

Estimação dos Parâmetros de uma SVM utilizando um Algoritmo Genético para o Reconhecimento de Caracteres Manuscritos

F. Wilson R. Junior¹, Kennedy S. de Abreu¹

¹Universidade Federal do Ceara (UFC)

Sobral Ce – Brasil

wilsoonjunior@gmail.com, kennedysouza11994@hotmail.com

Abstract. *This work deals with an HCR system using a genetic algorithm (GA) to estimate the kernel parameters of an SVM for the recognition of the MNIST database in order to increase the correctness percentage of the classifier with the best combination of parameters . Also discussed are digital image processing (PDI) techniques for image processing and feature extraction. The use of a GA together with an SVM proved to be effective, achieving high accuracy rates.*

Keywords. *Manuscript Character Recognition. Extraction of Characteristics. Support VectorMachine. One Against One. One Against All.*

Resumo. *Este trabalho aborda um sistema HCR utilizando um algoritmo genético (AG) para estimar os parâmetros do kernel de uma SVM para o reconhecimento dos caracteres manuscritos da base de dados MNIST com o objetivo de elevar o percentual de acertos do classificador com a melhor combinação dos parâmetros. Também são abordadas técnicas de processamento digital de imagens (PDI) para o tratamento das imagens e extração de características. A utilização de um AG em conjunto com uma SVM mostrou-se eficaz, alcançando elevadas taxas de precisão.*

Palavras-chave. *Reconhecimento de Caracteres Manuscritos. Extração de Características. Máquina de Vetores de Suporte. Um Contra Um. Um Contra Todos.*

1. Introdução

O reconhecimento de caracteres manuscritos ou *handwritten character recognition* (HCR) é uma importante e desafiadora área de estudos de PDI e reconhecimento de padrões, utilizado para diversos fins como, reconhecimento de placas de veículos, preservação de documentos históricos manuscritos e reconhecimento de endereços [Pradeep et al. 2012],[Mori et al. 1995].

O HCR pode ser realizado por meio de técnicas de inteligência computacional de treinamento supervisionado, ou não supervisionado. O treinamento supervisionado é capaz de aprender a classificar conjuntos de padrões rotulados com suas respectivas

classes e partir destes conseguir de identificar padrões desconhecidos, como e o caso das técnicas de Rede Neural Artificial (RNA), Máquinas de Vetores de Suporte ou *Support Vector Machine* (SVM) ou Regra dos Vizinhos mais Próximos ou *K-Nearest Neighbors* (KNN).

Neste trabalho é abordado um classificador SVM, devido aos bons resultados encontrados em trabalhos na literatura, como em [Kumar et al. 2012], [Yerra et al. 2017], [Bonesso 2013]. Mas a determinação dos seus parâmetros não é trivial, podendo demandar um tempo elevado na obtenção dos parâmetros ideais, que maximizem o percentual de acertos. Dessa forma, uma solução viável para esse problema e a utilização de um algoritmo genético real, por ser bastante utilizado para buscas e otimização de problemas complexos a partir de uma função objetivo baseado na teoria da evolução de Charles Darwin [Linden 2012].

Então, motivado pelas inúmeras aplicações em que o HCR pode se inserir, o foco deste trabalho está na construção de um sistema HCR, utilizando técnicas de PDI e de inteligência computacional. O objetivo principal e avaliar o desempenho do sistema HCR com a utilização de um algoritmo genético integrado ao processo de classificação, para estimação automática dos parâmetros de uma SVM com função de kernel *Radial Basis Function* (RBF).

Este trabalho está organizado em seções. Na seção 2, é apresentado uma revisão bibliográfica sobre o tema deste trabalho. Na seção 3 são descritos os principais conceitos e técnicas abordadas. A seção 4 apresenta os principais resultados alcançados e em seguida, na seção 5, é apresentado uma visão geral dos resultados obtidos com a metodologia proposta.

2. Trabalhos Relacionados

Em [Bonesso 2013], é realizado o processo de estimação dos parâmetros do kernel RBF de uma SVM, C e Gamma (γ), utilizando a heurística Recozimento Simulado e Busca em Grade, ambas as técnicas adaptadas para o classificador SVM estruturado com uma árvore binária. A primeira apresentou melhores resultados percorrendo um vasto espaço de busca sem demandar muito tempo.

Em [Rodrigues et al. 2001], são utilizadas técnicas de projeção de contornos baseadas em polígonos regulares para extração de características de dígitos manuscritos. Uma RNA e utilizada para o processo de classificação dos dígitos manuscritos, alcançando uma acurácia máxima de 94,64%.

Em [Coelho 2013], utiliza-se um algoritmo genético binário para otimizar o processo de classificação. Essa otimização ocorre com o algoritmo genético selecionando as melhores características de modo a reduzir o erro de classificação.

3. Metodologia

Nesta seção são apresentados os principais conceitos e processos utilizados para a estimação dos parâmetros do kernel de uma SVM com um algoritmo genético e para o

HCR. A Figura 1 apresenta o fluxograma do sistema HCR proposto. Inicialmente, obtém-se as imagens da base de dados *MNIST*, para em seguida aplicar processamento dessas imagens. Posteriormente, determina-se o vetor de características com amostras de treinamento e de teste, sendo apresentado ao algoritmo genético, para determinar a melhor combinação dos parâmetros do kernel da SVM, para assim maximizar a precisão do HCR.

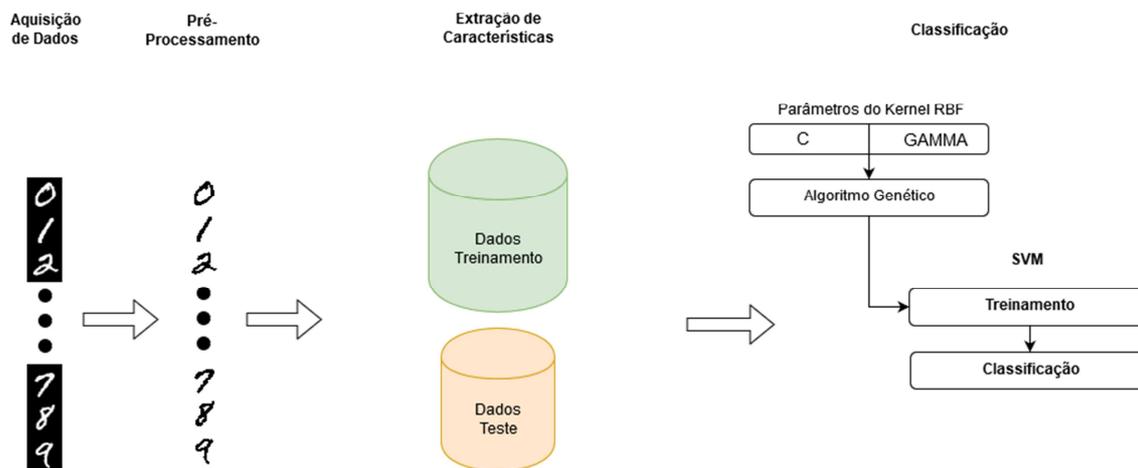


Figura 1. Principais processos do sistema HCR proposto.

3.1. Aquisição de Dados

A base de dados *MNIST* possui 70000 mil caracteres manuscritos isolados e centralizados em imagens de tamanho 28 por 28 pixels. Encontra-se disponível gratuitamente na web [LeCun et al. 1998] e apresenta grande diversidade nos estilos e formas de escrita dos caracteres. A Figura 2 apresenta algumas amostras da base de dados *MNIST*.

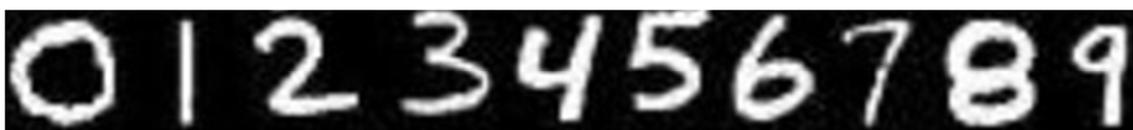


Figura 2. Amostras retiradas da base *MNIST*.

3.2. Pré-Processamento

As imagens da base de dados *MNIST* encontram-se com diversos tons de cinza, onde os pixels correspondentes aos caracteres estão com tonalidades mais próximas de branco. Para reduzir o espaço de cores possíveis das imagens, foram utilizadas as técnicas de binarização de imagens, aplicando um *threshold* de 150 e transformação de negativo, ambas descritas em [Gonzalez and Woods 2006].

3.3. Extração de Características

Diversos estudos relacionados a utilização de técnicas de extração de características podem ser encontrados na literatura para obtenção de padrões dos objetos das imagens, direcionados a redução do custo computacional e aumento da eficiência do processo de classificação.

Neste trabalho, foram utilizadas as técnicas de projeção dos contornos e projeção dos histogramas horizontal e vertical, ambas as técnicas descritas em [Rodrigues et al. 2001] e [Trier et al. 1996] respectivamente.

3.3.1. Projeção dos Contornos

Esta técnica baseia-se na projeção do contorno do objeto contido na imagem sobre as bordas de um polígono regular [Rodrigues et al. 2001], calculando as distâncias entre borda e contorno para cada lado do polígono.

O polígono regular utilizado foi o quadrado, em que cada lado possui 28 pixels de acordo com as dimensões das imagens dos dígitos manuscritos obtidos da base de dados *MNIST*. Assim, foram calculados as distâncias horizontais, avaliando linha por linha e as distâncias verticais, avaliando coluna por coluna. Essas distâncias são entre os pontos de borda do polígono regular, no caso o quadrado, e os pontos de pixel mais próximo, utilizando a métrica da distância euclidiana entre esses pontos. Caso nenhum pixel preto seja encontrado, é computada a distância entre uma borda e outra.

Esta técnica agrega 112 características ao vetor de características para cada dígito manuscrito, sendo 28 para cada lado do quadrado. A Figura 3, apresenta um exemplo gráfico da aplicação desta técnica, em que as regiões identificadas com a cor cinza representam as projeções dos respectivos lados do polígono regular escolhido, enquanto que as regiões em branco são as áreas não afetadas ou não calculadas [Junior and de Paula Junior 2017], [Rodrigues et al. 2001].

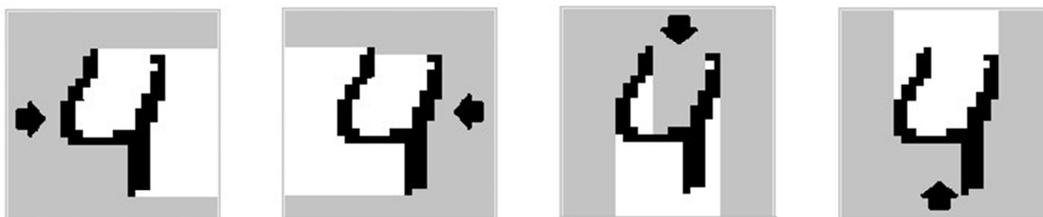


Figura 3. Projeção dos contornos.

Fonte: [Junior and de Paula Júnior 2017]

3.3.2. Projeção de Histogramas

A projeção dos histogramas tem como objetivo projetar as distribuições dos pixels dos dígitos presentes nas imagens, basicamente realizando contagem dos pixels, totalizando um conjunto com 56 características.

A Figura 4, apresenta a projeção dos histogramas horizontal e vertical de alguns caracteres manuscritos [Junior and de Paula Junior 2017].



Figura 4. Projeção dos histogramas horizontal e vertical.

3.4. Máquina de Vetores de Suporte (SVM)

O conceito de uma SVM e conseguir transformar conjuntos de dados não linearmente separáveis em linearmente separáveis, que por meio de uma função de kernel eleva a dimensão desses conjuntos de dados para serem trabalhados. As SVM's devem ser configuradas com uma função de kernel para realizar esse mapeamento dimensional, sendo as mais utilizadas as funções Polinomial, Linear e *Radial Basis Function* (RBF). A última, tem apresentado resultados mais significativos em relação ao problema de HCR [Yerra et al. 2017], [Kumar et al. 2012], [Bonesso 2013] e devido isso foi abordada nesse trabalho.

Outro aspecto relevante para configuração e a estratégia de classificação utilizada em problemas relacionados a muitas classes, pelo fato das SVM's serem classificadores binários. A estratégia de classificação abordada foi a *One Against One* ou Um Contra Um, que construirá um classificador para cada par de classes durante o processo de treinamento dos dados e para classificar dados na etapa de testes, e realizado uma votação onde a classe mais votada é selecionada.

Assim, uma SVM com função de kernel RBF possui dois parâmetros fundamentais para o processo de classificação das características, o C e o γ . O primeiro é responsável por determinar o melhor ponto para separação entre duas classes, enquanto que o segundo determina a largura do kernel ou a influência dos vetores de suporte. A combinação desses parâmetros influencia diretamente o resultado da classificação, porém encontrar os valores ideais pode ser complexo ou demandar muito tempo no ajuste ideal.

3.5. Algoritmo Genético

A fim de otimizar e melhorar o resultado da classificação das amostras e determinar automaticamente a melhor combinação possível dos parâmetros C e γ , é utilizado um algoritmo genético real por esses parâmetros serem contínuos. A Figura 5 representa o fluxograma de um algoritmo genético utilizando elitismo.

Inicialmente define-se o espaço de busca inicial e formato dos cromossomos a serem trabalhados. Em seguida são selecionados aleatoriamente indivíduos da população, utilizando métodos como seleção por roleta ou torneio por exemplo [Linden 2012], baseados em uma função de avaliação, que determina o quão apto a solução é para o problema. Então, esses indivíduos iniciam a reprodução, gerando novos filhos. Por fim, esses filhos passam por processos de mutação com o intuito de conseguirem manter a diversidade nessa população e assim os melhores filhos são integrados a população inicial, caso as condições não sejam satisfeitas ao final do elitismo.

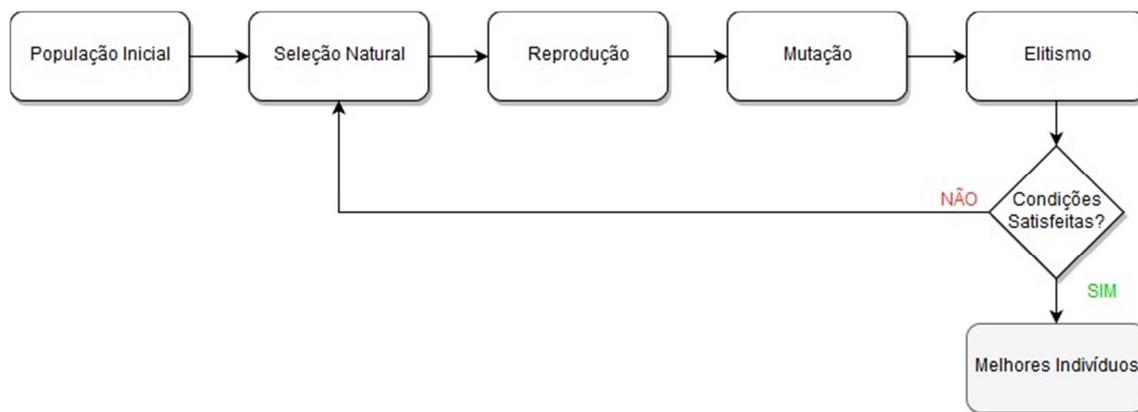


Figura 5. Fluxograma do algoritmo genético.

3.5.1. População Inicial

A população inicial na maioria dos casos é gerada aleatoriamente ou por meio de algum processo heurístico [Linden 2012]. Cada indivíduo ou possível solução para o problema proposto, possuirá 2 genes, um que irá representar o parâmetro C e o outro o γ . Os valores iniciais que os alelos podem assumir pertencem ao intervalo $[0, 100]$ para o gene que representa o parâmetro C e o intervalo $[0, 0.1]$ para o gene que representa o parâmetro γ , definidos após testes experimentais.

A Figura 6 apresenta o formato cromossomial dos indivíduos utilizados, onde possui dois genes, que representam os parâmetros do classificador SVM utilizado e um alelo para cada gene.

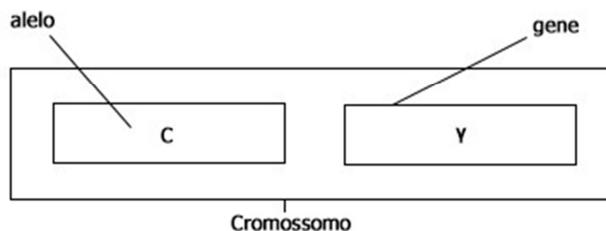


Figura 6. Representação do formato dos indivíduos.

3.5.2. Seleção Natural

Após determinar a população inicial, verifica-se o quão bom cada indivíduo ou solução pode ser para o problema de HCR, por meio de uma função de avaliação. A função utilizada, verifica o percentual de acertos do classificador SVM de acordo com o indivíduo selecionado, retornando um valor que, quanto maior for, maior serão as chances de o indivíduo sobreviver.

Em seguida, são selecionados alguns indivíduos aleatoriamente da população inicial e a suas respectivas avaliações ou aptidões, indicar ao se são capazes de sobreviver ao processo de seleção natural [Linden 2012]. Essa seleção de indivíduos pode ser feita por meio de alguns métodos tradicionais como o da roleta ou torneio.

Neste trabalho, optou-se pelo método de seleção por torneio, onde são selecionados indivíduos aleatoriamente para confrontarem-se entre si, esse confronto geralmente ocorre entre pares e o que possuir uma maior aptidão vence o duelo. A figura 7 ilustra um exemplo de seleção natural pelo método de torneio, onde 4 indivíduos foram selecionados aleatoriamente e participam de uma competição em pares em que os mais aptos vencem o duelo, neste caso os indivíduos A e C.

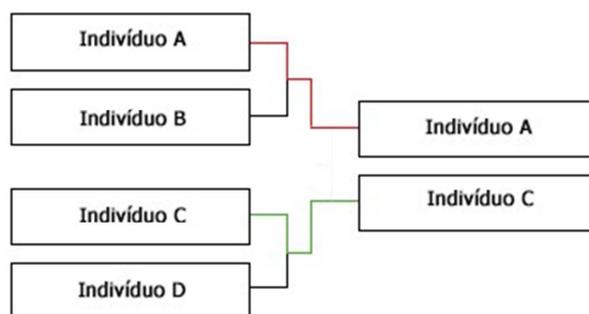


Figura 7. Seleção natural por torneio.

3.5.3. Reprodução

O processo de reprodução tem como objetivo realizar o cruzamento entre os indivíduos selecionados após o torneio. Esse cruzamento é sexuado, envolvendo mais de um indivíduo realizando troca de fragmentos entre eles, esse processo denomina-se *crossover*. A troca de informações ocorre por meio de uma taxa de *crossover*, sendo um processo aleatório [Linden 2012].

Diversos métodos de reprodução podem ser aplicados em um algoritmo genético para valores contínuos, como por cruzamento de n-pontos, *Blend-crossover*, média aritmética e entre outros. Neste trabalho, optou-se por o cruzamento *Blend-crossover*, definido pela Equação 1 para cruzar informações genéticas entre dois indivíduos selecionados aleatoriamente para reproduzirem-se e gerar um novo filho. A constante β é um número aleatório pertencente ao intervalo $[-\alpha, 1+\alpha]$, onde α é um parâmetro para controlar a diversidade dos filhos gerados.

$$Filho = pai1 + \beta * (pai2 - pai) \quad (1)$$

3.5.4. Mutação

Após a reprodução, uma forma de manter a diversidade na nova população é aplicar mutação genética em alguns indivíduos aleatoriamente, garantindo que a probabilidade de pesquisa dentro do espaço de busca nunca seja zero e que consiga fazer o algoritmo convergir mais rapidamente para uma solução ótima [Linden 2012].

A mutação *CREEP* foi utilizada neste trabalho, aplicando um valor aleatório sobre os genes do indivíduo que estiver presente no grupo selecionado para sofrer modificações genéticas, grupo este determinado por meio uma taxa de mutação.

3.5.5. Elitismo

Após a formação de uma nova população e do processo de mutação genética, os novos indivíduos são avaliados e os N indivíduos mais aptos da geração anterior serão integrados a nova população no lugar dos M indivíduos menos aptos, onde os valores N e M são iguais, enquanto que os demais indivíduos da nova população inicial em conjunto com os M indivíduos descartados da nova população são sacrificados.

Esse procedimento, chamado de elitismo, permite que os melhores indivíduos de cada geração consigam sobreviver em busca de produzirem indivíduos melhores.

4. Resultados

Foram utilizados os 70000 caracteres da base de dados *MNIST* em três experimentos, onde inicialmente foram utilizadas 60000 para treinamento e 10000 para teste, previamente definidas, com o intuito de obter as melhores combinações de parâmetros C e γ , por meio do algoritmo genético. Em seguida, verificou-se a eficiência da SVM com cada combinação de parâmetros variando as amostras de treinamento e teste

aleatoriamente nesses experimentos. Eles diferenciaram-se em quantidade de amostras utilizadas para testes, sendo 10%, 20% e 30% dos 70000 caracteres.

O cromossomo utilizado para representar as características contínuas dos indivíduos possui duas variáveis, C e γ . O máximo de gerações utilizado foram de 20, enquanto a população inicial foi formada por 20 indivíduos gerados aleatoriamente, com os parâmetros C e γ dentro dos intervalos $[0,100]$ e $[0, 0.1]$, respectivamente, por terem apresentados os melhores indivíduos ao longo das simulações, fazendo com que o AG convirja mais rapidamente. A função de avaliação utilizada calcula o percentual de acertos do classificador SVM com os parâmetros selecionados. Já o método de seleção abordado foi o de torneio, selecionando uma quantidade de indivíduos igual ao da população inicial. A reprodução foi realizada por meio do *Blend-Crossover* e mutação aplicada foi a *CREEP*. Os critérios de parada utilizados foram a obtenção do máximo de gerações ou a não obtenção de um novo indivíduo melhor que os existentes por algumas gerações.

Foram realizadas diversas simulações nos três experimentos com o sistema HCR híbrido, utilizando uma SVM e um Algoritmo Genético para estimar os parâmetros da SVM. A Tabela 4 apresenta as melhores combinações dos parâmetros, C e γ , encontrados pelo Algoritmo Genético na primeira coluna e as acurácias médias obtidas nos experimentos utilizando 10%, 20% e 30% das 70000 amostras para teste.

Os melhores parâmetros C e γ encontrados pelo algoritmo genético apresentaram elevados índices de HCR nos três experimentos realizados, variando a quantidade de amostras utilizadas para testes. As simulações de número 1, 2 e 3 apresentadas na Tabela 4, obtiveram percentuais de acertos superiores em relação as demais, em praticamente todos os experimentos.

Número	C, γ	Exp. 1 (10%)	Exp. 2 (20%)	Exp. 3 (30%)
1	31.4503, 0.0868	97,79%	97,76%	97,65%
2	33.609, 0.0857	97,81%	97,75%	97,65%
3	32.1846, 0.0868	97,79%	97,76%	97,66%
4	30.9, 1.0451	96,54%	96,85%	96,43%
5	26, 0.0919	97,77%	97,68%	97,65%
6	58, 0.0578	97,75%	97,61%	97,60%
7	56.04, 0.059	97,77%	97,62%	97,60%

Tabela 1. Melhores parâmetros encontrados pelo Algoritmo Genético.

5. Conclusões e Perspectivas Futuras

Os resultados obtidos com a utilização de um algoritmo genético para o HCR mostraram-se superiores em relação a trabalhos que não utilizaram técnicas de otimização, como é o caso dos trabalhos de [Kumar et al. 2012], que atingiu uma acurácia máxima de 94,8%, e [Rodrigues et al. 2001] que alcançou 94,64%.

Com o objetivo de otimizar e melhorar a precisão no HCR, outras técnicas de extração de características serão abordadas no sistema HCR, assim como também utilizar o algoritmo genético para selecionar características a serem processadas no processo de classificação.

Referências

- [Bonesso 2013] Bonesso, D. (2013). Estimação dos Parâmetros do Kernel em um Classificador SVM na Classificação de Imagens Hiperespectrais em uma Abordagem Multi-classe. Master thesis, Universidade Federal do Rio Grande do Sul Centro Estadual de Sensoriamento Remoto e Meteorologia Programa de Pós-graduação em Sensoriamento Remoto, Porto Alegre.
- [Coelho 2013] Coelho, G. V. V. (2013). Seleção de Características usando Algoritmos Genéticos para Classificação de Imagens de Textos em Manuscritos e Impressos. Master thesis, Universidade Federal de Pernambuco, Recife.
- [Gonzalez and Woods 2006] Gonzalez, R. C. and Woods, R. E. (2006). *Digital Image Processing (3rd Edition)*. Prentice-Hall, Inc., Upper Saddle River, NJ, USA.
- [Junior and de Paula Júnior 2017] Júnior, F. W. R. and de Paula Júnior, I. C. (2017). Reconhecimento de caracteres manuscritos com svm. *Encontro Unificado de Computação do Piauí*.
- [Kumar et al. 2012] Kumar, P., Sharma, N., and Rana, A. (2012). Handwritten character recognition using different kernel based svm classifier and mlp neural network (a comparison). *International Journal of Computer Applications*, 53(11).
- [LeCun et al. 1998] LeCun, Y., Cortes, C., and Burges, C. J. (1998). The mnist database of handwritten digits. Disponível em: <<https://goo.gl/LU1HuQ>>. Acesso em: 20 de abril de 2017.
- [Linden 2012] Linden, R. (2012). *Algoritmos Genéticos*. Editora Ciência Moderna, 3rd edition.
- [Mori et al. 1995] Mori, S., Suen, C. Y., and Yamamoto, K. (1995). Document image analysis. chapter Historical Review of OCR Research and Development, pages 244–273. IEEE Computer Society Press, Los Alamitos, CA, USA.
- [Pradeep et al. 2012] Pradeep, J., Srinivasan, E., and Himavathi, S. (2012). Neural network based recognition system integrating feature extraction and classification for english handwritten. *International journal of Engineering*, 25(2):99–106.

- [Rodrigues et al. 2001] Rodrigues, R. J., Silva, E., and Thome, A. C. G. (2001). Feature extraction using contour projection. Disponível em <<https://goo.gl/M3YjoM>>. Acesso em: 25 de julho de 2017.
- [Trier et al. 1996] Trier, Ø. D., Jain, A. K., and Taxt, T. (1996). Feature extraction methods for character recognition - a survey. *Pattern Recognition (PR)*, 29(4):641–662.
- [Yerra et al. 2017] Yerra, N., Varanasi, R., Adapaka, H., Surumalla, H., and Dantha, J. (2017). Recognition of handwritten characters using svm. *International Journal of Innovate Research in Science and Engineering*, 4(3).