

بازشناسی فعالیت‌های انسانی در خانه‌های هوشمند با اینترنت هوشمند اشیا

محدثه بیدی^{۱*}، محرم منصوری زاده^۲

^۱دانشجوی کارشناسی ارشد رشته کامپیوتر، گرایش هوش مصنوعی، دانشگاه بوعلی سینا، همدان، moh.hce@gmail.com

^۲دانشیار گروه کامپیوتر، دانشگاه بوعلی سینا، همدان، mansoorm@basu.ac.ir

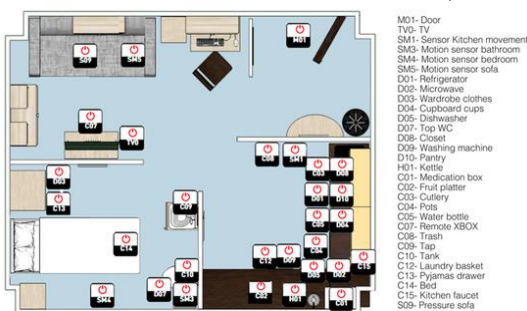
چکیده: تحلیل داده‌های حاصل از حسگرها و وسایل اینترنت اشیا توسط الگوریتم‌های دانش هوش مصنوعی موجب ایجاد اینترنت هوشمند اشیا شده است. از کاربردهای مهم این مبحث می‌توان به بازشناسی فعالیت‌های انسانی در خانه‌های هوشمند اشاره کرد. بازشناسی فعالیت، به پیش‌بینی فعالیت فعلی، فعالیت بعدی و طول مدت فعالیت فعلی و بعدی تقسیم می‌شود. از بهترین روش‌های بازشناسی فعالیت، استفاده از یادگیری عمیق خصوصاً شبکه‌های عصبی بازگشتی است. در این راستا ما روشی را ارائه داده‌ایم تا به وسیله‌ی الگوریتم تکاملی ژنتیک، نوع و تعداد لایه‌های بازگشتی و تعداد نورون‌های هر لایه را تعیین کند. ما این روش را روی مجموعه داده‌ی معروف *CASAS* ارزیابی کرده‌ایم و شاهد بهبود فوق‌العاده‌ی نتایج در معیار ارزیابی *FI* برای میانگین ۳۰ خانه بوده‌ایم. این‌گونه ما توانسته‌ایم در طراحی سیستم *AIoT* قوی عملکرد خوبی داشته باشیم. **کلید واژه‌ها:** الگوریتم ژنتیک، اینترنت هوشمند اشیا، بازشناسی فعالیت‌های انسانی، خانه‌های هوشمند، شبکه‌های عصبی بازگشتی.

مختلف یک خانه‌ی هوشمند شبیه‌سازی‌شده در آزمایشگاه را نمایش داده‌ایم.

۱- مقدمه

هم‌افزایی بین هوش مصنوعی (AI) و اینترنت اشیا (IoT) هوش مصنوعی اشیا یا اینترنت هوشمند اشیا (AIoT) را به‌وجود آورده است. *IoT* همانند سیستم عصبی عمل می‌کند و اطلاعات را به *AI* که همان مغز سیستم تصمیم‌گیری است تحویل می‌دهد [۱]. خانه‌های هوشمند دارای وسایل *IoT* می‌توانند بسیاری از کارها را با تعریف کردن تعدادی شرط به‌طور خودکار انجام دهند. اگر به بخش‌های مختلف خانه‌ی هوشمند حسگرهایی از جمله حسگر دما، حسگر رطوبت، حسگر میزان شدت نور و حسگرهایی از این‌دست افزوده شود می‌توان داده‌های حاصل از این حسگرها را جمع‌آوری کرد. با تحلیل داده‌های حاصل از این حسگرها به‌وسیله‌ی دانش هوش مصنوعی قابلیت پیش‌بینی به این خانه‌ها افزوده می‌شود. بنابراین در این خانه‌ها می‌توان فعالیت بعدی و طول مدت آن را پیش‌بینی کرد. پس به‌طور خودکار انواع وسایل مورد استفاده افراد در بخش‌های مختلف خانه در ساعت معین و مدت‌زمان مشخصی روشن می‌مانند و سپس خاموش می‌شوند. این به معنای صرفه‌جویی در مصرف انواع حامل‌های انرژی است. از کاربردهای دیگر این خانه‌ها نگهداری سالمندان است که اگر اتفاقی برایشان افتاد سریعاً نزدیکان و پزشکشان مطلع شوند. حتی این خانه‌ها می‌توانند زمان انجام کارها را به بیماران آژیمری یادآوری کنند.

بازشناسی فعالیت‌های انسانی در خانه‌های هوشمند، یک مسئله‌ی از نوع طبقه‌بندی و شناسایی الگو است که به دو نوع مبتنی بر ویدئو و مبتنی بر حسگر تقسیم می‌شود. در نوع مبتنی بر ویدئو، از فعالیت‌های اشخاص، فیلم و عکس تهیه می‌شود و به‌گونه‌ای نقض حریم خصوصی افراد است. اما برتری نوع مبتنی بر حسگر به این است که ما فقط با یک سری داده‌ی غیر تصویری ثبت‌شده توسط حسگرها سروکار داریم. در شکل ۱ نمونه‌ای از قرارگیری حسگرها در مکان‌های



شکل ۱: قرارگیری حسگرها در آزمایشگاه هوشمند UJAmI [۲]

بازشناسی فعالیت‌های انسانی می‌تواند توسط شبکه‌های عصبی بازگشتی انجام شود. [۳] از این شبکه‌ها برای پیش‌بینی سری‌های زمانی استفاده می‌شود. یک ورودی را به‌عنوان طول سری زمانی می‌گیرند و s_t یک حالت پنهان در گام زمانی t و حاوی اطلاعات استخراج‌شده از همه‌ی گام‌های زمانی تا t است. حالت پنهان s_t با اطلاعات ورودی جدید x_t پس از هر گام زمانی همانند فرمول (۱) به‌روزرسانی می‌شود:

$$s_t = f(U \cdot x_t + W \cdot s_{t-1}) \quad (1)$$

که U و W بردارهای وزنی هستند و f تابع فعال‌سازی است و عموماً از نوع تانژانت هایپربولیک یا سیگموئید است. انواعی از این شبکه‌ها که ما از آن‌ها در مدل پیشنهادی بهره برده‌ایم عبارت‌اند از:

شبکه LSTM: این مدل یک معماری خاص از شبکه‌های عصبی بازگشتی است که قابلیت مدل‌سازی قوی برای وابستگی‌های طولانی دارد. تفاوت اساسی این مدل با RNN معمولی حافظه‌ی پیچیده‌ی C_t به‌جای s_t است. به این صورت که LSTM دروازه‌های کنترلی i_t ، o_t و f_t را دارد. اطلاعات ورودی جدید روی بخش حافظه انبار خواهد شد اگر i_t فعال باشد. به‌علاوه، مقدار قبلی حافظه (C_t) فراموش خواهد شد

از این رو ما روشی را پیشنهاد داده‌ایم که توسط کروموزوم‌های الگوریتم ژنتیک، معماری شبکه‌ی پیش‌بینی کننده را تعیین کند. در این روش، نوع و تعداد لایه‌ی بازگشتی، تعداد لایه‌ی Dense و تعداد نورون‌های هر لایه توسط الگوریتم ژنتیک تعیین می‌شود. در صورتی که در بهترین روش پیشین نوع لایه‌ی بازگشتی و تعداد لایه‌های بازگشتی و Dense به صورت دستی تنظیم می‌شد. البته ما روش پیشنهادی را ابتدا برای مجموعه دادگان کوچکتر و فقط برای پیش‌بینی برچسب فعالیت فعلی [۶] به کار گرفته بودیم. در این پژوهش سعی به گسترش آن برای پیش‌بینی چندین نوع برچسب دیگر داشته‌ایم و از مجموعه دادگان حجیم و متنوعی نیز جهت ارزیابی بهره برده‌ایم. فناوری زندگی به کمک محیط کاربردهای فراوانی در بهبود هر چه بیشتر کیفیت زندگی و کنترل منابع مورد استفاده و در دسترس بشر دارد. از این رو ما بر آن شدیم تا به کمک شبکه‌های عصبی بازگشتی و الگوریتم تکاملی ژنتیک روشی را جهت بازشناسی فعالیت‌های انسانی ارائه دهیم. ما نتایج فوق‌العاده‌تری نیز از اجرای این روش نسبت به روش‌های قبلی دریافت کرده‌ایم. در بخش ۳ به طور کامل به توضیح این روش پرداخته‌ایم.

در بخش بعدی چند مورد از کارهای پیشین را مورد بررسی قرار داده‌ایم. در بخش ۴ به ارزیابی روش پیشنهادی روی مجموعه داده‌ی معیار در حوزه‌ی بازشناسی فعالیت‌های انسانی پرداخته‌ایم. در نهایت نتیجه‌ی انجام این پژوهش و روند آینده‌ی پیشبرد آن را ذکر کرده‌ایم.

۲- کارهای پیشین

Murad و Pyun [۷] شبکه‌ی بازگشتی عمیق مبتنی بر لایه‌های LSTM را جهت پیش‌بینی برچسب نمونه‌ها به عنوان تشخیص فعالیت در بازشناسی فعالیت‌های انسانی به کار برده‌اند. مدل آن‌ها به دلیل استخراج ویژگی‌های جداکننده‌ی بیشتر، بهتر عمل کرده است.

Ravi و همکارانش [۸] از ترکیب روش‌های استخراج ویژگی کم عمق و عمیق کانولوشنی جهت تشخیص فعالیت استفاده کرده‌اند. آن‌ها نتایج مناسبی روی چندین مجموعه داده متفاوت در این حوزه دریافت کرده‌اند.

Jiang و Yin [۹] از شبکه‌ی کانولوشنی عمیق جهت آموختن خودکار ویژگی‌های بهینه از تصویر فعالیت برای تشخیص فعالیت استفاده کرده‌اند. آن‌ها از لحاظ دقت تشخیص و هزینه‌ی محاسبات نتایج بهتری دریافت کرده‌اند.

Roggen و Ordoñez [۱۰] از ترکیب شبکه‌های بازگشتی و کانولوشنی عمیق جهت تشخیص فعالیت بهره برده‌اند و نسبت به روش‌های غیر بازگشتی بهتر عمل کرده‌اند.

Sa-nguannarm و همکاران [۱۱] کارایی شبکه‌های بازگشتی مبتنی بر لایه‌های LSTM را با شبکه‌های کانولوشنی مقایسه کرده‌اند. آن‌ها شاهد نتایج بسیار بهتر در معیار accuracy برای شبکه‌های بازگشتی بوده‌اند.

اگر f_i فعال باشد. اطلاعات C_i منتشر خواهد شد به خروجی h_i اگر دروازه‌ی خروجی o_i فعال باشد. هر یک از مقادیر ذکر شده را در فرمول‌های (۲) تا (۷) تعریف کرده‌ایم:

$$f_i = \text{sigmoid}(W_f \cdot [h_{t-1}, x_t] + b_f) \quad (2)$$

$$i_t = \text{sigmoid}(W_i \cdot [h_{t-1}, x_t] + b_i) \quad (3)$$

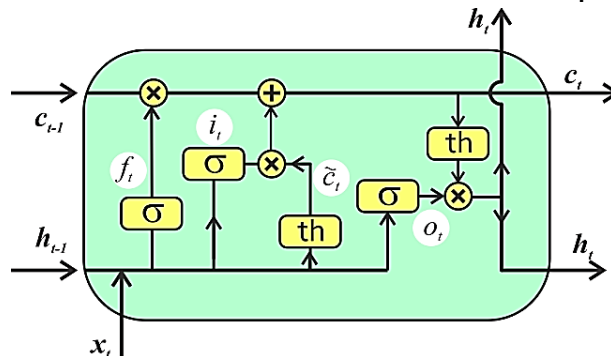
$$\hat{C}_t = \tanh(W_c \cdot [h_{t-1}, x_t] + b_c) \quad (4)$$

$$C_t = f_i * C_{t-1} + i_t * \hat{C}_t \quad (5)$$

$$O_t = \text{sigmoid}(W_o \cdot [h_{t-1}, x_t] + b_o) \quad (6)$$

$$h_t = O_t * \tanh(C_t) \quad (7)$$

در تمامی فرمول‌های بالا W ها وزن و b ها بایاس هستند که در فاز آموزش یادگیری می‌شوند. ساختار یک سلول LSTM را در شکل ۲ نمایش داده‌ایم که همان sigmoid است.



شکل ۲: ساختار سلول LSTM [۴]

شبکه GRU: این مدل جایگزین ساده‌تر LSTM است که در مقایسه با آن، یک سلول جدای حافظه را نگهداری نمی‌کند و به جای آن حالات C_t و h_t را ادغام می‌کند. به علاوه، دروازه‌ی ورودی i_t را با دروازه‌ی فراموشی f_i در یک دروازه‌ی تنها ترکیب می‌کند.

[5] Bidirectional-RNNs: شبکه‌های عصبی بازگشتی دوطرفه، که ما از دو نوع Bi-LSTM و Bi-GRU آن‌ها بهره می‌بریم، می‌توانند هر دو اطلاعات گذشته و آینده را در هر گام زمانی پردازش کنند.

جهت تعیین پارامترهای این شبکه‌های عصبی و یا حتی در انتخاب نوع شبکه نیز از الگوریتم ژنتیک استفاده کرده‌ایم. این الگوریتم جزء الگوریتم‌های تکاملی نسل اول است که عموماً برای بهینه‌سازی توابع گسسته و استخراج ویژگی از آن استفاده می‌شود و یک الگوریتم برای محک سایر الگوریتم‌ها است. البته این الگوریتم نسخه‌های مختلفی دارد که در مراحل نمایش، جهش، ترکیب و سازوکارهای انتخاب باهم متفاوت‌اند. به طور کلی در الگوریتم‌های تکاملی به هر یک از اعضاء کروموزوم می‌گویند که شامل ژن‌هایی است و در واقع این ژن‌ها محل قرار گرفتن ویژگی‌های آن عضو هستند.

۳- روش پیشنهادی

روش پیشنهادی ما برای بازشناسی فعالیت های انسانی علاوه بر برچسب مجموعه دادگان تحت عنوان فعالیت فعلی به سه برچسب دیگر به نام های فعالیت بعدی و طول مدت زمان فعالیت فعلی و بعدی نیز نیاز دارد. که در ادامه نحوه تولید هر نوع از سه برچسب جدید را توضیح می دهیم.

نمونه های موجود در مجموعه دادگان به صورت رخداد فعالیت برچسب زنی شده اند، به این صورت که چندین نمونه متوالی دارای برچسب یکسان هستند. بنابراین ما تابعی را به این صورت تعریف کرده ایم که ابتدا برچسب نمونه های فعلی را به عنوان یک رشته می گیرد. در ادامه تعداد نمونه های متوالی که دارای این برچسب هستند را می شمارد. به محض این که نمونه های برچسبی متفاوت از این رشته داشت عمل شمردن متوقف می شود و در واقع برچسب فعالیت بعدی برای تمام نمونه های این بازه به این رشته جدید تبدیل می شود. این عمل برای تمامی نمونه های مجموعه داده انجام می شود. اما در مورد نمونه های پایانی مجموعه داده که دیگر بعد از آن نمونه ای نیست ما رشته جدید را هیچ در نظر گرفته ایم. بنابراین برچسب فعالیت بعدی برای بازه های پایانی نیز هیچ در نظر گرفته می شود.

همان طور که اشاره شد چندین نمونه های متوالی دارای برچسب یکسان است. این امر موجب تولید بازه هایی می شود که ما برای تولید برچسب طول مدت فعالیت فعلی از ویژگی زمان رخ دادن فعالیت استفاده می کنیم. به این صورت که در بازه های اشاره شده در برچسب فعالیت بعدی عدد حاصل از تفریق زمان انتهای بازه از زمان ابتدای بازه را به عنوان برچسب طول مدت فعالیت فعلی در نظر می گیریم. ما این عدد را برای تمامی نمونه های موجود در بازه قرار می دهیم. این روند برای تمامی نمونه های موجود در مجموعه دادگان انجام می شود. البته زمان رخ دادن هر فعالیت به شکل میکروثانیه، ثانیه، دقیقه، ساعت، روز، ماه، سال است و ما ابتدا آن ها را به ثانیه تبدیل می کنیم.

روند تولید برچسب طول مدت فعالیت بعدی بسیار مشابه برچسب طول مدت فعالیت فعلی است. با این تفاوت که بازه های گفته شده در مورد این برچسب از برچسب فعالیت بعدی گرفته می شود. همچنین برای نمونه های موجود در بازه های پایانی که برچسب فعالیت بعدی شان هیچ است برچسب طول مدت فعالیت بعدی صفر ثانیه در نظر گرفته می شود.

پس از تولید برچسب های مورد نیاز، همان طور که در بخش مقدمه اشاره شد، جهت مشخص کردن معماری شبکه های عصبی متناسب برای آموزش داده های مدنظر، ما از الگوریتم ژنتیک با نمایش دودویی استفاده کرده ایم. هر نسل از الگوریتم ژنتیک به کار برده شده در روش ما شامل کروموزوم هایی با تعداد ثابت اما طول متغیر است. این گونه

می توانیم تنوعی از شبکه های عصبی با تعداد لایه های متفاوت را ایجاد کنیم.

کروموزوم های با طول متغیر را نیز به نحو بیان شده در فرمول (۸) در نظر گرفته ایم:

$$l = x1 + x2 + x3 + (x4 * y1) + (x5 * y2) \quad (8)$$

l: طول کروموزوم

x1: تعداد بیت تعیین کننده تعداد لایه های بازگشتی

x2: تعداد بیت تعیین کننده تعداد لایه های Dense

x3: تعداد بیت تعیین کننده نوع لایه های بازگشتی

x4: تعداد بیت تعیین کننده تعداد نورون های هر لایه های بازگشتی

بازگشتی

x5: تعداد بیت تعیین کننده تعداد نورون های هر لایه های Dense

y1: تعداد لایه های بازگشتی

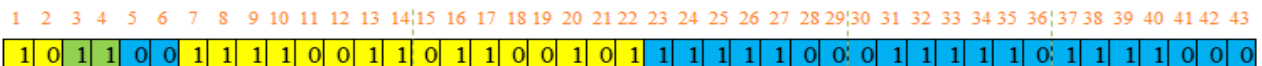
y2: تعداد لایه های Dense

به طور مثال اگر دو لایه های بازگشتی و یک لایه های Dense داشته باشیم طول کروموزوم برابر است با $2 + 2 + (7 * 1) + (8 * 2) = 29$. پس در مرحله تبدیل هر کروموزوم (که رشته هایی از صفر و یک هستند) به پارامترهای مدنظر، اگر طول آن کروموزوم ۲۹ است یعنی دو لایه های بازگشتی و یک لایه های Dense داریم. این گونه دیگر به محتویات ژن های تعیین کننده تعداد لایه ها توجهی نداریم.

در شکل ۳ نمونه ای از یک کروموزوم تولید شده توسط روش پیشنهادی را نشان داده ایم که دارای طول رشته بیتی ۴۳ است. از سمت چپ نحوه چینش بیت ها به این گونه است:

دو بیت اول بیانگر تعداد لایه های بازگشتی، بیت های ۳ و ۴ بیانگر نوع لایه های بازگشتی، بیت های ۵ و ۶ بیانگر تعداد لایه های Dense است. در تفسیر این کروموزوم ما به ۲ لایه های بازگشتی (که با توجه به جدول (۱) سومین لایه از نوع GRU است) و ۳ لایه های Dense رسیدیم در حالی که در شکل تعداد لایه های Dense به عدد ۰ اشاره دارد. این تفاوت به دلیل تغییراتی است که پس از مراحل ترکیب و جهش در طول تکامل حاصل می شود. اینجا است که در نظر گرفتن طول کروموزوم در تعیین تعداد لایه، چه بازگشتی و چه Dense، بسیار مهم است. همان طور که با رنگ ها مشخص کرده ایم ۲ لایه های بازگشتی به ترتیب با ۲۴۳ و ۱۰۱ نورون در هر لایه (بیت های ۷ تا ۱۴ و ۱۵ تا ۲۲) و ۳ لایه های Dense به ترتیب با ۱۲۴ و ۶۲ و ۱۲۰ نورون در هر لایه (بیت های ۲۳ تا ۲۹، ۳۰ تا ۳۶، ۳۷ تا ۴۳) به دست آمده است. البته چون ممکن است تعداد نورون های یک لایه صفر به دست آید ما در هنگام تبدیل، عدد حاصل را با یک جمع می کنیم.

ساختار الگوریتم ژنتیک روش پیشنهادی در ادامه ذکر خواهد شد. نمایش کروموزوم ها در آن دودویی است و ما ۳۰ نسل با ۲۵ کروموزوم در هر نسل، جهش از نوع تغییر بیت



شکل ۳: یک نمونه کروموزوم تولید شده توسط روش پیشنهادی

کامپیوتر، آماده کردن صبحانه توسط داوطلب اول، خوابیدن داوطلب اول، لباس پوشیدن داوطلب دوم، صبحانه خوردن داوطلب دوم، بهداشت فردی داوطلب دوم. هر یک از این ۳۰ خانه دارای همه‌ی این ۴۷ کلاس نیستند و برخی خانه‌ها کلاس‌های کمتری را شامل می‌شوند.

به دلیل حجیم بودن این مجموعه داده ما آن را به ۳۷ بخش تقسیم کرده‌ایم و دادگان هر بخش را به‌صورت ۸۰ درصد آموزش و ۲۰ درصد آزمایش قرار داده‌ایم. برای هر بخش ابتدا با بخش GA روش پیشنهادی، معماری شبکه را به دست آورده‌ایم و سپس به ارزیابی آن بخش با معماری حاصل‌شده پرداخته‌ایم. البته در بخش GA دادگان آموزشی را به ۸۰ درصد برای آموزش و ۲۰ درصد برای ارزیابی تقسیم‌بندی کرده‌ایم.

۴-۲- معیارهای ارزیابی

ما جهت ارزیابی مدل‌های به دست آمده چندین معیار ارزیابی را به‌کار گرفته‌ایم که بر اساس برچسب‌های مثبت و منفی درست و نادرست محاسبه می‌شوند. مفهوم این معیارها را در فرمول‌های (۹) تا (۱۲) بیان کرده‌ایم.

$$Precision = TP / (TP + FP) \quad (9)$$

$$Recall = TP / (TP + FN) \quad (10)$$

$$Accuracy = (TP + TN) / (TP + TN + FN) \quad (11)$$

$$F1 = 2 * (precision * recall) / (precision + recall) \quad (12)$$

TP: مثبت‌های درست، داده‌هایی که برچسب مثبت زده‌شده‌اند و در واقع مثبت هستند.

FP: مثبت‌های نادرست، داده‌هایی که برچسب مثبت زده‌شده‌اند ولی در واقع منفی هستند.

TN: منفی‌های درست، داده‌هایی که برچسب منفی زده‌شده‌اند و در واقع منفی هستند.

FN: منفی‌های نادرست، داده‌هایی که برچسب منفی زده‌شده‌اند ولی در واقع مثبت هستند.

۴-۳- ارزیابی تخمین برچسب

در بخش GA روش پیشنهادی برای هر یک از ۳۷ بخش مجموعه داده‌ی معرفی‌شده معماری مناسبی حاصل شده است که برخی از آن‌ها را در جدول (۲) نمایش می‌دهیم.

ما همچنین مقادیر میانگین ۳۷ بخش معیارهای ارزیابی حاصل از پیش‌بینی چهار برچسب مجموعه داده را در جدول (۳) نشان می‌دهیم.

طبق داده‌های جدول (۳) برچسب‌های فعالیت فعلی و فعالیت بعدی که از نوع فعالیت هستند با تعداد کلاس‌های ۴۷ و ۴۸ نوع، مقادیر مشابهی در معیارهای ارزیابی برایشان به دست آمده است. دو برچسب طول مدت فعالیت فعلی و طول مدت فعالیت بعدی از نوع زمان هستند. تعداد

با احتمال ۰/۱ و نوع ترکیب را توزیع یکنواخت با احتمال ۰/۹ قرار داده‌ایم. الگوریتم انتخاب تورنمنت با سازوکار چرخ گردون و نرخ نخبه‌گرایی ۰/۱ را مشخص کرده‌ایم. همچنین تابع شایستگی بیشتریتر کردن در نهایت شرط توقف تکامل را ثابت ماندن بهترین مقدار شایستگی پس از ۱۰ نسل در نظر گرفته‌ایم.

پارامترهایی از شبکه‌ی عصبی که توسط الگوریتم ژنتیک پیشنهادی ما تعیین می‌شوند همراه تعداد ژن‌های مدنظر برای هر پارامتر در جدول (۱) بیان شده است. جدول ۱: محتویات ژن‌های هر کروموزوم

پارامتر	نوع / مقدار	تعداد بیت (ژن)
نوع لایه‌ی بازگشتی	LSTM, Bi-LSTM, GRU, Bi-GRU	۲
تعداد لایه‌ی بازگشتی	بین ۲ و ۳	۲
تعداد لایه‌ی Dense	بین ۰ تا ۳	۲
تعداد نورون‌های هر لایه‌ی Dense	بین ۱ تا ۱۲۸	۷ (برای هر لایه)
تعداد نورون‌های هر لایه‌ی بازگشتی	بین ۱ تا ۲۵۶	۸ (برای هر لایه)

۴-۴- آزمون و ارزیابی روش پیشنهادی

ما روش پیشنهادی‌مان را در محیط Google Colab و با استفاده از پردازنده‌ی NVIDIA Tesla P100 و به زبان پایتون نسخه‌ی 3.6.9 پیاده‌سازی نموده‌ایم.

۴-۱- مجموعه دادگان ورودی

مجموعه داده‌ی CASAS [۱۲] شامل حسگرهای محیطی از جمله حسگرهای نور، دما، آشکارساز حرکت و باز و بسته بودن درب، موجود در ۳۰ خانه‌ی هوشمند است. برخی از این خانه‌ها دارای یک داوطلب و برخی دو داوطلب هستند. این مجموعه داده دارای ۱۳۹۵۶۵۳۴ نمونه با ۳۶ ویژگی برای هر نمونه است.

فعالیت‌هایی که توسط این مجموعه داده برچسب‌زنی شده‌اند ۴۷ کلاس و عبارت‌اند از:

حمام کردن، رفتن از تخت خواب به دستشویی، آشپزی کردن، آماده کردن صبحانه، نهار پختن، شام پختن، لباس پوشیدن، نوشیدن، خوردن، صبحانه خوردن، نهار خوردن، شام خوردن، وارد منزل شدن، سرگرم کردن مهمان‌ها، داروهای غروب، ورزش کردن، به خواب رفتن، آراستن، لباس شستن، ترک کردن خانه، داروهای صبح، خواب نیمروز، فعالیت دیگر، بهداشت فردی، تلفن زدن، خواندن، استراحت کردن، خوابیدن، خارج از تخت خوابیدن، تند قدم زدن، دارو خوردن، دستشویی رفتن، بیدار شدن، شستن ظرف‌های صبحانه، شستن ظرف‌های شام، شستن ظروف، شستن ظرف‌های نهار، تماشای تلویزیون، کار کردن، کار پشت میز تحریر، کار پشت میز ناهارخوری، کار با

جدول ۲: معماری شبکه‌ی حاصل روی بخش‌هایی از مجموعه داده‌ی CASAS

شماره خانه(ها)	نام لایه بازگشتی	تعداد لایه بازگشتی	تعداد لایه Dense	تعداد نورون‌های لایه‌های بازگشتی	تعداد نورون‌های لایه(ها) Dense	نسل هنگام توقف
۱ تا ۵	Bi-GRU	۳	۰	۵۵ و ۱۹۰ و ۲۵۱	-	۱۳
۱۶	Bi-LSTM	۲	۰	۱۰۳ و ۲۳۲	-	۲۲
۱۷	Bi-GRU	۲	۰	۲۴۷ و ۲۵۲	-	۲۳
۱-۲۵	LSTM	۲	۳	۲۳۷ و ۹۹	۴۱ و ۹۸ و ۴۲	۱۲
۲-۲۵	Bi-GRU	۳	۰	۱۹ و ۲۰۸ و ۲۵۴	-	۱۸
۱-۲۶	GRU	۳	۲	۷۵ و ۱۰۱ و ۷۲	۳۳ و ۱۱۸	۱۰
۲-۲۶	Bi-GRU	۳	۲	۳ و ۱۹۲ و ۵۵	۲۵ و ۱۱۶	۱۰
۵-۳۰	Bi-GRU	۳	۱	۱۴۹ و ۲۳۶ و ۱۳۲	۱۲۶	۲۱
۶-۳۰	Bi-GRU	۳	۰	۸۲ و ۱۸۳ و ۲۲۵	-	۱۲
۷-۳۰	Bi-GRU	۳	۰	۱۳۹ و ۲۴۴ و ۲۳۶	-	۱۵

جدول ۳: مقدار میانگین معیارهای ارزیابی برای چهار برجسب مجموعه داده‌ی CASAS

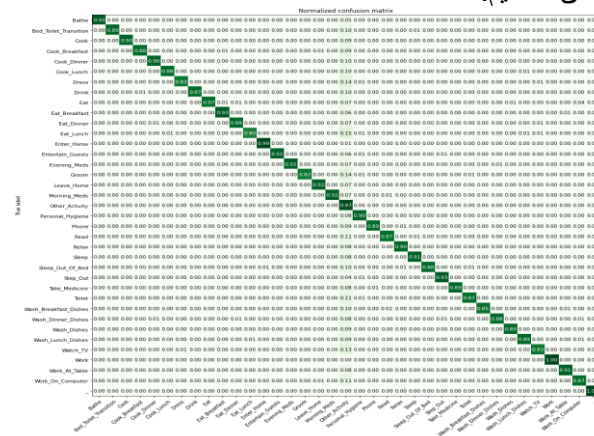
نام برجسب	accuracy		precision		recall		F1	
	آموزش	آزمایش	آموزش	آزمایش	آموزش	آزمایش	آموزش	آزمایش
فعالیت فعلی	۹۸/۲۶	۹۳/۵۹	۹۸/۵۷	۹۴/۷۵	۹۶/۹۵	۹۱/۵	۹۷/۷۵	۹۴/۳۷
فعالیت بعدی	۹۸/۳۲	۹۳/۳۴	۹۸/۶	۹۴/۳۶	۹۶/۹۳	۹۱	۹۷/۷۷	۹۲/۶۴
طول مدت فعالیت فعلی	۹۰/۹۷	۸۸/۵۲	۹۷/۸۸	۹۶/۷۶	۸۱/۳۲	۷۷/۵۷	۸۷/۷۷	۸۵/۴۳
طول مدت فعالیت بعدی	۹۲/۲۷	۸۹/۶۵	۹۶/۵۹	۹۴/۹۳	۸۴/۵۹	۸۱/۱۱	۸۹/۵۹	۸۶/۸۸

همان‌طور که در این شکل مشخص است همه‌ی کلاس‌ها به‌طور مناسب برجسبشان به‌درستی پیش‌بینی شده است. برجسب‌های نادرست در همه‌ی کلاس‌ها به کلاس فعالیت دیگر نسبت داده شده است. آن به دلیل این است که تعداد نمونه‌های موجود در این کلاس نسبت به سایر کلاس‌ها از تعداد و در نتیجه تنوع بیشتری برخوردار هستند. بنابراین شبکه‌ی ما رفتار این کلاس را از سایر کلاس‌ها بهتر یاد گرفته است.

جهت بحث در نتایج به دست آمده ما از روش تحلیل حساسیت بهره برداریم. در این روش برای هر ویژگی موجود در مجموعه دادگان مدنظر، به ترتیب هر ویژگی را از کمترین مقدار همان ویژگی در مجموعه داده تا بیشترین مقدار در یک بازه‌ی صد تایی قرار داده‌ایم. سایر ویژگی‌ها را برابر با میانگین هر ویژگی در نظر گرفته‌ایم. سپس خروجی را محاسبه کرده‌ایم و بعد واریانس این صد بار محاسبه‌ی خروجی را برای هر ویژگی حساب کرده‌ایم و در نهایت بیشترین واریانس بیانگر ویژگی غلبه کننده است.

برای برجسب فعالیت فعلی ویژگی بیستم با مقدار واریانس ۸۳/۵۷ که در تحلیل حساسیت بخش اول خانه بیست و نهم حاصل شده، ویژگی غالب است. برای برجسب فعالیت بعدی ویژگی بیست و نهم با

کلاس‌های این برجسب‌ها تقریباً ۵۰ برابر دو برجسب قبلی است و در معیارهای ارزیابی برایشان مقادیر مشابهی به دست آمده است. مقادیر حاصل‌شده برای برجسب‌های از نوع زمان، کمتر از مقادیر برجسب‌های از نوع فعالیت است آن‌هم به نظر می‌رسد که به دلیل تعداد ۵۰ برابری نوع کلاس‌های زمانی نسبت به فعالیتی است. نمونه‌ای از ماتریس درهم‌ریختگی برجسب فعالیت بعدی که مربوط به خانه‌های ۱ تا ۵ است را در شکل ۴ نشان داده‌ایم.



شکل ۴: ماتریس درهم‌ریختگی برجسب فعالیت بعدی خانه‌های ۱ تا ۵ مجموعه داده‌ی CASAS (مقادیر ذکر شده به درصد هستند)

میانگین داده‌های ۳۰ خانه به دست داده است. این‌گونه ما می‌توانیم مدعی شویم که گام بلندی را در طراحی سیستم اینترنت هوشمند اشیا برای خانه‌های هوشمند برداشته‌ایم. چراکه روش پیشنهادی ما قادر به پیش‌بینی فعالیت فعلی، فعالیت بعدی و طول مدت هر یک از این فعالیت‌ها است. در آینده می‌توان این مدل را با الگوریتم تکاملی دیگر یا شبکه‌های بازگشتی دیگر و یا حتی روی مجموعه‌هایی دیگر از دادگان بررسی کرد. یا این‌که ساختار الگوریتم ژنتیک را به شکل دیگری قرار داد. همچنین می‌توان جهت طراحی سیستم AIoT قوی‌تر، مکان و نوع حسگر مورد استفاده‌ی فعلی و بعدی را نیز پیش‌بینی کرد.

مراجع

- [1] B. Dong, Q. Shi, Y. Yang, F. Wen, Z. Zhang, and C. Lee, "Technology Evolution from Self-Powered Sensors to AIoT Enabled Smart Homes", *Nano Energy*, Volume 79, January 2021, 105414.
- [2] M. Espinilla, J. Medina, C. Nugent, "Analyzing the UJA Human Activity Recognition Dataset of Activities of Daily Living," *MDPI Proc. UCAmI*, 2018, 2, 1267.
- [3] Niek Tax, "Human Activity Prediction in Smart Home Environments with LSTM Neural Networks", *2018 14th International Conference on Intelligent Environments (IE)*. Rome, Italy, 25-28 June 2018.
- [4] <https://www.rs-online.com/designspark/predicting-weather-using-lstm>
- [5] S. Neto, G. Santos, E. Rocha, M. Bendeche, P. Rosati, T. Lynn, and P. Endo, "Detecting Human Activities Based on a Multimodal Sensor Data Set Using a Bidirectional Long Short-Term Memory Model: A Case Study", *Challenges and Trends in Multimodal Fall Detection for Healthcare*, pp. 31-51, 29 January 2020.
- [6] م. بیدی، م. منصوری زاده، "بازشناسی فعالیت‌های انسانی در محیط‌های هوشمند مبتنی بر شبکه‌های عصبی بازگشتی با طراحی تکاملی"، بیست و ششمین کنفرانس بین المللی انجمن کامپیوتر ایران، ۱۳-۱۴ اسفند ۱۳۹۹.
- [7] A. Murad and J. Pyun, "Deep recurrent neural networks for human activity recognition", *Sensors*, Vol. 17, Issue. 11, 2017.
- [8] D. Ravi, C. Wong, B. Lo, and G. Yang, "A deep learning approach to on-node sensor data analytics for mobile or wearable devices", *IEEE journal of biomedical and health informatics*, vol. 21, no. 1, pp. 56-64, 2017.
- [9] W. Jiang and Z. Yin, "Human activity recognition using wearable sensors by deep convolutional neural networks", in *Proceedings of the 23rd ACM international conference on Multimedia*. Brisbane, Australia, pp. 1307-1310, October 2015.
- [10] F. J. Ordoñez and D. Roggen, "Deep convolutional and lstm recurrent neural networks for multimodal wearable activity recognition", *Sensors*, vol. 16, no. 1, p. 115, 2016.
- [11] P. Sa-nguannarm, E. Elbasani, B. Kim, E-H. Kim and J-D Kim, "Experimentation of Human Activity Recognition by Using Accelerometer Data Based on LSTM", *Advanced Multimedia and Ubiquitous Engineering*, (LNEE, volume 716, pp. 83-89), 17 December 2020.
- [12] <https://archive.ics.uci.edu/ml/datasets/Human+Activity+Recognition+from+Continuous+Ambient+Sensor+Data>
- [13] S. Zehabian, S. Khodadadeh, L. Bölöni and D. Turgut, "Privacy-Preserving Learning of Human Activity Predictors in Smart Environments", *arXiv:2101.06564*, Submitted on 17 Jan 2021.

مقدار واریانس ۸۲/۲ که در تحلیل حساسیت خانه شانزدهم حاصل شده، ویژگی غالب است.

برای برچسب طول مدت فعالیت فعلی ویژگی دهم با مقدار واریانس ۲۵۷/۶۲ که در تحلیل حساسیت خانه نوزدهم حاصل شده، ویژگی غالب است.

برای برچسب طول مدت فعالیت بعدی ویژگی بیست و یکم با مقدار واریانس ۲۰۹/۱۵ که در تحلیل حساسیت خانه‌های چهاردهم و پانزدهم حاصل شده، ویژگی غالب است.

طبق روند مورد انتظار برای این مجموعه داده، مقدار واریانس ویژگی غالب نیز برای برچسب‌های فعالیت شبیه هم و برای برچسب‌های زمانی شبیه هم به دست آمده است. برای این مجموعه داده زیر مجموعه‌های زیادی وجود دارد که برای هر یک، روش‌های زیادی نیز ارائه شده است. برای این بخش از مجموعه داده که در تاریخ 2019.20.9 در uci repository منتشر یافته است نتایج حاصل از مقایسه‌ی چندین روش در مطالعه‌ی Zehtabian و همکارانش [۱۳] ذکر شده است که ما آن‌ها را در جدول (۴) بیان می‌کنیم.

جدول ۴: مقایسه‌ی روش پیشنهادی با روش‌های ذکر شده در [۱۳] روی دادگان آزمایشی مجموعه داده‌ی CASAS

F1-mean	روش
۷۰	درخت تصمیم [۱۳]
۷۲	SVM [13]
۷۲	جنگل تصادفی [۱۳]
۷۷	KNN [13]
۹۲/۴۶	روش پیشنهادی

با توجه به داده‌های این جدول روش پیشنهادی با بهبودی ۱۵/۶۴ درصدی در معیار F1 برای میانگین ۳۰ خانه به شکل قابل‌توجهی بهتر عمل کرده است.

لازم به ذکر است که تمامی نتایج مقایسه شده در این جدول مربوط به برچسب فعالیت بعدی است.

هرچند الگوریتم تکاملی باید در تعداد نسل بالا انجام شود و ما با توجه به سخت‌افزار در دسترس و محدودیت زمان استفاده از آن در شبانه‌روز به این تعداد نسل بسنده کرده‌ایم. اما الگوریتم تکاملی با یکبار اجرا بهترین معماری شبکه را به دست می‌دهد در صورتی‌که با روش‌های غیرتکاملی نیاز به چندین و چند بار اجرای کد تا رسیدن به معماری مطلوب داریم.

۵- نتیجه‌گیری

در این پژوهش ما توانستیم با استفاده از الگوریتم تکاملی ژنتیک روشی را در انتخاب شبکه‌ی عصبی بازگشتی مناسب جهت بازشناسی فعالیت‌های روزمره‌ی انسانی روی مجموعه داده‌ی مدنظر به‌کار ببریم. این روش نتایج بسیار بهتری را از لحاظ معیار ارزیابی F1 در