



## **A Hybrid Clustering Method Using Genetic Algorithm with New Variation Operators**

**M.Yaghini\*, R.Soltanian & J.Noori**

*Masood Yaghini, Assistance Professor of Railway Eng-Iran University of Science and Technology*

*Roya Soltanian, MSc student of Master of Business Administration-Iran University of Science and Technology*

*Javad Noori, BSc student of Computer Eng-Iran University of Science and Technology*

### **Keywords**

Clustering,  
Genetic algorithm,  
K-Means algorithm

### **ABSTRACT**

*The clustering problem under the criterion of minimum sum of squares is a non-convex and non-linear program, which possesses many locally optimal values, resulting that its solution often being stuck at locally optimal values and therefore cannot converge to global optima solution. In this paper, we introduce several new variation operators for the proposed hybrid genetic algorithm for the clustering problem. The novel mutation operator, called Clustering Regional Mutation, exchanges neighboring centers and a simple one-point crossover. The proposed algorithm identifies proper clustering. The experimental results are given to illustrate the effectiveness of the new genetic algorithm.*

**© 2012 IUST Publication, IJIEPM. Vol. 23, No. 1, All Rights Reserved**

\*  
Corresponding author. Masood Yaghini  
Email: [yaghini@iust.ac.ir](mailto:yaghini@iust.ac.ir)



# یک روش ترکیبی خوشه بندی مبتنی بر الگوریتم ژنتیک با استفاده از عملگر های جدید تغییر

مسعود یقینی<sup>\*</sup>، رویا سلطانیان و جواد نوری

## چکیده:

## کلمات کلیدی:

مسئله خوشه بندی به منظور کمینه کردن مجموع مجذور انحراف، یک مساله غیر خطی و غیر محدب بوده و دارای تعداد زیادی نقاط بهینه محلی است. هدف از این مقاله، ارائه روشی ترکیبی با استفاده از الگوریتم ژنتیک و *K-Means* برای خروج از نقاط بهینه محلی است.

خوشه بندی،

الگوریتم ژنتیک،

*K-Means* الگوریتم

استفاده از الگوریتم ژنتیک برای خروج از نقاط بهینه محلی، توسط محققین بسیاری انجام شده است. در این مقاله روش های جدیدی برای عملگرهای بازترکیبی و جهش ارائه شده است. منطق روش های پیشنهادی بر این امر استوار است که اگر عملگرهای تغییر به جای آنکه بطور تصادفی در کل فضای جواب اعمال گردند، در یک منطقه محدود از پیش تعريف شده، انجام شوند، به جواب های بهتری دست خواهیم یافت.

برای ارزیابی الگوریتم پیشنهادی، از سه نوع عملگر جهش و پنج نوع عملگر بازترکیبی بر روی مجموعه داده های استاندارد استفاده شده است. مقایسه نتایج بدست آمده با سایر روش ها، به ازای *K* های متفاوت، نشان می دهد می توان با استفاده از عملگر بازترکیبی ساده یک نقطه ای و عملگر جهش ارائه شده در این مقاله با نام "عملگر جهش منطقه ای خوشه ای"، به جواب های بهتری دست یافت.

## ۱. مقدمه

خوشه بندی در فضای *n* بعدی اقلیدسی، فرایند تقسیم بندی یک مجموعه داده یا نمونه به تعداد *K* گروه یا خوشه براساس شباهت یا عدم شباهت آنها است. در واقع نمونه هایی که در یک زیر مجموعه قرار می گیرند، بهم شبیه اند و با آنها یی که در زیر مجموعه دیگری قرار می گیرند متفاوت و غیر شبیه هستند. در

تاریخ وصویل: ۸۹/۷/۹

تاریخ تصویب: ۹۰/۳/۲۱

\*نویسنده مسئول مقاله: دکتر مسعود یقینی، استادیار دانشکده مهندسی راه آهن، دانشگاه علم و صنعت ایران، yaghini@iust.ac.ir  
رویا سلطانیان. دانشجوی کارشناسی ارشد مدیریت اجرایی، دانشگاه علم و صنعت ایران، roya\_soltanian@yahoo.com  
جواد نوری دانشجوی مهندسی کامپیوتر، دانشگاه علم و صنعت ایران، javad.nuri@gmail.com

بعضی از مسائل خوشه بندی، تعداد *K* یا خوشه ها از پیش تعیین

شده است.

یکی از رایج ترین روش های افزاینده<sup>۲</sup> برای خوشه بندی، الگوریتم *K-Means* است [۱]. مشکل *K-Means* این است که در نقاط بهینه محلی گیر می افتد. جواب های بدست آمده از این الگوریتم به نقاط یا مراکز خوشه اولیه انتخاب شده، واپسیه است. یعنی اگر مراکز مناسبی برای خوشه های اولیه انتخاب شده باشد، خوشه بندی خوبی بدست می آید. در الگوریتم *K-Means* تعداد خوشه ها یا *K* از پیش تعريف شده است. در این الگوریتم ابتدا تعداد *K* نمونه<sup>۳</sup> بعنوان مراکز خوشه<sup>۴</sup> بصورت تصادفی انتخاب می شود. سپس سایر نمونه ها براساس کمترین فاصله (معمولًا فاصله

<sup>2</sup>. Partitioning

<sup>3</sup>. Object

<sup>4</sup>. Mean value

بالا برد. در سال ۱۹۹۳ بابو و مرتی<sup>۳</sup> [۲] الگوریتم ژنتیکی برای انتخاب مراکز خوش اولیه در الگوریتم K-Means ارائه کردند که در آن از نمایش رشته بیتی<sup>۴</sup> استفاده می شد. در این الگوریتم از یک عملگر ساده بازترکیبی برای جابجایی مراکز خوش والدین استفاده می شد، بطوریکه این جابجایی بصورت کاملاً تصادفی در فضای مجموعه داده ها انجام می شد.

در سال ۱۹۹۹ کریشننا و مورتی<sup>۵</sup> [۳] یک الگوریتم ژنتیک ترکیبی ابداع کردند که جواب های نزدیک به بهینه سراسری را برای مساله خوش بندی با تعداد خوش های مشخص بدست می داد. در این شکل ابداعی از الگوریتم ژنتیک، از الگوریتم کلاسیک شبیب نزولی<sup>۶</sup> در فرآیند خوش بندی استفاده شده بود. در سال ۲۰۰۰ ماویلیک و همکاران<sup>۷</sup> [۴] یک روش خوش بندی مبتنی بر بر الگوریتم ژنتیک پیشنهاد کردند که در آن از قابلیت جستجوی الگوریتم ژنتیک به منظور تعیین  $K$  مرکز خوش در فضای  $R^N$  بهره گرفته می شد.

در این روش مقدار  $K$  از پیش معلوم در نظر گرفته شده است و یکی از مقادیر ورودی مساله است، در واقع تعداد مراکز خوش تعداد نمونه ها در پایگاه داده است. معیاری که برای سنجش فاصله بین نقاط از آن استفاده می شود، فاصله اقلیدسی نقاط با مرکز خوش متناظرشان است. کروموزوم ها که به صورت رشته هایی از اعداد حقیقی هستند، مراکز خوش ها را در خود ذخیره می کنند. در سال ۲۰۰۱ هانسن و ملادونویک<sup>۸</sup> الگوریتم ژنتیکی بنام J-Means [۵] ارائه دادند که در آن روش جدیدی برای جستجوی منطقه ای ارائه شده بود.

در این روش پس از انتخاب یک مرکز خوش، یکایک مراکز خوش اطراف آن به ترتیب با مرکز خوش انتخابی جابجا می شوند تا مرکز خوشی بهتر انتخاب شود. در سال ۲۰۰۲ ماویلیک و همکاران الگوریتم ژنتیکی [۶] ارائه دادند که در آن به جای آنکه هر کروموزوم شامل اعضای هر خوش باشد تنها مراکز خوش نگهداری می شوند.

این امر کمک می کند زمان فرایند الگوریتم کوتاه شود و الگوریتم برای پایگاه های داده بزرگ بهتر جوابگو باشد. در سال ۲۰۰۶ لازلو و موهارجه<sup>۹</sup> [۷] الگوریتم ژنتیکی برای انتخاب مراکز خوشه ارائه دادند. این مراکز خوشه به کمک درخت هایپر کواد<sup>۱۰</sup> که یک زیر بخش<sup>۱۱</sup> فضایی منطقه ای است، تعیین می شوند.

اقلیدسی) با مرکز خوشه ها در یکی از خوشه ها قرار می گیرند. به این ترتیب  $K$  خوش خواهیم داشت که هر یک حاوی تعدادی نمونه است. سپس میانگین نمونه های هر خوشه را محاسبه کرده و بعنوان مراکز جدید آن خوشه در نظر می گیریم و براساس آن مرکز خوشه جدید، مجدد نمونه ها خوش بندی می شوند، بدین ترتیب خوشه های جدید با نمونه های جدید خواهیم داشت. عموماً برای خاتمه الگوریتم از رابطه (۱-۱) استفاده می شود. تلاش الگوریتم برآنست که میزان این انحراف را کمینه کند. در صورتی که در مقدار  $SSE^1$  بهبودی حاصل نشود، الگوریتم متوقف می شود.

$$(1) SSE = \sum_{i=1}^k \sum_{p \in C_i} |P - m_i|^2$$

در رابطه (۱-۱)  $P$ ، نقطه ای است که نشان دهنده یک نمونه است،  $m_i$  مرکز خوش  $c_i$  و  $SSE$  مجموع مجدد انحراف برای همه نمونه ها است.

در این مقاله سعی شده با کمک الگوریتم ژنتیک به یک خوش بندی بهینه دست یابیم. بدین ترتیب که با عملگر ساده بازترکیبی یک نقطه ای و با استفاده از یک عملگر جهش جدید ارائه شده بنام "جهش منطقه ای خوش ای" به جواب های بهتری دست یافته ایم. در این روش، مرکز خوش مورد نظر برای اعمال جهش، بجای آنکه بطور تصادفی با یک نقطه در کل فضای جواب جابجا شود، با نقطه ای در بک فضای محدود انتخاب شده، جابجا می شود. برای ارزیابی عملکرد الگوریتم پیشنهادی از مجموعه داده های استاندارد استفاده شده است. مقایسه نتایج بدست آمده با سایر روش ها، به ازای  $K$  های متفاوت، نشان می دهد با استفاده از روش پیشنهادی برای عملگر جهش، می توان به جواب های بهتری دست یافت.

در بخش دوم مروری بر مطالعات انجام شده مرتبط با موضوع مقاله ارائه می شود. در بخش سوم الگوریتم پیشنهادی مورد بررسی قرار گرفته و در بخش چهارم نتایج بدست آمده از الگوریتم پیشنهادی برروی داده های استاندارد ارائه می گردد و در بخش آخر به جمع بندی و نتیجه گیری پرداخته می شود.

## ۲. تحقیقات انجام شده مرتبط

در دو دهه اخیر تحقیقات بسیاری بر مبنای الگوریتم ژنتیک انجام شده است تا بتوان احتمال پیدا کردن نقاط بهینه<sup>۲</sup> سراسری را

<sup>۱</sup>. Sum of Squared Euclidean distance

<sup>۲</sup>. Global Optimal

### ۳. الگوریتم پیشنهادی

در روش پیشنهادی، از الگوریتم ژنتیک [۱۳]، بعنوان یک الگوریتم فرابیتکاری برای پیدا کردن مراکز خوشة ها استفاده شده است. در این بخش به تشریح اجزای الگوریتم پیشنهادی می پردازیم.

#### ۳-۱. جمعیت اولیه

الگوریتم پیشنهادی با مجموعه ای از کروموزوم ها که هر کدام نشان دهنده یک جواب برای مساله مفروض هستند، تحت عنوان جمعیت اولیه شروع به کار می کند. نکته مهم در تولید جمعیت اولیه در روش پیشنهادی این است که هر کروموزوم بصورت یک رشته بطول  $m$  خواهد بود که در آن  $m$  برابر با تعداد مراکز خوشة است. بدین ترتیب طول کروموزومها حتی در پایگاه های داده بزرگ خیلی بزرگ نخواهد بود و زمان اجرای الگوریتم<sup>۹</sup> وقت گیر و طولانی نمی شود.

#### ۳-۲. عملگر انتخاب

به منظور گرینش کروموزومهای والدین و وارد نمودن آنها به مرحله تولید مثل<sup>۱۰</sup> و تولید کروموزومهای جدید از عملگر انتخاب کمک گرفته می شود. در این روش دو کروموزوم انتخاب می شود که این انتخاب برای ورود به مرحله تولید مثل به میزان شایستگی<sup>۱۱</sup> کروموزوم ها بستگی دارد. شایستگی یک کروموزوم رابطه مستقیم با مقدار SSE آن دارد. اگر از SSE به مجموع مجذور فواصل اقلیدسی هر نقطه تا مرکز خوشة تعبیر نماییم، هرچه این فاصله کمتر یا کوچکتر باشد، شایستگی آن کروموزوم یا احتمال انتخاب آن کروموزوم بیشتر می شود.

بنابراین در هر نسل، کروموزومی که شایستگی بیشتری دارد شناس بیشتری برای ورود به مرحله تولید مثل خواهد داشت. بعبارتی دیگر در هر نسل با توجه به احتمال انتخاب هر کروموزوم، یک جفت کروموزوم انتخاب می شوند و با ورود به مرحله تولید مثل تحت عملگرهای باز ترکیبی و جهش قرار می گیرند. در این مقاله عملگر انتخاب به کمک روش چرخ رولت<sup>۱۲</sup> انجام شده است. برای برطرف کردن مشکلات این روش ابتدا شایستگی ها مقیاس بندی<sup>۱۳</sup> شدند. این مقیاس بندی نیز به دو روش خطی و سیگما انجام شد تا از صحت مقیاس بندی اطمینان خاطر حاصل شود.

اشکال این روش آن بود که تنها برای پایگاه های داده کوچک با تعداد  $K$  کوچک جوابگو بود. به همین دلیل در سال ۲۰۰۷ آنها الگوریتم ژنتیک دیگری [۸] برای انتخاب مراکز خوشة ارائه دادند که برای پایگاه های داده بزرگ نیز جوابگو بود. در این روش از نوعی عملگر بازترکیبی جدید استفاده می شود که به آن عملگر بازترکیبی منطقه ای<sup>۱</sup> می گویند.

این عملگر بازترکیبی ابداعی، مراکز خوشه هایی را جابجا می کند که در یک منطقه از فضای پایگاه داده واقع شده باشند و یا عبارت دیگر مراکز خوشه هایی را جابجا می کند که در همسایگی هم قرار دارند. در این روش باور بر آنست که اگر بتوانیم مجموعه مراکز خوشه اشغال شده در یک فضای یکسان یا نزدیک به هم را بصورت جوابهای با کیفیت بالا درآوریم، تاحدی مشکل مراکز خوشه حل می شود. نتایج، نشان داده است که این روش علاوه بر آنکه به جواب های بهتری منجر می شود، زمان اجرای الگوریتم را نیز کاهش می دهد. در سال ۲۰۰۸ چانگ زانگ و زنگ<sup>۲</sup> [۹] الگوریتم ژنتیکی ارائه دادند که در آن از نوع خاصی عملگر بازترکیبی استفاده می شد.

عملگر بازترکیبی مورد استفاده، عملگر مبتنی بر مسیر<sup>۳</sup> است که که در آن بین ژن های والدین، مسیری مشخص می شود و ژن هایی که روی این مسیر قرار دارند با ژن های والدین جابجا می شوند تا فرزندان یا نسل جدید حاصل شوند. همچنین در سال ۲۰۰۸ الگوریتم خوش بندی تحت عنوان  $K$ -Means زالیک<sup>۴</sup> [۱۰] ارائه شد. ایده اصلی در این مقاله کمینه کردن تابع تابع هزینه است.

در سال ۲۰۱۰ جینگ و همکارانش<sup>۵</sup> [۱۱] برای برطرف کردن مشکلات الگوریتم  $K$ -Means الگوریتم ژنتیکی کوانتومی<sup>۶</sup> ارائه دادند. همچنین در سال ۲۰۱۰ یو و وانگ<sup>۷</sup> [۱۲] الگوریتمی تحت

تحت عنوان  $QBCA$ <sup>۸</sup> ارائه نمودند که در آن به کمک توابع ریاضی، داده ها به تعدادی هیستوگرام تخصیص داده می شوند. بررسی های انجام شده بر روی مطالعاتی که تاکنون انجام شده است، نشان می دهد اکثر این مطالعات بر روی ارائه عملگرهای بازترکیبی جدید برای پیدا کردن نقاط اولیه در الگوریتم  $K$ -Means تمرکز دارند. اما در مقاله پیش رو نشان داده می شود که با استفاده از عملگرهای جهش مناسب نیز، می توان به جواب های بهتر دست یافت.

<sup>۱</sup>. Regional Crossover

<sup>۲</sup>. D-X.Chang, X-D .Zhang, C-W .Zheng

<sup>۳</sup>. Path-based Crossover

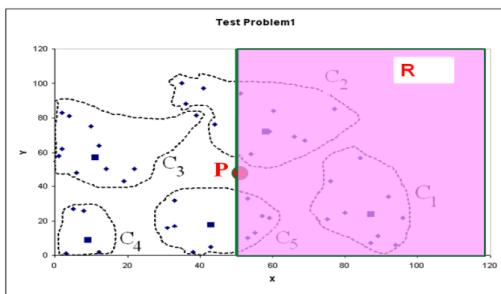
<sup>۴</sup>. Krista Rizman Zalik

<sup>۵</sup>. Jing Xiao, YuPing Yan, Jun Zhang and Yong Tang

<sup>۶</sup>. The quantum-inspired genetic algorithm

<sup>۷</sup>. Zhiwen Yu and Hau-San Wong

<sup>۸</sup>. Quantization -Based Clustering Algorithm ( $QBCA$ )



شکل ۱. روش تعیین منطقه R

دومین عملگر بازترکیبی، عملگر بازترکیبی منطقه ای حسابی می باشد. این عملگر، نوعی بازترکیبی ابداعی در این مقاله است که با الهام از باز ترکیبی منطقه ای، تولید شده است. در این روش پس از تعیین منطقه  $R$ ، مراکزی (زن ها) از دو کروموزوم جفت شده را که در منطقه  $R$  قرار دارند بطور تصادفی انتخاب کرده و پس از محاسبه میانگین حسابی آنها، میانگین ها را در کروموزوم های فرزند قرار می دهیم و بقیه زن ها که جفت نشده اند بدون تغییر به کروموزوم های فرزند منتقل می شوند.

### ۳-۴. عملگر جهش

منطقه استفاده از عملگر جهش در الگوریتم ژنتیک این است که الگوریتم در خلال فرایند جستجو در نقاط بهینه محلی به دام نیفتد و مناطق بیشتری از فضای جواب را به جستجو پردازد. در این مسائل بطور معمول از عملگرهایی تحت عنوان جابجایی نقطه ای و یا جابجایی رشته ای استفاده می شود. در این مقاله برای عملگر جهش از یک روش رایج بنام جهش تصادفی<sup>۱</sup> [۸] و دو روش ابداعی جدید بنام های "جهش منطقه ای" و "جهش منطقه ای خوش ای" استفاده شده است. جهش منطقه ای نوعی روش ابداعی است که از آن می توان به جهش منطقه ای با انتخاب  $n$  نقطه در منطقه  $R$  نیز یاد نمود. در این روش، منطقه ای مانند  $R$  بطور تصادفی انتخاب می گردد (همانطور که در عملگر بازترکیبی منطقه ای توضیح داده شد).  $n$  پارامتر ورودی الگوریتم است که بر اساس حجم پایگاه داده تعیین می شود. فاصله این  $n$  نقطه با مرکز خوش ای که قرار است روی آن جهش صورت گیرد محاسبه می شود. نزدیکترین نقطه به مرکز خوش انتخاب شده و جهش یا جابه جایی نقطه ای رخ می دهد. از آنجا که جهش بین نقاطی با فاصله کمتر و یا در همسایگی انجام می شود امید است که به نتایج بهتر نسبت به جهش تصادفی منجر شود. دومین عملگر جهش، "عملگر جهش منطقه ای خوش ای" می باشد. این عملگر، نوعی جهش ابداعی در این مقاله است. در این روش ابداعی که از آن می توان به جهش منطقه ای با انتخاب  $n$  نقطه از خوش مربوط به زن مورد جهش

### ۳-۳. عملگر بازترکیبی

یکی از مهمترین عملگرهایی که در الگوریتم ژنتیک مورد استفاده قرار می گیرد، عملگر بازترکیبی است که در یافتن و بهبود جوابهای حاصل شده بسیار موثر است معمولاً برای اعمال عملگر بازترکیبی احتمالی مانند  $P_C$  یا نرخ بازترکیبی در نظر گرفته می شود که با آن کروموزوم انتخابی تحت عملگر بازترکیبی قرار می گیرد. میزان این احتمال  $0.8$  در نظر گرفته شده است. روش های متفاوتی برای عملگر بازترکیبی در این مقاله مورد استفاده قرار گرفته است.

این روش ها شامل سه روش شناخته شده بازترکیبی یک نقطه ای<sup>۲</sup> [۱۳]، بازترکیبی چند نقطه ای<sup>۱</sup> [۱۳]، بازترکیبی حسابی ساده [۱۳]، یک روش ابداعی توسط لازلو و مهاراجه بنام "بازترکیبی منطقه ای"<sup>۲</sup> [۸] و یک روش جدید ارائه شده در این مقاله بنام روش بازترکیبی حسابی منطقه ای می باشد. از توضیح سه روش استاندارد صرف نظر می شود و تنها دو روش بازترکیبی منطقه ای و بازترکیبی حسابی منطقه ای شرح داده می شود.

عملگر بازترکیبی منطقه ای روش ابداعی ارائه شده توسط لازلو و موهاراجه<sup>۲</sup> [۸] است که در آن مراکز خوش هایی را جایجا می کند که در یک منطقه از فضای پایگاه داده مانند  $R$  واقع شده باشند و یا بعبارت دیگر مراکز خوش هایی را جایجا می کند که در همسایگی هم قرار دارند. در این روش باور بر آنست که اگر بتوانیم مجموعه مراکز خوش اشغال شده در یک فضای یکسان یا نزدیک بهم را بصورت جواب های باکیفیت بالا در آوریم، تاحدوی مشکل مراکز خوش اولیه حل می شود. نتایج نشان داده است که این روش علاوه بر آنکه به نتایج بهتری منجر می شود، زمان الگوریتم را نیز کاهش می دهد.

نکته مهم و اساسی در این روش تعیین منطقه  $R$  است چرا که ابتدا با استی منطقه  $R$  مشخص شود و سپس آن مراکزی از دو کروموزوم احتمالی مانند  $C_1$  و  $C_2$  را که عضو  $R$  هستند جایجا کنیم. منطقه  $R$  (شکل ۱) یک فضای  $d$  بعدی است که بصورت تصادفی انتخاب می شود. برای هر عملگر بازترکیبی بطور تصادفی یک نقطه مانند  $P$  انتخاب می کنیم و بردار تصادفی  $n$  را به آن عمود می کنیم. حال بخشی از فضا که از تلاقی نقطه  $P$  و بردار  $n$  بدست آمده و بسمت مثبت بی نهایت میل می کند را بعنوان فضای  $R$  در نظر می گیریم. این فضای کاملاً تصادفی انتخاب شده، زن های کروموزوم ها را به دو دسته تقسیم می کند. درست شیوه آنچه در روش استاندارد بازترکیبی یک نقطه ای رخ می داد. حال آن دسته از مراکز خوش ای را که در این منطقه قرار دارند باهم جایجا می نماییم.

<sup>1</sup>. Regional Crossover

<sup>2</sup>. Michael Laszlo & Sumitra Mukherjee

مجموعه داده های مختلف مقایسه گردید. از آنجا که بهترین جوابها با استفاده از عملگر بازترکیبی یک نقطه ای و عملگر جهش منطقه ای خوش ای بدست آمده است، لذا این مدل بعنوان الگوریتم پیشنهادی معروفی گردیده و از ارائه نتایج حاصل از ۱۴ مدل دیگر صرف نظر شده است. برای تنظیم پارامترهای الگوریتم پیشنهادی، ابتدا از طریق مطالعه تطبیقی، پارامترهای پیشنهاد شده در سایر مطالعات مرتبط جمع آوری گردید.

سپس از طریق روش آزمون و خطاب مقادیر نهایی پارامترهای الگوریتم پیشنهادی تعیین گردیدند. برای تنظیم پارامترها از مجموعه داده های شبیه سازی شده استفاده شده است. پارامترهای مورد استفاده در نتایج بدست آمده شامل: نرخ بازترکیبی،  $P_c = 0.001$ ، نرخ جهش،  $P_m = 0.001$ ، اندازه جمعیت، ۱۰۰ کروموزوم، تعداد نسل در هر اجرا، ۱۰۰ بار و تعداد نمونه انتخاب شده برای جهش  $n=10$  است. مجموعه داده های مورد استفاده به شرح جدول (۱) است.

**جدول (۱). معرفی مجموعه داده های مورد استفاده**

نام مجموعه	تعداد نمونه	تعداد ابعاد	منبع	مرجع
GTD	۵۹	۲	[۱۴] (۱۹۸۰)	Spath [۸]
BPZ	۸۹	۳	[۱۴] (۱۹۸۰)	Spath [۷]
IRIS	۱۵۰	۴	[۱۵]	UCI [۶]
۹-۲-۹۰۰	۹۰۰	۲	[۶] (۲۰۰۲)	S.Bandyopadhyay & U.Maulik [۴]

در ادامه نتایج اجرای مدل پیشنهادی بر روی چهار سری مجموعه داده مشروح در جدول (۱)، ارائه می شود. پیاده سازی الگوریتم جدید با زبان برنامه نویسی Java بر روی کامپیوتوری با ۲ گیگا بايت حافظه اصلی و پردازنده ۱/۶ گیگا هرتز انجام شده است. مدل پیشنهادی برای هر مجموعه داده ده بار اجرا شده است. ضمناً تعداد نسل ها صد نسل در نظر گرفته شده که در هر نسل بهترین، بدترین و میانگین نتایج مطابق با معیار انحراف کم داده های درون یک خوش محاسبه گردیده است. برای یک یک مجموعه داده ها نتایج با بهترین نتایج حاصل از مطالعات قبلی مقایسه شده است.

#### ۱-۴. نتایج بدست آمده برای مجموعه داده GTD

جدول (۲) نتایج بدست آمده از الگوریتم پیشنهادی و همچنین بهترین جوابهای بدست آمده قبلی به ازای  $K$  های مختلف را برای مجموعه داده GTD نشان می دهد. این مجموعه داده دارای ۵۹ نمونه و دو بعد است.

نیز یاد نمود، ابتدا بطور تصادفی منطقه ای مانند  $R$  انتخاب می شود، سپس  $n$  نقطه از خوشة ژن مورد جهش انتخاب شده ( $n$  بسته به حجم پایگاه داده تعیین می شود) و فاصله این  $n$  نقطه با مرکز خوشه ای که قرار است روی آن جهش صورت گیرد، محاسبه می شود. نزدیکترین نقطه به مرکز خوشه انتخاب شده و جهش یا جایگزینی نقطه ای رخ می دهد.

البته باید توجه داشت که در این روش در اثر عملگر بازترکیبی، خوشه بندی بهم خورده و باید یکباره دیگر الگوریتم K-Means، اجرا شود تا خوشه های جدید بدست آیند و بعد از آن که خوشه های جدید مشخص شدند، به انتخاب  $n$  نقطه و ادامه الگوریتم پرداخته می شود. لازم به ذکر است بطور معمول برای عملگر جهش یک مقدار احتمالی ثابت و کوچک در نظر می گیرند. در این مطالعه  $P_m = 0.001$  در نظر گرفته شده است.

#### ۵-۳. جایگزینی

آخرین مرحله در هر تکرار از الگوریتم ژنتیک با انجام عملگر جایگزینی پایان می پذیرد. هدف از این مرحله حفظ بهترین کروموزوم های تولید شده در خلال تکرارهای قبلی است. بنابراین در هر نسل بازیابی صورت گرفته، بهترین کروموزوم های فعلی را نگه داشته و بهترین نسل کروموزوم های قبل بطور تصادفی با یکی از کروموزومهای فعلی (جزء بهترین فعلی) جایگزین می شوند.

#### ۶-۳. شرط خاتمه الگوریتم

در هر مرحله پس از ساخت و پیاده سازی مدل های پیشنهادی، جهت ارزیابی کیفیت خوش بندی و مقایسه دقت مدل با نتایج سایر الگوریتم های موجود، از معیار انحراف درون خوشه ها استفاده شده است. کیفیت خوش بندی بستگی به بیشترین شباهت اعضاء درون یک خوش و کمترین شباهت اعضای یک خوش از اعضاء سایر خوش ها دارد. الگوریتم زمانی خاتمه می یابد که تمامی خوش ها بررسی گردند و بهبودی در جواب حاصل نگرددند.

#### ۴. ارزیابی الگوریتم پیشنهادی

برای ارزیابی الگوریتم پیشنهادی از چهار مجموعه داده GTD، IRIS، BPZ و ۹-۲-۹۰۰ استفاده شده است. از ترکیب پنج عملگر بازترکیبی و سه عملگر جهش، ۱۵ مدل مورد بررسی قرار گرفت. برای انتخاب مدل پیشنهادی، ابتدا ۱۵ مدل با مجموعه داده های استاندارد انتخاب شده، آزمایش شدند. آنگاه نتایج حاصل از الگوریتم پیشنهادی با نتایج تحقیقات پیشین بر روی

همانطور که مشاهده می شود نتایج بدست آمده از الگوریتم پیشنهادی با بهترین جواب های بدست آمده برای مجموعه داده BPZ به ازای  $K$  های مختلف یکسان بوده و درصد اختلاف با آنها صفر است.

#### ۴-۳. نتایج بدست آمده برای مجموعه داده IRIS

جدول (۴) نتایج بدست آمده از الگوریتم پیشنهادی و همچنین بهترین جوابهای بدست آمده قبلی را برای مجموعه داده IRIS نشان می دهد. این مجموعه داده دارای ۱۵۰ نمونه، چهار بعد و سه خوشه ( $k=3$ ) است.

**جدول ۴. مقایسه نتایج مدل پیشنهادی با الگوریتم های مورد استفاده در تحقیقات پیشین برای مجموعه داده IRIS**

روش حل	بهترین جواب
GA & KGA Clustering [۶]	۹۷/۱۰۰۷۷
الگوریتم پیشنهادی	۷۸/۹۴۰۸۴
درصد بهبد	۲۳

همانطور که مشاهده می شود نتایج بدست آمده از الگوریتم پیشنهادی با بهترین جواب های بدست آمده برای مجموعه داده IRIS مقایسه شده اند. الگوریتم پیشنهادی بهبود ۲۳ درصدی را نسبت به تحقیقات پیشین نشان می دهد.

#### ۴-۴. نتایج بدست آمده مجموعه داده ۹-۲-۹۰۰

جدول (۵) نتایج بدست آمده از الگوریتم پیشنهادی و همچنین بهترین جواب بدست آمده قبلی را برای مجموعه داده ۹-۲-۹۰۰ نشان می دهد. این مجموعه داده دارای ۹۰۰ نمونه و دو بعد و سه خوشه ( $k=3$ ) است.

**جدول ۵. مقایسه نتایج مدل پیشنهادی با الگوریتم های مورد استفاده در تحقیقات پیشین برای مجموعه داده ۹-۲-۹۰۰**

روش حل	بهترین جواب
GA Clustering [۴]	۹۶۶/۳۵۰۴۸۱
الگوریتم پیشنهادی	۴۶۹/۰۴۵۱۶۷
درصد بهبد	۱۰۶

همانطور که مشاهده می شود نتایج بدست آمده از الگوریتم پیشنهادی با بهترین جواب بدست آمده برای مجموعه داده ۹-۲-۹۰۰ مقایسه شده اند. الگوریتم پیشنهادی بهبود ۱۰۶ درصدی را نسبت به تحقیقات پیشین نشان می دهد.

**جدول ۲. مقایسه نتایج مدل پیشنهادی با الگوریتم های مورد استفاده در تحقیقات پیشین برای مجموعه داده GTD**

تعداد	بهترین جواب بدست آمده	الگوریتم	درصد اختلاف	پیشنهادی	توسط [۲,۳,۷]	K
۴	۴۹۶۰/۵۹	۴۹۶۰/۵۹	۰/۰			
۵	۳۸۷۱۶/۰۲	۳۸۷۱۶/۰۲	۰/۰			
۶	۳۰۵۳۵/۳۹	۳۰۵۳۵/۳۹	۰/۰			
۷	۲۴۴۳۲/۵۷	۲۴۴۳۲/۵۷	۰/۰			
۸	۲۱۴۸۳/۰۲	۲۱۴۸۳/۰۲	۰/۰			
۹	۱۸۵۵۰/۴۴	۱۸۵۵۰/۴۴	۰/۰			
۱۰	۱۶۳۰۷/۹۷	۱۶۳۰۷/۹۷	۰/۰			

همانطور که مشاهده می شود نتایج بدست آمده از الگوریتم پیشنهادی با بهترین جواب های بدست آمده برای مجموعه داده GTD به ازای  $K$  های مختلف یکسان بوده و درصد اختلاف با آنها صفر است.

#### ۴-۵. نتایج بدست آمده برای مجموعه داده BPZ

جدول (۳) نتایج بدست آمده از الگوریتم پیشنهادی و همچنین بهترین جوابهای بدست آمده قبلی به ازای  $K$  های مختلف را برای مجموعه داده BPZ نشان می دهد. این مجموعه داده دارای ۸۹ نمونه و سه بعد است.

**جدول ۳. مقایسه نتایج مدل پیشنهادی با الگوریتم های مورد استفاده در تحقیقات پیشین برای مجموعه داده BPZ**

تعداد	بهترین جواب بدست آمده	الگوریتم	درصد اختلاف	پیشنهادی	توسط [۷]	K
۲	۶/۰۲۵۴۷	۶/۰۲۵۴۷	۰/۰			
۳	۲/۹۴۵۰۷	۲/۹۴۵۰۷	۰/۰			
۴	۱/۰۴۴۷۵	۱/۰۴۴۷۵	۰/۰			
۵	۵/۹۷۶۱۵	۵/۹۷۶۱۵	۰/۰			
۶	۳/۵۹۰۸۵	۳/۵۹۰۸۵	۰/۰			
۷	۲/۱۹۸۳۲	۲/۱۹۸۳۲	۰/۰			
۸	۱/۳۳۸۵۴	۱/۳۳۸۵۴	۰/۰			
۹	۸/۴۲۳۷۴	۸/۴۲۳۷۴	۰/۰			
۱۰	۶/۴۴۶۴۷	۶/۴۴۶۴۷	۰/۰			
۱۱	۵/۱۹۷۹۸	۵/۱۹۷۹۸	۰/۰			
۱۲	۳/۹۵۰۵۲	۳/۹۵۰۵۲	۰/۰			
۱۳	۲/۷۷۸۰۳	۲/۷۷۸۰۳	۰/۰			
۱۴	۲/۱۱۵۵۴	۲/۱۱۵۵۴	۰/۰			
۱۸	۹/۸۰۶۸۷	۹/۸۰۶۸۷	۰/۰			
۲۲	۵/۴۲۱۱۳۸	۵/۴۲۱۱۳۸	۰/۰			
۲۶	۲/۸۲۲۳۷	۲/۸۲۲۳۷	۰/۰			
۳۰	۱/۷۱۳۸۱	۱/۷۱۳۸۱	۰/۰			

- Clustering", Pattern Recognition Letters, 28, 2006, pp. 533–543.*
- [8] Laszlo, M., Mukherjee, S., "A Genetic Algorithm that exchanges neighboring centers for K-Means Clustering", Pattern Recognition Letters , 28, 2007, pp. 2359–2366.
- [9] Chang, D.X., Zhang, X.D., Zheng, C.W., "A Genetic Algorithm with Gene Rearrangement for K-Means Clustering", Pattern Recognition, 42, 2009, pp. 1210 – 1222.
- [10] Zalik, K.R., "An Efficient K-Means Clustering Algorithm", Pattern Recognition Letters, 29, 2008, pp. 1385–1391.
- [11] Xiao, J., Yan, Y., Zhang, J., Tang, Y., "A Quantum-inspired Genetic Algorithm for K-Means Clustering", Pattern Recognition Letters, Expert Systems with Applications, 37, 2010, pp. 4966–4973.
- [12] Yu, Z., Wong, H.S., "Quantization-based Clustering Algorithm", Pattern Recognition 43, 2010, pp. 2698–2711.
- [13] Eiben, A.E., Smit, J.E., Introduction to Evolutionary Computing, Springer, 2003.
- [14] Spath, H., *Clustering Analysis Algorithms*. Wiley, New York. 1980
- [15] www.UCI.com.

## ۵. نتیجه گیری

با توجه به اینکه در الگوریتم K-Means نمونه های اولیه به صورت تصادفی انتخاب می شوند، ممکن است الگوریتم در دام بهینه محلی قرار گرفته و جواب بهینه را تولید ننماید. لذا جهت خروج از وضعیت بهینه محلی، با ترکیب الگوریتم فوق الذکر با الگوریتم ژنتیک مدل خوشه بندی جدیدی ارایه شده است که سبب خروج از دام بهینه محلی و تولید جواب های بهتر می گردد. در این مقاله سعی گردیده با ارائه عملگرهای جدید تغییر برای الگوریتم ژنتیک، مشکل به دام افتادن الگوریتم K-Means در نقاط بهینه محلی برطرف گردد. الگوریتم پیشنهادی با استفاده از پنج عملگر بازنگری و سه عملگر جهش که مجموعاً ۱۵ حالت مختلف را تشکیل می دهند، آزمایش شده است. نتایج بدست آمده نشان می دهد با استفاده از یک عملگر بازنگری ساده یک نقطه ای و عملگر جهش منطقه ای خوشه ای می توان نتایج بهتری نسبت به سایر روشها بدست آورد. در واقع در این روش جهش بروی مرکز خوشه مورد نظر بصورت تصادفی از کل فضای جواب صورت نمی گیرد، بلکه مرکز خوشه مورد نظر با یک نقطه از فضای تعريف شده در خوشه مورد نظر جابجا می شود.

## مراجع

- [1] Han, J., Kamber, M., "Data Mining: Concepts and Techniques", Second Edition, Morgan Kaufmann Publishers, 2006.
- [2] Babu, G.P., Murty, M.N., "A Near-Optimal Initial Seed Value Selection for K-Means Algorithm Using Genetic Algorithm", Pattern Recognition Letters, 14: 1993, pp. 763–769.
- [3] Krishna, K., Narasimha Murty, M., "Genetic K-Means Algorithm", IEEE Transactions on Systems, MAN, and Cybernetics – Part B: Cybernetics, 29: 1999, pp. 433–439.
- [4] Bandyopadhyay, S., Maulik, U., "Genetic Algorithm – based Clustering Technique", Pattern Recognition Letters, 33, 2000, pp. 1455–1465.
- [5] Hansen, P., Mladenovic, N., "J-Means: A New Local Search Heuristic for Minimum Sum-of-Squares Clustering", Pattern Recognition, 34, 2: 2001, pp. 405–413.
- [6] Bandyopadhyay, S., Maulik, U., "An Evolutionary Technique Based on K-Means Algorithm for Optimal Clustering in  $R^N$ ", Pattern Recognition Letters, 146, 2002, pp. 221–237.
- [7] Laszlo, M., Mukherjee, S., "A Genetic Algorithm Using Hyper-Quadtrees for Low-Dimensional K-Means