

# 遺傳分群方法在審美偏好腦電圖自動判讀系統之設計

楊雄彬<sup>a</sup>、蔡嘉哲<sup>b</sup>、吳志峰<sup>c\*</sup>、梁丁文<sup>d</sup>、戴莉蒹<sup>e</sup>

文藻外語大學數位內容應用與管理系

<sup>a</sup>98010@mail.wzu.edu.tw, <sup>b</sup>ChiajerTsai@mail.wzu.edu.tw, <sup>c\*</sup>cfwu@mail.wzu.edu.tw,  
<sup>d</sup>devin@mail.wzu.edu.tw, <sup>e</sup>96005@mail.wzu.edu.tw

## 摘要

本研究擬建立一個審美偏好的自動判讀方法，俾以不必完全倚賴測試者可能受到其他因素的影響，可以客觀判讀受試者對產品外觀的美感反應，本研究擬透過偵測受試者的腦電圖(electroencephalogram, EEG)，透過腦電圖來呈現測試者對於美感的腦波反應，但是腦波儀依照不同的偵測點位置，所擷取的腦波訊號資料所代表的意義也有差異，並且隨著腦波偵測點越多所產生的腦波訊號資料越龐大，因此本研究擬提出一個以遺傳演算法為基礎之分群方法，該遺傳分群方法可以有效自動找出不同腦波訊號間的群聚個數，並透過遺傳演算法可以自動找出不同群聚間的權重關係，可以有效提升審美偏好自動判讀系統的辨識率。

**關鍵詞：**腦波、遺傳演算法、分群。

## 1. 前言

美學一詞來源於希臘語 *aisthetikos*，最初的意義是「對感觀的感受」，也是一門以對美的本質及其意義的研究為主題的學科。「美學之父」德國哲學家鮑姆嘉通[1]於1986年出版的《美學》一書致使美學(Aesthetics)被承認為一門獨立的學科，為此學科的創名人，並將美學定位為研究感性知識的科學。鮑姆嘉通認為以往的人類知識體系中缺乏對於感性認識，缺乏針對審美意識和藝術問題的嚴謹哲學沉思，因此，其主張感性認識可以成為科學研究的對象，它和理性認識一樣，也能夠通向真理，提供知識。

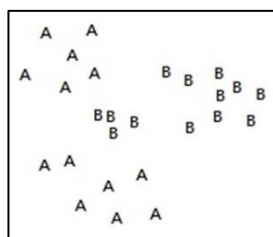
澳洲旋濱科技大學(Swinburne University of Technology)之統一美學模式計畫團隊(Unified Model of Aesthetics; UMA)嘗試透過以EEG訊號解開美感偏好的問題。統一美學模式計畫的研究模型，主要目的之一為預期以及檢測人類於一連串對比的设计產品物件中，所得到的美感偏好與情緒反應，並於研究過程中找出人類對於美學反應差異之因素間微妙的平衡。此研究將協助設計師以及產業界面臨產品美感決策時，可以將個人的主觀因素降低，作出更客觀以及適當的判斷。

腦電波在時域處理時，主要是針對EEG訊號的幾何性質進行辨識，例如波幅、波形、平均值、

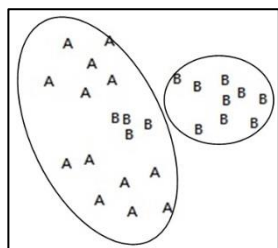
方差等([2]-[5])。在時域中訊號較為直觀，具有明確的物理意義，容易觀察到特殊訊號發生時的瞬間波形。頻域分析主要是基於各頻段的功率頻譜估計[6]和關聯性分析。腦波測量實驗可以看到大腦各區域使用的情形，人體做各項活動時，利用腦波資訊可以得知大腦各部份的運作狀況。腦波儀所擷取的腦波訊號資料隨著腦波偵測點越多，所產生的腦波訊號資料越龐大，所以如何有效地分析腦波資訊，並且可以找出不同頻率之間的變化關係是一個研究重點。

近年來在眾多的資料分析工具中，K-means演算法[7]是經常利用來做資料分類，只要使用者輸入所要分類的個數，K-means演算法會輸出依照使用者所指定的群聚個數，但是通常使用者無法得知該資料中所隱含的個數，所以k-means在設計上是以一種try-and-error方式來找到一個較佳的分群結果，但是k-means演算法所找出的解常常收斂在一個區域最佳化[8]，而很難找到全域最佳化的解答，也就是說k-means演算法適用於解決分類問題，但所找出的分類並不能保證得到最佳的分類結果。

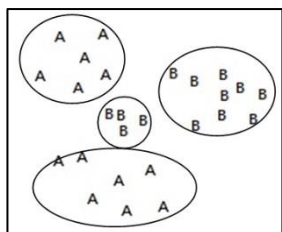
遺傳演算法(genetic algorithm, GA)已被廣泛使用在尋找近似最佳化解的應用中([9]-[10])，本研究提出兩個遺傳演算法，稱為GA1與GA2，透過GA1與GA2的分類器建構一個審美偏好腦電圖自動判讀方法，GA1的主要目的是可以自動找出資料當中所隱含的類別個數，例如圖1(a)表示原始資料分布，並且使用者已知有兩類A與B，透過k-means演算法可以分成兩類，如圖1(b)所示，但是所得到的結果並無法真正將A與B完全分開，這是因為屬於同一類的資料彼此間仍然具有差異性，透過本計畫提出的GA1演算法，可以自動找出資料分布中所隱含的群聚個數，圖1(c)為本研究GA1預計產生的結果，使用者不需要事先預測資料中的類別個數，GA1可以自動將資料分成4個群聚，並且使得A與B完全分開，另外，我們提出GA2，嘗試找出一組特徵權重，使得屬於相同群聚的資料更緊密，並且加大屬於不相同群聚資料的距離，這將有利於提升辨識的效果，最後，本研究整合GA1與GA2提出一個審美偏好腦電圖自動判讀系統，透過測試者的腦波資訊分析與歸類，達到可以自動判讀測試者對於物品的偏好等。



(a) 原始資料分布



(b) 透過K-means演算法分成兩群



(c) 透過本研究所提的GA1將資料分成四群  
 圖1. GA1資料分群範例

## 2. 審美偏好的自動判讀設計

2.1 中提出一個遺傳演算法 GA1，透過 GA1 將不同的腦波訊號間，自動找出適合的分類個數等，使得不同腦波訊號的群聚分開，2.2 提出一個遺傳演算法 GA2，透過 GA2 可以進一步找出一組權重關係，使得可以將不同群聚間的距離可以拉遠，並且使相同群聚間的距離可以靠近，透過 GA1 與 GA2 的處理，以建立一個有效的審美偏好自動判讀方法，最後 2.3 提出一個審美偏好腦電圖自動判讀系統設計。

### 2.1 遺傳群聚演算法(GA1)

假設有  $m$  個訓練樣本， $b_z = (b_z^1, b_z^2, \dots, b_z^f) \in R^f$  其中  $1 \leq z \leq m$ ， $m$  個訓練樣本可分屬多個已知的群聚， $Class(b_z)$  表示  $b_z$  所屬的已知群聚， $Class(b_z)$  以簡單的整數序號表示即可，遺傳演算法 GA1 目的是自動找出  $m$  個訓練樣本中所隱含的群聚分布，因為即使屬於相同群聚的訓練樣本，樣本之間的差異性仍然很大，所以屬於相同群聚訓練樣本的分類是一個重要的問題。

遺傳演算法包括有幾個步驟，初始階段、複

製階段、交換階段與突變階段，如圖 2 所示，分述如下：在初始階段，GA1 首先隨機產生  $N$  條字串，字串的長度為  $m$  個位元，每個位元為 0 或 1，當位元為 1 時，表示相對位元所代表的樣本被當成是分類的初始種子(seed)，其他位元為 0 所代表的樣本則開始歸類到這些初始種子，則每個初始種子將進而產生一個群聚，例如：有 5 個訓練樣本  $b_1, b_2, \dots, b_5$ ，則每條字串的長度為 5，假設某條字串為 (0, 1, 0, 0, 1)，則該字串表示會將  $b_2$  和  $b_5$  視為兩個初始種子並進而產生兩個群聚，因為每條字串所包含的位元 1 個數不盡相同，所以代表的群聚個數也不同。

在複製階段，最重要的是定義 GA1 的適應度函數(fitness function)，說明適應度函數之前，我們必須定義分類錯誤率如下：假設字串  $R$  產生  $n$  個群聚  $C_1, C_2, \dots, C_n$ ，每個群聚  $C_i$  包含有  $m_i$  個訓練樣本，並且  $S_i$   $1 \leq i \leq n$  表示群聚  $C_i$  的中心，則

$$S_i = \frac{\sum_{b_j \in C_i} b_j}{m_i} \quad (1)$$

定義  $b_z$  歸類到  $C_i$  的機率為  $P(C_i, b_z)$ ，如下

$$P(C_i, b_z) = \frac{1}{\sum_{\substack{k=1 \\ b_z \in C_k}}^n \left[ \frac{\|S_i - b_z\|}{\|S_k - b_z\|} \right]} \quad (2)$$

其中  $\|\bullet\|$  表示尤拉距離(Euclidean distance)，在(2)中，滿足  $0 \leq P(C_i, b_z) \leq 1$  且  $\sum_{i=1}^n P(C_i, b_z) = 1$ ，則群聚  $C_i$  所代表的分類  $M_i$  定義如下：

$$M_i = \frac{\sum_{\substack{(b_z, Class(b_z)) \in C_i \\ 1 \leq z \leq m_i}} P(C_i, b_z) Class(b_z)}{\sum_{\substack{(b_z, Class(b_z)) \in C_i \\ 1 \leq z \leq m_i}} P(C_i, b_z)} \quad (3)$$

在(3)中，在辨識器中群聚  $C_i$  所代表的輸出類別，是設定成群聚  $C_i$  所包含的多數樣本相同的類別。群聚  $C_i$  的分類錯誤率  $E(C_i)$  定義如下：

$$E(C_i) = \sum_{\substack{b_z \in C_i \\ 1 \leq z \leq m_i}} P(C_i, b_z) (Class(b_z) - M_i)^2 \quad (4)$$

對字串  $R$  而言，全部分類錯誤率為  $Error$  定義如下：

$$Error(R) = \sum_{i=1}^n P(C_i, b_z) E(C_i) \quad (5)$$

在(5)中，當 GA1 要求  $Error(R)$  越小時，則 GA1 所傾向產生的較多的群聚個數，因此為減少辨識器的比對時間，我們希望 GA1 產生較少的群聚個數為最佳，因此，我們定義字串  $R$  的適應度函數如下：

$$Fitness(R) = \frac{1}{n * Error(R)} \quad (6)$$

在 GA1 中，我們希望 *Fitness* 越大越好，即表示我們希望所找出的群聚越好。

在交換階段中，任選兩條位元字串將隨機產生一些片段位元進行交換，在交換階段中所代表的意義，表示位元字串間交換群聚種子的意義，另外，在突變階段中，以隨機方式任意挑選某個位元，若位元值為 1 則修正為 0，若位元值為 0 則修正為 1，在突變階段所代表的意義是消去位元字串中的一個群聚種子，或是新增一個群聚種子，這對於遺傳演算法找出最佳的群聚很有幫助。

最後當 GA1 執行完所設定的代(generation)數以後，我們可以輸出最佳適應度函數的位元字串，假設位元字串代表產生  $\hat{n}$  個群聚，則此  $\hat{n}$  個群聚的中心向量， $\{S_1, S_2, \dots, S_{\hat{n}}\}$ ，即為輸出結果。

GA1 的複雜度分析如下，令 GA1 包含有  $N$  條位元字串，每條字串長度為  $m$ ，假設 GA1 被設定成執行  $G$  代，則 GA1 的時間複雜度為  $O(GNm^2)$ 。

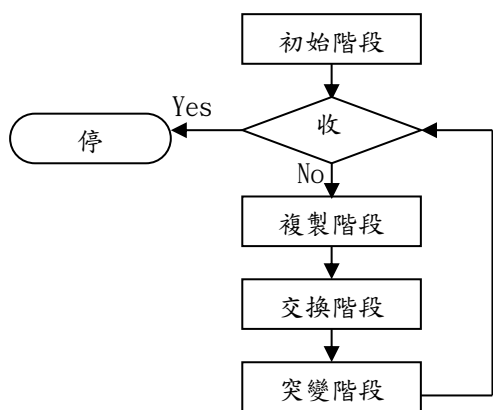


圖 2. 遺傳演算法步驟

## 2.2 遺傳特徵權重演算法(GA2)

GA2 的目的是透過遺傳演算法找出一組權重值使得不同類別的距離越大越好，相同類別的樣本距離越小越好，假設訓練樣本  $b_z = (b_z^1, b_z^2, \dots, b_z^f) \in R^f$ ，則在初始階段以隨機方式產生數值字串  $R = (w_1, w_2, \dots, w_f)$ ，其中  $w_j$  為一數值，並且滿足  $0 \leq w_j \leq 1$  且  $\sum_{j=1}^f w_j = 1$ 。

在複製階段，適應度函數定義如下，假設字串  $R$  產生  $n$  個群聚  $C_1, C_2, \dots, C_n$ ，假設  $b_z \in C_i$  且  $S_i = (S_i^1, S_i^2, \dots, S_i^f)$ ，樣本與中心點的距離定義如下：

$$Dis(b_z, C_i) = \left( \sum_{k=1}^f [(b_z^k - S_i^k) w_k]^2 \right)^{\frac{1}{2}} \quad (7)$$

接著定義每個訓練樣本的對群聚  $C_i$  的 *Dinter* 與

*Dintra*，*Dinter* 代表訓練樣本與其他中心點的最短距離，*Dintra* 代表訓練樣本自己中心點的距離，我們希望訓練樣本的 *Dinter* 越大越好，並且 *Dintra* 的距離越小越好，如圖 3 所示：

$$Dinter(b_z) = \min_{\substack{1 \leq k \leq n \\ k \neq i}} Dis(b_z, C_k) \quad (8)$$

$$Dintra(b_z) = Dis(b_z, C_i) \quad (9)$$

則字串  $R$  所產生群聚分布的  $D(R)$  如下：

$$D(R) = \sum_{z=1}^m Dinter(b_z) - Dintra(b_z) \quad (10)$$

當  $D(R)$  值越大時，GA1 所產生的權重值為最佳。

最後我們定義字串  $R$  的適應度函數如下：

$$Fitness(R) = D(R) \quad (11)$$

在 GA2 中，我們希望 *Fitness* 越大越好，即表示我們希望所找出的權重值對群聚越好。

在交換階段中，任選兩條數值字串將隨機產生一些片段數值進行交換，在交換階段中所代表的意義，表示數值字串間交換權重值影響力的意義，另外，在突變階段中，以隨機方式任意挑選某個數值，並且隨機產生一個數值  $\delta$ ，並且使得  $0 < \delta < 1$ ，並以隨機的方式以乘或除的方式更新權重值，在突變階段所代表的意義是增加或減少該權重值的影響力，注意當交換或突變階段完成後，皆須對權重執正規化，滿足  $0 \leq w_j \leq 1$  且  $\sum_{j=1}^f w_j = 1$ 。

最後當 GA2 執行完所設定的代數以後，我們可以輸出最佳適應度函數的數值字串， $\hat{R} = (\hat{w}_1, \hat{w}_2, \dots, \hat{w}_f)$ ，則特徵權重向量  $(\hat{w}_1, \hat{w}_2, \dots, \hat{w}_f)$  即是輸出的結果。

GA2 的複雜度分析如下，令 GA2 包含有  $N$  條數值字串，每條數值長度為  $f$ ，假設 GA1 被設定成執行  $G$  代，則 GA2 的時間複雜度為  $O(GNm^f)$ 。

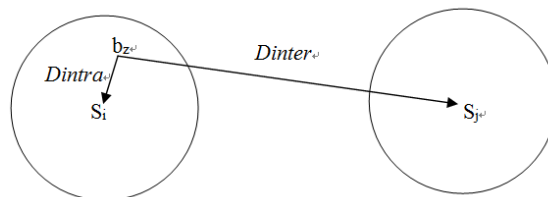


圖 3. *Dinter* 與 *Dintra* 說明範例。

## 2.3 審美偏好腦電圖自動判讀系統

本研究利用 GA1 與 GA2 演算法為基礎，進一步設計出一個審美偏好腦電圖自動判讀系統，可以自動判讀測試者腦波資訊，以理解測試者的偏好，本研究以測試使用者觀看椅子圖片，審美偏好腦電圖自動判讀系統會依照測試者的腦波訊號，偵測測試者對於椅子圖片的偏好，並輸出判別測試者“喜歡”或“不喜歡”的結果。

本研究使用澳洲旋濱大學實驗收集的受試者腦電圖 EEG 資料，實驗中腦波測試共採取 36 個頻道(channel)，透過頻道所擷取的腦波資訊採用一維離散小波轉換(DWT)建立資料波形頻率轉換處理，腦波訊號的取樣頻率為 512Hz，取 128 點腦波訊號透過五階的 DWT 轉換，並取低頻 L5、L4、L3 共 28 個頻率作為一個特徵向量，如圖 4 所示。

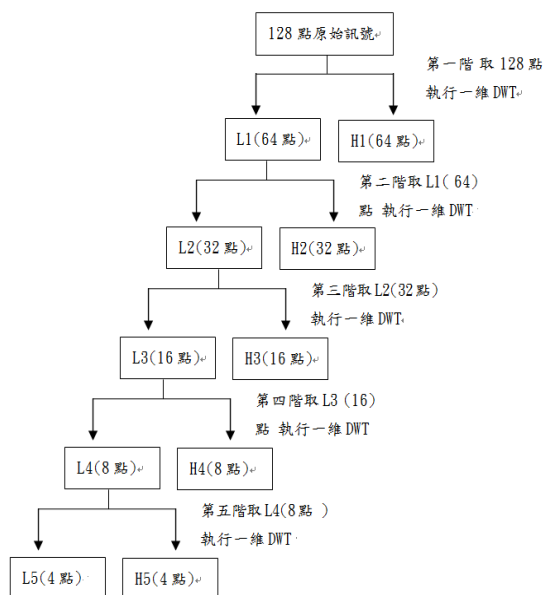


圖 4. DWT 處理腦波訊號流程

審美偏好腦電圖自動判讀系統的訓練步驟主要是包括兩部分，第一部分是透過 GA1 找出適合的類別個數，第二部分是透過 GA2 找出一組特徵權重，以提升系統的判斷正確率，審美偏好腦電圖自動判讀系統的訓練過程是每個腦波頻道單獨訓練，以下演算法說明第  $i$  個頻道腦波訊號的訓練步驟：

輸入：第  $i$  個頻道測試者偏好“喜歡(Like)”與“不喜歡(Dislike)”的腦波資料集合，分別是  $EEGL_i = \{EL_i^1, EL_i^2, \dots, EL_i^{n_i}\}$  和  $EEGD_i = \{ED_i^1, ED_i^2, \dots, ED_i^{m_i}\}$

輸出：第  $i$  個頻道的群聚分布中心向量與特徵權重向量

步驟 1：令  $D = EEGL_i \cup EEGD_i$ ，將  $D$  集合的每個原始訊號透過 DWT 五階段轉換得到  $F_i = \{F_i^1, F_i^2, \dots, F_i^{n_i}\}$ ，取 L5、L4、L3 共 28 個頻率作為一個 28 維度特徵向量，我們得到  $F_i^j = (f_{i,1}^j, f_{i,2}^j, \dots, f_{i,28}^j)$ ， $1 \leq j \leq t_i$ 。

步驟 2：輸入  $F_i = \{F_i^1, F_i^2, \dots, F_i^{n_i}\}$  集合的  $r_i$  個訓練樣本到 GA1，假設 GA1 輸出  $\hat{n}$  個群聚中心向量為  $\{S_1, S_2, \dots, S_{\hat{n}}\}$ ，並標定每個群聚所代表的意義(即是標定“喜歡”或“不喜歡”)。

步驟 3：輸入  $F_i = \{F_i^1, F_i^2, \dots, F_i^{n_i}\}$  集合的  $r_i$  個訓練樣本與  $S = \{S_1, S_2, \dots, S_{\hat{n}}\}$  集合的  $n$  個群聚中心向量到 GA2 中，則 GA2 輸出一組第  $i$  頻道的特徵權重  $(\hat{w}_1, \hat{w}_2, \dots, \hat{w}_f)$

步驟 4：輸出  $\{S_1, S_2, \dots, S_{\hat{n}}\}$  且  $S_i = (S_{i,1}, S_{i,2}, \dots, S_{i,28})$ 、 $(\hat{w}_1, \hat{w}_2, \dots, \hat{w}_f)$  且  $\hat{w}_i = (\hat{w}_{i,1}, \hat{w}_{i,2}, \dots, \hat{w}_{i,28})$ 。

當審美偏好腦電圖自動判讀系統進行測試時，假設測試者第  $i$  個頻道的腦波訊號為  $EEG_i = \{E_i^1, E_i^2, \dots, E_i^{t_i}\}$ ，審美偏好腦電圖自動判讀系統必須要有能力依據  $EEG_i$  訊號自動判讀測試者是表達“喜歡”或“不喜歡”，測試步驟如下所示：

輸入：第  $i$  個頻道的測試腦波訊號為  $E_i$ ， $S = \{S_1, S_2, \dots, S_{\hat{n}}\}$  且  $S_i = (S_{i,1}, S_{i,2}, \dots, S_{i,28})$ 、 $(\hat{w}_1, \hat{w}_2, \dots, \hat{w}_f)$  且  $\hat{w}_i = (\hat{w}_{i,1}, \hat{w}_{i,2}, \dots, \hat{w}_{i,28})$

輸出：“喜歡”或“不喜歡”

步驟 1：將  $E_i$  訊號透過 DWT 五階段轉換，並取 L5、L4、L3 共 28 個頻率作為一個 28 維度特徵向量，我們得到  $F_i = (f_{i,1}, f_{i,2}, \dots, f_{i,28})$ 。

步驟 2：計算  $F_i$  與  $S$  集合每一個中心向量  $S_j$  的權重距離  $dis(F_i, S_j)$ ，定義如下：

$$dis(F_i, S_j) = \left( \sum_{q=1}^{28} [(f_{i,q} - S_{j,q}) \hat{w}_{i,q}]^2 \right)^{\frac{1}{2}} \quad (12)$$

找出權重距離最小的中心向量，如下：  
 $k = \arg \min_{1 \leq j \leq \hat{n}} dis(F_i, S_j) \quad (13)$

步驟 3：輸出  $S_k$  所代表的意義“喜歡”或“不喜歡”。

### 3. 實驗結果與結論

本研究與 UMA 團隊跨國合作研究，利用澳洲旋濱大學實驗收集的受試者腦電圖資料做實驗測試，共有 10 人腦波資料，取 5 人腦波訊號做訓練，並取另外 5 人腦波訊號做測試，當使用訓練腦波資料做測試時，可以得到平均約 95% 的正確率，由此可以得知審美偏好腦電圖自動判讀系統的訓練是可行的設計，但在測試另外 5 人未訓練的腦波資料時，只有平均約 55% 的正確率，這種現象發生的主要原因如下：第一是擷取的腦波訊號特徵可以再加強的必要，未來本研究將比較傅立葉轉換(FFT)與 DWT 的效能，第二是各腦波頻道的交互影響關係在本研究中未考慮，未來本研究將朝著考慮找出不同頻道間的影響。

### 致謝

本論文與 UMA 團隊跨國合作研究，並感謝

澳洲旋濱大學提供之受試者腦電圖資料。

## 參考文獻

- [1] A. G. Baumgarten, AG 2010, Aesthetica, Georg Olms Verlag.
- [2] 王秀園 (2005)。大腦達人。台北：童心房。
- [3] 洪蘭譯 (2002)。Rita Carter 著。大腦的秘密檔案。台北：遠流。
- [4] 徐金霆 (2010)。閱讀理解英語短文對腦波變化率影響之案例研究。台東大
- [5] 張淑懿譯 (1986)。九保田 競著。頭腦手冊。台北：牛頓
- [6] J. D. Bronzino, P. Stisser, W. B. Forbes, C. Tracy, O. Resnick and P. J. Morgane, "Power spectral analysis of the EEG following protein malnutrition," Brain Res Bull, vol. 5, no. 1, pp.51-60, 1980.
- [7] Y. Linde, A. Buzo and R. M. Gray, "An algorithm for vector quantizer design," IEEE Trans. Commun. vol. 28, no. 1, pp. 84-95, 1980.
- [8] S. Z. Selim and M. A. Ismail, "K-means-type algorithm: generalized convergence theorem and characterization of local optimality," IEEE Trans. Pattern Anal. March. Intell., vol. 6, pp. 81-87, 1984.
- [9] M. Srinivas, M. Patnaik, Genetic algorithm } A survey, IEEE Computer 27 (1994) 17-26.
- [10] C.A. Murthy, N. Chowdhury, In search of optimal clusters using genetic algorithms, Pattern Recognition Lett. 17 (1996) 825-832.