิธอัลกอริทึมในรูปแบบอื่นๆ	58
3.1	ข้อสรุปจากการทดลอง	63

สารบัญ (ต่อ)

หน้า

บทที่ 6	สรุปผลการทดลองและข้อเสนอแนะ	64
4.1	สรุปผลการทดลอง	64
4.2	ข้อเสนอแนะ	65
เอกสารอ้างอิง		66
ภาคผนวก	งานวิจัยที่ได้รับการตีพิมพ์	69
ประวัติผู้แต่ง		75

สารบัญตาราง

หน้า

ตารางที่ 4.1 แสดงค่าพารามิเตอร์ที่ใช้ในการทดลอง	14
ตารางที่ 5.1 แสดงผลการรู้จำระหว่างวิธีการเจเนติกอัลกอริทึม กับวิธีการแบ้มวิซอัลกอริทึม	43
ตารางที่ 5.2 จำนวนการกระทำทางพันธุกรรมของเจเนติกอัลกอริทึม 30 ประชากร	45
ตารางที่ 5.3 แสดงค่าความน่าจะเป็นและผลการรู้จำของโครงสร้างที่ 1 ถึง 3	48
ตารางที่ 5.4 จำนวนการกระทำทางพันธุกรรมของโครงสร้างแบบที่ 1 ถึง 3	52
ตารางที่ 5.5 แสดงค่าความน่าจะเป็นและผลการรู้จำของโครงสร้างที่ 4 ถึง 6	53
ตารางที่ 5.6 จำนวนการกระทำทางพันธุกรรมของโครงสร้างแบบที่ 4 ถึง 6	57
ตารางที่ 5.7 แสดงค่าความน่าจะเป็นและผลการรู้จำของโครงสร้างที่ 7 ถึง 9	58
ตารางที่ 5.8 จำนวนการกระทำทางพันธุกรรมของโครงสร้างแบบที่ 7 ถึง 9	62

สารบัญรูป

หน้า

รูปที่ 2.1 แบบจำลองชนิดต่างๆของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล	5
รูปที่ 2.2 แสดงการคำนวณด้วยกระบวนการไปข้างหน้า	9
รูปที่ 2.3 ลักษณะของกระบวนการไปข้างหน้า	10
รูปที่ 2.4 แสดงการคำนวณด้วยกระบวนการย้อนกลับ	11
รูปที่ 2.5 การคำนวณลำดับของค่าที่ปรากฏ	14
รูปที่ 2.6 กระบวนการสอนฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล	16
รูปที่ 2.7 การใช้งานฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล	17
รูปที่ 3.1 วงรอบของเจเนติกอัลกอริทึม	18
รูปที่ 3.2 การครอสโอเวอร์	21
รูปที่ 3.3 แสดงการครอสโอเวอร์แบบบิตและโครโมโซมแบบตัวเลข	21
รูปที่ 3.4 การมิวเตชัน	22
รูปที่ 3.5 แสดงการมิวเตชันทั้งโครโมโซมแบบบิตและโครโมโซมแบบตัวเลข	22
รูปที่ 4.1 โทโปโลยีแบบเลฟ-ไล และโทโปโลยีแบบเลฟ-ไล ที่มีการกระโดดหนึ่งสเตต	24
รูปที่ 4.2 เจเนติกอัลกอริทึมเมื่อประยุกต์กับวิซัลกอริทึมเข้ามาช่วยในการหาคำตอบ	24
รูปที่ 4.3 การแทนพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลในรูปแบบโครโมโซม	25
รูปที่ 4.4 ตัวอย่างการครอสโอเวอร์	27
รูปที่ 4.6 กระบวนการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึม เพียงอย่างเดียว	28
รูปที่ 4.7 การใช้เจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับวิซัลกอริทึมในการปรับค่าพารามิเตอร์ ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล	30
รูปที่ 4.8 โครงสร้างแบบที่ 1 การกระทำวิซัลกอริทึมกับประชากรที่ได้จากการกระทำ ทางพันธุกรรม	32
รูปที่ 4.9 โครงสร้างแบบที่ 2 การกระทำวิซัลกอริทึมกับประชากรทั้งหมด	33
รูปที่ 4.10 โครงสร้างแบบที่ 3 การกระทำวิซัลกอริทึมกับประชากรเก่า	33
รูปที่ 4.11 โครงสร้างแบบที่ 4 การสุ่มเลือกประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรมนำมา กระทำวิซัลกอริทึม	34
รูปที่ 4.12 โครงสร้างแบบที่ 5 การสุ่มเลือกประชากรทั้งหมดนำมากระทำวิซัลกอริทึม	35
รูปที่ 4.13 โครงสร้างแบบที่ 6 การสุ่มเลือกประชากรเก่านำมากระทำวิซัลกอริทึม	36

สารบัญรูป (ต่อ)

หน้า

รูปที่ 4.14 โครงสร้างแบบที่ 7 การกระทำขั้วมิวอิทธิกอร์ทิมกับประชากรที่มีค่าความเหมาะสมต่ำ	37
รูปที่ 4.15 โครงสร้างแบบที่ 8 การกระทำขั้วมิวอิทธิกอร์ทิมในลักษณะเดียวกับ งานวิจัยของ Kworng	38
รูปที่ 4.16 โครงสร้างแบบที่ 9 การกระทำขั้วมิวอิทธิกอร์ทิมกับประชากรที่ค่าความเหมาะสมสูงกับ ค่าความเหมาะสมปานกลาง	39
รูปที่ 4.17 ตัวอย่างค่าที่ปรากฏที่ใช้ในการสอนฮิดเคนมาร์คอฟโมเดล	40
รูปที่ 4.18 ตัวอย่างอักษรไทย 38 ตัวที่ใช้ในการสอน	40
รูปที่ 5.1 กราฟเปรียบเทียบค่าความน่าจะเป็นระหว่างเจเนติกอิทธิกอร์ทิม 30 ประชากร กับ 100 ประชากร	43
รูปที่ 5.2 กราฟเปรียบเทียบค่าความน่าจะเป็นที่ได้จากการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเคนมาร์คอฟ โมเดล โดยใช้เจเนติกอิทธิกอร์ทิม 30 ประชากรกับการใช้ขั้วมิวอิทธิกอร์ทิม	44
รูปที่ 5.3 แสดงการอยู่รอดของประชากร 14 รุ่นจากการสอนโดยเจเนติกอิทธิกอร์ทิม	46
รูปที่ 5.4 กราฟเปรียบเทียบค่าความน่าจะเป็นของตัวอักษรไทยจากโครงสร้างแบบที่ 1 ถึง 3	47
รูปที่ 5.5 แสดงการอยู่รอดของประชากร 14 รุ่นจากการสอนด้วยโครงสร้างแบบที่ 1	49
รูปที่ 5.6 แสดงการอยู่รอดของประชากร 14 รุ่นจากการสอนด้วยโครงสร้างแบบที่ 2	50
รูปที่ 5.7 แสดงการอยู่รอดของประชากร 14 รุ่นจากการสอนด้วยโครงสร้างแบบที่ 3	51
รูปที่ 5.8 กราฟเปรียบเทียบค่าความน่าจะเป็นของตัวอักษรไทยจากโครงสร้างแบบที่ 4 ถึง 6	53
รูปที่ 5.9 แสดงการอยู่รอดของประชากร 14 รุ่นจากการสอนด้วยโครงสร้างแบบที่ 4	54
รูปที่ 5.10 แสดงการอยู่รอดของประชากร 14 รุ่นจากการสอนด้วยโครงสร้างแบบที่ 5	55
รูปที่ 5.11 แสดงการอยู่รอดของประชากร 14 รุ่นจากการสอนด้วยโครงสร้างแบบที่ 6	56
รูปที่ 5.8 กราฟเปรียบเทียบค่าความน่าจะเป็นของตัวอักษรไทยจากโครงสร้างแบบที่ 7 ถึง 9	58
รูปที่ 5.9 แสดงการอยู่รอดของประชากร 14 รุ่นจากการสอนด้วยโครงสร้างแบบที่ 7	59
รูปที่ 5.10 แสดงการอยู่รอดของประชากร 14 รุ่นจากการสอนด้วยโครงสร้างแบบที่ 8	60
รูปที่ 5.11 แสดงการอยู่รอดของประชากร 14 รุ่นจากการสอนด้วยโครงสร้างแบบที่ 9	61

บทที่ 1

บทนำ

1.1 ความเป็นมาและความสำคัญ

ปัจจุบันระบบรู้จำเข้ามามีบทบาทในงานต่างๆมากขึ้น เช่น ระบบรู้จำเสียงพูดสามารถประยุกต์ใช้กับการสั่งงานเครื่องมือต่างๆ ระบบรู้จำภาพสามารถประยุกต์ใช้กับการแยกวัตถุในการผลิต ระบบรู้จำลายมือเขียนสามารถประยุกต์ใช้ในการแปลงลายมือเขียนเป็นตัวพิมพ์ เป็นต้น มีหลายวิธีการในการสร้างตัวรู้จำ วิธีการหนึ่งที่น่าสนใจใช้กันคือ ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล Hidden Markov Model หรือ HMM โดยงานวิจัย [1] แสดงให้เห็นถึงการใช้ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลในการรู้จำเสียงพูด งานวิจัย [2] เป็นการใช้อิดเดนมาร์คอฟโมเดลในการรู้จำลายมือเขียน และงานวิจัย [3] แสดงให้เห็นถึงการใช้งานฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลในการรู้จำสัญลักษณ์ นอกจากนี้มีงานวิจัยอื่นๆอีกมากมายที่ประยุกต์ใช้อิดเดนมาร์คอฟโมเดล

การสอนฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลมีอัลกอริทึมหลายแบบที่ช่วยในการปรับค่าพารามิเตอร์ เช่น บั้มวิซอัลกอริทึม Baum-Welch [4-6] และวิธีกาเด้น Gradient [7] โดยวิธีเหล่านี้เป็นวิธี Heuristic ซึ่งใช้หลักการของ Hill-climbing โดยผลลัพธ์ที่ได้มีลักษณะเป็น Local optimum การที่จะทำให้ผลลัพธ์ดีขึ้นจำเป็นต้องอาศัยพารามิเตอร์เริ่มต้นที่เหมาะสม ซึ่งได้จากการปรับค่าที่พารามิเตอร์ในระดับหนึ่งก่อนทำการสอน โดยอาจใช้ K-means segmentation [8] แต่วิธีการนี้ใช้การคำนวณอย่างมาก

เจเนติกอัลกอริทึม Genetic algorithm [9] เป็นวิธีการค้นหาแบบสุ่ม Stochastic search โดยให้คำตอบที่เป็น Global optimum ดังเช่นงานวิจัย [10] ได้ประยุกต์ใช้เจเนติกอัลกอริทึมในการออกแบบระบบกรองความถี่

จากคุณสมบัติของเจเนติกอัลกอริทึมที่ค้นหาคำตอบที่เป็น Global optimum มีงานวิจัยหลายงานประยุกต์ใช้เจเนติกอัลกอริทึมเพื่อปรับค่าพารามิเตอร์ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลดังเช่นงานวิจัย [11] กับงานวิจัย [12] ได้ทดลองกับระบบรู้จำเสียงพูด พิสูจน์ให้เห็นว่าเจเนติกอัลกอริทึมสามารถปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลได้ดีกว่าวิธีการแบบเดิมที่ใช้บั้มวิซอัลกอริทึม โดยได้ผลการรู้จำที่ดีขึ้นประมาณ 2 เปอร์เซ็นต์ งานวิจัย [13] นำเอาวิธีการที่ใช้จากงานวิจัย [12] นำมาสร้างเป็นฮาร์ดแวร์รู้จำเสียงพูด งานวิจัยทั้งสามใช้เจเนติกอัลกอริทึมเพียงอย่างเดียวในการปรับค่าพารามิเตอร์ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล นอกจากนี้ยังมีงานวิจัย [14] ได้เสนอการประยุกต์ใช้เจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับบั้มวิซอัลกอริทึมปรับค่าพารามิเตอร์ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล โดยทดลอง

กับระบบรู้ง้าเสียงพูด ซึ่งได้ผลเปอร์เซ็นต์การรู้จำที่ดีกว่าวิธีการแบบเดิมที่ใช้บัมวิซัลลอคอริทึม ประมาณ 3 เปอร์เซ็นต์

จากงานวิจัยที่ต่างๆที่กล่าวมา ใช้โครงสร้างของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลแบบ เลฟ-ไรท โทโปโลยี Left-Right topology และทดสอบกับระบบรู้ง้าเสียงพูด โดยมีวิธีการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลสองวิธีการ คือวิธีการเจเนติกอัลลอคอริทึม และวิธีการเจเนติกอัลลอคอริทึมร่วมกับบัมวิซัลลอคอริทึม

งานวิจัยนี้แนะนำเสนอการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล โดยนำเสนอ 2 วิธีการคือ วิธีการเจเนติกอัลลอคอริทึม และวิธีการเจเนติกอัลลอคอริทึมร่วมกับบัมวิซัลลอคอริทึม ซึ่งมีเนื้อหาเพิ่มเติมจากงานวิจัยที่ผ่านมา พร้อมทั้งทดลองเปรียบเทียบถึงผลของวิธีการในแบบต่างๆ โดยทดลองกับฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลแบบ ฟูลลี คอนเน็ค โทโปโลยี Fully connected topology และทดสอบกับระบบรู้ง้าลายมือเขียน

1.2 ความมุ่งหมายและวัตถุประสงค์ของการศึกษา

1. เพื่อเปรียบเทียบการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลด้วยวิธีการทั้ง 3 วิธีคือ วิธีการบัมวิซัลลอคอริทึม, วิธีการเจเนติกอัลลอคอริทึม และวิธีการเจเนติกอัลลอคอริทึมร่วมกับบัมวิซัลลอคอริทึม
2. เพื่อหารูปแบบวิธีการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลที่เหมาะสม
3. เพื่อหารูปแบบวิธีการประยุกต์เจเนติกอัลลอคอริทึมร่วมกับบัมวิซัลลอคอริทึมเพื่อให้ได้ผลลัพธ์ของคำตอบที่เหมาะสม

1.3 ทฤษฎีหรือแนวความคิดที่ใช้ในการวิจัย

งานวิจัยนี้ใช้ 3 ทฤษฎีคือ เจเนติกอัลลอคอริทึม, บัมวิซัลลอคอริทึม และฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล

1.4 ขอบเขตของการวิจัย

1. ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลที่ใช้ในการทดลองเป็นแบบฟูลลี คอนเน็ค โทโปโลยี
2. วิธีการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลใช้ในการทดลองมี 3วิธีคือ วิธีการบัมวิซัลลอคอริทึม, วิธีการเจเนติกอัลลอคอริทึม และวิธีการเจเนติกอัลลอคอริทึมร่วมกับบัมวิซัลลอคอริทึม
3. ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลทดสอบกับระบบรู้ง้าลายมือเขียนภาษาไทยแบบออนไลน์

1.5 ขั้นตอนการศึกษา

1. ศึกษาวิธีการต่างที่ใช้ในการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล เพื่อกำหนดหัวข้อเป้าหมาย วัตถุประสงค์ และขอบเขตของการทำวิทยานิพนธ์
2. ทำการทดลองการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลด้วยวิธีการต่างๆ และวิเคราะห์ถึงผลที่ได้วิธีการต่างๆที่ได้ทดลอง
3. จัดทำเอกสารประกอบวิทยานิพนธ์

1.6 ข้อยกเว้นของการศึกษา

ในการศึกษาการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลมีปัญหาที่พบคือ จำนวนรุ่นของเจเนติกอัลกอริทึมที่ใช้ในการทดลองมีจำนวนจำกัด เนื่องจากขนาดของพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลที่มีขนาดใหญ่ ทำให้ใช้ระยะเวลาในการคำนวณมาก

1.7 รายละเอียดเครื่องคอมพิวเตอร์และเครื่องมือและอุปกรณ์ที่ใช้ในการทำวิจัย

1. เครื่องคอมพิวเตอร์ Pentium IV 1.4 GHz จำนวน 70 เครื่อง จากห้องปฏิบัติการภาควิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
2. อุปกรณ์รับลายมือเขียน Digital Tablet
3. โปรแกรม Microsoft Visual C++ 6.0

1.8 รายละเอียดในแต่ละบท

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้ได้แบ่งเนื้อหาออกเป็น 6 บท ประกอบด้วย

- บทที่ 1 กล่าวถึงความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา วัตถุประสงค์ของการศึกษา และขอบเขตของการวิจัย
- บทที่ 2 กล่าวถึงทฤษฎีของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล
- บทที่ 3 กล่าวถึงทฤษฎีของเจเนติกอัลกอริทึม
- บทที่ 4 กล่าวถึงวิธีการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล โดยใช้เจเนติกอัลกอริทึม และเจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับบั้งวิอัลกอริทึม
- บทที่ 5 นำเสนอผลการทดลอง การปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลด้วยวิธีการแบบต่างๆ พร้อมทั้งวิเคราะห์ผลการทดลอง
- บทที่ 6 สรุปผลการทดลองและข้อเสนอแนะ
- ภาคผนวก งานวิจัยที่ได้รับการตีพิมพ์

บทที่ 2

ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล

2.1 บทนำ

ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล Hidden Markov Model หรือ HMM เป็นแบบจำลองทางสถิติ Stochastic model ซึ่งพัฒนามาเพื่อแบ่งกลุ่มของอนุกรมทางเวลา หรือจัดแบ่งกลุ่มของสัญญาณที่ไม่รู้จัก ให้ไปอยู่ในกลุ่มใดกลุ่มหนึ่ง ซึ่งฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลได้ประยุกต์ใช้ในงานรู้จำต่างๆมากมาย เช่น งานรู้จำเสียงพูด งานรู้จำรูปภาพ และงานรู้จำลายมือเขียน เป็นต้น

ในบทนี้นำเสนอรายละเอียดของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล และการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลซึ่งเป็นวิธีการแบบเดิมที่ใช้บีมวิซัลกอริทึม

2.2 ส่วนประกอบฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล

ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลมีพารามิเตอร์ที่สำคัญที่ใช้ในการสร้างแบบจำลองในการรู้จำ โดยพารามิเตอร์ต่างๆมีดังนี้

- N คือจำนวนสถานะในแบบจำลองฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล โดยมีสถานะเป็น $\{1, 2, \dots, N\}$
- M คือจำนวนของค่าที่ปรากฏที่เป็นไปได้ต่อหนึ่งสถานะ
- T คือความยาวของลำดับของค่าที่ปรากฏ
- V คือจำนวนของค่าปรากฏที่สามารถเป็นไปได้อันหนึ่งสถานะโดยที่

$$V = \{v_k\}, 1 \leq k \leq M, \text{ ดังนั้น}$$

$$V = \{v_1, v_2, \dots, v_M\}$$

- $Q = \{q_t\}$: เป็นเซตของสถานะโดยที่ $q_t \in \{1, 2, \dots, N\}, 1 \leq t \leq T$
- $A = \{a_{ij}\}$: เป็นค่าความน่าจะเป็นในการเปลี่ยนสถานะ โดยจะเปลี่ยนสถานะเมื่อ ,

$$a_{ij} = P(q_{t+1} = j | q_t = i), 1 \leq i, j \leq N \tag{2.1}$$

- $b_j = \{b_j(v_k)\}$: ค่าความน่าจะเป็นของค่าที่ปรากฏ โดยที่

$$b_j(v_k) = P(v_k(t) | q_t = j), 1 \leq j \leq N, 1 \leq k \leq M \quad (2.2)$$

- $\Pi = \{\pi_i\}$: ค่าความน่าจะเป็นเริ่มต้นสแตต โดยที่

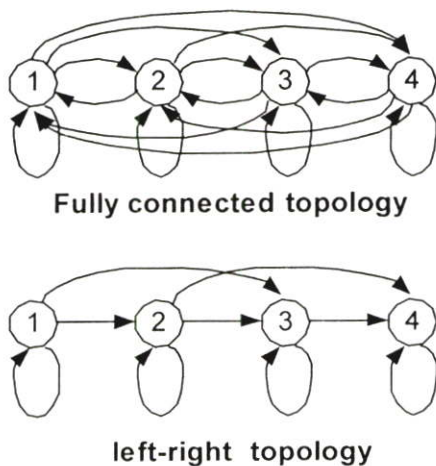
$$\pi_i = P(q_i(t=i)), 1 \leq j \leq N \quad (2.3)$$

$$\lambda = (A, B, \pi) \quad (2.4)$$

จากพารามิเตอร์ต่างๆ จะใช้ λ เป็นตัวแทนแทนพารามิเตอร์ต่างๆ ในหนึ่งแบบจำลองฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล

2.3 ชนิดของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล

ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลสามารถจัดโครงสร้างการเชื่อมต่อการเปลี่ยนสแตต จากสแตตหนึ่งไปอีกสแตตหนึ่ง โดยแทนอยู่ในรูปเมทริกซ์ของพารามิเตอร์ A ทำให้สามารถจัดรูปแบบการเปลี่ยนสแตตได้หลายแบบ ดังรูปที่ 2.1 เป็นตัวอย่างของ ฟูลลี คอนเน็ค โทโปโลยี กับ เลฟ-ไลโทโปโลยี



รูปที่ 2.1 แบบจำลองชนิดต่างๆ ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล

2.3.1 แบบจำลองฟูลลี คอนเน็ค โทโปโลยี

แบบจำลองแบบนี้อาจเรียกชื่อว่า อีโกดิกโมเดล Egoridic model เป็นโครงสร้างที่มีสามารถย้ายจากสเททหนึ่งยังทุกๆ สเททในแบบจำลอง ดังรูปที่ 2.1 เป็นตัวอย่างของแบบจำลองที่มีขนาด $N=4$ ซึ่งเขียนในรูปเมตริกซ์ A ได้เป็น

$$A = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} & a_{14} \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} & a_{24} \\ a_{31} & a_{32} & a_{33} & a_{34} \\ a_{41} & a_{42} & a_{43} & a_{44} \end{bmatrix}$$

2.3.2 แบบจำลองเลฟ-ไล โทโปโลยี

แบบจำลองแบบนี้อาจเรียกชื่อว่า บัสกีโมเดล Baskis model มีลักษณะการย้ายสเททจากซ้ายไปขวา ซึ่งมีคุณสมบัติของสัมประสิทธิ์ในการย้ายสเททดังนี้

$$a_{ij} = 0, j < i,$$

จะพบว่าไม่มีการย้ายสเททไปยังสเททที่ต่ำกว่าสเททปัจจุบัน และนอกจากนี้ก็ยังมีความน่าจะเป็นของสเททเริ่มต้นคือ

$$\pi_1 = \begin{cases} 0, & i \neq 1 \\ 1, & i = 1 \end{cases}$$

ลำดับของสเททต้องเริ่มที่สเทท 1 เสมอ และ เลฟ-ไล โทโปโลยี นี้มักมีกฎบังคับการย้ายสเททเพื่อไม่ให้มีการเปลี่ยนแปลงดัชนีของสเททมากนัก โดยให้

$$a_{ij} = 0, j > i + \Delta i$$

ดังรูปที่ 2.1 ค่าของ $\Delta i = 2$ ก็จะไม่มีมีการย้ายข้ามสเททไปเกิน 2 สเททและมีเมตริกซ์ในการย้ายสเททเป็น

$$A = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} & 0 \\ 0 & a_{22} & a_{23} & a_{24} \\ 0 & 0 & a_{33} & a_{34} \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

จะเห็นว่าสเตตัสสุดท้าย สัมประสิทธิ์การย้ายสเตตัสจะเป็น

$$\begin{aligned} a_{NV} &= 1 \\ a_{Ni} &= 0, i < N \end{aligned}$$

2.4 ปัญหาพื้นฐานของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล

ปัญหาของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล มี 3 ข้อ ซึ่งต้องใช้อัลกอริทึมและวิธีต่างๆ ในการคำนวณ เพื่อแก้ปัญหา

- ปัญหาที่ 1 เมื่อมีลำดับของค่าปรากฏ $O = \{o_1, o_2, \dots, o_T\}$ และมีแบบจำลอง $\lambda = (A, B, \pi)$ จะคำนวณหาความน่าจะเป็น $P(O | \lambda)$ ของลำดับค่าปรากฏนั้นได้อย่างไร
- ปัญหาที่ 2 เมื่อมีลำดับของค่าปรากฏ $O = \{o_1, o_2, \dots, o_T\}$ และมีแบบจำลอง $\lambda = (A, B, \pi)$ จะคำนวณหาลำดับสเตต $Q = \{q_1, q_2, \dots, q_T\}$ ที่เหมาะสมกับลำดับค่าปรากฏนั้นได้อย่างไร
- ปัญหาที่ 3 จะปรับค่าพารามิเตอร์ของแบบจำลอง $\lambda = (A, B, \pi)$ เพื่อให้ได้ความน่าจะเป็น $P(O | \lambda)$ สูงสุดได้อย่างไร

2.5 การคำนวณเพื่อแก้ปัญหา

2.5.1 ปัญหาที่ 1

การแก้ปัญหาที่ 1 เป็นการคำนวณหาว่าแบบจำลอง λ ใด ๆ มีโอกาสจะให้ค่าลำดับเป็นไปตามลำดับของค่าปรากฏนั้น ด้วยค่าของความน่าจะเป็นเท่าใด

การแก้ปัญหามาสามารถทำได้โดยระบุสเตตให้กับลำดับของค่าปรากฏซึ่งยาว T (โดยที่ค่าปรากฏหนึ่งตัวมีความเป็นไปได้ที่จะอยู่ในสเตตได้ N สเตต) ซึ่งสามารถเป็นไปได้ถึง N^T โดยให้สเตตต่างๆ แทนด้วย

$$q = q_1, q_2, \dots, q_T \tag{2.5}$$

เมื่อ q_t เป็นสเตตเริ่มต้นที่เวลา $t = 1$ ความน่าจะเป็นของลำดับของค่าปรากฏ O ที่กำหนดคือ

$$P(O | q, \lambda) = \prod_{t=1}^T P(O | q_t, \lambda) \tag{2.6}$$

ความน่าจะเป็นในการเกิดค่าที่ปรากฏคือ

$$P(O | q, \lambda) = b_{q_1} o_1 \cdot b_{q_2} o_1 \cdot \dots \cdot b_{q_T} o_T \quad (2.7)$$

และความน่าจะเป็นในการย้ายข้ามสแตต q จะเป็น

$$P(q | \lambda) = \pi_{q_1} \cdot a_{q_1 q_2} \cdot a_{q_2 q_3} \cdot \dots \cdot a_{q_{T-1} q_T} \quad (2.8)$$

ดังนั้นเมื่อนำค่าความน่าจะเป็นของการเกิดของค่าที่ปรากฏ O และค่าความน่าจะเป็นในการย้ายสแตต q มารวมกัน ซึ่งนั่นก็คือความน่าจะเป็นที่ O และ q จะเกิดขึ้นพร้อมกัน จะได้

$$\begin{aligned} P(O, q | \lambda) &= P(O | q, \lambda) \cdot P(q | \lambda) \\ &= (b_{q_1} o_1 \cdot b_{q_2} o_1 \cdot \dots \cdot b_{q_T} o_T) \cdot (\pi_{q_1} \cdot a_{q_1 q_2} \cdot a_{q_2 q_3} \cdot \dots \cdot a_{q_{T-1} q_T}) \end{aligned} \quad (2.9)$$

จากสมการ 2.9 นั้นจะเห็นได้ว่าในความเป็นจริงนั้นมีเพียงลำดับของ O เท่านั้นที่รู้แต่ลำดับของสแตตนั้นถูกซ่อนอยู่ทำให้เป็นเหตุผลว่าทำไมถึงเรียกว่าฮิดเดนมาร์คอฟ Hidden Markov

โดยที่ความน่าจะเป็นของ O ได้มาจากผลรวมของความน่าจะเป็นที่ O และ q เกิดขึ้นพร้อมกัน โดยคิดจากทุกสแตต q ที่จะเป็นไปได้ ดังนี้

$$P(O | \lambda) = \sum_Q P(O | q, \lambda) \cdot P(q | \lambda) \quad (2.10)$$

$$P(O | \lambda) = \sum_{q_1 q_2 \dots q_T} \pi_{q_1} \cdot b_{q_1}(o_1) a_{q_1 q_2} \cdot b_{q_2}(o_2) \cdot \dots \cdot a_{q_{T-1} q_T} \cdot b_{q_T}(o_T) \quad (2.11)$$

ที่เวลาเริ่มต้น $t = 1$ จะอยู่ที่สแตต q_1 ด้วยค่าความน่าจะเป็น π_{q_1} และแทนค่าความน่าจะเป็นในการเกิดค่าปรากฏ O_1 ที่สแตตนี้ด้วย $b_{q_1} O_1$

ที่เวลาเพิ่มขึ้นจาก $t \rightarrow t + 1$ หรือ $t = 2$ แทนการย้ายสแตตจากสแตต q_1 ไปยัง q_2 ด้วยค่าความน่าจะเป็น $a_{q_1 q_2}$ และแทนค่าความน่าจะเป็นในการเกิดค่าปรากฏเป็น O_2 ด้วยค่าความน่าจะเป็น $b_{q_2} O_2$ จนกระทั่ง ที่เวลา T แทนการย้ายสแตตจากสแตต q_{T-1} ไปยัง q_T ด้วยค่าความน่าจะเป็น $a_{q_{T-1} q_T}$ และแทนค่าความน่าจะเป็นในการเกิดค่าปรากฏเป็น O_T ด้วยค่าความน่าจะเป็น $b_{q_T}(O_T)$

จะเห็นว่าสมการนี้มีการคำนวณที่ยุ่งยากเนื่องจากการคูณกันเป็นจำนวนมากในรูปของลำดับ $27N^T$ ดังนั้นจึงมีการคิดหาวิธีมาช่วย ซึ่งแบ่งออกเป็น

2.5.1.1 กระบวนการไปข้างหน้า

กระบวนการไปข้างหน้า หรือ Forward procedure ; $\alpha_t(i)$ = Forward variable
นิยาม

$$\alpha_t(i) = P(O_1 O_2 \dots O_T, q_t = i / \lambda) \quad (2.12)$$

คือ ความน่าจะเป็นของการเกิดลำดับของค่าปรากฏ $O_1 O_2 \dots O_T$ และอยู่ที่สแตต q_i ณ เวลา t โดยมีแบบจำลองเป็น λ แล้วสามารถหา $\alpha_t(i)$ ได้ดังนี้

1) การเริ่มต้น (Initialization)

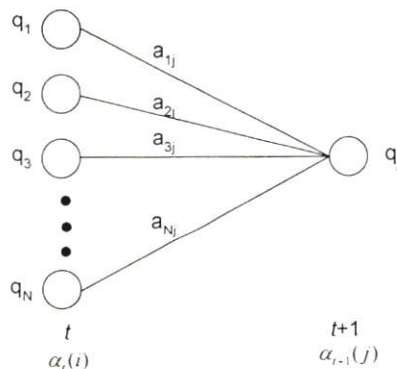
$$\alpha_1(i) = \pi_i b_i O_1 \quad ; 1 \leq i \leq N \quad (2.13)$$

เริ่มด้วยการคำนวณจากลำดับของค่าที่ปรากฏอันดับแรก

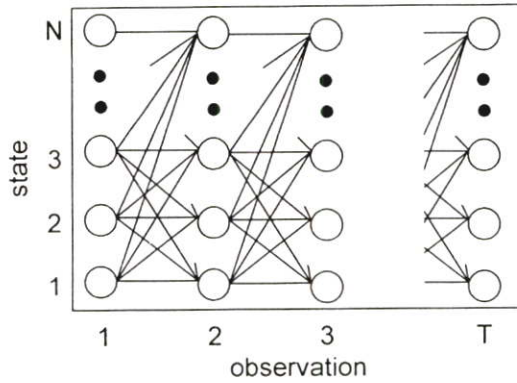
2) การเหนี่ยวนำ (Induction)

$$\alpha_{t+1}(j) = \left[\sum_{i=1}^N \alpha_t(i) a_{ij} \right] b_j(O_{t+1}) \quad ; \begin{array}{l} 1 \leq t \leq T-1 \\ 1 \leq j \leq N \end{array} \quad (2.14)$$

คำนวณในลำดับของค่าที่ปรากฏลำดับต่อมา โดยที่สแตต j ที่เวลา $t+1$ ได้มาจากสแตตก่อนหน้านี้ ซึ่งเป็นไปได้ถึงสแตต N (สแตต i ณ เวลา t โดยที่ $1 \leq i \leq N$) ดังรูปที่ 2.2



รูปที่ 2.2 แสดงการคำนวณด้วยกระบวนการไปข้างหน้า



รูปที่ 2.3 ลักษณะของกระบวนการไปข้างหน้า

จากรูปที่ 2.3 แสดงให้เห็นว่าการคำนวณค่าความน่าจะเป็นการคำนวณแบบไปข้างหน้า Forward probability มีโครงสร้างการคำนวณคล้าย ๆ ลักษณะของโครงผลึก และเนื่องจากมีจำนวนสแตตเพียง N สแตต (แทนด้วยจำนวนสแตตในแต่ละช่วงเวลา t ใด ๆ ในโครงผลึก) จำนวนลำดับสแตตจะถูกจัดเรียงลงตามลำดับของค่าที่ปรากฏเหล่านี้ โดยในเวลา $t = 1$ จะทำการคำนวณค่าของ $\alpha_t(i)$ ในทุก ๆ สแตตที่ $1 \leq i \leq N$ และที่เวลา $t = 2, 3, \dots, T$ จะทำการคำนวณค่าของ $\alpha_t(j)$ ในทุก ๆ สแตตที่ $1 \leq j \leq N$ โดยในแต่ละค่าจะทำการคำนวณมาจาก $\alpha_{t-1}(i)$ จำนวน N ค่าก่อนหน้านี้นี้

3) การสิ้นสุด (Termination)

$$P(O|\lambda) = \sum_{i=1}^N \alpha_t(i) \quad ; \quad 1 \leq i \leq N \quad (2.15)$$

เมื่อถึงขั้นตอนนี้สามารถหาค่าความน่าจะเป็นของโมเดล $P(O|\lambda)$ ได้จากผลรวมของ $\alpha_t(j)$ จากทุก ๆ สแตต

2.5.1.2 กระบวนการย้อนกลับ

กระบวนการย้อนกลับ Backward procedure ; $\beta_t(i)$ = Backward variable

นิยาม

$$\beta_t(i) = P(O_{t+1}O_{t+2}\dots O_T \mid i_t = q_i, \lambda) \quad (2.16)$$

คือ ความน่าจะเป็นของลำดับค่าปรากฏส่วนหลังจากเวลา $t+1$ ไปจนจบโดยกำหนดว่าต้องอยู่ที่สแตต i ที่เวลา t และมีแบบจำลองเป็น λ จะคำนวณหา $\beta_t(i)$ ได้ดังนี้

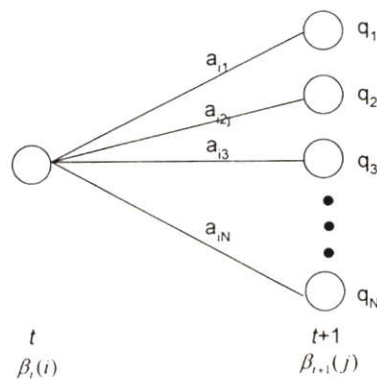
1) การเริ่มต้น (Initialization)

$$\beta_t(i) = 1 \quad ; 1 \leq i \leq N \quad (2.17)$$

2) การเหนี่ยวนำ (Induction)

$$\beta_t(i) = \sum_{j=1}^N a_{ij} b_j(O_{t+1}) \beta_{t+1}(j) \quad (2.18)$$

เมื่อ $t = T-1, T-2, \dots, 1, 1 \leq i \leq N$



รูปที่ 2.4 แสดงการคำนวณด้วยกระบวนการย้อนกลับ

จากรูปที่ 2.4 เพื่อที่จะให้ค่าปรากฏอยู่ที่สแตต i ณ เวลา t โดยคาดคะเนจากลำดับของค่าที่ปรากฏจากเวลา $t+1$ ซึ่งจะต้องพิจารณาจากสแตต j ที่เป็นไปได้ทั้งหมด โดยจะขึ้นอยู่กับค่า a_{ij} และ $b_j(O_{t+1})$

2.5.2 ปัญหาที่ 2

เพื่อที่จะหาลำดับสแตตที่ดีที่สุด $q = (q_1, q_2, q_3, \dots, q_T)$ ให้กับลำดับของค่าปรากฏ $O = \{O_1, O_2, O_3, \dots, O_T\}$ ที่มีอยู่ โดยนิยามให้

$$\delta_t(i) = \max_{q_1, q_2, \dots, q_{t-1}} P[q_1, q_2, \dots, q_{t-1}, q_t = i, O_1, O_2, \dots, O_t | \lambda] \quad (2.19)$$

เมื่อ $\delta_t(i)$ คือ ความน่าจะเป็นสูงสุด Highest probability ซึ่งจะหาได้จากค่าความน่าจะเป็นสูงสุด เมื่อเทียบกับสแตททุกสแตทในการให้ค่าปรากฏเป็นไปตามค่าปรากฏที่กำหนดให้ ที่ขณะเวลา t ใด ๆ และจากการอาศัยคุณสมบัติของการเหนี่ยวนำจะได้

$$\delta_{t+1}(j) = \left[\max_i \delta_t(i) a_{ij} \right] \cdot b_j(O_{t+1}) \quad (2.20)$$

โดยกำหนดให้ $\psi_t(j)$ เป็นอาร์เรย์ที่เก็บตำแหน่งของสแตท ที่ให้ค่าความน่าจะเป็นสูงสุดที่คำนวณได้ในแต่ละเวลา t และแต่ละลำดับ j ซึ่งจะสามารถหาลำดับสแตทที่ดีที่สุดได้โดยใช้กระบวนการต่อไปนี้

1) การเริ่มต้น (Initialization)

$$\delta_1(i) = \pi_i b_i(O_1) \quad ; 1 \leq i \leq N \quad (2.21a)$$

$$\psi_1(i) = 0 \quad (2.21b)$$

2) การวนซ้ำ (Recursion)

$$\delta_t(j) = \left[\max_{1 \leq i \leq N} \delta_{t-1}(i) a_{ij} \right] \cdot b_j(O_t) \quad \begin{matrix} 2 \leq t \leq T \\ ; 1 \leq j \leq N \end{matrix} \quad (2.22a)$$

$$\psi_t(j) = \arg \max_{1 \leq i \leq N} \left[\delta_{t-1}(i) a_{ij} \right] \quad \begin{matrix} 2 \leq t \leq T \\ ; 1 \leq j \leq N \end{matrix} \quad (2.22b)$$

3) การสิ้นสุด (Termination)

$$P^* = \max_{1 \leq i \leq N} [\delta_T(i)] \quad (2.23a)$$

$$q_T = \arg \max_{1 \leq i \leq N} [\delta_T(i)] \quad (2.23b)$$

4) การเดินย้อนกลับ (Backtracking)

$$q_t^* = \psi_{t+1}(q_{t+1}^*) \quad ; t = T-1, T-2, \dots, 1 \quad (2.24)$$

2.5.3 ปัญหาที่ 3

จากที่กล่าวมาแล้วข้างต้นว่าแบบจำลองของเสียงจะแทนด้วยค่าพารามิเตอร์ $\lambda = (A, B, \mathcal{P})$ ดังนั้นเมื่อมีลำดับของค่าปรากฏจำนวนหนึ่ง เพื่อที่จะนำมาสร้างแบบจำลองอ้างอิงจะต้องทำการคำนวณหาค่าพารามิเตอร์ A, B, \mathcal{P} ของแบบจำลองซึ่งจะอยู่ในรูปของค่าความน่าจะเป็น โดยวิธีที่เลือกใช้ก็คือ วิธีของบัมวิช Baum-Welch method หรือเรียกอีกชื่อหนึ่งว่า EM หรือ Expectation-Maximization method โดยมี

นิยาม 1. คือ

$$\gamma_t(i) = P(q_t = i | O, \lambda) \quad (2.25)$$

เมื่อ $\gamma_t(i)$ คือ ค่าความน่าจะเป็นที่จะอยู่ที่สเตต i ที่ขณะเวลา t โดยให้ลำดับของค่าปรากฏด้วยโมเดล λ โดยที่กำหนดลำดับของค่าปรากฏให้ สามารถแสดงค่า $\gamma_t(i)$ ได้ดังนี้

$$\begin{aligned} \gamma_t(i) &= P(q_t = i | O, \lambda) \\ &= \frac{P(O, q_t = i | \lambda)}{P(O | \lambda)} \\ &= \frac{P(O, q_t = i | \lambda)}{\sum_{i=1}^N P(O, q_t = i | \lambda)} \end{aligned} \quad (2.26)$$

เนื่องจาก $P(O, q_t = i | \lambda)$ มีค่าเท่ากับ $\alpha_t(i)\beta_t(i)$ ดังนั้นสามารถเขียน $\gamma_t(i)$ ได้เป็น

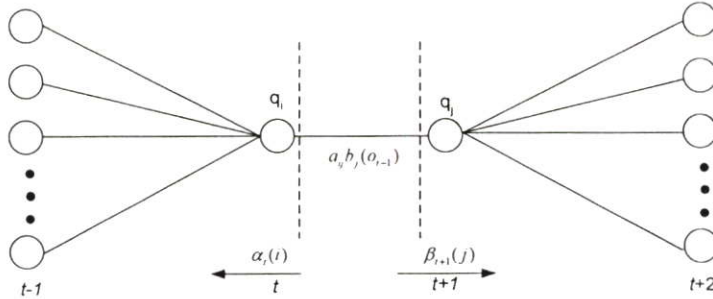
$$\gamma_t(i) = \frac{\alpha_t(i)\beta_t(i)}{\sum_{i=1}^N \alpha_t(i)\beta_t(i)} \quad (2.27)$$

โดย $\alpha_t(i)$ เริ่มจาก O_1, O_2, \dots, O_t จนถึงสเตต i ที่เวลา t

โดย $\beta_i(i)$ เริ่มจาก $O_{t+1}, O_{t+2}, \dots, O_T$ จนถึงสแตต $q_t = i$ ที่เวลา t

$$\text{นิยาม 2.} \quad \varepsilon_t(i, j) = P(q_t = i, q_{t+1} = j | O, \lambda) \quad (2.28)$$

เมื่อ $\varepsilon_t(i, j)$ คือความน่าจะเป็นที่จะอยู่ที่สแตต i ที่เวลา t และสแตต j ที่เวลา $t+1$ เมื่อกำหนดแบบจำลองและลำดับค่าปรากฏให้



รูปที่ 2.5 การคำนวณลำดับของค่าปรากฏ

จากรูปแสดง การคำนวณลำดับของค่าที่ปรากฏ ซึ่งระบบจะอยู่ในสแตต i ที่เวลา t และอยู่ที่ สแตต j ที่เวลา $t+1$ โดย $\alpha_t(i)$ เริ่มจากเวลา $t=1$ ที่ค่าปรากฏแรก จนถึงสแตต q_t ที่เวลา t และ $a_j b_j O_{t+1}$ เป็นการเปลี่ยนสแตตที่เวลา t ไปเป็น q_j ที่เวลา $t+1$ และให้ค่าปรากฏเป็น O_{t+1} ซึ่งจากนิยามของตัวแปรไปข้างหน้า $\alpha_t(i)$ และตัวแปรย้อนกลับ $\beta_t(i)$ สามารถนำมาสัมพันธ์กับ $\varepsilon_t(i, j)$ ได้เป็น

$$\begin{aligned} \varepsilon_t(i, j) &= \frac{P(q_t = i, q_{t+1} = j, O | \lambda)}{P(O | \lambda)} \\ &= \frac{\alpha_t(i) a_j b_j(O_{t+1}) \beta_{t+1}(j)}{P(O | \lambda)} \\ &= \frac{\alpha_t(i) a_j b_j(O_{t+1}) \beta_{t+1}(j)}{\sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N \alpha_t(i) a_j b_j(O_{t+1}) \beta_{t+1}(j)} \end{aligned} \quad (2.29)$$

จากที่ได้นิยาม $\gamma_t(i)$ แล้ว นำมาสัมพันธ์กับ $\varepsilon_t(i, j)$ ได้เป็น

$$\gamma_t(i) = \sum_{j=1}^N \varepsilon_t(i, j) \quad (2.30)$$

เมื่อ

$$\sum_{t=1}^{T-1} \gamma_t(i) = \text{จำนวนของการย้ายสแตทจากสแตท } i \text{ ในลำดับค่าปรากฏ } O \quad (2.31a)$$

$$\sum_{t=1}^N \varepsilon_t(i, j) = \text{จำนวนของการย้ายสแตทจากสแตท } i \text{ ไป } j \text{ ในลำดับค่าปรากฏ } O \quad (2.31b)$$

ดังนั้น สามารถคำนวณหาค่าของพารามิเตอร์ได้ดังนี้

$$\begin{aligned} \pi_i &= \text{จำนวนครั้งในการอยู่ที่สแตท } i \text{ ที่เวลา } t = 1 \\ \pi_i &= \gamma_1(i) \quad ; 1 \leq i \leq N \end{aligned} \quad (2.32a)$$

$$\begin{aligned} a_{ij} &= \frac{\text{จำนวนครั้งที่คาดว่าจะย้ายสแตทจาก } i \text{ ไป } j}{\text{จำนวนครั้งที่คาดว่าจะย้ายจากสแตท } i} \\ a_{ij} &= \frac{\sum_{t=1}^{T-1} \varepsilon_t(i, j)}{\sum_{t=1}^{T-1} \gamma_t(i)} \end{aligned} \quad (2.32b)$$

$$\begin{aligned} b_j(k) &= \frac{\text{จำนวนครั้งที่คาดว่าจะอยู่ในสแตท } j \text{ และเกิดค่าปรากฏเป็น } V_k}{\text{จำนวนครั้งที่คาดว่าจะอยู่ที่สแตท } j} \\ b_j(k) &= \frac{\sum_{t=1, O_t=V_k}^T \gamma_t(j)}{\sum_{t=1}^T \gamma_t(j)} \end{aligned} \quad (2.32c)$$

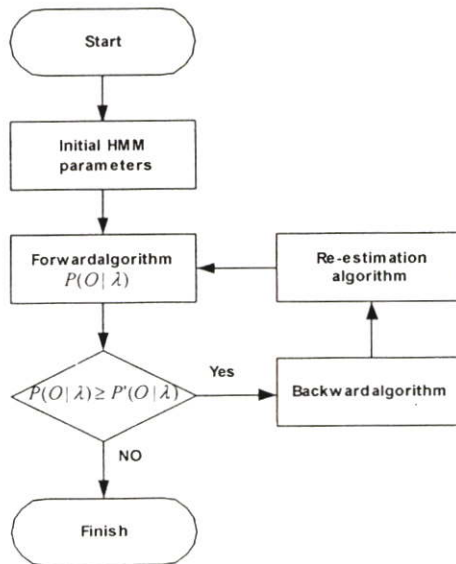
จากกระบวนการข้างต้นถ้าให้ $\lambda = (A, B, \pi)$ เป็นแบบจำลองปัจจุบัน และใช้ λ นี้คำนวณในด้านขวาของสมการที่ (2.32a-c) และให้แบบจำลองที่ได้จากการคำนวณซ้ำเป็น $\lambda' = (A', B', \pi')$ เป็นแบบจำลองที่ได้จากด้านซ้ายของสมการที่ (2.32a-c) ซึ่งจะได้จุดวิกฤตของฟังก์ชันความน่าจะเป็นในกรณีนี้ $\lambda' = \lambda$ หรือถ้า λ' มีความน่าจะเป็นมากกว่าแบบจำลอง λ

$[P(O|\lambda') > P(O|\lambda)]$ นั่นคือจะได้แบบจำลอง λ' ใหม่ ที่น่าจะทำให้เกิดลำดับของค่าปรากฏ O ที่ดีกว่า

2.6 กระบวนการสอนฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล และการใช้งานฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล

จากหัวข้อที่ 2.1 ถึง 2.5 ได้ทราบถึงปัญหาในการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลรวมทั้งอัลกอริทึมต่างๆที่ใช้ในการปรับค่าพารามิเตอร์ ในหัวข้อนี้นำเสนอถึงกระบวนการสอนฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล และการใช้งานฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล

ในการสอนฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลให้รู้จำ หรือแบ่งแยกสัญญาณที่ไม่ทราบทำได้โดยการนำสัญญาณที่ไม่ทราบซึ่งอยู่ในรูปของลำดับของค่าที่ปรากฏ นำมาสอนให้เก็ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล โดยกระทำตามขั้นตอนดังรูปที่ 2.6 โดยมีขั้นตอนในการสอนดังนี้

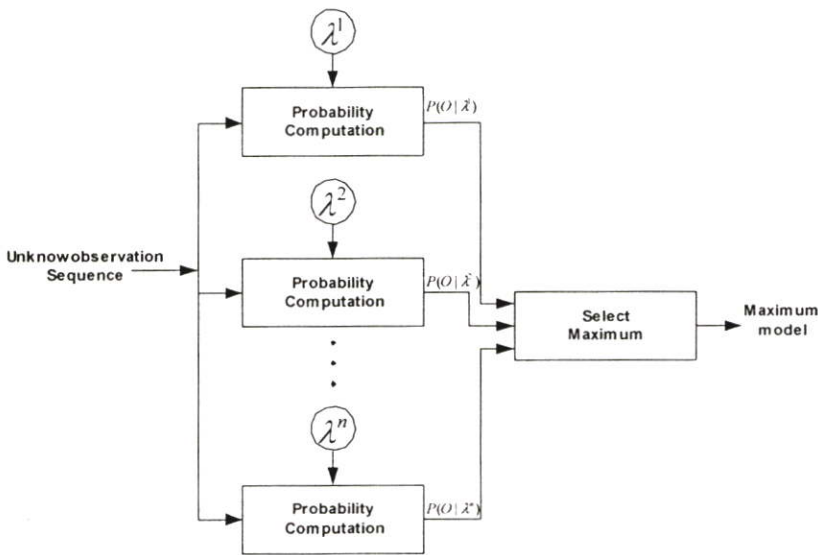


รูปที่ 2.6 กระบวนการสอนฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล

- เริ่มต้นด้วยการสุ่มค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลได้แก่ A, B, π
- คำนวณหาค่าความน่าจะเป็น โดยใช้กระบวนการไปข้างหน้า จากหัวข้อที่ 2.5.1.1 ซึ่งจะได้ค่าความน่าจะเป็นของโมเดลออกมา
- พิจารณาค่าความน่าจะเป็นใหม่กับค่าความน่าจะเป็นก่อนหน้า หากค่าความน่าจะเป็นใหม่มีค่ามากกว่าความน่าจะเป็นก่อนหน้า จะทำการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้กระบวนการย้อนกลับจากหัวข้อที่ 2.5.1.2 แล้วใช้บัพวิซัลกอริทึมจากหัวข้อที่ 2.5.3 ปรับค่าพารามิเตอร์ A, B, π ให้ได้ค่าที่เหมาะสมแล้วย้อนกลับไปทำกระบวนการไปข้างหน้าอีกครั้งเพื่อหาค่าความน่าจะเป็นของโมเดล แต่ถ้าค่าความน่าจะเป็นใหม่ที่ได้มี

ค่าลดลง หรือมีค่าไม่เปลี่ยนแปลงเป็นระยะเวลานาน จึงจะหยุดวงรอบการคำนวณ แล้วเก็บพารามิเตอร์ A, B, \mathcal{P} โดยพารามิเตอร์เหล่านี้เป็นตัวแทนของลักษณะลำดับของค่าที่ปรากฏที่สอนให้แก่ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล

การนำฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลมาใช้ในงานรู้จำ จะนำเอาพารามิเตอร์ที่ได้จากการสอนคือ A, B, \mathcal{P} ซึ่งเป็นตัวแทนของลำดับที่ปรากฏที่ได้สอนให้แก่โมเดลนั้นๆ ไปทดสอบกับลำดับของค่าที่ปรากฏที่ไม่รู้จัก ซึ่งผลลัพธ์ของทดสอบจะได้ค่าความน่าจะเป็นของ โมเดลกับลำดับของค่าที่ปรากฏที่ไม่รู้จัก โดยวิธีการดังกล่าวแสดงดังรูปที่ 2.7



รูปที่ 2.7 การใช้งานฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล

จากรูปที่ 2.7 เป็นโมเดลซึ่งประกอบด้วยพารามิเตอร์ A, B, \mathcal{P} ที่ได้จากการสอนมีจำนวน n โมเดล การทดสอบทำโดยนำลำดับของค่าที่ปรากฏที่ไม่รู้จักป้อนทดสอบให้แก่โมเดลทุกตัว โดยที่โมเดลแต่ละตัวจะให้ผลลัพธ์ของค่าความน่าจะเป็นที่สัมพันธ์กับลำดับของค่าที่ปรากฏที่ไม่รู้จักนั้น หากว่าลำดับของค่าที่ปรากฏที่ไม่รู้จักมีความเหมือนกับโมเดลใด โมเดลนั้นจะแสดงค่าความน่าจะเป็นสูงแล้วจึงพิจารณาเลือกโมเดลที่ให้ค่าความน่าจะเป็นสูงสุดเป็นคำตอบของลำดับที่ไม่รู้จัก

บทที่ 3

เจเนติกอัลกอริทึม

3.1 บทนำ

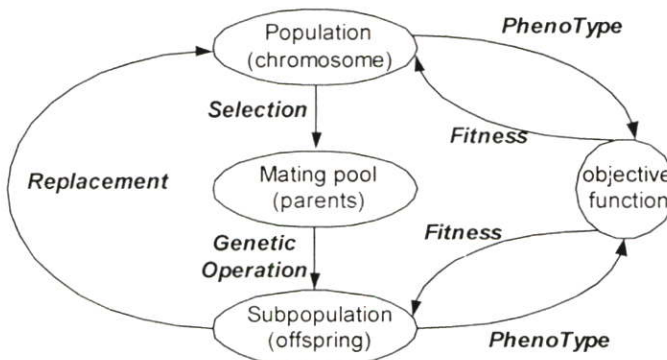
เจเนติกอัลกอริทึม Genetic algorithm [9] [10] เป็นวิธีค้นหาคำตอบโดยเลียนแบบวิวัฒนาการของธรรมชาติ โดยกำหนดปัญหาให้อยู่ในรูปแบบโครโมโซมและยีนส์ แล้วดำเนินวัฏจักรเหมือนเช่นสิ่งมีชีวิต มีการปรับตัวให้อยู่ได้ตามสภาพแวดล้อม สิ่งมีชีวิตที่สามารถอยู่รอดได้ โครโมโซมและยีนส์เหล่านั้นเป็นคำตอบของปัญหาที่ต้องการค้นหา

เจเนติกอัลกอริทึมสามารถค้นหาคำตอบที่เป็น Global optimum มีหลายงานวิจัยที่ประยุกต์ใช้เจเนติกอัลกอริทึม เช่น งานวิจัย [15] นำเจเนติกอัลกอริทึมมาช่วยในการจัดการตารางการทำงานของระบบคอมพิวเตอร์หลายหน่วยประมวลผล งานวิจัย [16] ใช้เจเนติกอัลกอริทึมในการจัดการกระแสในระบบวงจรรวม งานวิจัย [17] ใช้เจเนติกอัลกอริทึมช่วยในการจัดการการสอน นอกจากนี้มีงานวิจัยต่างๆอีกมากมายใช้เจเนติกอัลกอริทึมในการค้นหาคำตอบของปัญหา

ในบทนี้อธิบายถึง กระบวนการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึม และการแก้ปัญหาโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึม

3.2 กระบวนการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึม

เจเนติกอัลกอริทึมค้นหาคำตอบโดยการแทนปัญหาให้อยู่ในรูปแบบโครโมโซม และยีนส์เหมือนสิ่งมีชีวิต และให้ดำเนินวงจรวิวัฒนาการ เพื่ออยู่รอดให้ได้โดยมีสภาพแวดล้อมเป็นตัวตัดสินการอยู่รอด ด้วยลักษณะดังกล่าวนี้สามารถเขียนเป็นวงจรของเจเนติกอัลกอริทึมดังรูปที่ 3.1



รูปที่ 3.1 วงจรของเจเนติกอัลกอริทึม

จากรูปที่ 3.1 วงรอบของเจเนติกอัลกอริทึมมีส่วนประกอบต่างๆดังนี้

- Population เป็นส่วนที่เก็บประชากรรุ่นปัจจุบัน
- Pheno type เป็นโครงสร้างข้อมูล หรือปัญหาที่แทนอยู่โครโมโซมและยีนส์ โดยมีอยู่ในประชากรแต่ละตัว
- Fitness เป็นค่าความเหมาะสมของประชากรที่จะอยู่รอด
- Subpopulation เป็นส่วนที่เก็บประชากรใหม่ ซึ่งได้จากการกระทำทางพันธุกรรม
- Objective function หรือฟังก์ชันเป้าหมาย เป็นส่วนของฟังก์ชัน, สมการ หรือเงื่อนไขที่ใช้คำนวณหาค่าความเหมาะสมของประชากร โดยรายละเอียดของฟังก์ชันเป้าหมายอยู่ในหัวข้อที่ 3.4
- Selection เป็นกระบวนการในการคัดเลือกประชากรจากประชากรปัจจุบัน โดยพิจารณาจากค่าความเหมาะสม
- Mating pool เป็นส่วนที่เก็บประชากรที่ถูกคัดเลือกแล้ว พร้อมทั้งจับคู่ประชากรที่ถูกคัดเลือกเพื่อนำเข้าสู่การกระทำทางพันธุกรรม
- Genetic operation เป็นการกระทำทางพันธุกรรม โดยสร้างประชากรใหม่ จากการครอสโอเวอร์ Crossover การมิวเตชัน Mutation โดยรายละเอียดอยู่ในหัวข้อที่ 3.4
- Replacement เป็นกระบวนการคัดเลือกประชากรรุ่นใหม่ ที่เหมาะสมเป็นประชากรรุ่นต่อไป

จากรูปที่ 3.1 กระบวนการค้นหาคำตอบของเจเนติกอัลกอริทึมเริ่มต้นด้วย การแทนปัญหาให้อยู่ในรูปโครโมโซมและยีนส์ของประชากร แล้วสร้างประชากรปัจจุบันขึ้นมาจำนวนหนึ่ง นำประชากรเหล่านี้มาหาค่าความเหมาะสม Fitness โดยการคำนวณจากฟังก์ชันเป้าหมาย Objective function กระทำการคำนวณกับประชากรทุกตัว จากนั้นจึงคัดเลือกประชากร Selection โดยพิจารณาจากค่าความเหมาะสมของประชากร โดยเลือกประชากรที่มีค่าความเหมาะสมสูง ประชากรที่คัดถูกเลือกมาจะเป็นประชากรต้นแบบ หรือเป็นประชากรพ่อแม่ นำประชากรเหล่านี้มากระทำทางพันธุกรรม Genetic operation ได้เป็นประชากรใหม่ จากนั้นนำประชากรใหม่มาคำนวณหาค่าความเหมาะสม โดยคำนวณจากฟังก์ชันเป้าหมาย แล้วคัดเลือกเฉพาะประชากรใหม่ที่มีค่าความเหมาะสมสูงกว่าประชากรปัจจุบัน นำมาแทน Replacement ประชากรปัจจุบันที่มีค่าความเหมาะสมต่ำ แล้วจึงวนกลับมาพิจารณาประชากรปัจจุบันอีกครั้ง กระทำลักษณะเช่นนี้จนกระทั่งได้ค่าความเหมาะสมของประชากรสูงสุด หรือไม่มีการเปลี่ยนแปลง ประชากรที่ได้นั้นเป็นตัวแทนคำตอบของปัญหาที่ต้องการค้นหา

3.3 การแก้ปัญหาโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึม

การใช้เจเนติกอัลกอริทึมในการค้นหาคำตอบ ต้องแทนปัญหาให้ในรูปของโครโมโซมและยีนส์ โดยยีนส์อาจเป็นตัวแปร, พารามิเตอร์, เงื่อนไข หรือข้อกำหนดต่าง ๆ ที่เป็นองค์ประกอบของปัญหา ส่วนโครโมโซมอาจเป็นตัวแปร, พารามิเตอร์, เงื่อนไขหรือข้อกำหนดที่มีระดับสูงกว่ายีนส์ จำนวนโครโมโซมหรือจำนวนของยีนส์จึงขึ้นอยู่กับลักษณะของปัญหาที่ต้องการหา จากงานวิจัยต่างๆที่ผ่านมาสามารถแบ่งลักษณะโครโมโซมและยีนส์สองลักษณะคือ

1. โครโมโซมแบบบิต หรือ Binary chromosome ใช้กับงานวิจัยที่ขอบเขตของรู้ขอบเขตของปัญหา โดยพารามิเตอร์ของโครโมโซมแทนอยู่ในรูปเลขฐานสอง ซึ่งมีสองสถานะคือจริงกับเท็จ ตัวอย่างหากต้องการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน ที่ x เป็นจำนวนเต็มอยู่ในช่วง $[0, 31]$ แล้วแทนตัวแปร x เป็นตัวไบนารี 0 หรือ 1 จำนวน 5 ตำแหน่ง ซึ่ง x จะมีค่าตั้งแต่ 00000 ถึง 11111 เป็นค่า 0 ถึง 31
2. โครโมโซมแบบตัวเลข หรือ Real number chromosome ใช้กับงานวิจัยที่ขอบเขตของปัญหากว้างมาก หรือเป็นปัญหาที่สามารถแทนอยู่ในรูปแบบโครโมโซมตัวเลขได้ โดยอาจอยู่ในรูปเลขจำนวนเต็ม หรือเลขจำนวนจริงก็ได้ ตัวอย่างหากต้องการหาค่า x, y โดยต้องการคำตอบ $a = 2.5$ โดยที่ สามารถหาคำตอบโดยใช้โครโมโซมแบบเลขจำนวนจริงซึ่งประกอบด้วยยีนส์ x, y โดยค่า x, y อยู่ในช่วง $0 < x < 100$ และ $0 < y < 10$

ตัวอย่างนอกเหนือจากนี้ มีงานวิจัย [17] นำเสนอตัวอย่างมากมายในการแทนปัญหาในรูปโครโมโซมทั้งโครโมโซมแบบบิต และโครโมโซมแบบตัวเลข

3.4 ฟังก์ชันเป้าหมายกับฟังก์ชันความเหมาะสม

ฟังก์ชันเป้าหมายหรือ Objective function เป็นฟังก์ชันที่คำนวณหาค่าความสัมพันธ์เปรียบเทียบกับคำตอบที่ต้องการ โดยคำนวณจากตัวแปร, พารามิเตอร์, เงื่อนไข, หรือข้อกำหนดต่างๆ จากโครโมโซม หรือยีนส์ ส่วนฟังก์ชันความเหมาะสม Fitness function เป็นฟังก์ชันที่ใช้ในการคำนวณหาความเหมาะสมของแต่ละประชากร โดยประชากรที่เข้าใกล้คำตอบมากที่สุดเป็นประชากรที่มีค่าความเหมาะสมมากที่สุด ฟังก์ชันความเหมาะสมให้คำตอบเป็นค่าความเหมาะสม Fitness value ซึ่งเป็นค่าที่ใช้แสดงถึงโอกาสในการอยู่รอดของประชากร ตัวอย่าง หากต้องการหาค่า x, y โดยต้องการคำตอบ $a = 2.5$ โดยที่ ฟังก์ชันเป้าหมายคือสมการ $a = \sqrt{x+y^2}$ ส่วนฟังก์ชันความเหมาะสมคือ ฟังก์ชันที่ใช้วัดระยะห่างระหว่างคำตอบที่ต้องการ เช่นประชากร A ได้คำตอบ $a = 2.2$ ส่วนประชากร B ได้คำตอบ $a = 2.8$ ดังนั้นประชากร A จึงมีค่าความเหมาะสมมากกว่าประชากร B อย่างไรก็ตามในบางปัญหาอาจใช้ฟังก์ชันเป้าหมายกับฟังก์ชันความเหมาะสมเป็นตัวแทนเดียวกันก็ได้

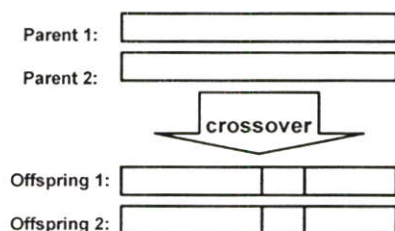
3.5 การกระทำทางพันธุกรรมของเจเนติกอัลกอริทึม

การกระทำทางพันธุกรรมของเจเนติกอัลกอริทึม หรือ GA operation ประกอบด้วยวิธีการการครอสโอเวอร์ Crossover และการมิวเตชัน Mutation ทั้งสองวิธีการมีรายละเอียดดังนี้

3.5.1 การครอสโอเวอร์

ครอสโอเวอร์เป็นการแลกเปลี่ยนส่วนของยีนระหว่างโครโมโซม โดยใช้ค่าความน่าจะเป็นของการครอสโอเวอร์ Probability of Crossover : P_c เป็นตัวตัดสินโอกาสในการสลับตำแหน่งระหว่างโครโมโซม โดยมีขั้นตอนการทำงานคือ

- สุ่มจับคู่ประชากรพ่อ-แม่ จาก Mating pool
- พิจารณาการสลับแต่ละยีนส์ โดยใช้ค่าความน่าจะเป็นในการครอสโอเวอร์ เป็นตัวบอกโอกาสในการสลับตำแหน่งของยีนส์นั้น การคำนวณค่าความน่าจะเป็นในการครอสโอเวอร์ โดยสร้างเลขสุ่มจำนวนจริง r มีค่าอยู่ในช่วง 0.0 ถึง 1.0 โดยถ้า $r \leq P_c$ แล้วจึงทำการกระบวนการครอสโอเวอร์โดยการสลับตำแหน่งระหว่างยีนส์นั้น
- วนรอบพิจารณาจนครบทุกยีนส์



รูปที่ 3.2 การครอสโอเวอร์



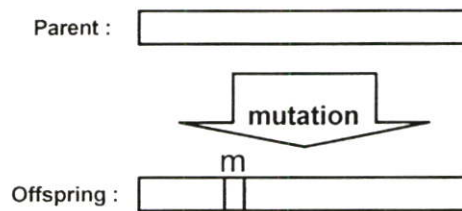
รูปที่ 3.3 แสดงการครอสโอเวอร์ทั้งโครโมโซมแบบบิตและโครโมโซมแบบตัวเลข

จากรูปที่ 3.4 แสดงให้เห็นถึงรูปแบบการครอสโอเวอร์ ทั้งแบบโครโมโซมแบบบิต และโครโมโซมแบบตัวเลข โดยช่วงความยาวของการสลับตำแหน่งได้จากการสุ่ม

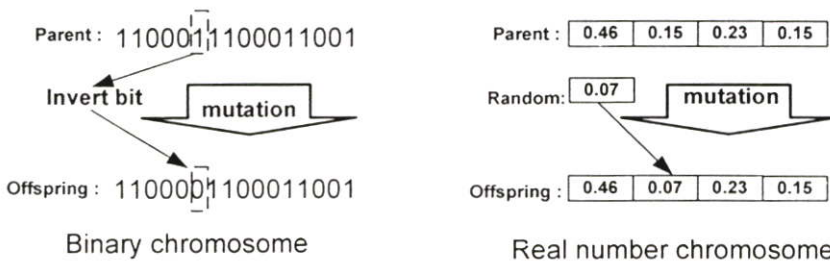
3.5.2 การมิวเตชัน

มิวเตชันเป็นการสุ่มเปลี่ยนค่าของโครโมโซมหรือยีนส์ ซึ่งอาจจะได้โครโมโซม หรือยีนส์ ในรูปแบบใหม่ โดยมีค่าความน่าจะเป็นของการมิวเตชัน Probability of Mutation : P_m เป็นตัว คัดสินโอกาสในการเกิดการสุ่มเปลี่ยนค่าโครโมโซมหรือยีนส์ โดยมีขั้นตอนการทำงานคือ

- สุ่มจับคู่ประชากรพ่อ-แม่ จาก Mating pool หรือในบางงานวิจัยใช้ประชากรที่ถูกเลือกจาก การทำครอสโอเวอร์
- พิจารณาการสุ่มเปลี่ยนค่าแต่ละยีนส์ โดยใช้ค่าความน่าจะเป็นในการมิวเตชัน เป็นตัวบอก โอกาสในการสุ่มเปลี่ยนค่าของยีนส์นั้น การคำนวณค่าความน่าจะเป็นในการมิวเตชัน โดย สร้างเลขสุ่มจำนวนจริง r มีค่าอยู่ในช่วง 0.0 ถึง 1.0 โดยถ้า $r \leq P_m$ แล้วจึงทำกระบวนการ มิวเตชันโดยสร้างเลขสุ่มอีกชุด แล้วแทนค่าลงในยีนส์นั้น
- วนรอบพิจารณาจนครบทุกยีนส์



รูปที่ 3.4 การมิวเตชัน



รูปที่ 3.5 แสดงการมิวเตชันทั้งโครโมโซมแบบบิตและโครโมโซมแบบตัวเลข

จากรูปที่ 3.6 แสดงให้เห็นถึงรูปแบบมิวเตชัน ทั้งแบบโครโมโซมแบบบิต และโครโมโซม แบบตัวเลข โดยตำแหน่งยีนส์ที่ทำการสุ่มเปลี่ยนค่าได้จากการสุ่ม

บทที่ 4

วิธีดำเนินการวิจัย

เนื้อหาในบทนี้ในส่วนแรกเป็นการทดลองของงานวิจัยผ่านมา จากนั้นเป็นส่วนของวิธีการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลในแบบต่างซึ่งแบ่งออกเป็น 3 แบบคือ

1. วิธีการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้บัมวิซัลกอริทึม ซึ่งเป็นวิธีการแบบเดิม
2. วิธีการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้เงินเดกัลกอริทึม
3. วิธีการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้เงินเดกัลกอริทึมร่วมกับบัมวิซัลกอริทึม

และเนื้อหาในส่วนสุดท้ายเป็นข้อมูลที่ใช้ในการสอนให้แก่ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลที่ใช้ในการทดลอง และพารามิเตอร์ต่างๆที่ใช้ในการทดลอง

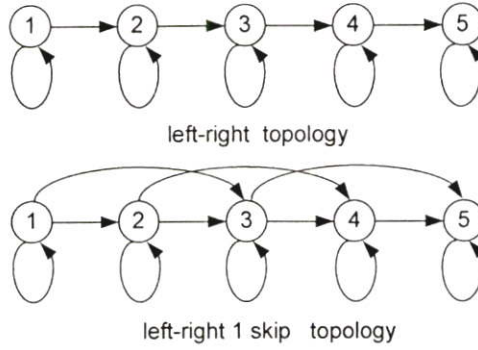
4.1 การทดลองของวิจัยที่ผ่านมา

งานวิจัยที่ผ่านมาสามารถสรุป การปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล ได้สองลักษณะ คือ

1. การปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้เงินเดกัลกอริทึม ซึ่งได้แก่ งานวิจัย [11] กับงานวิจัย [12]
2. การปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้เงินเดกัลกอริทึมร่วมกับบัมวิซัลกอริทึม ซึ่งได้แก่ งานวิจัย [14]

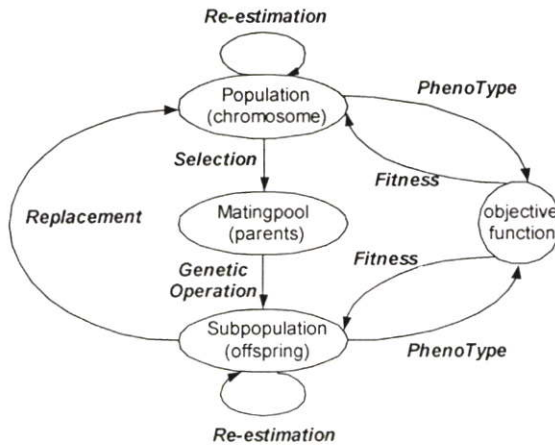
ตารางที่ 4.1 แสดงค่าพารามิเตอร์ที่ใช้ในการทดลองของงานวิจัยที่ผ่านมา

Parameters	Research [11]	Research [12]	Research [14]
Topology	Left-Right with 1 skip	Left-Right	Left-Right
State transition	5 state	5 state	7-10 state
Observation symbol	64 symbol	256 symbol	100 symbol
Population	-	30	30
Selection	Roulette wheel	Roulette wheel	Roulette wheel
Crossover probability	0.8	0.01	0.6
Mutation probability	0.05	0.0001	0.05
Maximum generation	-	20000	100



รูปที่ 4.1 โทโปโลยีแบบเลฟ-ไล และโทโปโลยีแบบเลฟ-ไลที่มีการกระโดดหนึ่งสเตท

จากตารางที่ 4.1 งานวิจัยทั้งหมดทดลองกับระบบรู้จำเสียงพูด โดยใช้โทโปโลยีลักษณะเดียวกันคือ เลฟ-ไลโทโปโลยี โดยงานวิจัย [11] เป็นโทโปโลยีแบบเลฟ-ไลที่มีการกระโดดข้ามสเตทไปหนึ่งสเตท ดังรูปที่ 4.1 ซึ่งโทโปโลยีเหล่านี้เป็นเซตย่อยของฟูลลี คอนเน็คโทโปโลยี จำนวนของสเตทและจำนวนของค่าที่ปรากฏจะขึ้นอยู่กับขนาดของปัญหา โครโมโซมที่ใช้เป็นแบบตัวเลขแล้วใช้ Roulette wheel ในการคัดจับคู่ประชากรที่เหมาะสมที่เป็นประชากรพ่อแม่



รูปที่ 4.2 เจเนติกอัลกอริทึมเมื่อประยุกต์กับวิซอัลกอริทึมเข้ามาช่วยในการหาคำตอบ

งานวิจัย [14] มีความแตกต่างจากงานวิจัยอื่นๆโดยมีการประยุกต์ใช้บีมวิซอัลกอริทึมช่วยในการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล โดยการใช้บีมวิซอัลกอริทึมช่วยปรับค่าพารามิเตอร์ในระดับ Local search และใช้เจเนติกอัลกอริทึมปรับค่าพารามิเตอร์ในระดับ Global search รูปแบบการประยุกต์บีมวิซอัลกอริทึมแสดงดังรูปที่ 4.2 ซึ่งบีมวิซอัลกอริทึมใช้กระบวนการรีเอสติเมชัน Re-estimation กระทำทั้งประชากรปัจจุบันและประชากรที่สร้างขึ้นใหม่ โดยมีการกระทำรีเอสติเมชันกับประชากรเก่าเป็นจำนวน 8 ครั้งในทุกๆ 10 รุ่น ส่วนประชากรใหม่กระทำรีเอสติเมชัน 3 ครั้งในทุกๆรุ่น

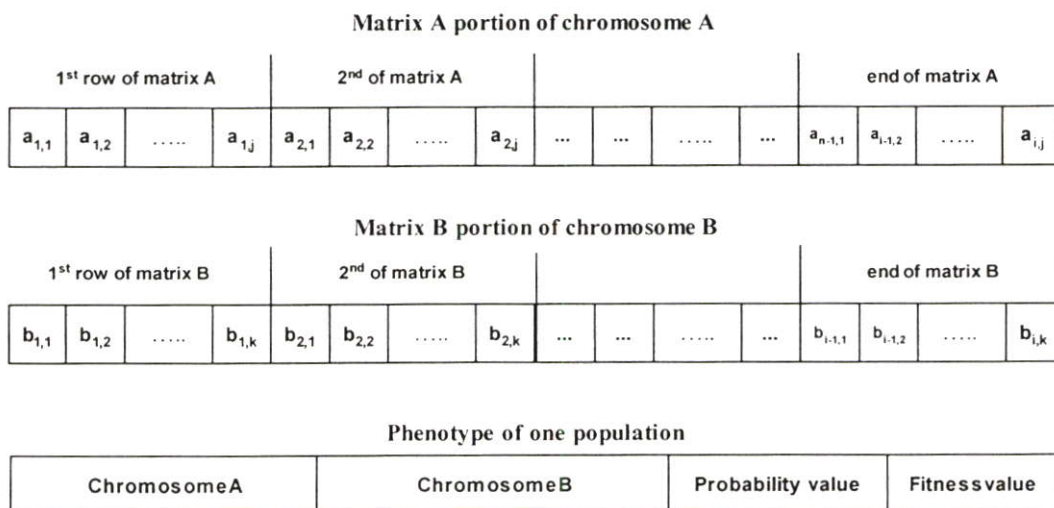
เมื่อเปรียบเทียบผลลัพธ์ที่ได้จากงานวิจัย [11] และ [12] ซึ่งใช้เจเนติกเพียงอย่างเดียวในการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล กับงานวิจัย [14] ซึ่งใช้เจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับบั้งวิซอัลกอริทึมปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล พบว่าวิธีการใช้เจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับบั้งวิซอัลกอริทึมให้ผลลัพธ์ได้เร็วกว่าการใช้เจเนติกอัลกอริทึม

4.2 วิธีการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้บั้งวิซอัลกอริทึม

งานวิจัยนี้ได้ทดลอง การปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้บั้งวิซอัลกอริทึม ซึ่งเป็นวิธีการแบบเดิมที่ใช้กันมานาน รายละเอียดวิธีการของบั้งวิซอัลกอริทึมได้กล่าวไว้แล้วในบทที่ 2 ในงานวิจัยนี้ใช้กำหนดควรรอบในการปรับค่าพารามิเตอร์ด้วยบั้งวิซอัลกอริทึม 2000 รอบ เมื่อปรับพารามิเตอร์เสร็จจึงทดสอบหาเปอร์เซ็นต์การรู้จำ แล้วนำผลลัพธ์ที่ได้มาเปรียบเทียบกับวิธีการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลแบบอื่นๆ

4.3 วิธีการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึม

ในหัวข้อนี้กล่าวให้ทราบวิธีการปรับค่าพารามิเตอร์ของ ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึม โดยในส่วนแรกจะช่วยให้รู้จักถึงการแทนปัญหาให้อยู่ในรูปของโครโมโซม, การคัดเลือกประชากร, การครอสโอเวอร์, การมิวเตชัน, ฟังก์ชันเป้าหมายและฟังก์ชันความเหมาะสม และในที่สุดท้ายกล่าวถึงกระบวนการในการปรับค่าพารามิเตอร์ของ ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึม



รูปที่ 4.3 การแทนพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลในรูปแบบโครโมโซม

4.3.1 การแทนปัญหาให้อยู่ในรูปของโครโมโซม

พารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลที่สำคัญได้แก่ A, B โดยแทนอยู่ในรูปเมทริกซ์ ซึ่งพารามิเตอร์เหล่านี้จะถูกแทนให้อยู่ในรูปโครโมโซมตัวเลข ประกอบด้วยโครโมโซม A มาจากเมทริกซ์ A ประกอบด้วย $A_{i,j}$ คือค่าความน่าจะเป็นในการเปลี่ยนสแตท และโครโมโซม B มาจากเมทริกซ์ B ประกอบด้วย $B_{i,k}$ คือค่าความน่าจะเป็นของค่าที่ปรากฏ

จากรูปที่ 4.3 ประชากรหนึ่งตัวประกอบด้วยสองโครโมโซม ซึ่งมาจากพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล ดังนั้นอาจจะกล่าวได้ว่า ประชากรหนึ่งตัวจะแทนด้วยหนึ่งฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล โดยการทดลองนี้กำหนดประชากรเริ่มต้น 30 ประชากร เปรียบเสมือนมี 30 ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล

งานวิจัยนี้ใช้พารามิเตอร์ A, B ที่ใช้มีจำนวน 30 สแตทกับ 16 สแตท โดยใช้กับโทโปโลยีแบบฟูลลี คอนเน็ค ดังนั้นเมทริกซ์ A เรียงกันตั้งแต่ $a_{1,1}$ ถึง $a_{30,30}$ โดยที่โครโมโซม A มียีนส์ทั้งหมด 900 ยีนส์ ส่วนเมทริกซ์ B เรียงกันตั้งแต่ $b_{1,1}$ ถึง $b_{30,16}$ โดยที่โครโมโซม B มียีนส์ทั้งหมด 480 ยีนส์ โครโมโซม

4.3.2 การคัดเลือกประชากร

การคัดเลือกประชากรแบ่งออกเป็นสองส่วนคือ การคัดเลือกประชากรเพื่อนำมากระทำทางพันธุกรรม กับการคัดเลือกประชากรที่เหมาะสมเป็นประชากรรุ่นต่อไป

- การคัดเลือกประชากรเพื่อนำมากระทำทางพันธุกรรม งานวิจัยนี้ใช้ Roulette wheel เป็นตัวสุ่มเลือกประชากรตามความเหมาะสม โดยแบ่งวงล้อในช่วงตั้งแต่ 0 ถึง 2π ออกเป็นส่วนๆ มีขนาดตามค่าความเหมาะสมของประชากร ประชากรที่มีค่าความเหมาะสมสูงจะมีช่วงที่กว้างกว่าประชากรที่มีค่าความเหมาะสมต่ำ จากนั้นจึงสร้างเลขสุ่มเลขในช่วงตั้งแต่ 0 ถึง 2π เมื่อสุ่มได้เลขตรงช่วงกับของประชากรตัวใด จะเลือกประชากรตัวนั้นนำมากระทำกระบวนการทางพันธุกรรม
- การคัดเลือกประชากรที่เหมาะสมเป็นประชากรรุ่นต่อไป พิจารณาจากค่าความเหมาะสมของประชากรเก่าร่วมกับประชากรใหม่ที่ได้จากกระบวนการทางพันธุกรรม โดยงานวิจัยนี้มีประชากรรวมทั้งหมด 60 ประชากร คัดเลือกประชากรที่มีค่าความเหมาะสมสูงสุด 30 ประชากร เลือกเป็นประชากรรุ่นต่อไป

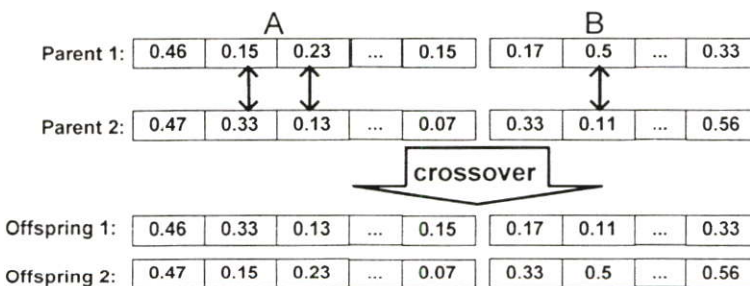
4.3.3 การครอสโอเวอร์

การครอสโอเวอร์ในงานวิจัยนี้จะกระทำการครอสโอเวอร์ระหว่างยีนส์ โดยยีนส์ A คือค่าความน่าจะเป็นในการเปลี่ยนสแตท และยีนส์ B คือค่าความน่าจะเป็นของค่าที่ปรากฏ ซึ่งแตกต่างจากงานวิจัย [14] ที่ใช้การครอสโอเวอร์ในระดับสแตทของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล โดยการใช้การสลับตำแหน่งระหว่างแถวหรือระหว่างแนวของเมทริกซ์ A, B ซึ่งงานวิจัย [14] ไม่ได้กล่าวถึงข้อดีใน

การครอสโอเวอร์ระดับสเตท แต่หากพิจารณาแล้วการครอสโอเวอร์ในระดับยีนส์ก็สามารถหาคำตอบได้เช่นเดียวกับการครอสโอเวอร์ระดับสเตท จากการศึกษางานวิจัยเกี่ยวกับเจเนติกอัลกอริทึม กล่าวไว้ว่าการครอสโอเวอร์แบ่งออกเป็นสองวิธีการคือ วิธีการครอสโอเวอร์ระหว่างคู่ประชากรที่ได้จากการคัดเลือก และวิธีการครอสโอเวอร์ระหว่างประชากรที่ได้จากการคัดเลือกกับประชากรที่สร้างขึ้นใหม่

- วิธีการครอสโอเวอร์ระหว่างคู่ประชากรที่ได้จากการคัดเลือก เมื่อได้คู่ประชากรประชากรต้นแบบมาแล้ว จะสร้างคู่ประชากรใหม่โดยค่าของยีนส์ได้จากสุ่มเลือกยีนส์จากประชากรต้นแบบ ซึ่งสามารถทำได้สองวิธีการคือ วิธีการแรกเลือกโดยพิจารณาจากค่าความน่าจะเป็นในการครอสโอเวอร์ที่เกิดขึ้นในแต่ละยีนส์ และวิธีการที่สองซึ่งใช้ในงานวิจัยนี้คือ การสุ่มช่วงของยีนส์ โดยสุ่มเลือกตำแหน่งเริ่มต้นและตำแหน่งสิ้นสุดที่ต้องการให้เกิดการสลับยีนส์ วิธีการจึงมีการสลับยีนส์ในลักษณะเป็นช่วงๆ งานวิจัยนี้กำหนดให้มีการสลับตำแหน่งยีนส์เป็นจำนวน 5 ครั้ง
- วิธีการครอสโอเวอร์ระหว่างประชากรที่คัดเลือกกับประชากรที่สร้างขึ้นใหม่ มีลักษณะคล้ายกับวิธีการครอสโอเวอร์ในแบบแรก แต่จะคัดเลือกประชากรต้นแบบเพียงตัวเดียว ส่วนประชากรต้นแบบตัวที่สองได้จากการสุ่มค่ายีนส์ขึ้นใหม่ แล้วจึงทำกระบวนการสลับตำแหน่งยีนส์เช่นเดียวกับการครอสโอเวอร์ในแบบแรก

ผลดีของวิธีการครอสโอเวอร์ระหว่างประชากรที่คัดเลือกกับประชากรที่สร้างขึ้นใหม่ จะทำให้ประชากรที่สร้างขึ้นใหม่ มีโอกาสที่จะได้ยีนส์ที่แตกต่างจากยีนส์ปกติ เพราะเป็นมีการผสมกันระหว่างยีนส์เก่ากับยีนส์ใหม่ แต่จากการทดลองก่อนทำวิทยานิพนธ์พบว่าการครอสโอเวอร์ลักษณะนี้จะให้ผลลัพธ์ที่ดีในรุ่นแรกๆ แต่ประชากรรุ่นต่อมามีโอกาสน้อยที่จะอยู่รอดดังนั้นในงานวิจัยนี้จึงใช้วิธีการแรกคือ การครอสโอเวอร์ระหว่างคู่ประชากรที่ได้จากการคัดเลือก



รูปที่ 4.4 ตัวอย่างการครอสโอเวอร์

รูปแบบการครอสโอเวอร์ที่ใช้ในงานวิจัยนี้ หากนำมาหาค่าความน่าจะเป็นในการทำครอสโอเวอร์ ซึ่งเป็นค่าที่ได้จากโอกาสในการเกิดการสลับตำแหน่งระหว่างยีนส์ต่อยีนส์ จะคำนวณได้

ยาก เพราะว่าการวิจัยนี้ใช้การสลับระหว่างช่วงยีนส์ ซึ่งเกิดจากการสุ่มตำแหน่งเริ่มต้นและตำแหน่งสิ้นสุดของยีนส์ จึงได้เป็นช่วงยีนส์ที่ต้องการให้เกิดการสลับตำแหน่ง ดังนั้นเมื่อต้องการหาโอกาสในการครอสโอเวอร์ จึงใช้วิธีการนับจำนวนยีนส์ที่เกิดการครอสโอเวอร์จากผลลัพธ์ที่ได้จากโปรแกรม เมื่อคำนวณแล้วได้ค่าความน่าจะเป็นในการทำครอสโอเวอร์ประมาณ 10 เปอร์เซ็นต์ หรือใน 1380 ยีนส์มีโอกาสที่จะเกิดการครอส โอเวอร์ประมาณ 138 ยีนส์

4.3.4 การมิวเตชัน

การมิวเตชันมีสองวิธีการคือ วิธีการมิวเตชันโดยใช้ค่าความน่าจะเป็นในการมิวเตชันที่เกิดขึ้นในแต่ละยีนส์ และวิธีการมิวเตชันโดยการสุ่มตำแหน่งยีนส์ที่ต้องการให้เกิดการมิวเตชัน ซึ่งงานวิจัยนี้เลือกใช้วิธีการที่สอง โดยแต่ละโครโมโซมจะทำการสุ่มตำแหน่งยีนส์ที่ต้องการให้เกิดการมิวเตชันทั้งหมด 5 ครั้ง ดังนั้นประชากรหนึ่งตัวจะเกิดการมิวเตชันทั้งหมด 10 ครั้ง และเมื่อคำนวณหาค่าความน่าจะเป็นในการทำมิวเตชัน จากจำนวนยีนส์ทั้งหมด 1380 ยีนส์ สุ่มตำแหน่งยีนส์เพื่อทำมิวเตชันทั้งหมด 10 ครั้ง ดังนั้นโอกาสในการทำมิวเตชันคือ 0.724 เปอร์เซ็นต์ หรือใน 1380 ยีนส์มีโอกาสที่จะเกิดการมิวเตชันประมาณ 10 ยีนส์



รูปที่ 4.5 ตัวอย่างการมิวเตชัน

4.3.5 ฟังก์ชันเป้าหมาย และฟังก์ชันความเหมาะสม

ฟังก์ชันความเหมาะสมเป็นฟังก์ชันที่ใช้คำนวณหาค่าความเหมาะสมของประชากร โดยสามารถคำนวณได้จากฟังก์ชันเป้าหมาย ในงานวิจัยนี้ใช้ฟังก์ชันเป้าหมายและฟังก์ชันความเหมาะสมเหมือนกับงานวิจัย [11] [12] และ [14] โดยฟังก์ชันเป้าหมายจะคำนวณจากค่าความน่าจะเป็นของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้กระบวนการไปข้างหน้าดังสมการที่ 4.1 ซึ่งเป็นสมการของกระบวนการไปข้างหน้า เนื้อหาของกระบวนการไปข้างหน้ากล่าวไว้ในหัวข้อที่ 2.5.1.1 ผลลัพธ์ของค่าความน่าจะเป็นจะอยู่ในช่วงตั้งแต่ 1×10^{-10} ถึง 1×10^{-100} ซึ่งมีค่าน้อยมาก ดังนั้นจึงคำนวณค่าความน่าจะเป็นที่ได้จากลำดับของค่าที่ปรากฏในรูปของลอการิทึม แล้วจึงคำนวณหาค่าความน่าจะเป็นเฉลี่ยของประชากรแต่ละตัวได้ดังสมการที่ 4.2

$$P(O|\lambda) = \sum_{q_1, q_2, \dots, q_T} \pi_{q_1} b_{q_1}(O_1) a_{q_1 q_2} b_{q_2}(O_2) \dots a_{q_{T-1} q_T} b_{q_T}(O_T) \quad (4.1)$$

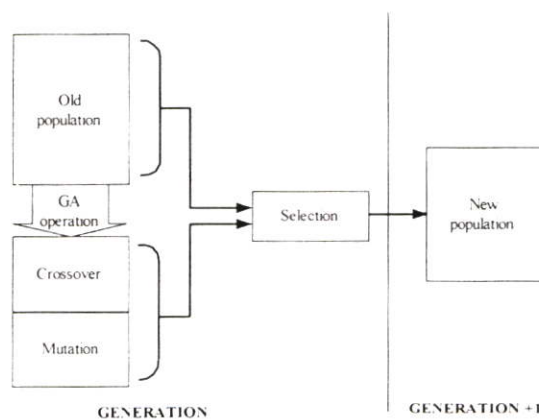
$$P_p(O|\lambda) = \frac{\sum_{i=0}^{i=k} \log(P(O|\lambda))}{K} \quad (4.2)$$

จากนั้นเมื่อได้ค่าความน่าจะเป็นเฉลี่ยของแต่ละประชากรแล้ว จึงคำนวณค่าความเหมาะสมของประชากรแต่ละตัวโดยใช้สมการที่ 4.3 โดยที่ P_p เป็นลำดับของประชากรอยู่ในช่วง $1 \leq P_p \leq 60$ โดยที่ประชากรทั้งหมดมี 60 ประชากร

$$Fitness(P_p) = \frac{P_p(O|\lambda)}{\sum_{p=0}^{p=\max pop} \log(P_p(O|\lambda))} \quad (4.3)$$

4.3.6 กระบวนการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล

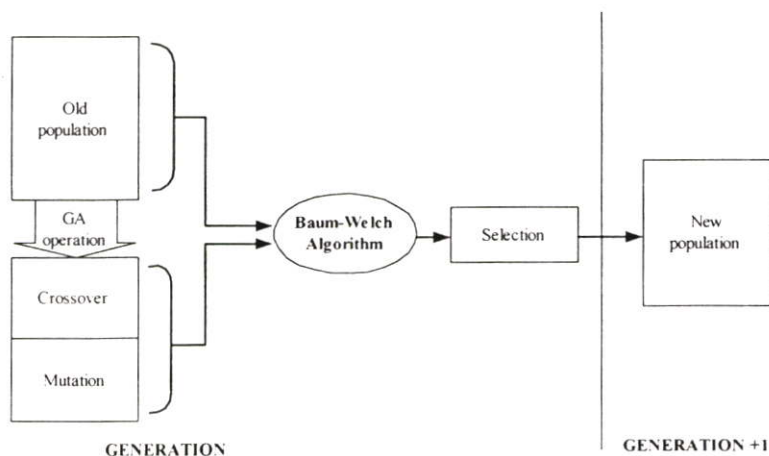
จากโครงสร้างและการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมที่กล่าวไปแล้วในบทที่ 2 เรานำเอาหลักการเหล่านี้มาแก้ปัญหการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล โดยมีกระบวนการดังรูปที่ 4.6 เริ่มต้นการทำงานการสร้างประชากรเริ่มต้นด้วยการสุ่มค่าโครโมโซมให้แก่ประชากรเก่า พร้อมกับคำนวณหาค่าความเหมาะสมของประชากรเก่าแต่ละตัว จากนั้นคัดเลือกประชากรนำมากระทำทางพันธุกรรม โดยแบ่งประชากรออกเป็นสองชนิดคือ ประชากรที่ได้จากการครอสโอเวอร์ และประชากรที่ได้จากการมิวเตชัน โดยประชากรทั้งสองชนิดต้องคำนวณหาค่าความเหมาะสม จากนั้นจึงคัดเลือกประชากรที่เหมาะสมเป็นประชากรในรุ่นต่อไป โดยพิจารณาคัดเลือกจากประชากรทั้งหมด



รูปที่ 4.6 กระบวนการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล โดยใช้เจเนติกอัลกอริทึมเพียงอย่างเดียว

4.4 วิธีการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับบัมวิชอัลกอริทึม

วิธีการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล ด้วยการใช้เจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับบัมวิชอัลกอริทึม มีลักษณะการทำงานดังรูปที่ 4.7 โดยเริ่มจากการสร้างประชากรเริ่มต้นโดยสุ่มค่าโครโมโซมให้แก่ประชากรเก่า พร้อมกับคำนวณหาค่าความเหมาะสมของประชากรเก่า จากนั้นคัดเลือกประชากรนำมากระทำทางพันธุกรรม โดยแบ่งประชากรออกเป็นสองชนิดคือประชากรที่ได้จากการครอสโอเวอร์ และประชากรที่ได้จากการทำมิวเตชัน โดยประชากรทั้งชนิดต้องคำนวณหาค่าความเหมาะสมด้วย จากนั้นนำประชากรทั้งหมดเข้าสู่กระบวนการบัมวิชอัลกอริทึมปรับค่าพารามิเตอร์แล้วจึงคำนวณหาความเหมาะสมของประชากรแต่ละตัวทั้งหมดอีกครั้งหนึ่ง จากนั้นจึงคัดเลือกประชากรที่เหมาะสมนำมาเป็นประชากรรุ่นต่อไป ที่กล่าวมาทั้งหมดเป็นเพียงหลักการอย่างง่าย เพราะในความเป็นจริงแล้วการคำนวณบัมวิชอัลกอริทึมหนึ่งครั้ง จะใช้ระยะเวลาในการคำนวณมาก หากคำนวณบัมวิชอัลกอริทึมกับประชากรทุกตัวในทุกๆรุ่น จะใช้ระยะเวลาในการคำนวณนานมาก เมื่อพิจารณาแล้วน่าจะมึวิธีการในการจัดบัมวิชอัลกอริทึมให้เหมาะสมโดยใช้ระยะเวลาในการคำนวณที่สั้นให้ผลลัพธ์ที่ดี



รูปที่ 4.7 ใช้เจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับบัมวิชอัลกอริทึมในการปรับค่าพารามิเตอร์ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล

จากงานวิจัย [14] ได้เสนอการประยุกต์เจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับบัมวิชอัลกอริทึมปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลเพียงรูปแบบเดียว ในงานวิจัยนี้จึงได้วิจัยเพิ่มเติมโดยแบ่งรูปแบบเป็น 3 ลักษณะ 9 แบบคือ

- ลักษณะที่ 1 เป็นการกระทำบัมวิชอัลกอริทึมทุกประชากร เพื่อค้นหาว่าประชากรชนิดใดที่กระทำบัมวิชอัลกอริทึมแล้วให้ผลลัพธ์ที่ดี

- แบบที่ 1 กระทำบัมวิชอัลกอริทึมกับประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรม
- แบบที่ 2 กระทำบัมวิชอัลกอริทึมกับประชากรทั้งหมด
- แบบที่ 3 กระทำบัมวิชอัลกอริทึมกับประชากรเก่า
- ลักษณะที่ 2 เป็นการสุ่มเลือกประชากรเพื่อนำมากระทำบัมวิชอัลกอริทึม เพื่อเปรียบเทียบกับลักษณะที่ 1 หากมีการกระทำบัมวิชอัลกอริทึมกับประชากรบางตัวแล้ว ยังคงได้ผลลัพธ์ที่ดีอยู่หรือไม่
 - แบบที่ 4 สุ่มเลือกประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรมนำมากระทำบัมวิชอัลกอริทึม
 - แบบที่ 5 สุ่มเลือกประชากรจากประชากรทั้งหมดนำมากระทำบัมวิชอัลกอริทึม
 - แบบที่ 6 สุ่มเลือกประชากรเก่านำมากระทำบัมวิชอัลกอริทึม
- ลักษณะที่ 3 กระทำบัมวิชอัลกอริทึมในรูปแบบอื่นๆ โดยการนำเอาลักษณะ 1 กับ 2 นำมาวิเคราะห์ถึงข้อบกพร่องและหาวิธีแบบใหม่ซึ่งอาจได้ผลลัพธ์ที่ดีกว่า
 - แบบที่ 7 กระทำบัมวิชอัลกอริทึมกับประชากรที่มีค่าความเหมาะสมต่ำ
 - แบบที่ 8 กระทำบัมวิชอัลกอริทึมในรูปแบบของงานวิจัยที่ผ่านมา
 - แบบที่ 9 กระทำบัมวิชอัลกอริทึมกับประชากรที่ค่าความเหมาะสมสูงกับค่าความเหมาะสมปานกลาง

วิธีการทั้ง 9 แบบนี้จะทดสอบกับโครงสร้างของเจเนติกอัลกอริทึมที่มีจำนวนประชากรเก่า 30 ประชากร และประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรมมีจำนวน 30 ประชากรแบ่งออกเป็นประชากรครอสโอเวอร์ 14 ประชากร ประชากรมิวเตชัน 16 ประชากร โดยทำการสอนทั้งหมด 100 รุ่น ซึ่งวิธีการกระทำบัมวิชอัลกอริทึมทั้ง 9 แบบมีรายละเอียดดังต่อไปนี้

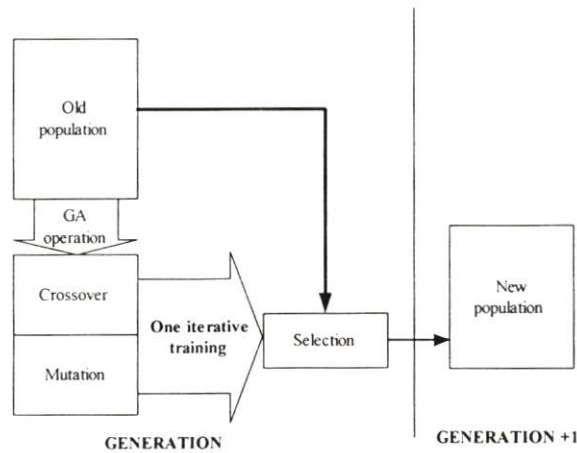
4.4.1 โครงสร้างแบบที่ 1 การกระทำบัมวิชอัลกอริทึมกับประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรม

วัตถุประสงค์ของโครงสร้างแบบที่ 1 เพื่อทดสอบประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรม เมื่อได้รับกระทำบัมวิชอัลกอริทึมแล้ว ประชากรเหล่านี้มีโอกาสอยู่รอดเป็นมากน้อยเพียงใด ซึ่งอาจจะบอกได้ว่าการกระทำบัมวิชอัลกอริทึมกับประชากรเหล่านี้ มีความเหมาะสมหรือไม่ และทำให้เกิดรูปแบบการค้นหาคำตอบในลักษณะแบบใด

การทำงานของโครงสร้างแบบที่ 1 แสดงดังรูปที่ 4.8 ส่วนของบัมวิชอัลกอริทึมคือส่วนของการทำอิกเทอเรทีฟ Iterative training การทำงานเริ่มต้นจากการสุ่มโครโมโซมเริ่มต้น

ให้แก่ประชากรเก่า จากนั้นคำนวณหาค่าความเหมาะสม แล้วจึงสุ่มเลือกประชากรเก่านำไปกระทำทางพันธุกรรม นำประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรมทั้ง 2 ชนิด คือประชากรที่ได้จากการครอสโอเวอร์และประชากรที่ได้จากการมิวเตชัน นำมาปรับค่าพารามิเตอร์ด้วยกระบวนการบีมวิซอัลกอริทึม โดยที่ประชากรแต่ละตัวจะกระทำบีมวิซอัลกอริทึมหนึ่งครั้ง จากนั้นคำนวณหาค่าความเหมาะสมของประชากรทั้งหมด แล้วจึงคัดเลือกประชากรที่มีค่าความเหมาะสมสูงนำไปเป็นประชากรรุ่นต่อไป

โครงสร้างแบบที่ 1 มีจำนวนการกระทำบีมวิซอัลกอริทึมในทุกๆ 10 รุ่นมีการทำบีมวิซอัลกอริทึมเป็นจำนวน 300 ครั้ง



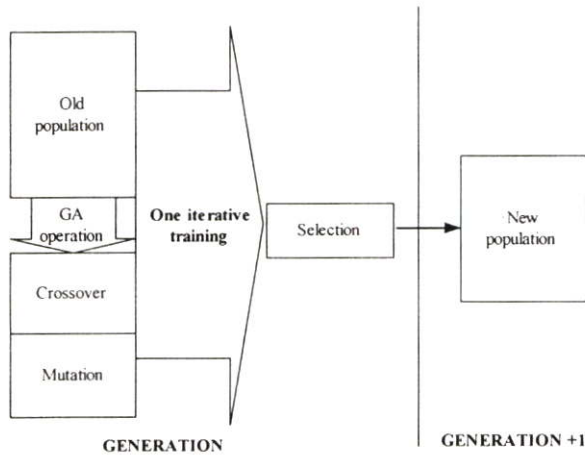
รูปที่ 4.8 โครงสร้างแบบที่ 1 การกระทำบีมวิซอัลกอริทึมกับประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรม

4.4.2 โครงสร้างแบบที่ 2 การกระทำบีมวิซอัลกอริทึมกับประชากรทั้งหมด

วัตถุประสงค์ของโครงสร้างแบบที่ 2 เพื่อต้องการทดสอบหากมีการกระทำบีมวิซอัลกอริทึมกับประชากรทั้งหมด ประชากรรูปแบบใดที่อยู่รอด ซึ่งจะทำให้สามารถค้นหารูปแบบของการกระทำบีมวิซอัลกอริทึมที่เหมาะสมได้ และทำให้เกิดรูปแบบการค้นหาคำตอบในลักษณะแบบใด

การทำงานของโครงสร้างแบบที่ 2 แสดงดังรูปที่ 4.9 ซึ่งทำงานที่คล้ายกับโครงสร้างแบบที่ 1 เริ่มต้นจากการสุ่มโครโมโซมเริ่มต้นให้แก่ประชากรเก่า นำมาคำนวณหาค่าความเหมาะสม แล้วสุ่มเลือกประชากรนำไปกระทำทางพันธุกรรม นำประชากรทั้งหมดมาปรับค่าพารามิเตอร์ด้วยกระบวนการบีมวิซอัลกอริทึม โดยประชากรแต่ละตัวจะกระทำบีมวิซอัลกอริทึมหนึ่งครั้ง แล้วคำนวณหาค่าความเหมาะสมของประชากรทั้งหมดอีกครั้ง จึงคัดเลือกประชากรที่มีค่าความเหมาะสมสูงนำไปเป็นประชากรรุ่นต่อไป

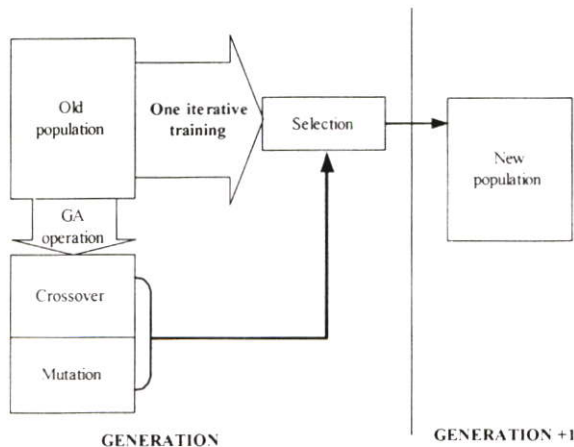
โครงสร้างแบบที่ 2 มีจำนวนการกระทำบ่มวิซัลกอริทึมในทุกๆ 10 รุ่น มีการกระทำบ่มวิซัลกอริทึมเป็นจำนวน 600 ครั้ง



รูปที่ 4.9 โครงสร้างแบบที่ 2 การกระทำบ่มวิซัลกอริทึมกับประชากรทั้งหมด

4.4.3 โครงสร้างแบบที่ 3 การกระทำบ่มวิซัลกอริทึมกับประชากรเก่า

วัตถุประสงค์ของโครงสร้างแบบที่ 3 เพื่อทดสอบการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมว่าให้ผลลัพธ์ที่ดีกว่าการกระทำบ่มวิซัลกอริทึมหรือไม่ โดยจะสังเกตประชากรในแต่ละรุ่นหากประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรมมีค่าความน่าความเหมาะสมสูงกว่าประชากรเก่าที่ได้รับการกระทำบ่มวิซัลกอริทึม ก็จะสามารถสรุปได้ว่าการใช้เจเนติกอัลกอริทึมให้ผลลัพธ์ที่ดีกว่าการกระทำบ่มวิซัลกอริทึม และทำให้เกิดรูปแบบการค้นหาคำตอบในลักษณะแบบใด



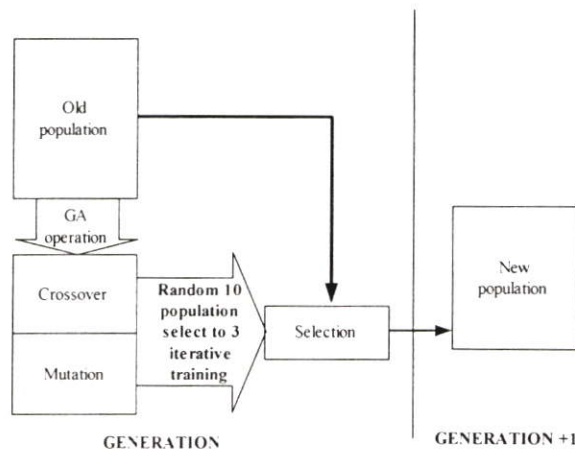
รูปที่ 4.10 โครงสร้างแบบที่ 3 การกระทำบ่มวิซัลกอริทึมกับประชากรเก่า

การทำงานของโครงสร้างแบบที่ 3 แสดงดังรูปที่ 4.10 ซึ่งการทำงานที่คล้ายกับโครงสร้างแบบที่ 1 และ 2 เริ่มต้นจากการสุ่มโครโมโซมเริ่มต้นให้แก่ประชากรเก่า นำมาคำนวณหาค่าความเหมาะสม แล้วสุ่มเลือกประชากรนำไปกระทำทางพันธุกรรม นำประชากรเก่ามาปรับค่าพารามิเตอร์ด้วยกระบวนการแบ้มวิซัลกอริทึม โดยประชากรแต่ละตัวจะกระทำแบ้มวิซัลกอริทึมหนึ่งครั้ง แล้วคำนวณหาค่าความเหมาะสมของประชากรทั้งหมดอีกครั้ง จึงคัดเลือกประชากรที่มีค่าความเหมาะสมสูงนำไปเป็นประชากรรุ่นต่อไป

โครงสร้างแบบที่ 3 มีจำนวนการกระทำแบ้มวิซัลกอริทึมในทุกๆ 10 รุ่น มีการกระทำแบ้มวิซัลกอริทึมเป็นจำนวน 300 ครั้ง

4.4.4 โครงสร้างแบบที่ 4 การสุ่มเลือกประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรมนำมากระทำแบ้มวิซัลกอริทึม

วัตถุประสงค์ของโครงสร้างแบบที่ 4 เพื่อทดสอบประชากรบางตัวที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรม เมื่อได้รับการกระทำแบ้มวิซัลกอริทึมในปริมาณที่มาก ประชากรเหล่านี้มีโอกาสอยู่รอดเป็นมาอย่างน้อยเพียงใด และมีผลกระทบอย่างไรกับประชากรที่มีค่าความเหมาะสมสูงแต่ไม่ได้มีโอกาสที่จะได้รับการกระทำแบ้มวิซัลกอริทึม ประชากรเหล่านี้มีโอกาสอยู่รอดหรือไม่ และทำให้เกิดรูปแบบการค้นหาคำตอบในลักษณะแบบใด



รูปที่ 4.11 โครงสร้างแบบที่ 4 การสุ่มเลือกประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรมนำมากระทำแบ้มวิซัลกอริทึม

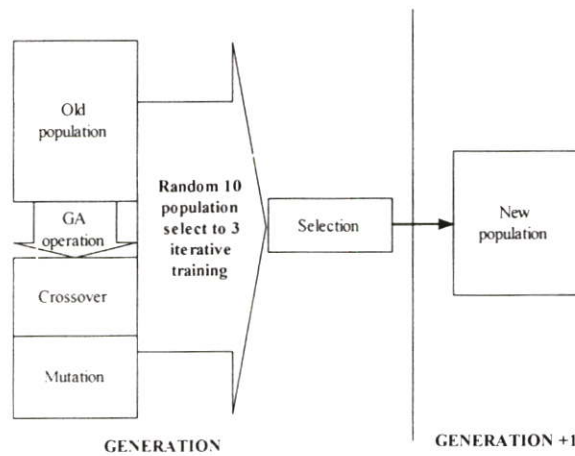
การทำงานของโครงสร้างแบบที่ 4 แสดงดังรูปที่ 4.11 ซึ่งการทำงานที่คล้ายกับโครงสร้างแบบที่ 1 เริ่มต้นจากการสุ่มโครโมโซมเริ่มต้นให้แก่ประชากรเก่า นำมาคำนวณหาค่าความเหมาะสม แล้วสุ่มเลือกประชากรนำไปกระทำทางพันธุกรรม นำประชากรที่ได้จากการกระทำทาง

พันธุกรรมสุ่มเลือกนำมาปรับค่าพารามิเตอร์ด้วยกระบวนการบ่มวิซัลกอริทึม โดยประชากรที่ถูกเลือกแต่ละตัวจะกระทำบ่มวิซัลกอริทึมสามครั้ง แล้วคำนวณหาค่าความเหมาะสมของประชากรทั้งหมดอีกครั้ง จึงคัดเลือกประชากรที่มีค่าความเหมาะสมสูงนำไปเป็นประชากรรุ่นต่อไป

โครงสร้างแบบที่ 4 มีจำนวนการกระทำบ่มวิซัลกอริทึมในทุกๆ 10 รุ่น มีการกระทำบ่มวิซัลกอริทึมเป็นจำนวน 300 ครั้ง

4.4.5 โครงสร้างแบบที่ 5 การสุ่มเลือกประชากรจากประชากรทั้งหมดนำมากระทำบ่มวิซัลกอริทึม

วัตถุประสงค์ของโครงสร้างแบบที่ 5 เพื่อทดสอบประชากรบางตัว เมื่อได้รับการกระทำบ่มวิซัลกอริทึมในปริมาณที่มาก ประชากรเหล่านี้มีโอกาสอยู่รอดเป็นมากน้อยเพียงใด และมีผลกระทบอย่างไรกับประชากรที่มีค่าความเหมาะสมสูง แต่ไม่ได้มีโอกาสที่ได้รับการกระทำบ่มวิซัลกอริทึม ประชากรเหล่านี้มีโอกาสอยู่รอดหรือไม่ และทำให้เกิดรูปแบบการค้นหาคำตอบในลักษณะแบบใด



รูปที่ 4.12 โครงสร้างแบบที่ 5 การสุ่มเลือกประชากรทั้งหมดนำมากระทำบ่มวิซัลกอริทึม

การทำงานของโครงสร้างแบบที่ 5 แสดงดังรูปที่ 4.12 ซึ่งการทำงานที่คล้ายกับโครงสร้างแบบที่ 2 เริ่มต้นจากการสุ่มโครโมโซมเริ่มต้นให้แก่ประชากรเก่า นำมาคำนวณหาค่าความเหมาะสม แล้วสุ่มเลือกประชากรนำไปกระทำทางพันธุกรรม สุ่มเลือกประชากรจากประชากรทั้งหมดนำมาปรับค่าพารามิเตอร์ด้วยกระบวนการบ่มวิซัลกอริทึม โดยประชากรที่ถูกเลือกกระทำบ่มวิซัลกอริทึมสามครั้ง แล้วคำนวณหาค่าความเหมาะสมของประชากรทั้งหมดอีกครั้ง จึงคัดเลือกประชากรที่มีค่าความเหมาะสมสูงนำไปเป็นประชากรรุ่นต่อไป

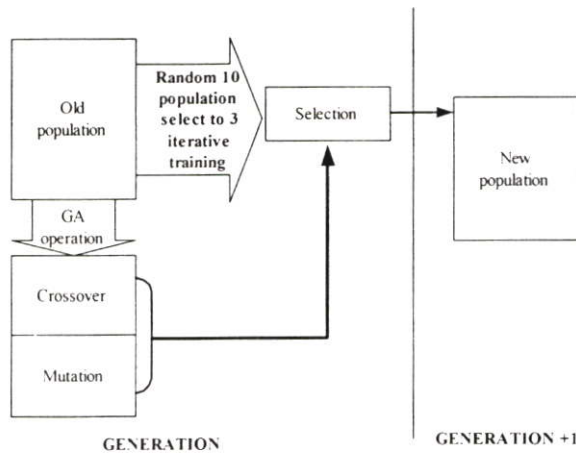
โครงสร้างแบบที่ 5 มีจำนวนการกระทำบัพวิซอัลกอริทึมในทุกๆ 10 รุ่น มีการกระทำบัพวิซอัลกอริทึมเป็นจำนวน 300 ครั้ง

4.4.6 โครงสร้างแบบที่ 6 การสุ่มเลือกประชากรเพื่อนำมากระทำบัพวิซอัลกอริทึม

วัตถุประสงค์ของโครงสร้างแบบที่ 6 เพื่อทดสอบประชากรเก่าเมื่อได้รับกระทำบัพวิซอัลกอริทึมในปริมาณที่มาก มีผลอย่างไรกับโอกาสในการอยู่รอดของประชากร ที่ไม่ได้รับการกระทำบัพวิซอัลกอริทึม และทำให้เกิดรูปแบบการค้นหาคำตอบในลักษณะแบบใด

การทำงานของโครงสร้างแบบที่ 6 แสดงดังรูปที่ 4.13 ซึ่งการทำงานที่คล้ายกับโครงสร้างแบบที่ 1 และ 2 เริ่มต้นจากการสุ่มโครโมโซมเริ่มต้นให้แก่ประชากรเก่า นำมาคำนวณหาค่าความเหมาะสม แล้วสุ่มเลือกประชากรเพื่อนำมาปรับค่าพารามิเตอร์ด้วยกระบวนการบัพวิซอัลกอริทึม โดยประชากรที่ถูกเลือกแต่ละตัวจะกระทำบัพวิซอัลกอริทึมสามครั้ง แล้วคำนวณหาค่าความเหมาะสมของประชากรทั้งหมดอีกครั้ง จึงคัดเลือกประชากรที่มีค่าความเหมาะสมสูงนำไปเป็นประชากรรุ่นต่อไป

โครงสร้างแบบที่ 6 มีจำนวนการกระทำบัพวิซอัลกอริทึมในทุกๆ 10 รุ่น มีการกระทำบัพวิซอัลกอริทึมเป็นจำนวน 300 ครั้ง



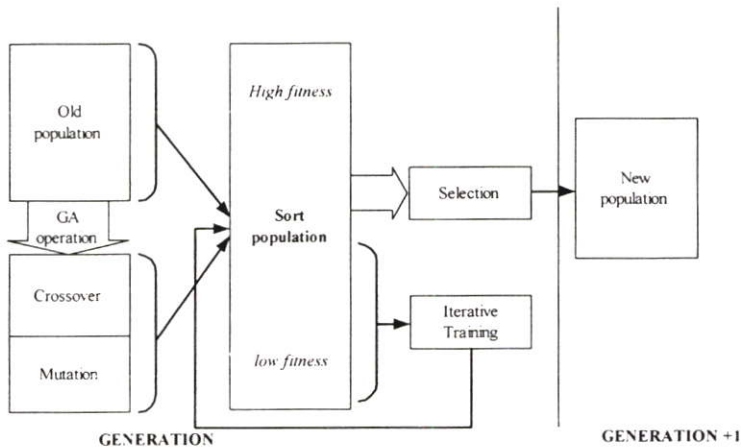
รูปที่ 4.13 โครงสร้างแบบที่ 6 การสุ่มเลือกประชากรเพื่อนำมากระทำบัพวิซอัลกอริทึม

4.4.7 โครงสร้างแบบที่ 7 การกระทำบัพวิซอัลกอริทึมกับประชากรที่มีค่าความเหมาะสมต่ำ

วัตถุประสงค์ของโครงสร้างแบบที่ 7 เพื่อทดสอบหากมีการคัดเลือกประชากรเพื่อนำไปทำกระบวนการบัพวิซอัลกอริทึม โดยพิจารณาจากค่าความเหมาะสม ประชากรเหล่านี้มีโอกาสอยู่รอดเป็นมายน้อยเพียงใด และทำให้เกิดรูปแบบการค้นหาคำตอบในลักษณะแบบใด

การทำงานของโครงสร้างแบบที่ 7 แสดงดังรูปที่ 4.14 เริ่มต้นจากการสุ่มโครโมโซมเริ่มต้นให้แก่ประชากรเก่า นำมาคำนวณหาค่าความเหมาะสม แล้วสุ่มเลือกประชากรนำไปกระทำทางพันธุกรรม จากนั้นนำประชากรทั้งหมดคือ ประชากรเก่ากับประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรมนำมาเรียงลำดับตามค่าความเหมาะสม แล้วจึงคัดเลือกประชากรที่มีค่าความเหมาะสมต่ำส่งไปกระทำกระบวนการข้ามวิอัลลอร์ทิมครั้งที่หนึ่ง โดยประชากรหนึ่งตัวถูกทำข้ามวิอัลลอร์ทิมหนึ่งครั้ง จากนั้นจึงคำนวณค่าความเหมาะสมของประชากรทั้งหมด พร้อมกับเรียงลำดับประชากรตามความเหมาะสม เลือกประชากรที่มีค่าความต่ำส่งไปทำกระบวนการข้ามวิอัลลอร์ทิมครั้งที่สอง แล้วจึงคำนวณหาค่าความเหมาะสมของประชากรทั้งหมด คัดเลือกประชากรที่มีค่าความเหมาะสมสูงเป็นประชากรในรุ่นต่อไป

โครงสร้างแบบที่ 7 มีจำนวนการกระทำข้ามวิอัลลอร์ทิมในทุกๆ 10 รุ่น มีการกระทำข้ามวิอัลลอร์ทิมเป็นจำนวน 600 ครั้ง



รูปที่ 4.14 โครงสร้างแบบที่ 7 การกระทำข้ามวิอัลลอร์ทิมกับประชากรที่มีค่าความเหมาะสมต่ำ

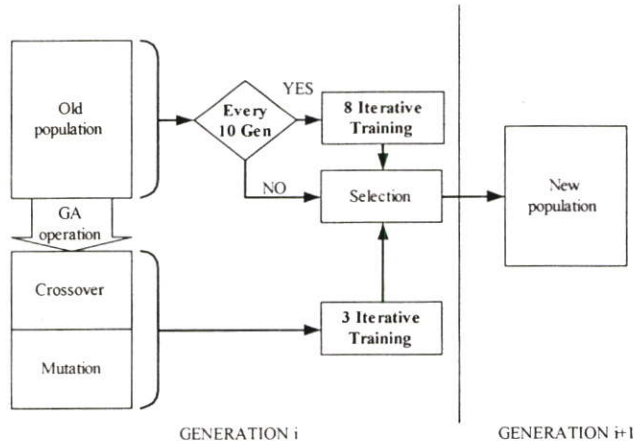
4.4.8 โครงสร้างแบบที่ 8 การกระทำข้ามวิอัลลอร์ทิมงานวิจัยที่ผ่านมา

วัตถุประสงค์ของโครงสร้างแบบที่ 8 เพื่อศึกษารูปแบบการจัดข้ามวิอัลลอร์ทิมของงานวิจัย [14] ซึ่งจะได้เปรียบเทียบกับโครงสร้างในแบบต่างๆที่งานวิจัยนี้นำเสนอ

การทำงานของโครงสร้างแบบที่ 8 แสดงดังรูปที่ 4.15 เริ่มต้นจากการสุ่มโครโมโซมเริ่มต้นให้แก่ประชากรเก่า นำมาคำนวณหาค่าความเหมาะสม แล้วสุ่มเลือกประชากรนำไปกระทำทางพันธุกรรม จากนั้นกระทำข้ามวิอัลลอร์ทิมตามเงื่อนไขโดย ประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรมนำมากระทำกระบวนการข้ามวิอัลลอร์ทิมเป็นจำนวน 3 ครั้งต่อประชากรและกระทำทุกส่วนของประชากรเก่าจะกระทำกระบวนการข้ามวิอัลลอร์ทิมเป็นจำนวน 8 ครั้งต่อประชากรโดย

กระทำบ้มีวิธอัลกอริทึมในทุกๆ 10 รุ่น แล้วจึงคัดเลือกประชากรที่มีค่าความเหมาะสมสูงนำมาเป็นประชากรรุ่นต่อไป

โครงสร้างแบบที่ 8 มีจำนวนการกระทำบ้มีวิธอัลกอริทึมในทุกๆ 10 รุ่น มีการกระทำบ้มีวิธอัลกอริทึมเป็นจำนวน 1140 ครั้ง



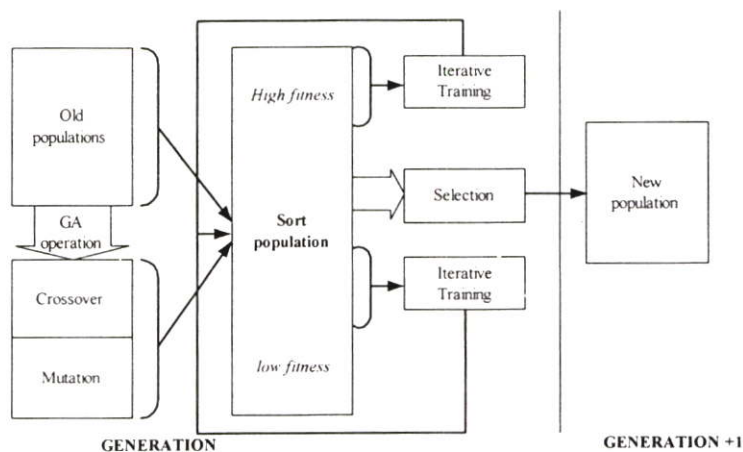
รูปที่ 4.15 โครงสร้างแบบที่ 8 กระทำบ้มีวิธอัลกอริทึมในลักษณะเดียวกับงานวิจัยของ Kwong

4.4.9 โครงสร้างแบบที่ 9 การกระทำบ้มีวิธอัลกอริทึมกับประชากรที่ค่าความเหมาะสมสูงกับความเหมาะสมปานกลาง

วัตถุประสงค์ของโครงสร้างแบบที่ 9 เพื่อทดสอบหากมีการคัดเลือกประชากรเพื่อนำไปทำกระบวนการบ้มีวิธอัลกอริทึม โดยพิจารณาจากค่าความเหมาะสม ประชากรเหล่านี้มีโอกาสอยู่รอดเป็นมากน้อยเพียงใด และทำให้เกิดรูปแบบการค้นหาคำตอบในลักษณะแบบใด

การทำงานของโครงสร้างแบบที่ 9 แสดงดังรูปที่ 4.16 เริ่มต้นจากการสุ่มโครโมโซมเริ่มต้นให้แก่ประชากรเก่า นำมาคำนวณหาค่าความเหมาะสม แล้วสุ่มเลือกประชากรนำไปกระทำทางพันธุกรรม จากนั้นนำประชากรทั้งหมดคือ ประชากรเก่ากับประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรมนำมาเรียงลำดับตามค่าความเหมาะสม แล้วจึงคัดเลือกประชากรที่มีค่าความเหมาะสมสูงคือ ประชากรลำดับ 1 ถึง 15 และประชากรที่มีค่าความเหมาะสมต่ำลำดับ 30 ถึง 45 ส่งไปกระทำกระบวนการบ้มีวิธอัลกอริทึมครั้งที่หนึ่ง โดยประชากรหนึ่งตัวถูกทำบ้มีวิธอัลกอริทึมหนึ่งครั้ง จากนั้นจึงคำนวณค่าความเหมาะสมของประชากรทั้งหมด พร้อมกับเรียงลำดับประชากรตามความเหมาะสม เลือกประชากรที่มีค่าความเหมาะสมสูงกับความเหมาะสมต่ำส่งไปทำกระบวนการบ้มีวิธอัลกอริทึมครั้งที่สอง แล้วจึงคำนวณหาค่าความเหมาะสมของประชากรทั้งหมด คัดเลือกประชากรที่มีค่าความเหมาะสมสูงเป็นประชากรในรุ่นต่อไป

โครงสร้างแบบที่ 9 มีจำนวนการกระทำบัพวิอัลกอริทึมในทุกๆ 10 รุ่น มีการกระทำบัพวิอัลกอริทึมเป็นจำนวน 600 ครั้ง

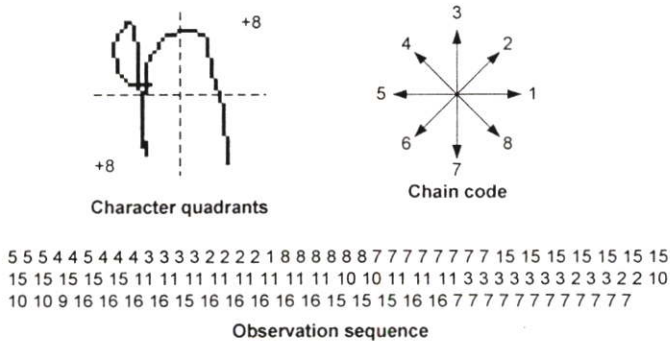


รูปที่ 4.16 โครงสร้างแบบที่ 9 การกระทำบัพวิอัลกอริทึมกับประชากรที่ค่าความเหมาะสมสูงกับค่าความเหมาะสมปานกลาง

4.5 ข้อมูลที่สอนให้แก่อิดเดนมาร์คอฟโมเดลและพารามิเตอร์ที่ใช้ในการทดลอง

ในงานวิจัยที่ทดสอบการรู้จำของอิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้ ข้อมูลจากลายมือเขียนอักษรไทยแบบออนไลน์ โดยใช้รหัสลูกโซ่และการแบ่งส่วนตัวอักษรเป็นลักษณะเด่นของตัวอักษร รหัสลูกโซ่เป็นทิศทางของการเคลื่อนที่ได้จากการเขียนตัวอักษร แต่เนื่องจากตัวอักษรภาษาไทยมีลักษณะเด่นที่ใช้ในการแบ่งแยกคือ ตำแหน่งส่วนหัวของตัวอักษร หากใช้เพียงรหัสลูกโซ่เพียงอย่างเดียวจะทำให้ลักษณะเด่นที่ใช้ในการแบ่งแยกตัวอักษรมีไม่เพียงพอ ซึ่งเป็นผลทำให้ค่าเปอร์เซ็นต์การรู้จำตัวอักษรมีค่าต่ำ การแบ่งส่วนตัวอักษรจะกระทำเมื่อเขียนตัวอักษรเสร็จหนึ่งตัว โดยทำการวัดและแบ่งส่วนตัวอักษรออกเป็นสี่ส่วน แล้วจึงทำการบวกค่าเลขที่ใช้บ่งบอกว่า รหัสลูกโซ่นี้อยู่ที่ส่วนใด ดังรูปที่ 4.17 เป็นรูปตัวอักษร “ท” แบ่งออกเป็นสี่ส่วน โดยส่วนบนด้านขวามือรหัสลูกโซ่ที่ได้จะเป็นค่าทิศทางของรหัสลูกโซ่บวกด้วยแปด และส่วนล่างซ้ายรหัสลูกโซ่ที่ได้จะเป็นค่าทิศทางของรหัสลูกโซ่บวกด้วยแปดเช่นกัน ดังนั้นด้วยวิธีการนี้จึงได้ลำดับของค่าที่ปรากฏที่ป้อนให้แก่อิดเดนมาร์คอฟโมเดลของตัวอักษร “ท”

จากข้อมูลลายมือเขียนอักษรไทย ซึ่งได้จากการใช้รหัสลูกโซ่และการแบ่งส่วนตัวอักษรเป็นลักษณะเด่น จึงทำให้จำนวนค่าที่ปรากฏที่สอนให้แก่อิดเดนมาร์คอฟโมเดลมีจำนวน 16 ค่า ตั้งแต่ 1 ถึง 16 และเมื่อมีการเขียนตัวอักษรไทยแต่ละตัวจะมีความยาวของลำดับของค่าที่ปรากฏที่ไม่เท่ากัน ดังนั้นความยาวของลำดับของค่าที่ปรากฏจึงจำเป็นต้องมีการสุ่มใหม่ โดยกำหนดให้ความยาวของลำดับของค่าที่ปรากฏอยู่ที่ 200 ตัว



รูปที่ 4.17 ตัวอย่างค่าที่ปรากฏที่ใช้ในการสอนฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล

ก ข ข ก ง จ ฉ ช ฌ ฎ ฏ ฒ ณ ด ต อ ท ท ษ น บ ป ผ ฝ พ ฟ ภ ม ย ร ล ว ห พ อ ฮ

รูปที่ 4.18 ตัวอักษรไทย 38 ตัวที่ใช้ในการสอน

ข้อมูลของตัวอักษรทั้งหมดที่ใช้ในการทดลองนี้แบ่งออกเป็นสองส่วนคือ

- ข้อมูลตัวอักษรที่ใช้ในการสอนให้แก่ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล เป็นข้อมูลของตัวอักษรไทย 38 ตัวแสดงดังรูปที่ 4.18 มีจำนวนตัวอักษรทั้งหมด 3839 ตัวอักษร เป็นข้อมูลที่เขียนเพียงคนเดียว
- ข้อมูลตัวอักษรที่ใช้ในการทดสอบหาอัตราการเรียนรู้ จำ เป็นข้อมูลของตัวอักษรไทย 38 ตัว โดยเป็นข้อมูลจากผู้เขียนทั้งหมดสามคน ประกอบด้วย
 - ข้อมูลชุดที่หนึ่งมีจำนวน 2322 ตัวอักษร Test pattern 1
 - ข้อมูลชุดที่สองมีจำนวน 1692 ตัวอักษร Test pattern 2
 - ข้อมูลชุดที่สามมีจำนวน 1319 ตัวอักษร Test pattern 3
 - ข้อมูลที่ใช้ในการสอน 3839 ตัวอักษร ตัวอักษรนำมาทดสอบหาอัตราการเรียนรู้ด้วย Train pattern

ในงานวิจัยนี้มีพารามิเตอร์ของฮิคเคนมาร์คอฟโมเดลที่ใช้ในการทดลองประกอบด้วย

- จำนวนสเตทของฮิคเคนมาร์คอฟ 30 สเตท
- จำนวนสเตทของค่าที่ปรากฏ 16 สเตท
- ความยาวของค่าที่ปรากฏ 200 ตัว
- วงรอบในการสอนด้วยบัมวิซัลกอริทึม 2000 รอบ

พารามิเตอร์ของเจเนติกอัลกอริทึมที่ใช้ในการสอนประกอบด้วย

- จำนวนประชากรสูงสุด 30 กับ 100 ประชากร
- ค่าความน่าจะเป็นในการครอสโอเวอร์ 10 เปอร์เซ็นต์
- ค่าความน่าจะเป็นในการมิวเตชัน 0.7 เปอร์เซ็นต์
- จำนวนรุ่นวิธีเจเนติกอัลกอริทึม 4000 รุ่น
- จำนวนรุ่นวิธีเจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับบัมวิซัลกอริทึม 100 รุ่น

บทที่ 5

ผลการทดลอง

ผลการทดลองประกอบด้วย ผลการปรับพารามิเตอร์ฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้บมวิซอัลกอริทึม, เจเนติกอัลกอริทึม และเจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับบมวิซอัลกอริทึม โดยนำเสนอผลการทดลองโดยการเปรียบเทียบแต่ละวิธีการ โดยอธิบายพารามิเตอร์เงื่อนไขในการทดลอง ผลการทดลอง วิเคราะห์ผลการทดลอง และแนวคิดที่ได้จากการทดลอง ผลลัพธ์ที่ได้จากการทดลองมีดังนี้

5.1 ผลการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึม

ผลการทดลองนี้ได้จากการใช้เจเนติกอัลกอริทึมขนาด 30 ประชากรกับ 100 ประชากร เปรียบเทียบกับการใช้บมวิซอัลกอริทึม ปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล โดยผลการทดลองมีดังนี้

5.1.1 เปรียบเทียบผลการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึมระหว่าง 30 ประชากรกับ 100 ประชากร

เงื่อนไขที่ใช้ในการทดลอง การเปรียบเทียบนี้กำหนดจำนวนรุ่นสูงสุดที่ 1000 รุ่น ทั้งวิธีการเจเนติกอัลกอริทึม 30 ประชากรและ 100 ประชากร แล้วเปรียบเทียบด้วยค่าความน่าจะเป็น ส่วนการเปรียบเทียบด้วยค่าเปอร์เซ็นต์การรู้จำ พบข้อจำกัดในการทดลองคือ ระยะเวลาที่ใช้ในการสอนซึ่งไม่สามารถทำการสอนเป็นระยะเวลานานได้ จึงทำให้เจเนติกอัลกอริทึม 100 ประชากรสอนได้สูงสุดที่ 1000 รุ่น และเจเนติกอัลกอริทึม 30 ประชากรสอนได้สูงสุดที่ 4000 รุ่น

ผลการทดลอง เมื่อนำทั้งสองวิธีมาเปรียบเทียบด้วยค่าความน่า 1000 รุ่น ซึ่งแสดงดังรูปที่ 5.1 พบว่าการใช้ เจเนติกอัลกอริทึม 100 ประชากรให้ผลลัพธ์ของค่าความน่าจะเป็นของตัวอักษรสูงกว่าการใช้เจเนติกอัลกอริทึม 30 ประชากร อย่างไรก็ตามจำนวนประชากรที่เพิ่มขึ้นก็เป็นผลทำให้ระยะเวลาในการคำนวณสูงขึ้น โดยระยะเวลาในการคำนวณที่เพิ่มขึ้นเป็นสัดส่วนกับจำนวนประชากร เจเนติกอัลกอริทึม 30 ประชากรใช้ระยะเวลาคำนวณประมาณ 7 วินาทีต่อรุ่น และเจเนติกอัลกอริทึม 100 ประชากรใช้ระยะเวลาคำนวณประมาณ 23 วินาทีต่อรุ่น ระยะเวลาในการคำนวณเพิ่มขึ้นเป็น 3.3 เท่า การเปรียบเทียบเปอร์เซ็นต์การรู้จำแสดงดังตารางที่ 5.1 เปอร์เซ็นต์การรู้จำของเจเนติกอัลกอริทึม 30 ประชากรให้ผลลัพธ์ที่ดีกว่าวิธีการเจเนติกอัลกอริทึม 100 ประชากร

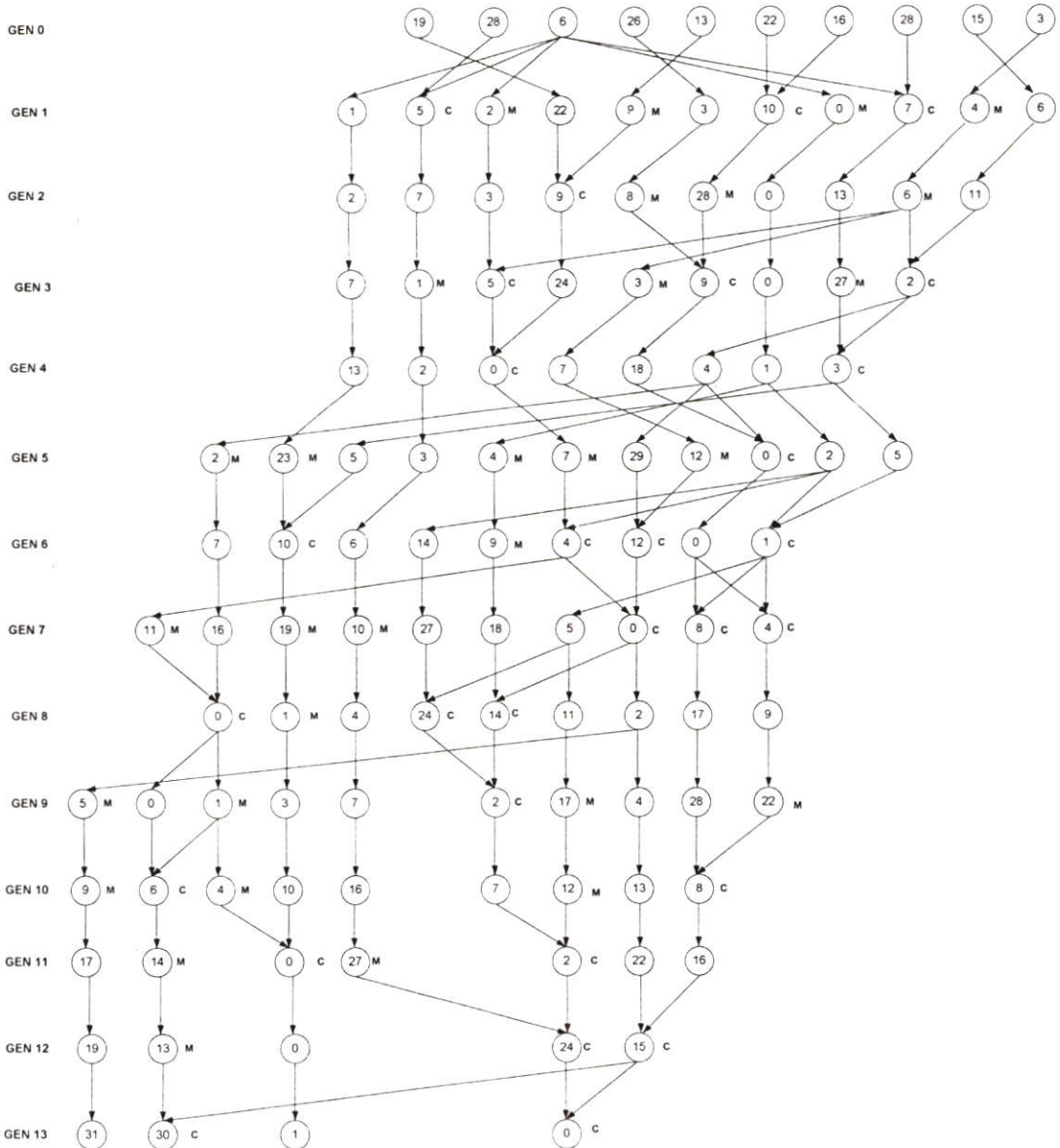
ตารางที่ 5.2 จำนวนการกระทำทางพันธุกรรมของเจนติกอัลกอริทึม 30 ประชากร

	การกระทำทางพันธุกรรม จากประชากรรุ่น 13 ถึงประชากรรุ่นแรก ของเจนติกอัลกอริทึม 30 ประชากร
ประชากรลำดับ 0	
จำนวนการครอสโอเวอร์	24
จำนวนการมิวเตชัน	19
จำนวนประชากรตลอดเส้นทาง	90
ประชากรลำดับ 30	
จำนวนการครอสโอเวอร์	20
จำนวนการมิวเตชัน	14
จำนวนประชากรตลอดเส้นทาง	71

จากรูปที่ 5.3 พิสูจน์ให้เห็นว่าการครอสโอเวอร์และการมิวเตชันทำให้เกิดทั้งประชากรที่ดีและประชากรที่ไม่ดี

- ตัวอย่างประชากรที่ครอสโอเวอร์แล้วที่ได้ผลลัพธ์ที่ดีขึ้น ในรุ่นที่ 7 ลำดับ 0 ได้จากการครอสโอเวอร์จากประชากรรุ่นที่ 6 ลำดับ 4 กับ 12
- ตัวอย่างประชากรที่ครอสโอเวอร์แล้วที่ได้ผลลัพธ์ที่ไม่ดีขึ้น ในรุ่นที่ 7 ลำดับ 4 ได้จากการครอสโอเวอร์จากประชากรรุ่นที่ 6 ลำดับ 0 กับ 1
- ตัวอย่างการมิวเตชันที่ให้ผลลัพธ์ไม่ดีขึ้น ในรุ่นที่ 11 ลำดับ 27 ได้จากการมิวเตชันจากประชากรรุ่นที่ 10 ลำดับที่ 16
- และตัวอย่างการมิวเตชันที่ให้ผลลัพธ์ที่ดีขึ้น ในรุ่นที่ 3 ลำดับ 1 ได้จากการมิวเตชันจากประชากรรุ่นที่ 2 ลำดับ 7

แนวคิดที่ได้จากการทดลอง เจนติกอัลกอริทึมค้นหาคำตอบโดยพิจารณาจากประชากรหลายๆตัวซึ่งสังเกตได้จากเส้นทางการค้นหาคำตอบในรูปที่ 5.3 ดังนั้นโอกาสในการค้นหาคำตอบจึงดีกว่าวิธีการบัพวิซัลกอริทึม เพราะบัพวิซัลกอริทึมสุ่มค่าพารามิเตอร์เพียงครั้งเดียว แล้วใช้กระบวนการรีเอสทิเมชันปรับพารามิเตอร์ทำให้โอกาสในการค้นหาคำตอบมีขอบเขตที่จำกัด



รูปที่ 5.3 แสดงการอยู่รอดของประชากร 14 รุ่นจากการสอนโดยเจเนติกอัลกอริทึม 30 ประชากร

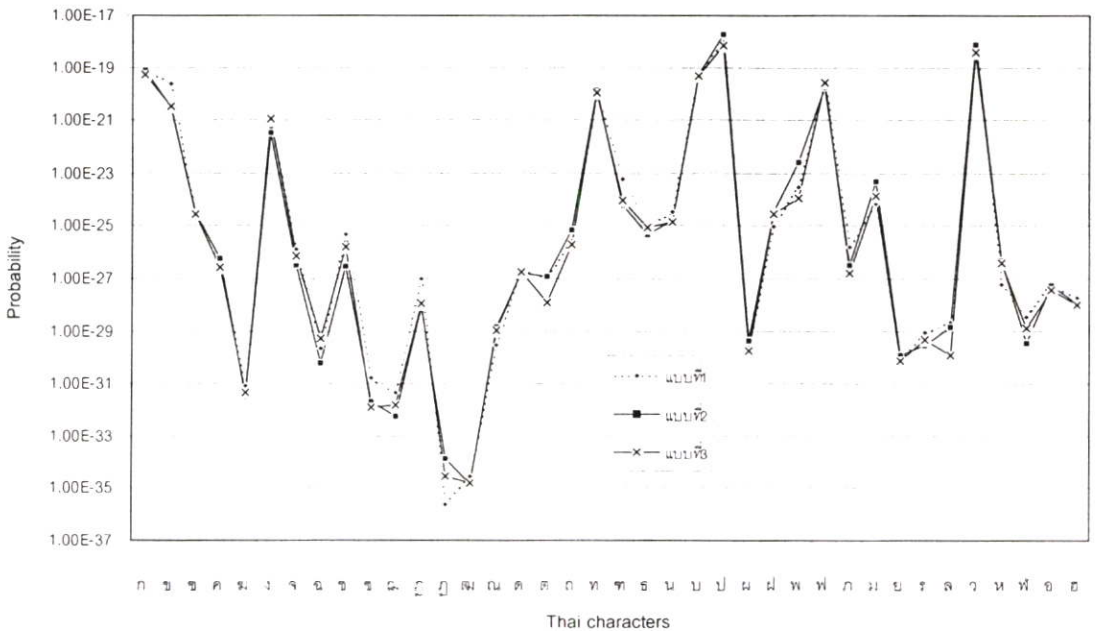
5.2 ผลการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับบัพวิซอัลกอริทึม

ผลการทดลอง การปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับวิธีบัพวิซอัลกอริทึมแบ่งการทดลองออกเป็น 3 ลักษณะคือ การกระทำบัพวิซอัลกอริทึมในทุกประชากร, การสุ่มเลือกประชากรเพื่อนำมากระทำบัพวิซอัลกอริทึม และการกระทำบัพวิซอัลกอริทึมในรูปแบบอื่นๆ ซึ่งรายละเอียดได้นำเสนอไปแล้วในหัวข้อที่ 4.4

5.2.1. การกระทำบัพมิชอัลกอริทึมทุกประชากร

เงื่อนไขในการทดลอง การกระทำบัพมิชอัลกอริทึมทุกประชากรมีโครงสร้างทั้งหมด 3 แบบ โดยโครงสร้างแบบที่ 1 การกระทำบัพมิชอัลกอริทึมกับประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรม โครงสร้างแบบที่ 2 การกระทำบัพมิชอัลกอริทึมกับประชากรทั้งหมด และ โครงสร้างแบบที่ 3 การกระทำบัพมิชอัลกอริทึมกับประชากรเก่า วิธีการเหล่านี้ใช้เจเนติกอัลกอริทึม 30 ประชากรโดยสอนเป็นจำนวน 100 รุ่น แล้วเปรียบเทียบด้วยค่าความน่าจะเป็น, ค่าเปอร์เซ็นต์การรู้จำ และผลการกระทำทางพันธุกรรม

ผลการทดลอง การเปรียบเทียบค่าความน่าจะเป็นแสดงดังรูปที่ 5.4 พบว่าค่าความน่าจะเป็นที่ได้จากโครงสร้างทั้งสามแบบนี้มีค่าใกล้เคียงกันมาก จึงจำเป็นต้องสังเกตจากผลเปอร์เซ็นต์การรู้จำในตารางที่ 5.3 พบว่าโครงสร้างแบบที่ 2 ซึ่งกระทำบัพมิชอัลกอริทึมกับประชากรทุกตัว ให้ผลเปอร์เซ็นต์การรู้จำสูงกว่าโครงสร้างแบบที่ 1 กับ 3 อย่างไรก็ตามยังไม่สามารถกล่าวได้ว่าโครงสร้างแบบที่ 2 นั้นดีกว่าแบบอื่นๆ ยังคงต้องดูถึงผลการกระทำทางพันธุกรรม จากรูปที่ 5.5 ถึง 5.7



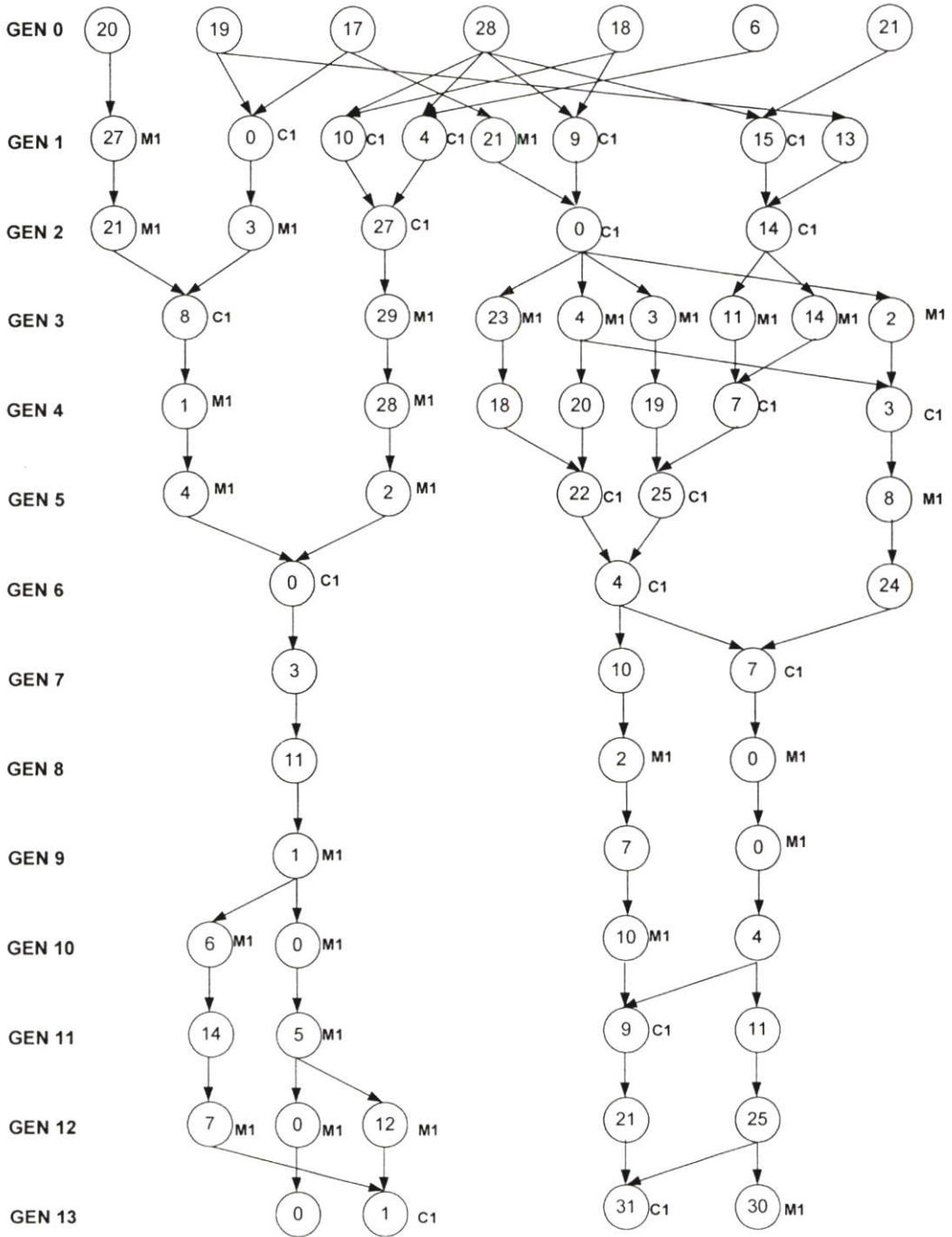
รูปที่ 5.4 กราฟเปรียบเทียบค่าความน่าจะเป็นของตัวอักษรไทยจากโครงสร้างแบบที่ 1 ถึง 3

ตารางที่ 5.3 แสดงค่าความน่าจะเป็นและผลการรู้จำของโครงสร้างแบบที่ 1 ถึง 3

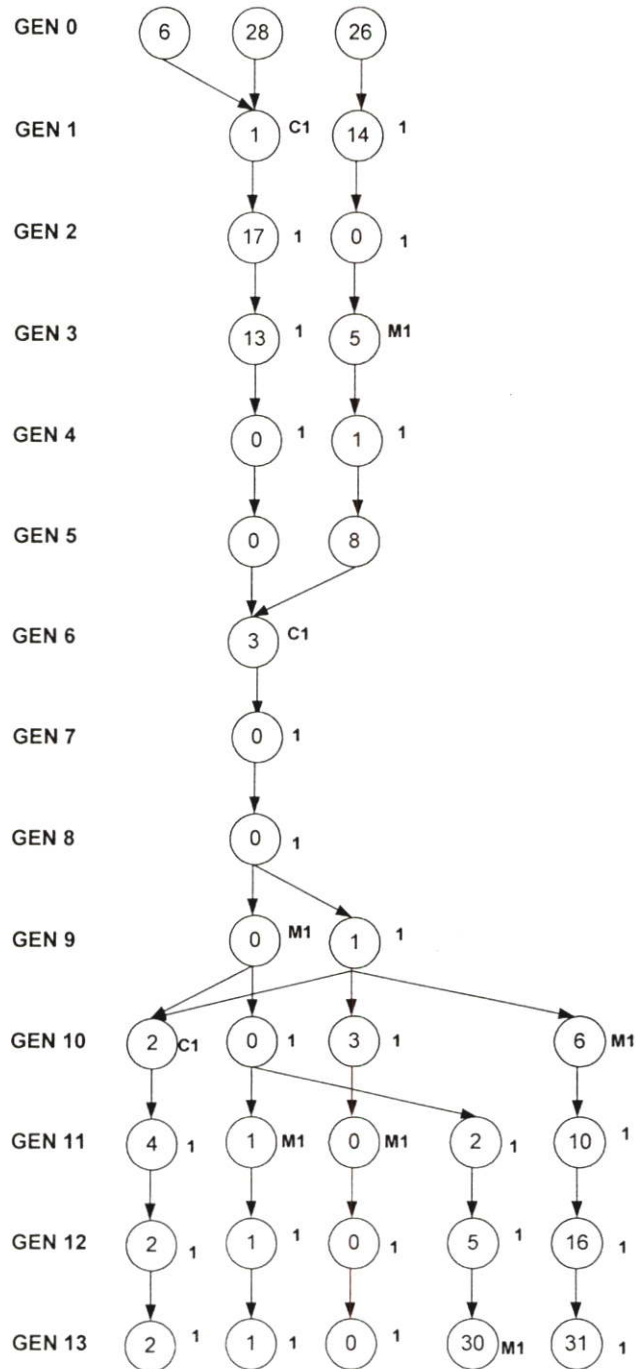
	วิธีการปรับพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล		
	โครงสร้างแบบที่ 1	โครงสร้างแบบที่ 2	โครงสร้างแบบที่ 3
ค่าความน่าจะเป็น			
ค่าเฉลี่ย	1.20E-26	9.17E-27	7.36E-27
ค่าต่ำสุด	2.44E-36	1.38E-35	1.62E-35
ค่าสูงสุด	9.37E-19	1.91E-18	7.06E-19
เปอร์เซ็นต์การรู้จำ			
ข้อมูลที่ใช้ในการสอน	97.40%	98.72%	97.29%
ข้อมูลทดสอบ 1	81.61%	81.35%	81.52%
ข้อมูลทดสอบ 2	51.60%	47.34%	48.29%
ข้อมูลทดสอบ 3	47.67%	49.20%	48.98%

ผลการกระทำทางพันธุกรรม จากข้อมูลของตัวอักษร “ก” ตรวจสอบจากเส้นทางการกระทำทางพันธุกรรมด้วยวิธีการแบบเดียวกับหัวข้อที่ 5.1.2 โดยตรวจสอบจากประชากรลำดับที่ 0 ถึง 30 ในรุ่นที่ 13 ย้อนกลับจนถึงประชากรรุ่นแรก โดยผลลัพธ์ที่ได้แสดงดังรูปที่ 5.5 ถึงรูปที่ 5.7 และจำนวนการกระทำทางพันธุกรรมแสดงดังตารางที่ 5.4

จากรูปที่ 5.5 เป็นการกระทำข้ามวิธอัลกอริทึมกับประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรม ส่งผลให้ประชากรใหม่ที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรมเหล่านี้มีโอกาสในการอยู่รอดสูง และพบว่าคำตอบของปัญหาได้มาจาก การกระทำทางพันธุกรรมร่วมกับการกระทำข้ามวิธอัลกอริทึม ซึ่งทำให้เกิดการกระจายโอกาสในการค้นหาคำตอบ

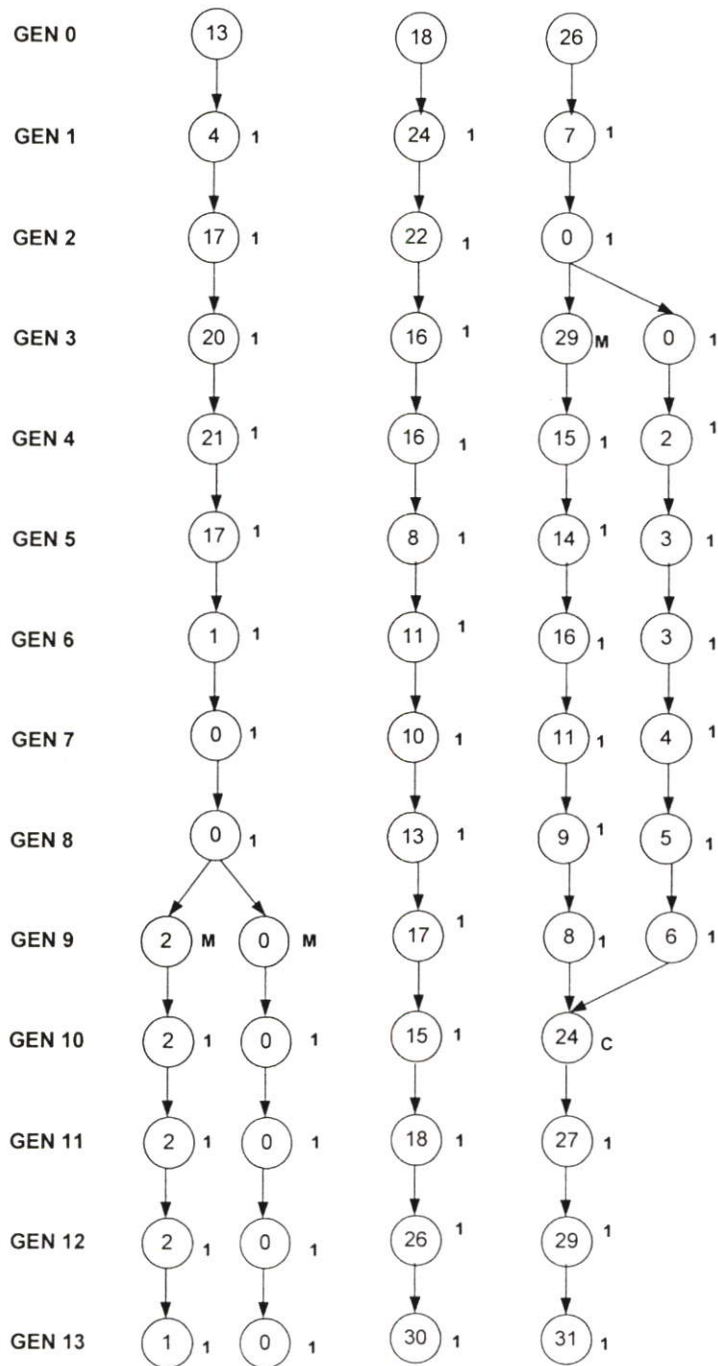


รูปที่ 5.5 แสดงการอยู่รอดของประชากร 14 รุ่นจากการสอนด้วยโครงสร้างแบบที่ 1



รูปที่ 5.6 แสดงการอยู่รอดของประชากร 14 รุ่นจากการสอนด้วยโครงสร้างแบบที่ 2

จากรูปที่ 5.6 เป็นการกระทำบ่มวิษอัลกอริทึมกับประชากรทุกตัว พบว่าคำตอบของปัญหาได้มาจากการกระทำบ่มวิษอัลกอริทึมมากกว่าการกระทำทางพันธุกรรม และการกระทำบ่มวิษอัลกอริทึมในแต่ละครั้งค่าความน่าจะเป็นมีการเปลี่ยนแปลงอย่างมาก ดังเช่น รุ่นที่ 4 ลำดับ 0 ได้มาจากการกระทำบ่มวิษ อัลกอริทึมในรุ่นที่ 3 ลำดับ 13 โดยมีการเปลี่ยนลำดับจาก 13 ไปเป็นลำดับ 0



รูปที่ 5.7 แสดงการอยู่รอดของประชากร 14 รุ่นจากการสอนด้วยโครงสร้างแบบที่ 3 .

จากรูปที่ 5.7 กระทำบ่มวิษัลดกิริทิมกับประชากรเก่า พบว่าคำตอบที่ได้มาจากการกระทำบ่มวิษัลดกิริทิม มากกว่าการกระทำทางพันธุกรรม

ตารางที่ 5.4 จำนวนการกระทำทางพันธุกรรมของโครงสร้างแบบที่ 1 ถึง 3

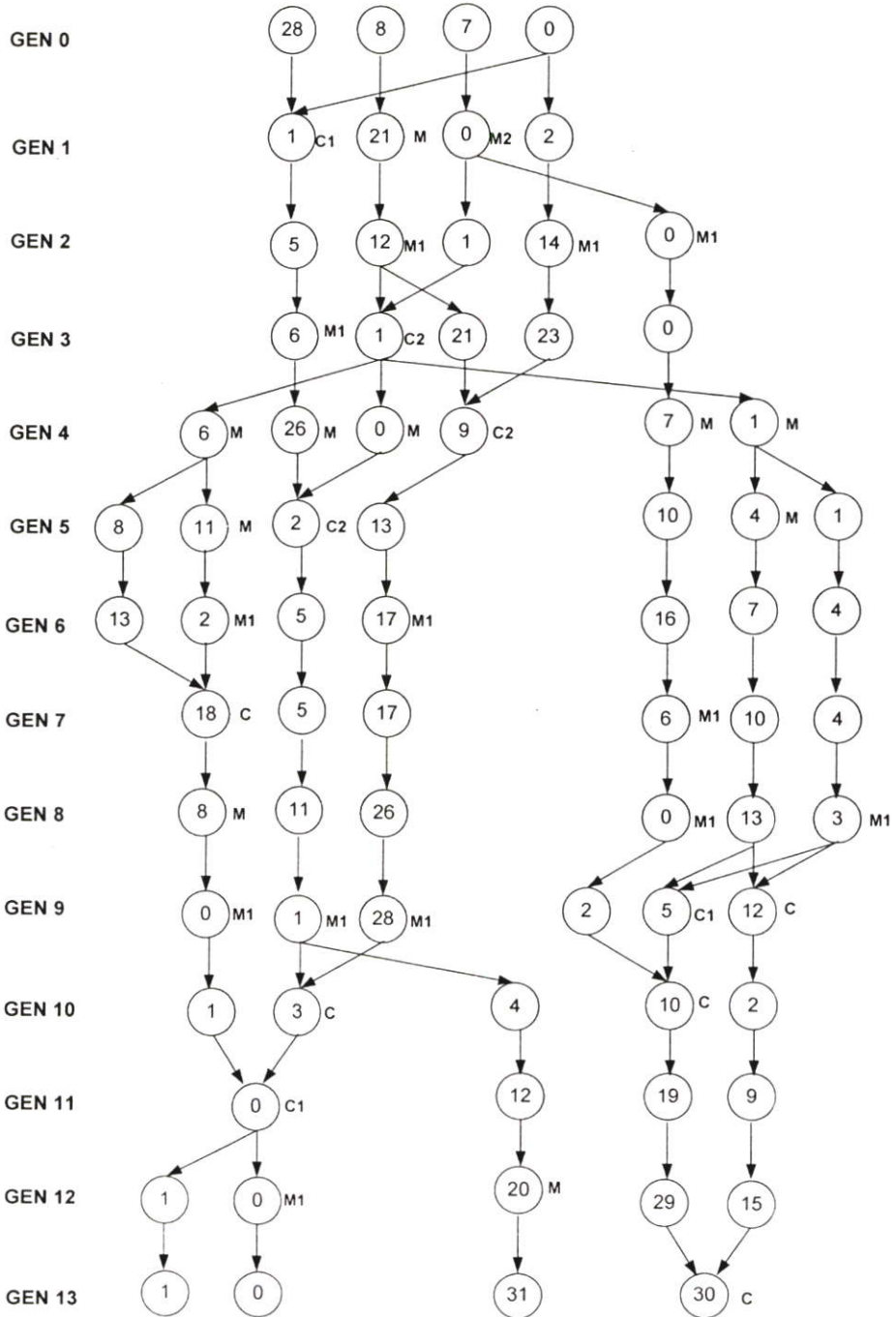
	การกระทำทางพันธุกรรม จากประชากรรุ่น 13 ถึงประชากรรุ่นแรก		
	โครงสร้างแบบที่ 1	โครงสร้างแบบที่ 2	โครงสร้างแบบที่ 3
ประชากรลำดับ 0			
จำนวนการครอสโอเวอร์	6	2	0
จำนวนการมิวเตชัน	14	2	1
จำนวนการกระทำข้ามวิช	18	16	12
จำนวนประชากรตลอดเส้นทาง	27	21	14
ประชากรลำดับ 30			
จำนวนการครอสโอเวอร์	10	2	0
จำนวนการมิวเตชัน	11	3	0
จำนวนการกระทำข้ามวิช	21	16	13
จำนวนประชากรตลอดเส้นทาง	34	21	14

เมื่อเปรียบเทียบจำนวนการกระทำทางพันธุกรรมจากตารางที่ 5.4 กับค่าความน่าจะเป็นและค่าเปอร์เซ็นต์การรู้จำจากตารางที่ 5.3 อาจจะเปรียบเทียบได้สองลักษณะคือ

- เปรียบเทียบจากค่าเฉลี่ยของค่าความน่าจะเป็น พบว่าโครงสร้างแบบที่ 1 ได้ค่าเฉลี่ยของค่าความน่าจะเป็นสูงกว่าโครงสร้างแบบอื่นๆ ซึ่งเกิดจากโครงสร้างแบบนี้มีจำนวนการกระทำข้ามวิชอัลกอริทึมและการกระทำทางพันธุกรรม ในปริมาณที่มากกว่าโครงสร้างแบบอื่นๆ ซึ่งดูได้จากตารางที่ 5.4
- เปรียบเทียบจากค่าเปอร์เซ็นต์การรู้จำ พบว่าโครงสร้างแบบที่ 2 ได้ค่าเปอร์เซ็นต์การรู้จำสูงกว่าโครงสร้างแบบอื่นๆ ซึ่งเกิดจากโครงสร้างแบบนี้มีการกระทำข้ามวิชอัลกอริทึมปริมาณมาก แต่ยังมี การกระทำทางพันธุกรรมอยู่บ้าง จึงมีลักษณะการค้นหาในแบบ Local search และในบางโอกาสก็นำเอาการค้นหาระดับโกลบอลมาช่วยปรับพารามิเตอร์

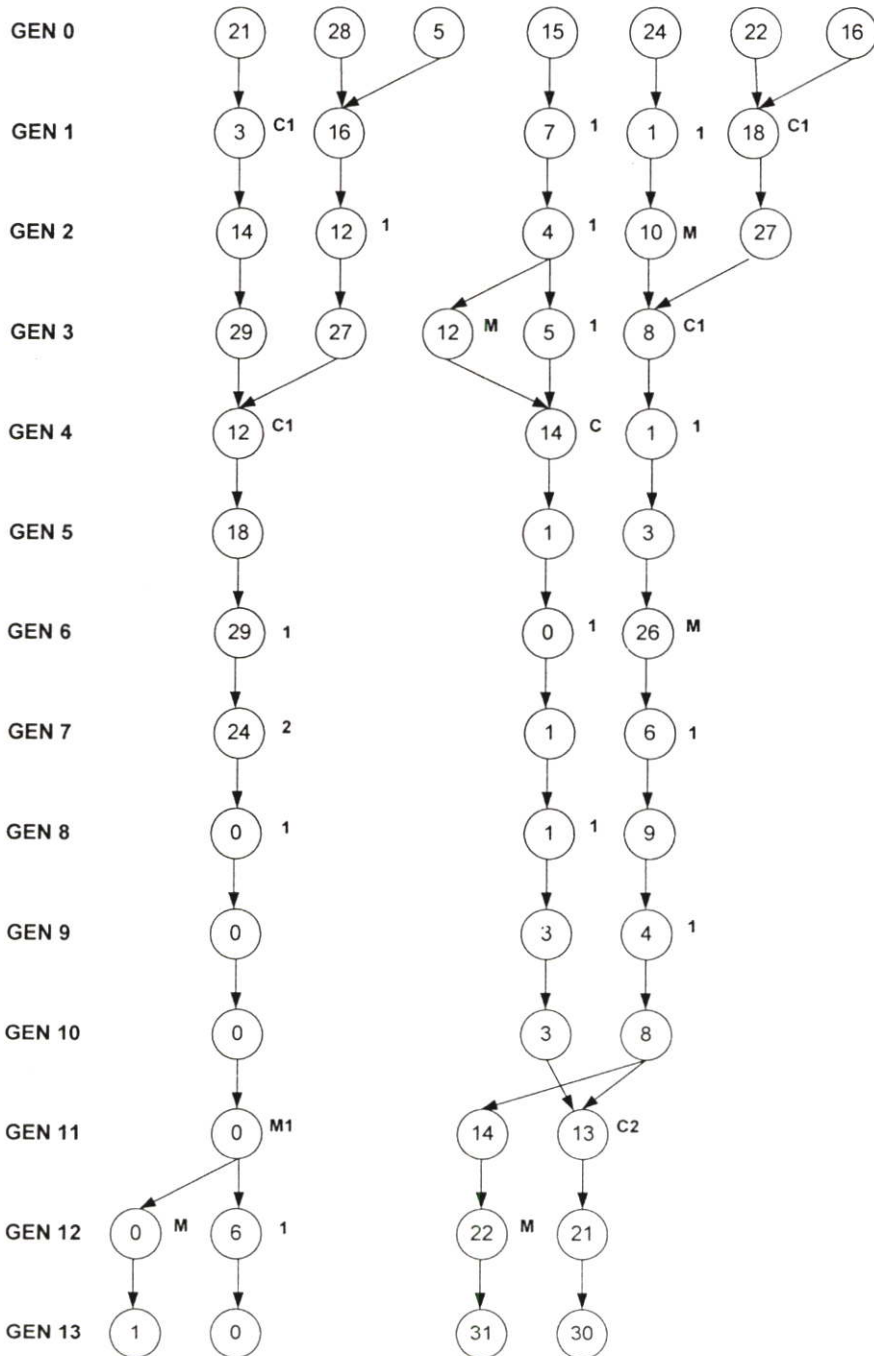
สิ่งที่ได้จากการทดลอง ประชากรเมื่อผ่านการกระทำทางพันธุกรรมแล้ว ควรจะมีการปรับพารามิเตอร์ในระดับหนึ่งก่อน ด้วยการกระทำข้ามวิชอัลกอริทึม แต่หากกระทำข้ามวิชอัลกอริทึมกับประชากรเก่ามากเกินไป อาจจะทำให้เกิดการค้นหาคำตอบในลักษณะ Local search

ผลการทดลอง การเปรียบเทียบค่าความน่าจะเป็นแสดงดังรูปที่ 5.8 พบว่าค่าความน่าจะเป็นที่ได้จากโครงสร้างทั้งสามแบบนี้มีค่าใกล้เคียงกันมาก จึงต้องพิจารณาจากผลเปอร์เซ็นต์การรู้จำในตารางที่ 5.5 และผลการกระทำทางพันธุกรรมจากรูปที่ 5.9 ถึง 5.11



รูปที่ 5.9 แสดงการอยู่รอดของประชากร 14 รุ่นจากการสอนด้วยโครงสร้างแบบที่ 4

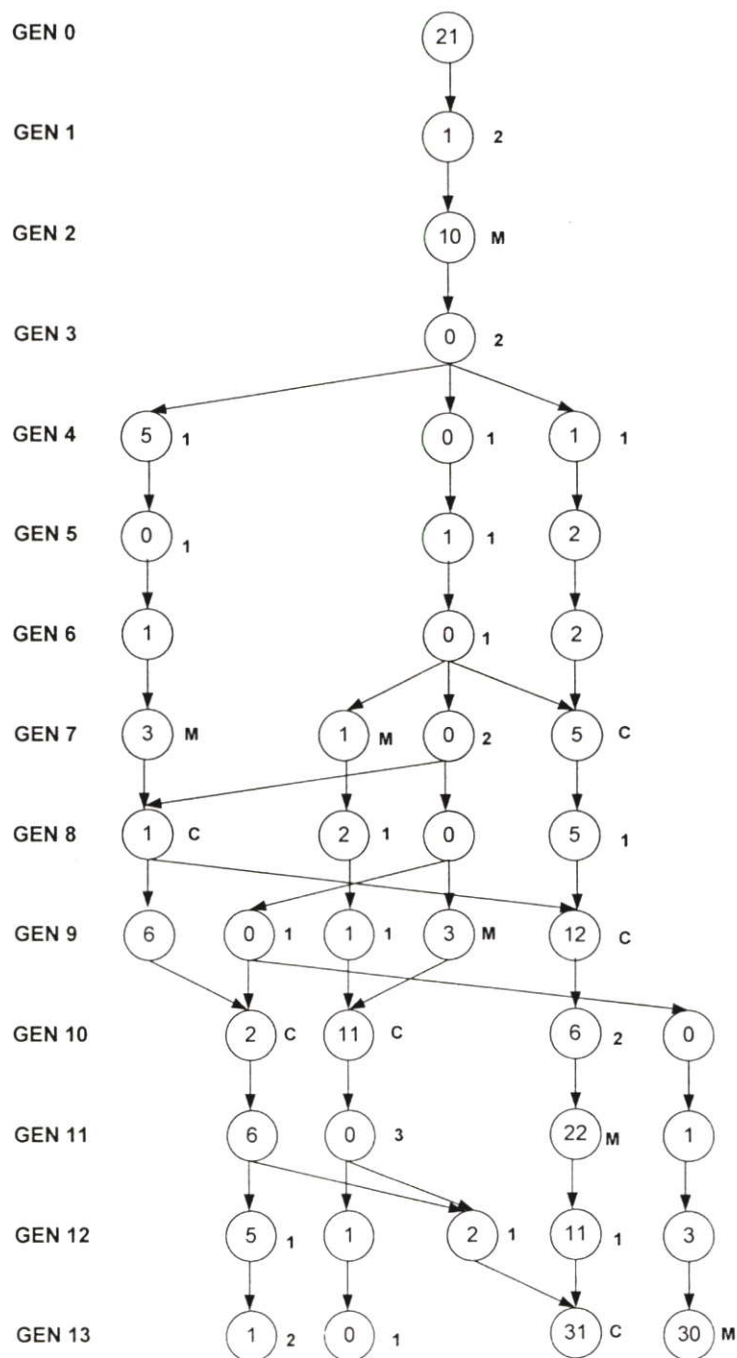
จากรูปที่ 5.9 เป็นการสุ่มเลือกประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรม นำมากระทำข้ามวิอัลลอร์ทิม ซึ่งเมื่อสังเกตผลที่ได้มีลักษณะที่คล้ายกับโครงสร้างแบบที่ 1 ในรูปที่ 5.5 กล่าวคือ คำตอบของปัญหาได้จากการกระทำทางพันธุกรรมร่วมกับการกระทำข้ามวิอัลลอร์ทิม



รูปที่ 5.10 แสดงการอยู่รอดของประชากร 14 รุ่นจากการสอนด้วยโครงสร้างแบบที่ 5

จากรูปที่ 5.10 เป็นการสุ่มเลือกประชากรจากประชากรทั้งหมด นำมากระทำข้ามวิอัลลอร์ทิม จากรูปพบว่าประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรม ที่สามารถอยู่รอดได้จำเป็น

ต้องมีการกระทำบัพวิซัลกอริทึม เช่น ประชากรรุ่นที่ 2 ลำดับ 4 เมื่อมีการมิวเตชันทำให้ได้ค่าความน่าจะเป็นต่ำลง จึงย้ายอยู่ในลำดับที่ 13 ในรุ่นที่ 3



รูปที่ 5.11 แสดงการอยู่รอดของประชากร 14 รุ่นจากการสอนด้วยโครงสร้างแบบที่ 6

จากรูปที่ 5.11 เป็นการสุ่มเลือกประชากรจากประชากรเก่า นำมากระทำบัพวิซัลกอริทึม พบว่าคำตอบที่ได้มาจากการกระทำบัพวิซัลกอริทึม และมีการกระทำทางพันธุกรรมเพียงเล็กน้อย

ตารางที่ 5.6 จำนวนการกระทำทางพันธุกรรมของโครงสร้างแบบที่ 4 ถึง 6

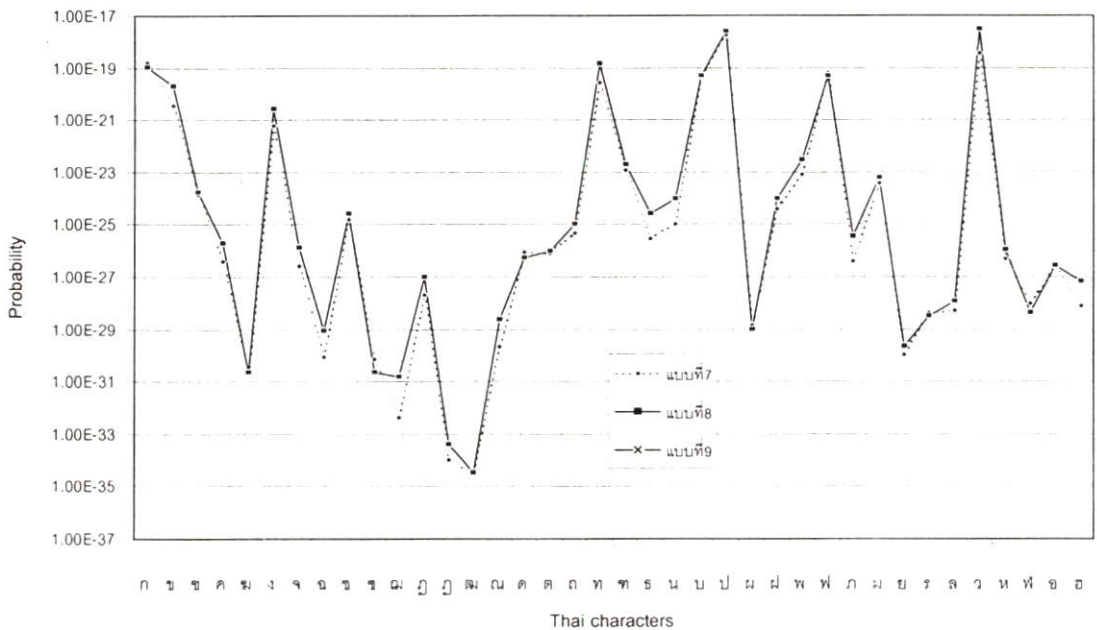
	โครงสร้างแบบที่ 4	โครงสร้างแบบที่ 5	โครงสร้างแบบที่ 6
ประชากรลำดับ 0			
จำนวนการครอสโอเวอร์	7	2	1
จำนวนการมิวเตชัน	15	2	3
จำนวนการกระทำบัพมิช	16	10	15
จำนวนประชากรตลอดเส้นทาง	42	19	17
ประชากรลำดับ 30			
จำนวนการครอสโอเวอร์	5	4	0
จำนวนการมิวเตชัน	11	3	2
จำนวนการกระทำบัพมิช	11	13	8
จำนวนประชากรตลอดเส้นทาง	33	30	14

จากตารางที่ 5.5 พบว่าโครงสร้างแบบที่ 4 มีการกระทำบัพมิชอัลกอริทึมและการกระทำทางพันธุกรรมมากที่สุด ซึ่งเป็นผลให้โครงสร้างแบบที่ 4 นี้ได้ผลการรู้จำสูงสุดดังตารางที่ 5.4

สิ่งที่ได้จากการทดลองนี้ ทำให้ทราบว่าประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรมจำเป็นต้องมีการกระทำบัพมิชอัลกอริทึมซ้ำอีกครั้ง สาเหตุเพราะประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรมจะมีค่าความน่าจะเป็นที่ต่ำ และเมื่อปรับพารามิเตอร์ด้วยบัพมิชอัลกอริทึมประมาณ สองถึงสามครั้งจะเพิ่มโอกาสที่จะอยู่รอดให้แก่ประชากรเหล่านี้ ทำให้เพิ่มโอกาสในการหาคำตอบที่ดีกว่าเดิมด้วย

5.2.3 กระทำบัพมิชอัลกอริทึมในรูปแบบอื่นๆ

เงื่อนไขที่ใช้ในการทดลองนี้ การกระทำบัพมิชอัลกอริทึมในรูปแบบอื่นๆทั้งหมด 3 แบบ โดย โครงสร้างแบบที่ 7 กระทำบัพมิชอัลกอริทึมกับประชากรที่มีค่าความเหมาะสมต่ำ โครงสร้างแบบที่ 8 กระทำบัพมิชอัลกอริทึมในรูปแบบของงานวิจัยที่ผ่านมา และโครงสร้างแบบที่ 9 กระทำบัพมิชอัลกอริทึมกับประชากรที่มีค่าความเหมาะสมสูงกับค่าความเหมาะสมปานกลาง วิธีการเหล่านี้ใช้เงินเด็คอัลกอริทึม 30 ประชากรโดยสอนเป็นจำนวน 100 รุ่น แล้วเปรียบเทียบด้วยค่าความน่าจะเป็น, ค่าเปอร์เซ็นต์การรู้จัก และผลการกระทำทางพันธุกรรม

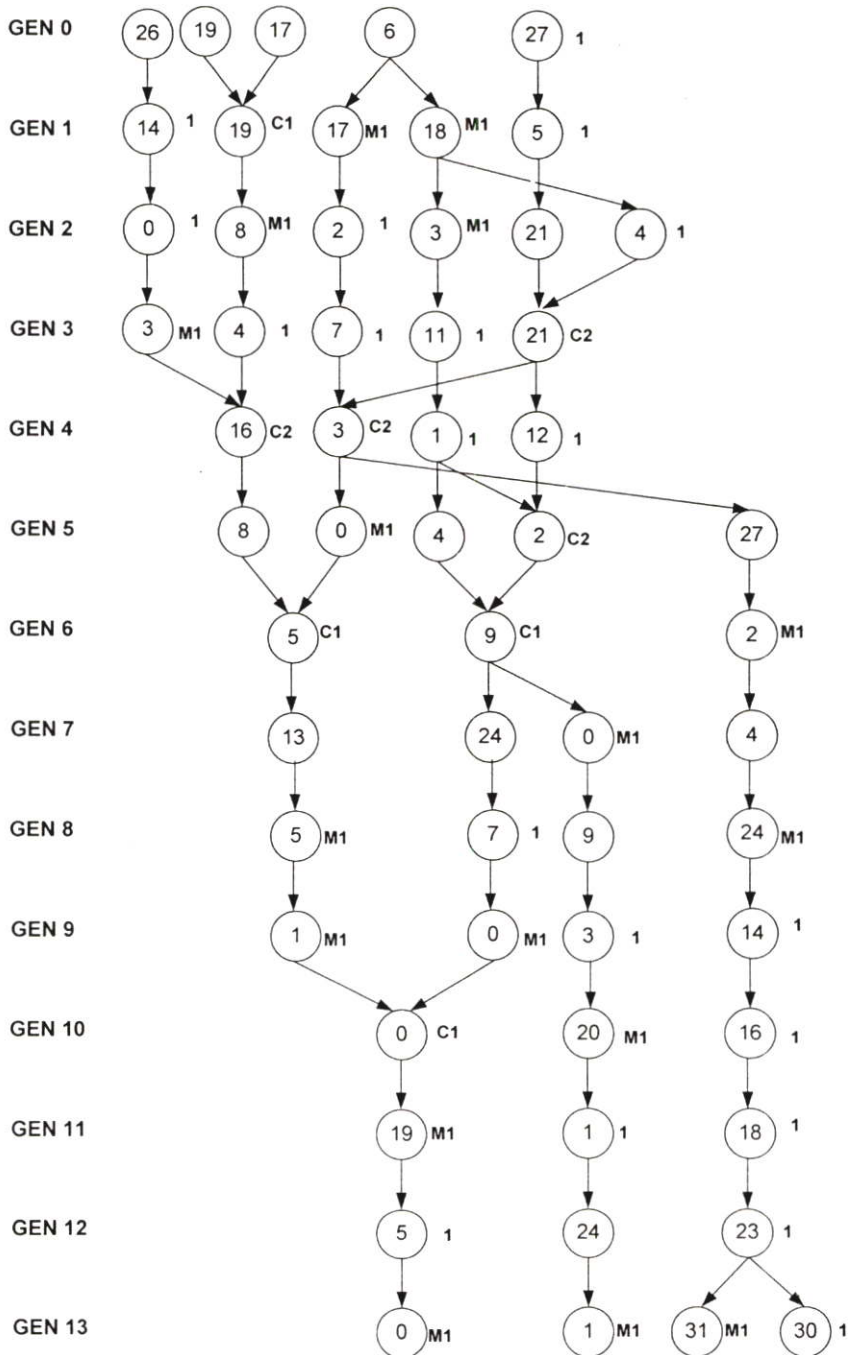


รูปที่ 5.12 เปรียบเทียบค่าความน่าจะเป็นของตัวอักษรไทยโครงสร้างแบบที่ 7 ถึง 9

ตารางที่ 5.7 แสดงค่าความน่าจะเป็นและผลการรู้จักของโครงสร้างแบบที่ 7 ถึง 9

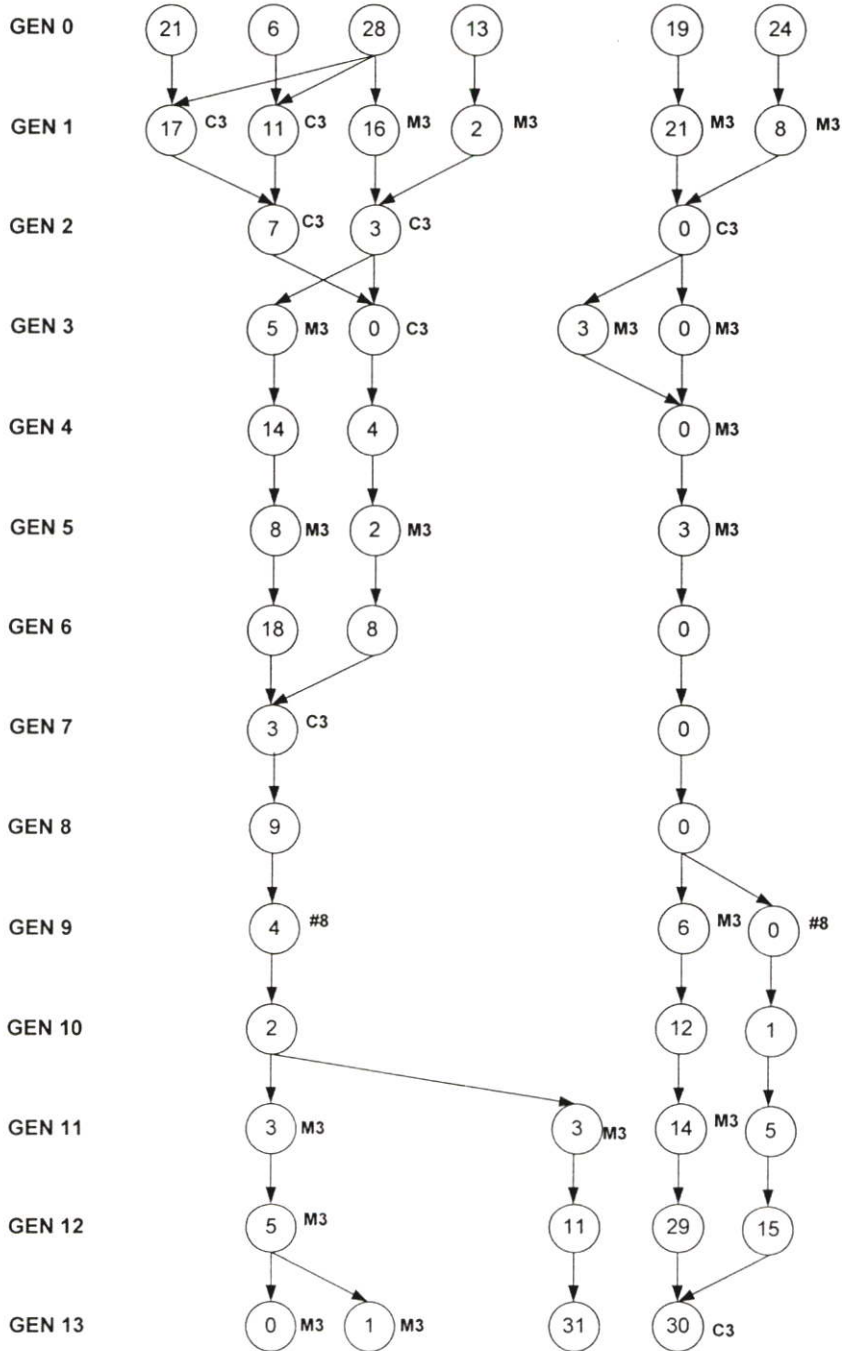
	วิธีการปรับพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล		
	โครงสร้างแบบที่ 7	โครงสร้างแบบที่ 8	โครงสร้างแบบที่ 9
ค่าความน่าจะเป็น			
ค่าเฉลี่ย	1.80E-26	4.38E-26	7.58E-27
ค่าต่ำสุด	3.30E-35	3.40E-35	1.23E-35
ค่าสูงสุด	1.86E-18	2.92E-18	7.50E-19
เปอร์เซ็นต์การรู้จัก			
ข้อมูลที่ใช้ในการสอน	98.93%	98.59%	98.52%
ข้อมูลทดสอบ 1	82.64%	81.57%	80.45%
ข้อมูลทดสอบ 2	52.64%	40.54%	45.92%
ข้อมูลทดสอบ 3	49.27%	49.13%	47.24%

ผลการทดลอง การเปรียบเทียบค่าความน่าจะเป็นแสดงดังรูปที่ 5.12 ค่าความน่าจะเป็นมีค่าใกล้เคียงกันมาก โดยโครงสร้างแบบที่ 7 มีบางตัวอักษรที่ค่าความน่าจะเป็นต่ำกว่าโครงสร้างแบบอื่นๆ จากผลเปอร์เซ็นต์การรู้จำในตารางที่ 5.7 ซึ่งพบว่าโครงสร้างแบบที่ 7 ให้ผลเปอร์เซ็นต์การรู้จำสูงกว่าโครงสร้างแบบที่ 8 กับ 9



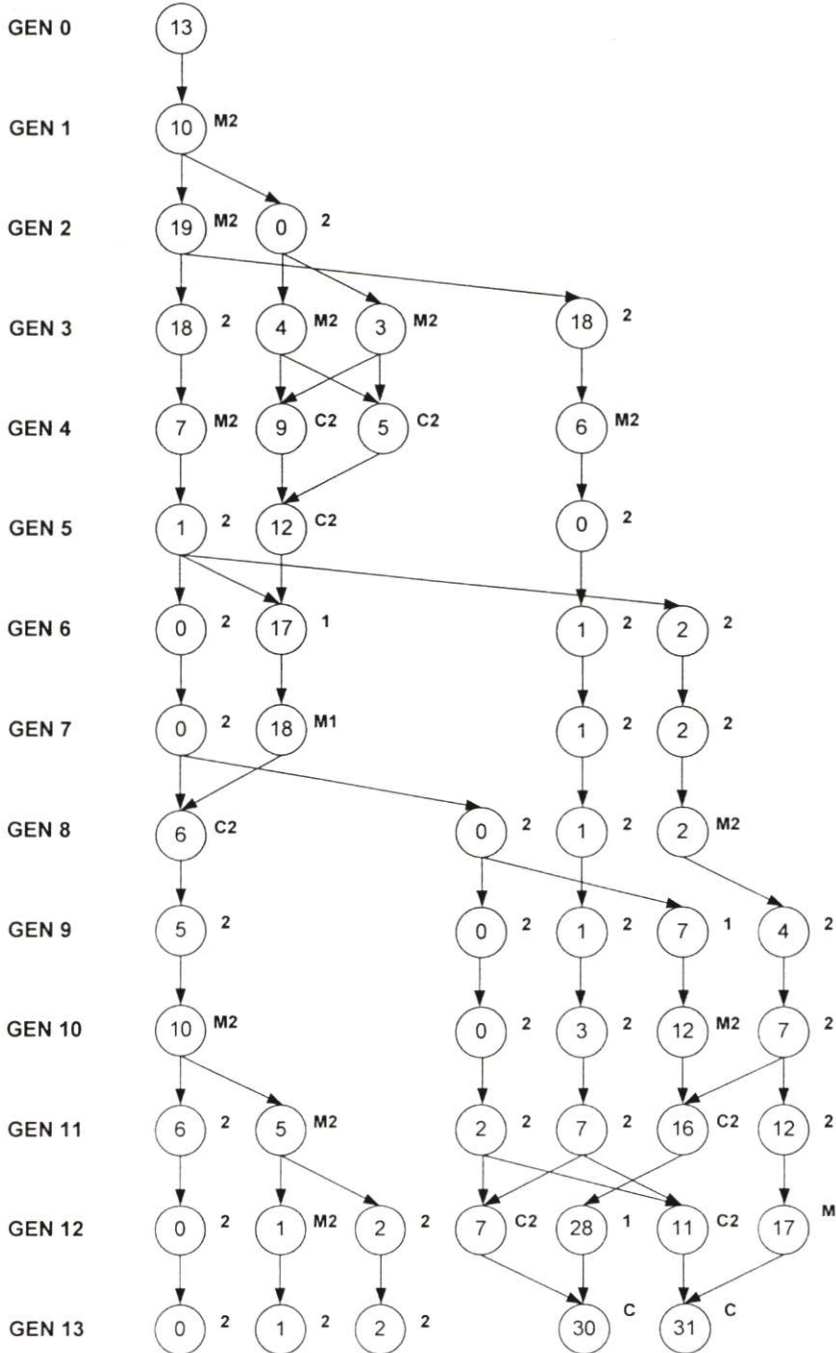
รูปที่ 5.13 แสดงการอยู่รอดของประชากร 14 รุ่นจากการสอนด้วยโครงสร้างแบบที่ 7

จากรูปที่ 5.13 กระทำบ่มวิธอัลกอริทึมกับประชากรที่มีค่าความเหมาะสมต่ำ พบว่าประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรม แล้วต้องมีการกระทำบ่มวิธอัลกอริทึมด้วย ซึ่งเป็นผลมาจากการคัดเลือกประชากรที่มีค่าความเหมาะสมต่ำนำไปกระทำบ่มวิธอัลกอริทึม จึงทำให้ประชากรเหล่านี้มีค่าความน่าจะเป็นที่สูงขึ้นและอยู่รอดเป็นประชากรรุ่นต่อไปได้



รูปที่ 5.14 แสดงการอยู่รอดของประชากร 14 รุ่นจากการสอนด้วยโครงสร้างแบบที่ 8

จากรูปที่ 5.14 การกระทำบ่มวิษัธกัรทิมของงานวิจัยที่ผ่านมา พบว่าประชากรเก่ามีโอกาสน้อยที่
 ด้รับการกระทำบ่มวิษัธกัรทิม โดยประชากรเก่าเหล่านี้จะด้รับการกระทำบ่มวิษัธกัรทิม
 ทุกๆ 10 รุ่นเท่านั้น ดังนั้นจึงทำให้ในบางรุ่นไม่เกิดการปรับค่าพารามิเตอร์ ดังเช่นประชากรรุ่น 6
 ลำดับ 0 กับรุ่น 7 ลำดับ 0 ไม่มีการกระทำบ่มวิษัธกัรทิมเกิดขึ้นจึงไม่มีการปรับพารามิเตอร์ของ
 ฮิตเดนมาร์คอฟโมเดล



รูปที่ 5.15 แสดงการอยู่รอดของประชากร 14 รุ่นจากการสอนด้วยโครงสร้างแบบที่ 9

จากรูปที่ 5.15 การกระทำบ่มวิษัลดกิริทิมกับประชากรที่มีค่าความเหมาะสมสูงกับค่าความเหมาะสมปานกลาง พบว่าประชากรเก่ามีโอกาสในการกระทำบ่มวิษัลดกิริทิมถึง 2 ครั้ง เมื่อเปรียบเทียบกับวิธีการในโครงสร้างที่ 7 ประชากรเก่ามีโอกาสในการกระทำบ่มวิษัลดกิริทิมเพียงหนึ่งครั้งเท่านั้น และประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรมก็ยังมีโอกาสการกระทำบ่มวิษัลดกิริทิม

ตารางที่ 5.8 จำนวนการกระทำทางพันธุกรรมของโครงสร้างแบบที่ 7 ถึง 9

	การกระทำทางพันธุกรรม จากประชากรรุ่น 13 ถึงประชากรรุ่นแรก		
	โครงสร้างแบบที่ 7	โครงสร้างแบบที่ 8	โครงสร้างแบบที่ 9
ประชากรลำดับ 0			
จำนวนการครอสโอเวอร์	8	6	4
จำนวนการมิวเตชัน	12	8	7
จำนวนการกระทำบ่มวิษ	37	50	10
จำนวนประชากรตลอดเส้นทาง	41	25	22
ประชากรลำดับ 30			
จำนวนการครอสโอเวอร์	2	3	3
จำนวนการมิวเตชัน	5	7	6
จำนวนการกระทำบ่มวิษ	19	38	60
จำนวนประชากรตลอดเส้นทาง	20	21	31

เมื่อเปรียบเทียบผลการรู้จำจากตารางที่ 5.7 กับจำนวนการกระทำทางพันธุกรรมจากตารางที่ 5.8 พบว่าโครงสร้างแบบที่ 7 มีค่าเปอร์เซ็นต์การรู้จำที่สูงที่สุด โดยที่โครงสร้างแบบนี้มีจำนวนประชากรตลอดเส้นทางมากกว่าโครงสร้างแบบอื่นๆ ส่วนโครงสร้างแบบที่ 8 มีค่าเปอร์เซ็นต์การรู้จำเป็นอันดับสอง แต่มีปริมาณการกระทำบ่มวิษัลดกิริทิมมากที่สุด

5.3 ข้อสรุปจากการทดลอง

การปรับพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลทั้งสามวิธีการสรุปได้ดังนี้

- วิธีการบ่มวิซัลกอริทึม จากการทดลองสามารถปรับค่าพารามิเตอร์ได้รวดเร็ว ในเวลาที่จำกัด
- วิธีการเจเนติกอัลกอริทึม จากการทดลองสามารถปรับค่าพารามิเตอร์ได้ผลลัพธ์ที่ดีกว่าการใช้บ่มวิซัลกอริทึม แต่จะใช้ระยะเวลาในการค้นหาคำตอบ เพราะการปรับค่าพารามิเตอร์ได้จากการสุ่ม
- วิธีการเจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับบ่มวิซัลกอริทึม หากคำตอบได้เร็ว และได้คำตอบที่ดีเมื่อใช้โครงสร้างที่แบบที่ 2, โครงสร้างแบบที่ 7 และโครงสร้างแบบที่ 8 โดยที่
 - โครงสร้างแบบที่ 2 มีการกระทำบ่มวิซัลกอริทึมกับประชากรทุกชนิด ทั้งประชากรเก่า และประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรม ทำให้ประชากรทุกตัวมีโอกาสเท่าเทียมกันที่จะได้รับการกระทำบ่มวิซัลกอริทึม ในการที่ปรับค่าพารามิเตอร์ ทำให้ได้ผลค่าความน่าจะเป็นและเปอร์เซ็นต์การรู้จำในระดับที่ดี แต่ยังคงใช้ระยะเวลาในการปรับค่าพารามิเตอร์นานกว่าโครงสร้างแบบที่ 7 เพราะมีจำนวนการกระทำบ่มวิซัลกอริทึมที่มากกว่า
 - โครงสร้างแบบที่ 7 มีการกระทำบ่มวิซัลกอริทึมโดยพิจารณาจากประชากรที่มีค่าความเหมาะสมต่ำ ซึ่งประชากรเหล่านี้มักจะเป็นประชากรเก่าที่ไม่ได้รับการปรับพารามิเตอร์ หรือเป็นประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรม ทำให้เกิดการกระทำบ่มวิซัลกอริทึมให้แก่ประชากรในระดับที่เหมาะสม ไม่มากเหมือนโครงสร้างแบบที่ 2 ทำให้ได้ผลค่าความน่าจะเป็นและเปอร์เซ็นต์การรู้จำในระดับที่ดี และใช้ระยะเวลาในการปรับพารามิเตอร์ที่สั้น
 - โครงสร้างแบบที่ 8 มีการกระทำบ่มวิซัลกอริทึมให้กับประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุกรรม และประชากรเก่า ทำให้ได้ผลค่าความน่าจะเป็นและเปอร์เซ็นต์การรู้จำในระดับที่ดี แต่ใช้ระยะเวลาในการปรับค่าพารามิเตอร์ที่มากกว่าโครงสร้างแบบที่ 2 เพราะมีจำนวนการกระทำบ่มวิซัลกอริทึมที่มากกว่า

บทที่ 6

สรุปผลการทดลองและข้อเสนอแนะ

จากผลการทดลองที่ได้ แสดงให้เห็นว่าการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดล สามารถปรับได้สามวิธีการคือ วิธีการแรกใช้บีมวิซอัลกอริทึม, วิธีการที่สองใช้เจเนติกอัลกอริทึม และวิธีการที่สามใช้เจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับวิธีการบีมวิซอัลกอริทึม

6.1 สรุปผลการทดลอง

วิธีการปรับพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึม ให้ผลของค่าความน่าจะเป็นและเปอร์เซ็นต์การรู้จำที่สูงกว่า วิธีการใช้บีมวิซอัลกอริทึม จากการทดลองพบว่า วิธีการเจเนติกอัลกอริทึมใช้ระยะเวลาในการค้นหาคำตอบมากกว่าวิธีการบีมวิซอัลกอริทึม เพราะใช้การค้นหาคำตอบด้วยการสุ่ม แต่บีมวิซอัลกอริทึมใช้การวิธีประมาณค่าของคำตอบที่ต้องการ

วิธีการปรับพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับบีมวิซอัลกอริทึม เป็นวิธีการที่ให้ผลของค่าความน่าจะเป็นและเปอร์เซ็นต์การรู้จำที่สูงกว่าสองวิธีการคือ วิธีการบีมวิซอัลกอริทึม และวิธีการเจเนติกอัลกอริทึม และวิธีการเจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับบีมวิซอัลกอริทึมนี้ให้ได้ผลค่าความน่าจะเป็นและเปอร์เซ็นต์การรู้จำที่สูง โดยใช้ระยะเวลาในการคำนวณที่สั้น จากการทดลองสามารถสรุปแนวทางการประยุกต์เจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับ บีมวิซอัลกอริทึม ได้ดังนี้ได้ดังนี้

1. จำเป็นต้องมีกระทำบีมวิซอัลกอริทึมกับประชากรที่ได้จากการกระทำทางพันธุ เพื่อปรับค่าพารามิเตอร์ในระดับหนึ่งก่อน ซึ่งจะเพิ่มโอกาสที่ประชากรเหล่านี้จะอยู่รอดเป็นประชากรรุ่นต่อไป
2. ประชากรที่มีค่าความเหมาะสมต่ำ จำเป็นต้องกระทำบีมวิซอัลกอริทึมในระดับหนึ่งก่อน เข้าสู่กระบวนการคัดเลือกประชากรเพื่อเป็นประชากรรุ่นต่อไป

แนวทางการประยุกต์เจเนติกอัลกอริทึมนี้ได้มาจาก การทดลองการกระทำบีมวิซอัลกอริทึมให้กับประชากรที่มีค่าความเหมาะสมต่ำ

จากการทดลองทั้งหมดสามารถสรุปได้ว่า วิธีการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลที่เหมาะสมที่สุด คือการประยุกต์เจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับบีมวิซอัลกอริทึม โดยมีการกระทำบีมวิซอัลกอริทึมกับประชากรที่มีค่าความเหมาะสมต่ำ

6.2 ข้อเสนอแนะ

งานวิจัยในการปรับค่าพารามิเตอร์ของฮิดเดนมาร์คอฟโมเดลโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึม ผู้วิจัยมีข้อเสนอแนะดังนี้

การครอสโอเวอร์ที่ใช้ในการทดลองเป็นการสุ่มตำแหน่งและจำนวนยีนส์โดยกำหนดค่าความน่าจะเป็นในการครอสโอเวอร์จากโอกาสในการสุ่ม ซึ่งแตกต่างจากงานวิจัยอื่นๆที่ใช้ค่าความน่าจะเป็นในการครอสโอเวอร์เป็นตัวพิจารณาการสลับตำแหน่งระหว่างยีนส์

ซึ่งปัญหาเหล่านี้เมื่อปรับปรุงแล้ว จะทำให้สามารถนำเอาค่าความน่าจะเป็นในการครอสโอเวอร์ นำมาเปรียบเทียบกับงานวิจัยอื่นๆได้

เอกสารอ้างอิง

- [1] L. R. Rabiner, "A Tutorial on Hidden Markov Model and Selected Applications in Speech Recognition." IEEE Proc., vol 77 no.2, February 1989
- [2] Mou-Yen Chan, Amlan Kundu, Jian Zhou, "Off-Line Handwritten Word Recognition Using a Hidden Markov Model Type Stochastic Network." IEEE Trans., vol 16, no.5 May 1994
- [3] Hyeon-Kyu Lee, Jin H. Kim "An HMM-Based Threshold Model Approach for Gesture Recognition" IEEE Trans., vol 21 no.10, October 1999
- [4] L.E. Baum, T. Petrie, "Statistical inference for probabilistic function of finite state Markov chain", Ann. Math.Stat., vol37, pp. 1554-1563, 1966.
- [5] L.E. Baum, T. Petrie, G. Soules, N. Weiss, "A maximization technique occurring in the statistical analysis of probabilistic functions of markov chains", Ann. Math. Statist, vol. 41, pp 164-171, 1970
- [6] L.E. Baum, "An inequality and associated maximization technique in statistical estimation for probabilistic functions of Markov processes", Inequalities, vol.3, pp. 1-8, 1972
- [7] F. Jelinek, "Continuous speech recognition by statistical methods, Proc. IEEE, vol. 64, pp 532-556
- [8] L. Rabiner, B.H. Juang, "Fundamentals of Speech Recognition", Prentice-Hall, Englewood Cliff, NJ, 1993
- [9] M. Srinivas, Lalit M. Patnaik, "Genetic Algorithm a Survey", IEEE Computer , Volume: 27 Issue: 6 , June 1994 ,Page(s): 17 –26
- [10] K.S. Tang, K.F. Man, S. Kwong, Q. HE, "Genetic Algorithm and their Applications", Proc. IEEE, November, 1996
- [11] Fang Sun, Guangrui Hu, "Speech recognition based on genetic algorithm for training HMM", Electronics Letters , vol 34, Issue 16, 6 Aug. 1998 Page(s): 1563 –1564
- [12] Chau, C.W.; Kwong, S.; Diu, C.K.; Fahrner, W.R., "Optimization of HMM by a Genetic Algorithm", Acoustics, Speech, and Signal Processing, 1997. ICASSP-97., 1997 IEEE International Conference on, Volume: 3 , 1997 Page(s): 1727 -1730 vol.3
- [13] Chan, S. Kwong, "Analysis of Parallel Genetic Algorithm on HMM based speech recogniton system", IEEE Conf., 1997, pp 1229-1233

- [14] S.Kwong, C.W. Chau, K.F. Man, K.S.Tang, "Optimisation of HMM topology and its model parameters by genetic algorithms" Pattern Recognition, Vol.34 (2) 2001, Page(s): 509-522
- [15] Edwin S. H. Hou, Nirwan Ansari, Hong Ren, "A Genetic Algorithm for Multiprocessor Scheduling" IEEE Trans. Vol.5 no.2, February, 1994
- [16] Thanwa Sripramong, Christofer Toumazou, "The Invention of CMOS Amplifiers Using Genetic Programming and Current-Flow Analysis", IEEE Trans., vol 21 no 11 November 2002
- [17] กาญจน์ วงศ์วิภาพร. "การจัดตารางสอนของโรงเรียนแบบอัตโนมัติโดยจีเนติกอัลกอริทึม." วิทยานิพนธ์วิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิศวกรรมไฟฟ้า บัณฑิตวิทยาลัย, สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง. 2541

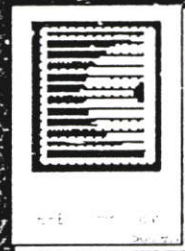
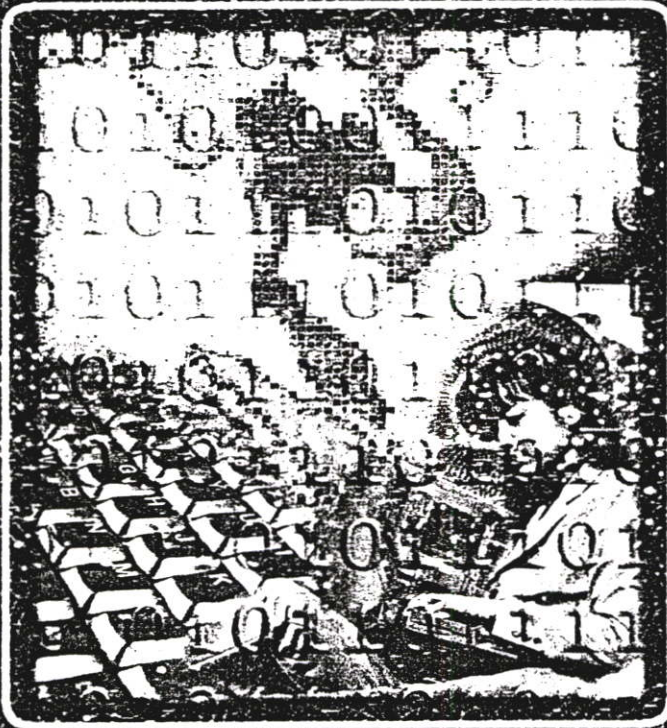
ภาคผนวก

งานวิจัยที่ได้รับการตีพิมพ์

PROCEEDINGS

3rd Information and Computer Engineering Postgraduate Workshop 2003

ICEP 2003



30-31 January 2003

Organised and sponsored by
Department of Computer Engineering,
Faculty of Engineering,
Prince of Songkla University, Thailand
<http://www.coe.psu.ac.th>

In cooperation with
IEEE ComSoc, Thailand Chapter
Electrical Engineering/Electronics, Computer,
Telecommunications and Information
Technology Association of Thailand (ECTI)

Department of Computer Engineering, Faculty of Engineering

Prince of Songkla University, Hatyai, Songkhla THAILAND

ISBN: 974-644-418-2

HMM PARAMETERS OPTIMIZATION USING GENETIC ALGORITHM

Supakit Nootyaskool, Boontee Kruatrachue, and Kritawan Siriboon

Supakit Nootyaskool
Research Center for Communication and
Information Technology
King Mungkut's Institute of Technology
Ladkrabang, Thailand
Phone: Tel. 662-7373000 ext. 3334
Email: s4061629@kmitl.ac.th

Boontee Kruatrachue, Kritawan Siriboon
Computer Engineering Department Faculty of
Engineering
King Mungkut's Institute of Technology
Ladkrabang, Thailand
Phone: Tel. 662-7392401
Email: boontee@diamond.ce.kmitl.ac.th
kritawan@diamond.ce.kmitl.ac.th

ABSTRACT

HMM have been used extensively for recognizing observation sequence especially in speech recognition. Iterative training procedure such as Baum-Welch, or gradient techniques are normally used to find locally optimize HMM parameters. This paper presents genetic algorithm (GA) to perform global search for Hidden Markov Model (HMM) parameters that maximize probability of observation sequence given the model. In order to increase the convergence rate and parameters optimization, we combine iterative procedure with GA. The probability of observation sequence of the train model using iterative procedure, GA, and GA with iterative procedure will be compared along with their convergence rates. The test patterns are chain code sequences generated from 38 isolated on-line Thai handwritten characters. The recognition rate and the probability of the train observation sequences of GA were better than the iterative training. The recognition rate of HMM with iterative training 95.05%, GA 97.50% and GA with iterative training 98.41% on 3839 patterns.

KEYWORDS

Genetic Algorithm, Hidden Markov Model, Optimization, and Thai-handwritten recognition.

1. INTRODUCTION

The using of hidden markov model (HMM) for speech recognition system and handwritten recognition system have been well accepted. The iterative Training [1] has widely been used to find HMM parameters. Unfortunately the parameter only locally maximize the average log probability of the trained observation sequences $P(O/\lambda)$. Since GA is well known for a lot of optimization problem, this paper proposed method to use GA to find global (or near global compare to iterative training) optimized HMM parameter estimation.

Some researcher has used GA to find HMM parameters. Kwong et al. [5,6] used GA and hybrid GA with iterative training to find 7-10 state HMM

with left-right topology and continuous observation sequence (12 order mel-frequency cepstral with 4 mixture) in speech recognition application. Sun as in [7] also used GA for speech recognition application with 5 state left-right HMM with discrete observation (size 64). Both researchers reported around 2% improvement in recognition (93.1 to 95.86% and 94 to 96.2)

This research focus on how to apply GA to get nearer to optimal HMM parameter than the iterative training based on $P(O/\lambda)$. The training time is also in consideration where we try to get good result within realistic time. Hence, this research used GA to perform global search of rough HMM parameter but combine iterative procedure as a fine tune of the parameter in order to reduce the searching (training) time. Since the iterative is very fast to find local optimum once the near global optimum is located. The iterative can be view as a mutation process in GA.

Since training time is limited, the use of iterative in GA is kept minimum. This research investigate two ways to used iterative training with GA. The results of HMM with iterative training, GA, and GA with iterative on fully connected topology HMM are compared.

2. GENETIC ALGORITHM

The concept of evolution computation is to simulate the natural evolution process. In nature, the individuals constituting a population adapt to the environment in which they live. The fittest individuals have the highest probability of survival and tend to increase in number, while the less fit individuals tend to die out. This survival of the fittest is the basic idea behind the evolution computation.

The algorithm maintains a population of individuals, each of which corresponds to a specific solution. A measure of fitness defines the quality of an individual. Starting with a set of random individuals, a process of evolution is simulated. The main components of this process are recombination (GA) and mutation, which mimics propagation and

random changes occurring in nature. After a number of generations, highly fit individuals will emerge corresponding to good solution to the given optimization problem. Figure 1 outlines a typical evolution computation. After initialization, parents are selected according to a probabilistic function based on relative fitness. In other word, those individuals with higher relative fitness are more likely to be selected as parents

```

Procedure Genetic Algorithm and Genetic Algorithm with Iterative Transform
{
  P0 = initial 30 population randomly;
  P0' = evaluate population (P0);
  while terminated (maximum generation or best population not change) {
    select by roulette wheel {
      P1' = 10 population to use crossover;
      P2' = 10 population to use crossover with new random;
      P3' = 10 population to use mutation;
    }
    P1' = crossover (P1);
    P2' = crossover with new random population (P2);
    P3' = mutation (P3);
    if (GAIT)
      iterative by selected P0', P1', P2' or P3';
    P0' = evaluate population (P0', P1', P2' and P3);
  }
}
    
```

Fig. 1. Genetic algorithm and genetic algorithm with iterative training

2.1 Chromosome Representation.

The HMM parameters used here is a 30 states of fully connected model with 16 observation. HMM representation as GA chromosome using string of real value of A and B are shown in Figure 2.

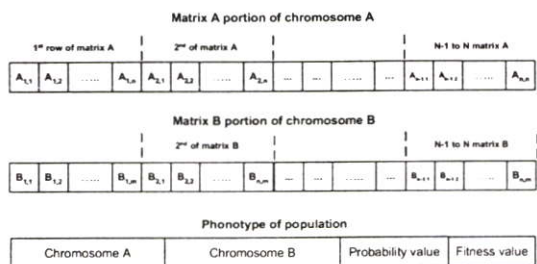


Fig. 2. Chromosome representation

2.2 Chromosome Selection, Crossover, and Mutation.

Population selection to use in crossover and mutation are performed using roulette wheel approach.

The crossover of chromosome are perform by randomly select the crossover point and range of the crossover, then the gene in that range are switched between both parents. This crossing is done five times each for A and B parts of a chromosome (10 crossing point for one crossover).

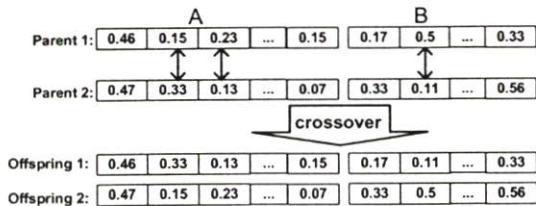


Fig.3. Chromosome crossover.

The mutation is performed by randomly select the mutation position then randomly change the value in that position. This is perform 5 times for one mutation as shown in Figure 4.



Fig 4. Chromosome mutation

Another crossover is performed with one parent from roulette wheel selection and another parent generated randomly.

After GA operations (mutation and crossover) the child parameters need to be normalized to maintain the unity probability of the out of state probability and state observation probability.

2.3 Fitness Function.

The fitness function is a mechanism to determine the confidence level of the optimisation solutions of the problem. There is a fitness value associated with each chromosome. A higher fitness value means the chromosome or solution is more optimised to the problem, while a lower value indicates a less optimised chromosome.

The fitness function used here is the average logarithm of observations probability $P(O/\lambda)$ from forward Algorithm[1].

$$P(O|\lambda) = \sum_{q_1, q_2, \dots, q_T} \pi_{q_1} b_{q_1}(O_1) a_{q_1 q_2} b_{q_2}(O_2) \dots a_{q_{T-1} q_T} b_{q_T}(O_T) \quad (1)$$

From (1), forward algorithm used to calculate HMM model probability. (2), probability logarithm of observations.

$$P_p(O|\lambda) = \frac{\sum_{i=0}^{i=k} \log(P_i)}{K}, \quad (2)$$

2.4 Selection of population

GA and GA with training uses the roulette wheel selection [6] as its selection mechanism. In the selection, each solution is allocated a sector of the roulette wheel with the angle subtended by sector at

the center of the wheel, which is equal to 2π is multiplies by the fitness value of the solution. A solution is selected as an offspring if a randomly generated number in the range of 0 to 2π is falls into the sector corresponding to the solution in this manner until the entire population of next generation has been produced.

3. COMBINATIONS OF GENETIC ALGORITHM AND ITERATIVE TRAINING

3.1 Genetic algorithm

The GA training parameters are 30 populations with 4000 generations. The GA training model is shown in Figure 5, where 30 old population are selected to create new population from crossover, mutation, and crossover with new random.

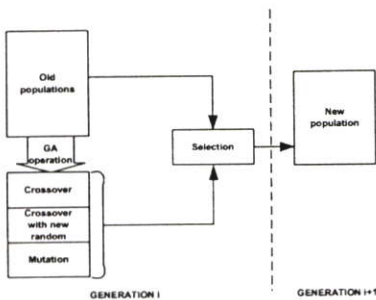


Fig.5. Genetic training (GA)

3.2 Genetic algorithm with Iterative Training

The GA with iterative training (GAIT) is the same as GA except that iterative re-estimation is performed at some generation for some selected population. In this experiments, there are two variations of the GAIT. The first model GAIT1 use the same structure as in [5], where every new population (from crossover or mutation) are trained using iterative training for three iterations. Also, every ten generation all population is trained for ten iteration as shown in Figure 6.

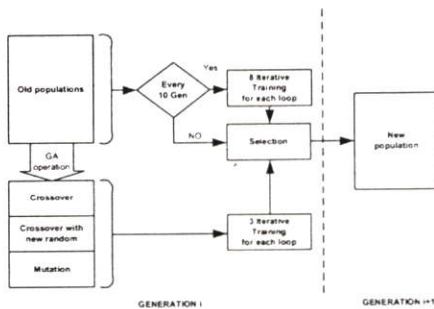


Fig. 6. Genetic algorithm with iterative training model1 (GAIT1)

Second, model GAIT2 shown in Figure7. In this

model iterative training only applied to the 30 lowest fitness value for one iteration. Then the whole 60 population are sort and re-applied the training to the lowest 30 for another iteration. This step is performed every generation. In comparison to GAIT1, this model use less iterative training (600 versus 1140 iteration per 10 generation). Moreover, the less fitness population has at least two chances to improve using iterative training and survived. This also avoid biasing some old population with extra number of iterative training.

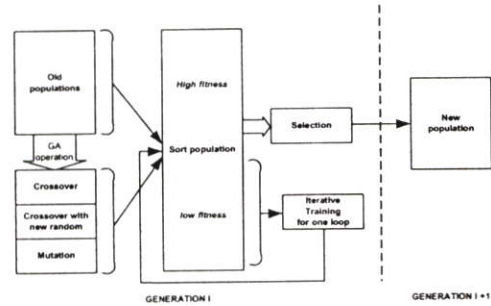


Fig. 7. Genetic algorithm with iterative training model2 (GAIT2)

4. EXPERIMENTS

Statistical test results were conducted from the training observation sequences generated from the discrete modified chain code of 38 Thai handwritten characters. The chain code (1-8) is modified to reflect pen quadrant position by adding 8 to the top left and bottom right quadrant. The input is further normalized to sequence of 100 string of modified chain code (1-16). The example of Thai handwritten character and chain code is in Figure 4. The number of HMM in this experiment is 38, one for each character. The number of training observation sequences is around 200 for each models (character).

The HMM used here has fix 30 states with 16 observation symbols with a fully connected topology. Each model is trained using 38 Thai characters pattern with the total of 3839 patterns. The test patterns consists of 3 groups from 4 writers with 1692, 2322 and 1319 patterns.

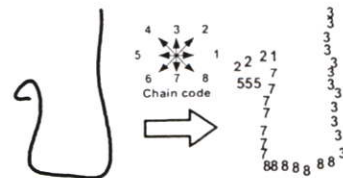


Fig. 10. Chain code

Iterative training is terminated at 2000 loop. In each loop the observation log probability is

calculated and compare with the best one. The loop number and the model parameter with the best probability are memorized. The number of generation for GA is 4000 generations with 30 populations. For all GAIT, the number of generation are 100 generations with 30 populations.

5. RESULTS.

The average probability of observation give all model is shown in Figure 8. There are no significant different among any GAITs and GAIT have much higher probability than GA and HMM with iterative training. When comparing Iterative training, GA training and GAIT training (in GAIT bring the best average recognition rate to compare). We saw iterative training is lower probability and GA is low probability when compare with GAIT is high probability.

	Iterative Training	Genetic Training	Genetic Algorithm with Iterative Training	
			GAIT1	GAIT2
Minimum probability	3.808E-42	5.975E-41	7.313E-37	9.396E-36
Maximum probability	1.607E-19	2.830E-20	1.121E-18	5.447E-19
Average probability	4.283E-21	1.684E-21	6.222E-20	2.798E-20

Table. 1. Result of Thai characters probability

	Iterative Training	Genetic Training	Genetic Algorithm with Iterative Training	
			GAIT1	GAIT2
Train pattern (3839 patterns)	95.05%	97.50%	97.58%	98.41%
Test group1 (2322 patterns)	42.79%	38.24%	43.38%	42.38%
Test group2 (1692 patterns)	71.58%	67.14%	73.43%	75.32%
Test group3 (1219 patterns)	33.21%	30.40%	36.85%	34.95%
Average all pattern	70.57%	69.23%	72.73%	73.98%

Table. 2. Result of Thai characters recognition rate

From the Table 2, GAIT2 is slightly better than

other GAITs. have 98.41% on pattern train to test and 73.98% at average patterns.

6. CONCUSSION.

We have shown various ways to apply GA and iterative training to find HMM parameters which improved recognition results and probability of training observations. On-line Thai handwritten recognition is used as a test cases for comparison. The combinational use of iterative training make the genetic converge faster. Also, we improve run time by reduce number of iterative training in comparison to previous work.

REFERENCES

- [1] Lawrence R. Rabiner and Fellow: "A Tutorial on Hidden Markov Model and Selected Applications in Speech Recognition", Proc IEEE, vol.77, no.2 pp257-285
- [2] F. Jelinek, "Continuous speech recognition by statistical methods", Proc. IEEE, vol 64, no4, pp532-556
- [3] S.E.Levinson, L.R. Rabiner and M. M. Sodhi, "An introduction to the Application of the Theory of Probabilistic Function of a Markov Process to Automatic Speech Recognition", The Bell System Technical Jurnal, April 1983, pp 1035-1074
- [4] M. Srinivas, Lalit M. Patnaik, "Genetic Algorithm a Survey", IEEE Computer , vol 27 Issue: 6, Jun 1994 ,pp 17 -26

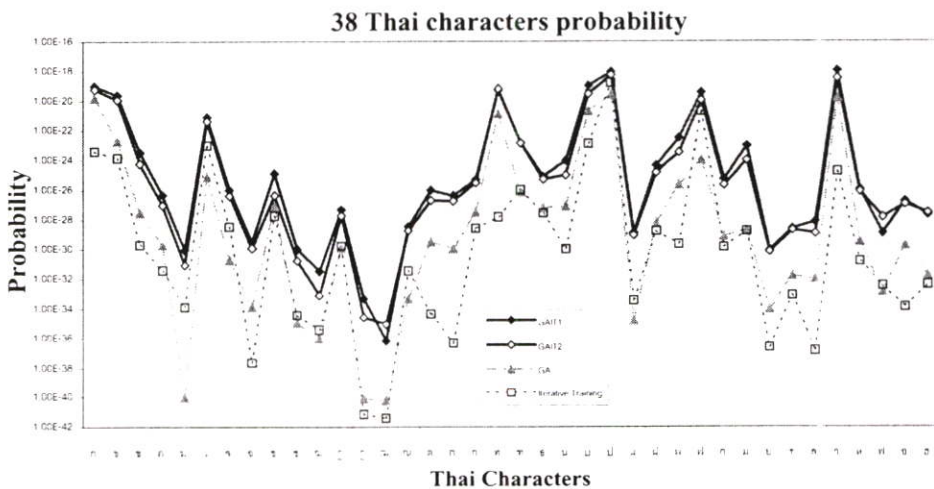


Fig. 8. 38 Thai characters probability compare iterative, genetic algorithm and genetic algorithm with iterative training high recognition rate.

- [5] S.Kwong, C.W. Chau, K.F. Man and K.S.Tang, "Optimisation of HMM topology and its model parameters by genetic algorithms", *Pattern Recognition*, vol.34 no2, 2001, pp 509-522
- [6] Chau, C.W.; Kwong, S.; Dui, C.K, and Fahrner, W.R., "Optimization of HMM by a Genetic Algorithm", *Acoustics*, in *IEEE International Conference on Speech, and Signal Processing*, vol 3 , 1997,pp 1727 -1730
- [7] Fang Sun and Guangrui Hu, "Speech recognition based on genetic algorithm for training HMM", *Electronics Letters* , vol34 Issue: 16, Aug., 1998, pp 1563 -1564

ประวัติผู้เขียน

สุภกิจ นุตยะสกุล เกิดเมื่อวันที่ 22 เมษายน 2520 ที่จังหวัดชลบุรี สำเร็จการศึกษาระดับปริญญาตรีเศรษฐศาสตรบัณฑิต จากสถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง ปีการศึกษา 2541