

УДК 681.865.8

*В. МАДЖИДНЕЖАД, И. Э. ХЕЙДОРОВ***ОБНАРУЖЕНИЕ ПАТОЛОГИИ РЕЧЕВОГО ТРАКТА НА ОСНОВЕ
ГЕНЕТИЧЕСКОГО АЛГОРИТМА И АНСАМБЛЯ ДЕРЕВА РЕШЕНИЙ***Отдел вычислительной техники Исламского университета АЗАД (Шабестар, Иран)**Белорусский государственный университет**(Поступила в редакцию 06.11.2014)*

Методы акустического анализа для обнаружения патологии речевого тракта обычно включают две фазы: этап извлечения признаков и этап классификации [1]. Первая фаза состоит из преобразования речевого сигнала в некоторый набор параметров, вторая – заключается в выборе вариантов необходимых обучающих методов.

Традиционно на этапе извлечения признаков имеют дело с такими параметрами, как джиттер, шиммер, отношение сигнал/шум, форманты. На втором этапе, как правило, используются широко известные классификаторы, такие как машины на опорных векторах (SVM) [2], модели гауссовских смесей (GVM) [3], искусственные нейронные сети (ANN) [4], скрытые марковские модели (НММ) [5].

В качестве базы данных для проведения экспериментов были использованы 75 записей пациентов с патологиями и 55 записей здоровых пациентов, из которых для анализа была выделена фонема «а». Все записи были представлены в формате РСМ моно с частотой дискретизации 44 100 гц и разрядностью 16 бит. Эти данные были использованы как для обучения классификаторов, так и для тестирования разработанных методик. Кепстральное представление входного речевого сигнала было найдено следующим образом: выделены 13 мел-частотных кепстральных коэффициентов (МЧКК), выполнена декомпозиция с помощью вейвлет-пакета на 5 уровнях для входного сигнала для получения вейвлет-пакетного дерева с 63 узлами и рассчитаны 63 энергетических коэффициента и 63 коэффициента энтропии Шеннона. Путем комбинации описанных выше характеристик был построен вектор признаков, включающий 139 компонент. Основной идеей исследования явилось уменьшение размерности вектора признаков, т. е. нахождения наименьшего набора важных признаков, обеспечивающего наилучшие характеристики классификации. Для этого был разработан новый подход на основе генетического алгоритма (ГА), в котором в качестве хромосом использовались от 1 до 139 векторов целых чисел с длиной, равной ожидаемой длине уменьшенного вектора признаков. Значение каждого гена представляло собой номер признака (из начального базового вектора), который должен быть использован в искомом векторе уменьшенной размерности. Для оптимизации размерности была выбрана фитнес-функция f , чтобы определить ошибку классификации для обучающего набора:

$$f = \frac{\sum_{i=1}^n |a_i - r_i|}{n},$$

где a – результат классификации, r – реальный класс для i -той выборки, n – общее число выборок в обучающем наборе. Цель предложенного метода, основанного на генетическом алгоритме, состоит в определении подмножества исходных признаков, минимизирующего f .

Для оценки эффективности предложенного вектора признаков был проведен сравнительный анализ различных классификаторов при решении задач обнаружения патологии голосового тракта, таких как линейный дискриминантный анализ, дерево принятия решения и метод К-ближайших соседей.

Эксперименты проводились в два этапа с применением 10-кратной кросс-валидации. В первом эксперименте был использован классификатор и исходный вектор признаков, содержащий все 139 признаков (13 МЧКК, 63 энергетических и 63 признаков энтропии), которые затем подавались на вход классификаторов для обучения. Далее для каждой выборки 139 признаков выделялись в соответствии с исходным вектором и подавались на классификаторы для тестирования. Ошибка классификации вычислялась путем сравнения метки реального класса и метки на выходе классификатора. Во втором эксперименте классификация выполнялась на основе оптимизированного по размеру вектора признаков, полученного с использованием предложенного алгоритма, и были оценены различные векторы признаков с разной длиной. Результаты экспериментов показаны в таблице.

Точность классификации, полученная средствами предложенного ГА-метода

Метод обучения	Точность классификации (%) на основе начального вектора признаков	Точность классификации (%) на основе оптимизированного вектора признаков
Метод К-ближайших соседей	64,7	84,6
Дискриминантный анализ	77,0	78,5
Дерево решений	85,4	93,9

Как видно из таблицы, предложенный метод уменьшения размерности вектора признаков на основе ГА приводит к повышению точности классификации. В итоге, как показали эксперименты, лучшие показатели классификации были достигнуты в случае объединения классификатора на основе дерева решений и метода ГА для уменьшения размерности вектора признаков. Такое объединение обеспечивает точность классификации 93,9 %.

Литература

1. *Manfredi C.* // IEEE Trans. Biomedical Engineering. 2000. Vol. 47, no. 11. P. 1538–1543.
2. *Majidnezhad V., Kheidorov I.* // Intern. J. of Image, Graphics and Signal Proc. 2013. Vol. 5, no. 9. P. 1–7.
3. *Godino-Llorente J. I., Gomez-Vilda P., Blanco-Velasco M.* Dimensionality Reduction of a Pathological Voice Quality Assessment System Based on Gaussian Mixture Models and Short-Term Cepstral Parameters.
4. *Carvalho R. T. S., Cavalcante C. C., Cortez P. C.* Wavelet Transform and Artificial Neural Networks Applied to Voice Disorders Identification // 3rd World Congress on Nature and Biologically Inspired Computing (NaBIC). Salamanca, Spain, 2011. P. 371–376.
5. *Gavidia-Ceballos L., Hansen J. H. L.* // IEEE Transactions on Biomedical Engineering. Vol. 43, no. 4. 1996. P. 373–383.

V. MAJIDNEZHAD, I. E. KHEIDOROV

VOCAL FOLD PATHOLOGY DIAGNOSIS ON THE BASIS OF GENETIC ALGORITHM AND DECISION TREE ENSEMBLE METHOD

Summary

A combination of decision tree ensemble and genetic algorithm is proposed for the vocal fold pathology diagnosis by acoustic signals. The experimental results show a better performance (higher classification accuracy) of the proposed method in comparison with the others.