

ضمیمه ع

تحقیقات انجام شده با

الگوریتم های ژنتیکی و شکل

ویدا مومدی

فهرست مطالب

صفحه	موضوع
۱	فصل اول: تشخیص شکل بکمک الگوریتمهای ژنتیکی و ابزار هندسی
۳	الف: توصیف سلسله مراتبی اشکال دوبعدی
۳	۱- مقدمه
۳	۲- چگونگی توصیف اشکال دو بعدی
۳	۲-۱ اصول اولیه روش
۴	۲-۲ تعریف کروموزوم
۵	۲-۳ تعریف ارزش
۶	۲-۴ عملگرهای ژنتیکی
۶	۳- آزمایشات
۶	۴- نتایج
۸	ب: تشخیص شکل با الگوریتم ژنتیکی بهبود یافته
۸	۱- مقدمه
۸	۲- پارامترهای شکل
۹	۳- ضریب تطبیق
۹	۴- فرآیند نامتمرکزسازی
۱۱	۵- آرایه شکل بصورت کروموزوم
۱۱	۶- حذف شکلهای تشخیص داده شده
۱۱	۷- جمعیت اولیه
۱۲	۸- آزمایشات
۱۴	پ: تشخیص شکل بکمک رشته های معنادار
۱۴	۱- مقدمه
۱۴	۲- رشته های معنادار
۱۵	۳- تطبیق شکل با استفاده از الگوریتم های ژنتیکی

صفحه	موضوع
۱۵	۴- ارایه ویژگی های شکل دو کروموزوم
۱۵	۵- مقادیر اولیه
۱۶	۶- ارزشیابی
۱۷	۷- مکانیزم انتخاب
۱۷	۸- عملگرهای ژنتیکی
۱۷	۹- آزمایشات
۱۹	ت: تشخیص شکل اشیاء با اجزاء متحرک
۱۹	۱- مقدمه
۱۹	۲- روشهای سنتی برای تشخیص اشیاء
۱۹	۲-۱ استفاده از توصیفگرهای هندسی که با اعوجاجات تغییر نمیکنند
۲۰	۲-۲ روشهای مبتنی بر تناظر غالب
۲۱	۳- استفاده از الگوریتم ژنتیکی برای تشخیص اشیاء
۲۱	۳-۱ تشخیص شکل اشیاء صلب با GA
۲۲	۳-۲ تشخیص اشیاء با اجزاء متحرک توسط GA
۲۴	۴- آزمایشات
۲۶	فصل دوم: مدلسازی شکل بکمک الگوریتم های ژنتیکی و ابزار هندسی
۲۸	الف: مدل کردن یک شیء با استفاده از چند ضلعی ها
۳۱	ب: مدلسازی چند شیء با استفاده از سوپرکوادریک ها
۳۱	۱- کد کردن جوابها
۳۲	۲- ارزشیابی رشته های کروموزوم
۳۲	۳- عملگرهای ژنتیکی
۳۲	۴- اشتراک
۳۳	۵- جداسازی جوابها
۳۴	۶- آزمایشات
۳۶	پ: مدلسازی شیء با استفاده از چند تصویر

صفحه	موضوع
۳۶	۱- مقدمه
۳۶	۲- مدلسازی اشیاء با استفاده از تصاویر متعدد با استفاده از الگوریتم های ژنتیکی
۳۶	۱-۲- تعریف مساله
۳۷	۲-۲- مدلسازی با GA
۳۸	۱-۲-۲- کد کردن پارامترها
۳۸	۲-۲-۲- ارزشیابی رشته کروموزوم
۳۹	۳-۲-۲- اشتراک
۴۱	۴-۲-۲- عملگرهای ژنتیکی
۴۱	۳-۲- نتایج آزمایشات
۴۳	فصل سوم: تشخیص و تحلیل شکل بکمک الگوریتم های ژنتیکی و ابزار مورفولوژی
۴۵	الف: تحلیل شکل با پردازش مورفولوژی
۴۵	۱- ارایه عملگرها
۴۶	۲- ترکیب و جهش
۴۶	۳- تابع ارزشیابی
۴۷	۴- نتایج آزمایشات
۵۰	ب: کدسازی مورفولوژیکی مرزها
۵۰	۱- مقدمه
۵۱	۲- تجزیه اسکلت در GA
۵۲	۳- عملگرهای مناسب برای شکلها
۵۲	۴- آزمایشات
۵۵	فصل چهارم: مدلسازی شکل بکمک الگوریتم های ژنتیکی و FFD
۵۷	الف: تنظیم پارامترها برای روش FFD
۵۷	۱- ارایه شکل بروش FFD

صفحه	موضوع
۵۸	۲- فرآیند مدل‌سازی تکاملی شکل
۵۸	۱-۲ تعریف نقاط کنترل شبکه
۵۹	۲-۲ ایجاد جمعیت اولیه
۵۹	۳-۲ ارزشیابی
۵۹	۴-۲ بازتولید، ترکیب و جهش
۶۰	۳- آزمایشات
۶۳	ب: الگوریتم ژنتیکی چند مرحله ای
۶۳	۱- مشکلات استفاده از GA
۶۴	۲- مشکلات بکارگیری FFD
۶۴	۳- الگوریتم مدل‌سازی تکاملی شکل بهبود یافته
۶۶	فصل پنجم: تشخیص شکل بکمک الگوریتم های ژنتیکی و زیرمجموعه کمینه یا صحت زیرپیکسل
۶۸	الف: روش زیرمجموعه کمینه
۶۸	۱- مقدمه
۶۸	۲- زیرمجموعه کمینه و استخراج ساختار هندسی اولیه
۶۹	۳- استفاده از الگوریتم ژنتیکی
۷۱	۴- نتایج پیاده سازی
۷۲	ب: روش صحت زیرپیکسل
۷۲	۱- مقدمه
۷۳	۲- صحت زیرپیکسل
۷۳	۳- ترکیب الگوریتم های ژنتیکی با صحت زیرپیکسل
۷۴	۴- الگوریتم تشخیص همزمان چند شکل
۷۴	۴-۱ تابع هزینه استاندارد
۷۵	۴-۲ شباهت بین افراد جمعیت
۷۵	۴-۳ تشخیص چند شکل

صفحه	موضوع
۷۶	۵- نتایج
۷۷	فصل ششم: تشخیص حروف بکمک الگوریتم های ژنتیکی
۷۹	الف: نمونه سازی شکل حروف
۷۹	۱- کد کردن شکل حروف
۸۰	۲- یادگیری ژنتیکی شکل حروف
۸۰	۳- نمونه ساز ژنتیکی و آزمایشات
۸۳	فصل هفتم: استفاده از الگوریتم های ژنتیکی در ابزار مورفولوژی
۸۵	الف: طراحی فرآیندهای سلسله مراتبی مورفولوژی
۸۵	۱- عملگرهای گسترش یا فرسایش
۸۵	۲- الگوریتم های ژنتیکی دوره ای
۸۸	۳- نتایج آزمایشات
۹۱	ب: طراحی فیلترهای مورفولوژی
۹۱	۱- کد کردن فیلتر
۹۲	۲- تابع ارزشیابی
۹۲	۳- آزمایشات
۹۴	پ: طراحی فیلترهای مورفولوژی غیر استاندارد
۹۴	۱- فیلترهای مورفولوژی نرم
۹۵	۲- فیلترهای مورفولوژی مرتب بر اساس درجه
۹۵	۳- ارزیابی ماترون برای فیلترهای مورفولوژی
۹۵	۴- ارزشیابی کروموزوم ها
۹۶	۵- آزمایشات
۹۷	ت: تجزیه عناصر ساختاری مورفولوژی
۹۷	۱- معیارهای بهینه سازی
۹۸	۲- ساختمان داده در روش تکاملی

صفحه	موضوع
۹۹	۳- جمعیت اولیه
۱۰۰	۴- تابع ارزشیابی
۱۰۱	۵- جستجوی ژنتیکی
۱۰۲	۶- آزمایشات
۱۰۳	مراجع

فهرست اشکال

صفحه	موضوع
۴	شکل ۱- توصیف یک شکل دوبعدی بکمک چند مستطیل
۵	شکل ۲- پنج پارامتر مستطیل L ام
۵	شکل ۳- دسته بندی نواحی داخل یک مستطیل
۷	شکل ۴- یک تصویر دوبعدی نمونه
۷	شکل ۵- تغییر مقدار ارزش ماکزیمم در جمعیت
۷	شکل ۶- نتایج توصیف شیء دوبعدی شکل E
۹	شکل ۷- تفاوت ضریب تطبیق
۹	شکل ۸- تشخیص غلط یک بیضی
۱۰	شکل ۹- تصویر نامتمرکز با $L=3$
۱۱	شکل ۱۰- تعبیرهای مختلف کروموزوم
۱۲	شکل ۱۱- طرح کلی الگوریتم ارایه شده
۱۳	شکل ۱۲- تشخیص شکل بروش ارایه شده
۱۳	شکل ۱۳- نمونه دیگری از تشخیص شکل بروش ارایه شده
۱۴	شکل ۱۴- ارایه رشته ای معنادار برای یک شکل نمونه
۱۸	شکل ۱۵- شکلهای مدل نرمالیزه شده که برای دسته اول آزمایشات بکار رفته اند
۱۸	شکل ۱۶- شکلهای مدل نرمالیزه شده که برای دسته دوم آزمایشات بکار رفته اند
۱۸	شکل ۱۷- شکلهای مدل نرمالیزه شده که برای دسته سوم آزمایشات بکار رفته اند
۱۸	شکل ۱۸- شکلهای ورودی نرمالیزه شده که برای آزمایشات بکار رفته اند
۲۵	شکل ۱۹- تطبیق تصویر یک آچار با شکل مرجع
۲۵	شکل ۲۰- تطبیق تصویر یک قیچی با شکل مرجع
۲۸	شکل ۲۱- روشی برای کدسازی یک شکل سه بعدی
۲۸	شکل ۲۲- روشی برای ایجاد رشته های اولیه
۲۹	شکل ۲۳- نمونه هایی از شکلهای سه بعدی ارایه شده توسط رشته ای در جمعیت اولیه

صفحه	موضوع
۲۹	شکل ۲۴- تعریف مقدار ارزش رشته
۲۹	شکل ۲۵- بردار نرمال سطح و جهت تابش نور
۲۹	شکل ۲۶- طرح شماتیک ترکیب
۳۰	شکل ۲۷- رابطه بین تعداد نسلها و مقدار ارزش رشته ها
۳۱	شکل ۲۸- ارایه رشته ای پارامترهای سوپر کوادریک
۳۳	شکل ۲۹- ارزشیابی رشته ای که ارایه کننده یک شکل مدل سوپر کوادریک است
۳۳	شکل ۳۰- با بکارگیری اشتراک جمعیت به چند جواب همژرا خواهد شد
۳۵	شکل ۳۱- تصویر سایه مدلهای مفروض
۳۵	شکل ۳۲- مدلهای سوپر کوادریکی که با روش ارایه شده بدست آمده اند
۳۵	شکل ۳۳- توزیع رشته ها در فضای پارامتر برای تقریب پارامترهای مدل شیء
۳۷	شکل ۳۴- روش مدلسازی اشکال
۳۷	شکل ۳۵- جریان فرآیند مدلسازی توسط GA
۳۸	شکل ۳۶- روش کد کردن ساختار اولیه
۳۹	شکل ۳۷- ارزشیابی رشته کروموزوم
۴۰	شکل ۳۸- بافت نواحی تناظر روی سطح مدل نگاشت میشود.
۴۰	شکل ۳۹- بوسیله اشتراک، جمعیت در نسلهای مختلف حاوی چندین جواب مختلف خواهد بود
۴۲	شکل ۴۰- مثالهایی از تصاویر از دیدهای مختلف
۴۲	شکل ۴۱- مدل شیء که از تصاویر ساختگی از چندین دید بدست آمده است
۴۲	شکل ۴۲- تصاویر حقیقی از چند دید
۴۲	شکل ۴۳- مدل شیء که از تصاویر حقیقی از چند دید بدست آمده است
۴۵	شکل ۴۴- دکد کردن یک فرمول به ساختار یک عملگر
۴۶	شکل ۴۵- عملگرهای ترکیب و جهش
۴۷	شکل ۴۶- تشخیص شکل
۴۸	شکل ۴۷- مجموعه آموزشی و آزمایشی برای شکلهای محدب و مقعر

صفحه	موضوع
۵۱	شکل ۴۸- نحوه کد کردن کروموزوم
۵۲	شکل ۴۹- نمایش همه برشهای ممکن برای یک عملگر ترکیب یک نقطه ای
۵۳	شکل ۵۰- نمایش برشهایی که برای یک ترکیب یک نقطه ای ممکن نیست
۵۳	شکل ۵۱- نمایش همگرایی ترکیب یک نقطه ای و ترکیب یک نقطه ای شکل گرا
۵۳	شکل ۵۲- شیئی که باید تحلیل گردد
۵۳	شکل ۵۳- ویژگی شیء شکل ۵۲
۵۴	شکل ۵۴- نمونه هایی از ویژگیهای شیء
۵۷	شکل ۵۵- سیستم مختصات و شبکه SFFD
۵۸	شکل ۵۶- تغییر شکل بروش FFD
۶۰	شکل ۵۷- ترکیب
۶۱	شکل ۵۸- شکل اولیه و چند ضلعی داده شده
۶۲	شکل ۵۹- جمعیت موجود در نسل اول پس از بازتولید
۶۲	شکل ۶۰- بهترین شکلها در هر نسل
۶۳	شکل ۶۱- نمودار ارزش ماکزیمم
۶۴	شکل ۶۲- بهبود ارزش ماکزیمم با روش GA چند مرحله ای
۷۰	شکل ۶۳- تشخیص قسمتی از دایره توسط دو کروموزوم والد و تشخیص کامل دایره توسط کروموزوم فرزند
۷۲	شکل ۶۴- تعریف دایره با صحت زیرپیکسل
۷۶	شکل ۶۵- تصویر خاکستری اولیه و نقاط لبه تصویر
۸۵	شکل ۶۶- تصویر اولیه و تصویر هدف
۸۶	شکل ۶۷- طرح کلی جستجو با GA
۸۷	شکل ۶۸- ساختار اولیه ترتیب پردازش
۸۸	شکل ۶۹- مثال ۱
۸۸	شکل ۷۰- مثال ۲
۹۰	شکل ۷۱- فرآیند جستجوی مثال ۲

صفحه	موضوع
۹۰	شکل ۷۲- مثال ۳
۹۰	شکل ۷۳- فرآیند جستجوی مثال ۳
۹۳	شکل ۷۴- فیلتر مورفولوژی استفاده شده برای تست GA
۹۳	شکل ۷۵- فیلتری که توسط GA پس از ۱۰۰۰ نسل بدست می آید.
۹۸	شکل ۷۶- ساختمان داده ارایه کننده دو فرد
۱۰۲	شکل ۷۷- ارایه شماتیک فرآیند نسلی

فهرست نمودارها

صفحه	موضوع
۴۹	نمودار ۱- شاخص عملکرد برای ۲۵ نسل
۴۹	نمودار ۲- تابع ارزشیابی و نتایج آزمایش برای آزمایشات انجام شده با شکلهای محدب و مقعر

فهرست جداول

صفحه	موضوع
۶۵	جدول ۱- پارامترها
۹۱	جدول ۲- مثالی از کد مناسب برای کدسازی مکانهای داخل و خارج از ناحیه پشتیبانی عنصر ساختاری
۹۲	جدول ۳- مثالی از کد کردن عملگرهای مورفولوژی
۹۶	جدول ۴- مقایسه خطای مطلق متوسط و خطای مجذور متوسط برای تصاویر نویری

فصل اول

تشخیص شکل

بکمک الگوریتم های ژنتیکی و ابزار هندسی

شکل یکی از مشخصات شکل است که در تشخیص آن اهمیت ویژه ای دارد. تشخیص شیء یکی از توانایی های سیستم بینایی انسان میباشد که پیاده سازی آن در ماشین یکی از مباحث عمده مبحث بینایی ماشین است. مشکلی که وجود دارد این است که نمیتوانیم شکل را بصورت عددی یا کیفی توصیفی نماییم که قابل یادگیری یا تشخیص باشد، زیرا نمیدانیم کدام ویژگیهای شکل برای تشخیص و دسته بندی مهم هستند.

روشهای تحلیل شکل را میتوان به دو دسته نگهدارنده اطلاعات و غیر نگهدارنده اطلاعات تقسیم کرد. در نوع نگهدارنده اطلاعات میتوان شیء اولیه را از توصیفگرهای شکل بازسازی کرد، حال آنکه در نوع دوم این امکان وجود ندارد.

دسته بندی دیگری روشهای تحلیل را بر اساس دامنه عمل آنها به دو دسته تقسیم مینماید. در دسته اول روشهایی وجود دارند که در دامنه فضای¹ موجود عمل میکنند و تصویر ورودی را به ارایه دیگری در فضای تصویر تبدیل مینمایند. سپس با تحلیل ساختاری یا نحوی به تشخیص شکل میپردازند. دسته دوم از روشهای تبدیل اسکالر² استفاده میکنند و تصویر را به یک بردار ویژگی نگاشت مینمایند. روشهای تبدیل پردازش سیگنال، مانند تبدیل فوریه، از این دسته میباشند. تشخیص در روشهای دوم معمولاً به روشهای تشخیص الگوی آماری انجام میشود.

در این فصل مطالعات انجام شده برای تشخیص شکل با استفاده از الگوریتم ژنتیکی و ابزار هندسی را مطرح می نمایم. این مطالعات را میتوان در عناوین زیر مطرح نمود:

الف: توصیف سلسله مراتبی شکل دوبعدی

ب: تشخیص شکل با الگوریتم ژنتیکی بهبود یافته

پ: تشخیص شکل بکمک رشته های معنادار

ت: تشخیص اشیاء با اجزای متحرک

¹ Spatial domain

² Scalar transform techniques

الف: توصیف سلسله مراتبی اشکال دو بعدی [۱]

۱- مقدمه

یکی از زمینه های کار در بینایی ماشین، تقریب اشیاء دو بعدی یا سه بعدی به وسیله اشکال ساده یا سطوح منحنی است. روشهای زیادی بر اساس منحنی های درون یاب^۱ مطرح شده اند. برای مثال منحنی های بزیئر^۲ و منحنی های اسپلاین^۳ که سعی بر توصیف هر چه دقیق تر اشکال دارند. ولی در برخی از کاربردهای هنری تقریب شکل اشیاء به وسیله شکل های ساده تر مانند دایره مثلث و مستطیل مورد نظر است. از آنجائیکه چنین توصیفی از اشیاء معمولا ساختار و شکل کلی را نشان میدهد، می تواند برای توصیف و تشخیص اشیاء در بینایی ماشین نیز به کار رود.

در اینجا میخواهیم روشی مطرح نماییم که برای توصیف شکل اشیاء بوسیله اشکال ساده تر میتواند به کار رود. برای این کار از اشیاء دو بعدی استفاده مینماییم و سعی داریم شکل کلی آنها را به وسیله مستطیل ها تقریب بزینیم. تصاویر باینری هستند و تعداد مستطیل های مورد استفاده، به عنوان پارامتری قبل از توصیف تعیین میگردد. با تغییر این پارامتر میتوان توصیف سلسله مراتبی از شکل شیء بدست آورد. این روش میتواند برای توصیف تقریبی شکلها و تجدید اشکال در کاربردهای هنری مناسب عمل نماید.

۲- چگونگی توصیف اشکال دو بعدی

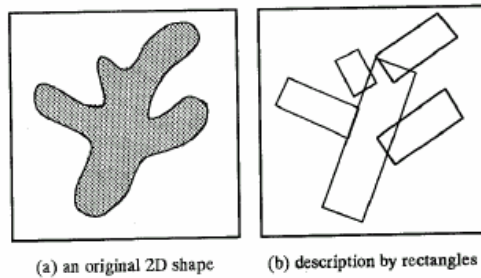
۲-۱ اصول اولیه روش

هدف بدست آوردن توصیفی از شکل اشیاء دو بعدی به وسیله مستطیل هاست. شکل ۱ مثالی از توصیف مورد نظر است. در شکل ۱، برای توصیف شکل دو بعدی درخت مانند موجود، از پنج مستطیل استفاده شده است که اندازه، موقعیت و زاویه دوران متفاوت دارند و به نظر می رسد ساختار کلی شکل را به خوبی نشان می دهند. اما اگر بخواهیم توصیف را با تعداد مستطیل های دلخواه داشته باشیم، پیدا کردن آنها مشکل می شود. روشی که مطرح می نماییم، توصیفی بهینه از شکل دو بعدی برای تعداد مستطیل های مطلوب ارائه می کند.

^۱ Interpolation Curves

^۲ Bezier Curves

^۳ Spline Curves



شکل ۱- توصیف یک شکل دو بعدی بکمک چند مستطیل

برای آنکه بتوانیم هر شکل دو بعدی دلخواه را توصیف نماییم، لازم است روش توصیف تاثیرپذیر از شکل نباشد. به همین دلیل از روش تطبیق الگوی ژنتیکی^۱ (GPM) استفاده می نماییم. به وسیله این روش میتوان موقعیت، اندازه و زاویه دوران یک شیء دو بعدی یا سه بعدی را در تصاویر داده شده تعیین نمود. در این روش، یک مدل دو بعدی یا سه بعدی روی صفحه تصویر نگاشت می شود و سپس مجموعه پارامترهای تبدیل که می توانند ضریب تطبیق بین تصویر نگاشت شده و تصویر اولیه را ماکزیم نمایند، به وسیله الگوریتم ژنتیکی مشخص میگردند. در الگوریتم ژنتیکی مورد استفاده، هر مجموعه از پارامترهای تبدیل به صورت یک کروموزوم ارائه شده، میزان ارزش یا مطلوبیت^۲ هر کروموزوم به صورت نسبت تطبیق بدست آمده با استفاده از این پارامترها محاسبه میگردد. البته در اینجا نه فقط یک مدل، بلکه مجموعه ای از چند مستطیل روی تصویر اولیه نگاشت می شوند.

۲-۲ تعریف کروموزوم

فرض کنید بخواهید یک شکل دو بعدی را بوسیله n مستطیل تقریب بزینیم. در اینصورت j امین مستطیل ($1 \leq j \leq n$) را میتوان به وسیله پنج پارامتر $(Sx_j, Sy_j, Cx_j, Cy_j, \theta_j)$ توصیف نمود، که در آن (Sx_j, Sy_j) مختصات نقطه مرکزی و θ_j زاویه دوران j امین مستطیل است. این پنج پارامتر در شکل ۲ نشان داده شده اند.

کروموزوم Ch_i متعلق به فرد i ام جمعیت در الگوریتم ژنتیکی به صورت زیر تعریف میشود.

$$Ch_i = (Sx_1, Sy_1, Cx_1, Cy_1, \theta_1, \dots, Sx_2, Sy_2, Cx_2, Cy_2, \theta_2, \dots, Sx_n, Sy_n, Cx_n, Cy_n, \theta_n)$$

هر پارامتر در Ch_i یک عدد مثبت است که بوسیله رشته بیتی با طول ثابت کد می شود. در نتیجه Ch_i یک رشته بیتی با طول زیاد، ولی ثابت است. اگر برای کد کردن هر پارامتر از ۳۲ بیت استفاده نماییم و n مستطیل برای توصیف به کار گیریم، Ch_i عبارت از $160 \cdot n$ بیت خواهد بود.

¹ Genetic Pattern Matching

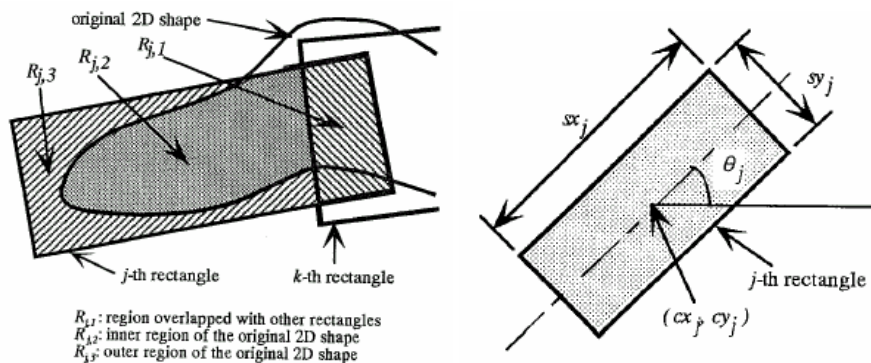
² Fitness

۳-۲ تعریف ارزش

میزان ارزش هر کروموزوم، به صورتی که در قسمت قبل ارائه شد، عبارتست از ضریب تطبیق بین مجموعه مستطیل‌هایی که کروموزوم توصیف میکند و شکل دو بعدی در تصویر. چگونگی محاسبات در شکل ۳ نشان داده شده است.

در شکل ۳، زمین مستطیل روی شکل در تصویر دیده می‌شود. این مستطیل دارای سه ناحیه است:

- **ناحیه $R_{j,1}$** : ناحیه‌ای از مساحت مستطیل که با سایر مستطیلها مشترک است.
- **ناحیه $R_{j,2}$** : ناحیه‌ای از مساحت مستطیل که در $R_{j,1}$ نیست و با شکل شیء مورد نظر در تصویر هم پوشانی دارد.
- **ناحیه $R_{j,3}$** : ناحیه‌ای از مساحت مستطیل که در هیچ یک از دو ناحیه فوق واقع نشده است.



شکل ۲- پنج پارامتر مستطیل زام شکل ۳- دسته بندی نواحی داخل یک مستطیل

اگر مساحت کل مستطیل، مساحت ناحیه $R_{j,1}$ ، مساحت ناحیه $R_{j,2}$ و مساحت ناحیه $R_{j,3}$ به ترتیب برابر $S_{j,1}$ ، $S_{j,2}$ ، و $S_{j,3}$ باشند، ضریب تطبیق M_j مستطیل زام عبارت است از

$$M_j = \begin{cases} (k_2 \cdot S_{j,2} - k_1 \cdot S_{j,1} - k_3 \cdot S_{j,3}) / S_j & \text{if } k_2 \cdot S_{j,2} > k_1 \cdot S_{j,1} + k_3 \cdot S_{j,3} \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases}$$

که در این رابطه K_1 ، K_2 ، K_3 ضرایب وزن دهنده و اعداد مثبت حقیقی هستند. در حقیقت $S_{j,1}$ و $S_{j,3}$ بصورت جرمه در ضریب تطبیق M_j عمل می‌کنند. مقدار ارزش f_i برای هر فرد I_i در جمعیت که کروموزوم آن از n مستطیل تشکیل شده است، عبارت است از:

$$f_i = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n M_j$$

مقادیر ارزش f_i در محدوده $[0, 1]$ واقع میشوند و $f_i = 1$ به معنای همپوشانی کامل مستطیل‌ها با شکل دو بعدی است. با توجه به تعریف ارزش ذکر شده، هرچه مستطیل‌ها بیشتر شکل را بپوشانند و کمتر با همپوشانی داشته باشند، مقدار ارزش افزایش می‌یابد.

در مجموعه تصاویری که برای تست روش بکار گرفته می‌شود، مقدار ارزش ندرتاً مساوی یک میگردد، زیرا تصاویر بکار رفته تصاویر دلخواه با شکلهای متفاوت هستند که لزوماً قابل تقریب زدن بوسیله مجموعه‌ای از مستطیل‌ها نمی‌باشند. به همین دلیل در الگوریتم ژنتیکی شرط خاتمه را تساوی مقدار ارزش

با یک در نظر نمی گیریم، بلکه آستانه ای را فرض کرده، هرگاه مقدار ارزش از آستانه مورد نظر گذشت، الگوریتم را خاتمه می دهیم.

۲- ۴ عملگرهای ژنتیکی

در الگوریتم های ژنتیکی بکار رفته، افرادی از جمعیت که به لحاظ مقدار ارزششان در R_L % پایین جمعیت قرار گیرند، بی قید و شرط کنار گذاشته می شوند. به جای آنها فرزندان والدینی که از میان R_H % بالای جمعیت بصورت تصادفی انتخاب میشوند، قرار می گیرند. پس از مشخص شدن افراد جمعیت نسل بعد، جهش با نرخ R_m روی بیت های هر فرد جمعیت اعمال می گردد. اگر جهش در بیتی اعمال گردد، مقدار آن از 0 به 1 و از 1 به 0 تغییر خواهد کرد. اگر مقدار ارزش ماکزیمم در نسل بعد از مقدار ارزش ماکزیمم در نسل فعلی کمتر باشد، بهترین عضو جمعیت فعلی با یکی از افراد جمعیت جدید تعویض می گردد.

۳- آزمایشات

پس از آزمایشات چند و با سعی و خطا، پارامترهای زیر انتخاب شده اند:

$$\text{اندازه جمعیت} = 50, R_H = 20\%, R_L = 20\%, R_m = 5\%, K_1 = 0.8, K_2 = 1.0, K_3 = 0.4$$

شکل ۴ یک تصویر دو بعدی را نشان میدهد که در آزمایشات بکار گرفته شده است. تغییرات در مقدار ارزش ماکزیمم جمعیت در طی نسل های الگوریتم ژنتیکی در شکل ۵ نشان داده شده است. با توجه به تصادفی بودن الگوریتم ژنتیکی، متوسط مقادیر ۱۰۰ اجرای مختلف در رسم نمودار شکل ۵ استفاده شده است. تعداد کل مستطیل های مورد استفاده برای توصیف در شکل ۵ - a، ۵ - b و ۵ - c به ترتیب ۳، ۵ و ۱۰ می باشد. شکل ۶ نشان دهنده توصیف بدست آمده از نسل های شکل ۵ است.

می توان از شکل های ۴، ۵ و ۶ میتوان نتیجه گرفت که توصیف شکل دو بعدی با استفاده از چند مستطیل و با روش مورد استفاده موفقیت آمیز است. بعلاوه با تغییر تعداد مستطیل ها میتوان توصیفی سلسله مراتبی از شکل دو بعدی اولیه بدست آورد. بعلاوه می توانیم تعداد مستطیل ها را نیز بعنوان یک پارامتر در GA ارائه دهیم و بهینه سازی آنرا بعهده GA بگذاریم.

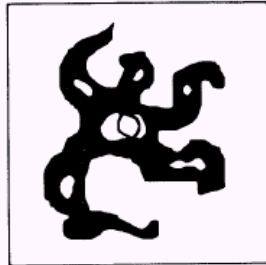
۴ - نتایج

روشی برای توصیف تقریبی اشکال دو بعدی با استفاده از چند مستطیل ارائه نمودیم. مساله بعنوان یک مساله بهینه سازی برای یافتن مستطیل هایی که بتوانند یک شکل دو بعدی را به طرز مناسبی تقریب بزنند، مطرح گردید و نشان داده شد که با استفاده از الگوریتم ژنتیکی میتوان توصیف موفقیت داشت. روش ارائه شده را می توان برای توصیف اشکال و تشخیص اشیاء در زمینه بینایی ماشین و تجرید اشکال در زمینه های هنری بکار گرفت.

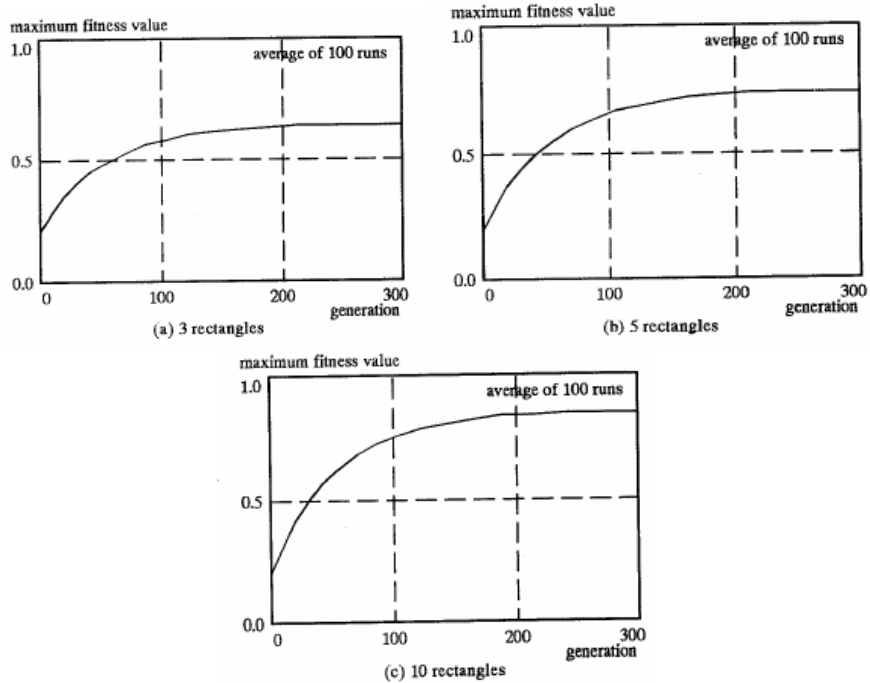
¹ Stochastic

برای ادامه کار، زمینه های زیر پیشنهاد میشود:

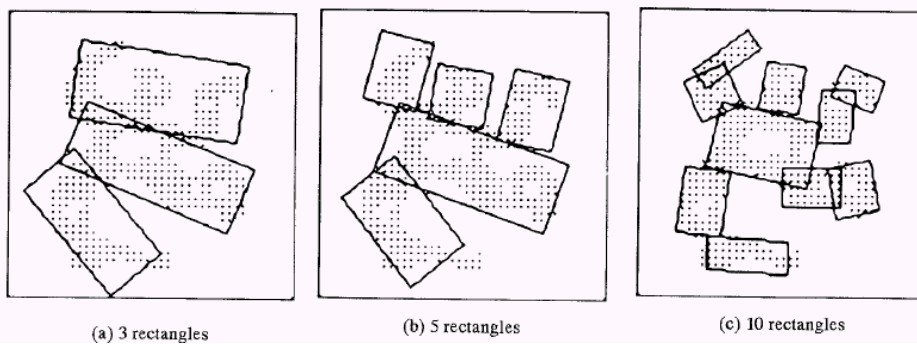
- تعیین اتوماتیک تعداد مستطیل های مناسب برای تقریب شکل های دو بعدی
- استفاده از شکل های دیگر برای توصیف، برای مثال دایره، مثلث و غیره
- تقریب اشیا سه بعدی بوسیله عناصری مانند مکعب، کره و استوانه



شکل ۴- یک تصویر دوبعدی نمونه



شکل ۵- تغییر مقدار ارزش ماکزیمم در جمعیت



شکل ۶- نتایج توصیف شیء دوبعدی شکل ۳

ب: تشخیص شکل با الگوریتم ژنتیکی بهبود یافته [۲]

۱- مقدمه

یکی از فرآیندها در مسایل پردازش تصویر و بینایی ماشین تشخیص الگو و شکل می باشد. روشهایی از جمله روش هاف برای اینکار مطرح شده اند. با توجه به محدودیت هایی که این روش دارد کارهای زیادی برای یافتن روشهایی که می توانند با وجود نویز عمل کنند، روشهایی که می توانند شکلهایی را که همپوشانی دارند بیابند و روشهایی که می توانند شکل را در صورت دوران انتقال و مقیاس شدن تشخیص دهند انجام گرفته است.

هدف تحقیقی که مطرح می شود، یافتن روشی است که بتواند با وجود نویز، چندین نوع شکل از جمله خطوط، دایره، بیضی ها، و سهمی ها را با استفاده از الگوریتم های ژنتیکی در تصویر تشخیص دهد. تکنیک های زیر در GA بکار گرفته شده اند:

(۱) هر کروموزوم ارزیه دهنده چندین شکل است، بطوریکه می توان آن را به گونه های مختلف تعبیر کرد. بدین ترتیب تعداد کروموزوم های لازم برای تشخیص کاهش می یابد.

(۲) پس از تشخیص هر شکل، شکل تشخیص داده شده از تصویر اولیه حذف می گردد تا کار تشخیص شکلهای دیگر بهتر انجام شود.

(۳) با توجه به بزرگ بودن فضای جستجو روشهایی برای مقدار دهی اولیه به جمعیت و همچنین ایجاد تغییرات در صورت ثابت ماندن ارزش جمعیت در چند نسل بکار گرفته شده است.

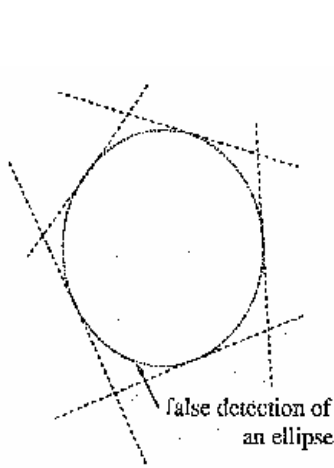
۲- پارامترهای شکلی

برای توصیف شکلهایی مانند خط، دایره، بیضی و سهمی به حداکثر ۵ پارامتر نیاز داریم: (C_x, C_y) و Γ_x, Γ_y و θ . برای یافتن نقاط شکلی که توسط این پارامترها ارزیه می شود، به این صورت عمل می کنیم: ابتدا نقاط مقتضات نسبی P را بدست می آوریم که مرکز، مبدأ مختصات بوده و زاویه دوران صفر می باشد. سپس گروهی از نقاط P^* با دوران P به اندازه θ و انتقال مرکز P به (C_x, C_y) محاسبه می شوند، به طوریکه هر نقطه $P_i^*(x_i^*, y_i^*)$ از تبدیل زیر روی نقطه $P_i(x_i, y_i)$ بدست آمده است:

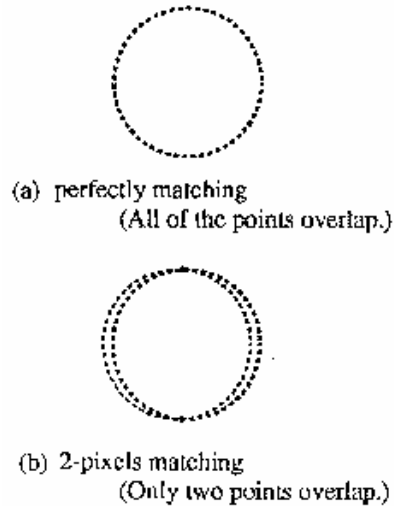
$$\begin{pmatrix} x_i^* \\ y_i^* \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \cos \theta & -\sin \theta \\ \sin \theta & \cos \theta \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_i \\ y_i \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} C_x \\ C_y \end{pmatrix}$$

۳- ضریب تطبیق^۱

ضریب تطبیق بصورت $R = \frac{nb}{n}$ تعریف می شود که در آن n تعداد پیکسلهای P^* و nb تعداد پیکسلهای سیاه در P^* است. در یک تصویر باینری، در صورت همپوشانی کامل دو شکل، این ضریب بزرگ خواهد بود، ولی با لغزش بسیار کم یک شکل روی دیگری، مقدار ضریب تطبیق به شدت کاهش پیدا می کند (شکل ۷). بعلاوه در شکل ۸ می توان دید که در صورت احاطه شدن توسط چند خط، یک دایره و یک بیضی ضریب تطبیق بزرگتری خواهند داشت. می توان نتیجه گرفت فضای جستجو بسیار بزرگ و به شدت غیر خطی است و جوابهای محلی زیادی ممکن می باشند. با توجه به این نکته، استفاده از روشهای مبتنی بر گرادیان مناسب نبوده، به عکس روش الگوریتمهای ژنتیکی مناسب برای این نوع جستجو است.



شکل ۸- تشخیص غلط یک بیضی



شکل ۷- تفاوت ضریب تطبیق

۴- فرآیند نامتمرکز سازی^۲

روش ارائه شده با جستجوی ضرایب تطبیق ماکزیمم، شکل را تشخیص می دهد. با اینهمه همانطور که گفته شد، ضریب تطبیق دارای قله بسیار تیزی است و با لغزش بسیار کم شکل روی شکل دیگر، به شدت کاهش می یابد. بنابراین نمی توان بسادگی فهمید که چقدر به یک نقطه بهینه (ماکزیمم) نزدیک شده ایم. برای بر طرف کردن این اشکال، از نامتمرکز کردن تصویر باینری اولیه و تبدیل آن به یک تصویر چند سطحی استفاده می شود. در نتیجه توزیع ارزش هموار تر شده، تقریب میزان نزدیکی به جواب ساده تر می گردد.

در یک تصویر باینری، پیکسلهای سفید (زمینه) دارای مقدار صفر و پیکسلهای سیاه (شکلها و نویزها) دارای مقدار یک می باشند. نامتمرکز سازی با تبدیل تصویر باینری به یک تصویر $L+1$ سطحی (L یک عدد صحیح مثبت) در مراحل زیر انجام می شود:

¹ Matching ratio

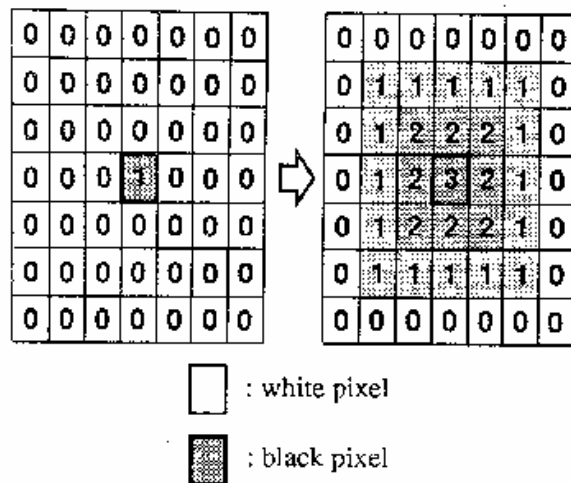
² Defusing Procedure

(۱) فاصله ۸- اتصالی (فاصله صفحه شطرنجی) $D_{i,j}$ بین همه پیکسل‌های سفید $w_i(w_{x_i}, w_{y_i})$ و نزدیکترین پیکسل سیاه به آنها $b_j(b_{x_j}, b_{y_j})$ را محاسبه کن

$$D_{i,j} = \text{Max} \left\{ \left| w_{x_i} - b_{x_j} \right|, \left| w_{y_i} - b_{y_j} \right| \right\}$$

(۲) اگر $D_{i,j} < L$ است، سطح پیکسل سفید را به $L - D_{i,j}$ تغییر ده.

شکل ۹ نتیجه اعمال نامتمرکزسازی با $L=3$ را نشان می دهد. سطح پیکسل سیاه مرکزی، ۳ و سطح همسایگان سفید آن ۱، ۲ و... است. بنابراین تصویر باینری به تصویری با ۴ سطح تبدیل گردیده است.



شکل ۹- تصویر نامتمرکز با $L=3$

یک فرد در جمعیت بصورت رشته ای از n نقطه تعبیر می شود:

$$P_k^* = \left\{ P_{1k}^*(x_{1k}^*, y_{1k}^*), \dots, P_{nk}^*(x_{nk}^*, y_{nk}^*) \right\}$$

با توجه به روش نامتمرکز سازی، ارزش هر فرد در جمعیت بصورت زیر محاسبه می گردد:

$$Fit = \frac{\sum_{j=1}^n f(x_{jk}^*, y_{jk}^*)}{L * n}$$

که در آن $f(x_{jk}^*, y_{jk}^*)$ مقدار سطح (x_{jk}^*, y_{jk}^*) پس از نامتمرکز سازی است و مقادیری از صفر تا L را اختیار می کند.

۵- ارایه شکل بصورت کروموزوم

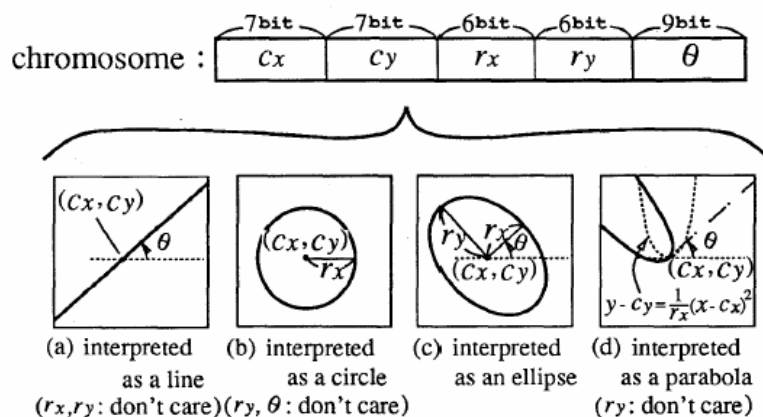
هر کروموزوم از ۵ پارامتر (C_x, C_y) ، r_x ، r_y و θ تشکیل شده است. در روش GA سنتی، هر کروموزوم تنها یک فنوتایپ را ارایه می کند، ولی در اینجا هر کروموزوم می تواند پنج شکل متفاوت را ارایه نماید (شکل ۱۰):

(الف) یک خط (که از نقطه (C_x, C_y) گذشته، دارای شیب $\tan\theta$ است).

(ب) یک دایره (با مرکز (C_x, C_y) و شعاع r_x).

(ج) یک بیضی (با مرکز (C_x, C_y) ، شعاع r_x در جهت محور x ، شعاع r_y در جهت محور y و زاویه دوران θ)، و

(د) یک سهمی (با رأس (C_x, C_y) ، ضریب $\frac{1}{r_x}$ و زاویه دوران θ)



شکل ۱۰- تعبیرهای مختلف کروموزوم

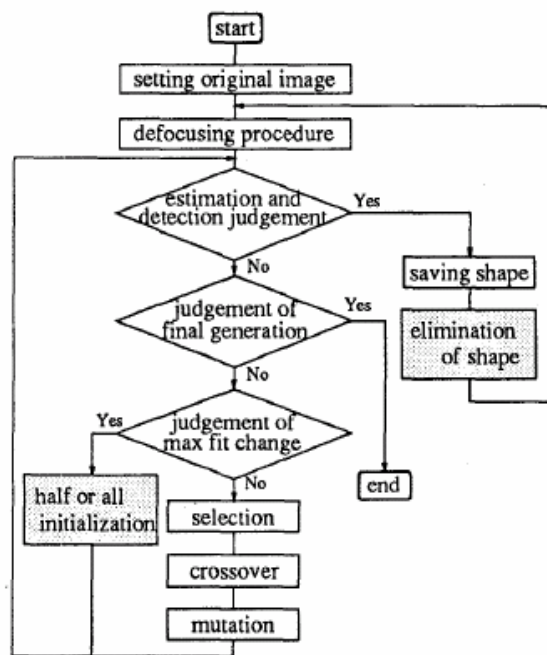
۶- حذف شکلهای تشخیص داده شده

هر بار یک شکل در تصویر تشخیص داده می شود، از تصویر اولیه حذف می گردد. سپس فرآیند تشخیص شکل تکرار می شود. اینکار باعث می شود یک شکل مکرراً تشخیص داده نشود و کار تشخیص سایر شکلهای در تصویر ساده تر گردد.

۷- جمعیت اولیه

اگر چه GA در اپتیمم های محلی گیر نمی افتد، وجود یک اپتیمم محلی در جمعیت باعث می شود که این کروموزوم با توجه به مقدار ارزش بالای آن در نسلهای بعد باقی بماند. در نتیجه تعداد کروموزوم های مشابه زیاد و زیادت می گردد. برای جلوگیری از چنین پیشامدی، روشی برای مقدار دهی اولیه به جمعیت اتخاذ گردیده است.

به منظور فرار از جوابهای محلی یا شروع جستجو از نقاط دیگری در فضای جستجو، نصف یا همه کروموزوم های جمعیت مقدار دهی می شوند. هر گاه مقدار ارزش ماکزیمم برای چند نسل ثابت بماند، فرض می شود جمعیت در یک اپتیم محلی گیر افتاده است. بنابراین ابتدا نصف جمعیت مقدار دهی می شود. در صورت عدم تغییر مقدار ارزش پس از این مقدار دهی، مقدار دهی نصف جمعیت برای چند بار دیگر نیز تکرار می شود. در صورتیکه باز هم تغییری مشهود نباشد، کل جمعیت مقدار دهی خواهد شد. این فرایند باعث فرار از اپتیم های محلی در زمان کوتاه شده، بعلاوه تعداد نسلهای لازم برای تشخیص کلیه شکلها را کاهش می دهد.



شکل ۱۱- طرح کلی الگوریتم ارایه شده

۸- آزمایشات

شکل ۱۱ نشان دهنده الگوریتم استفاده شده برای تشخیص شکل می باشد. ابتدا تصویر اولیه را نامتمکز کرده، تصویر باینری را به تصویر چند سطحی تبدیل می کنیم. سپس با استفاده از الگوریتم های ژنتیکی بهبود داده شده، تشخیص شکل را دنبال می نماییم. در الگوریتم بهبود داده شده هر کروموزوم G_k (برای k صحیح) بصورت زیر بیان می شود:

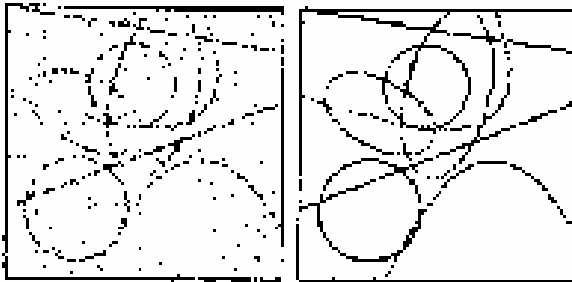
$$G_k = (C_x, C_y, r_x, r_y, angle)$$

$$\theta = \frac{angle}{angle_{max}} \times 360^\circ$$

مقدار ارزش Fit_k بصورت:

$$Fit = Max(Fit_l, Fit_c, Fit_e, Fit_p)$$

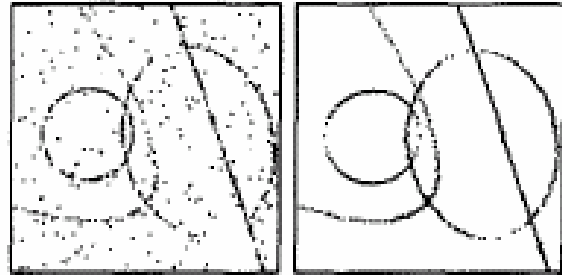
تعریف میشود که در آن Fit_l و Fit_c ، Fit_e و Fit_p ارزش کروموزوم تعبیر شده بصورت خط، دایره، بیضی و سهمی می باشد. برای آزمایش روش فوق از تصاویر 128×128 استفاده و به آنها نویز یکنواخت¹ اضافه گردیده است. شکل های ۱۲ و ۱۳ نمونه هایی از اعمال روش فوق را نشان می دهند.



(a)
original
image

(b)
detected
shapes

شکل ۱۳- نمونه دیگری از تشخیص شکل بروش ارایه شده



(a)
original
image

(b)
detected
shapes

شکل ۱۲- تشخیص شکل بروش ارایه شده

¹ Uniform noise

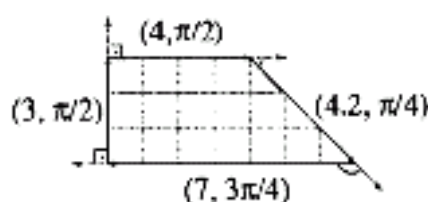
پ: تشخیص شکل بکمک رشته های معنادار [۳]

۱- مقدمه

تشخیص شکل در تصویر، با داشتن شکل‌های مدل، مورد تحقیق بسیاری از محققین بوده است. با فرض داشتن تعدادی شکل مدل و یک تصویر ورودی، مسأله تشخیص شکل، شناسایی شکل مدلی است که در تصویر ورودی موجود می باشد. در تصاویری که قسمتی از شیء موجود در تصویر توسط شیء دیگری پوشانده شده یا تصویر نویزی است، یک روش تشخیص شکل انعطاف پذیر برای استفاده از اطلاعات ناقص مورد نیاز است.

روش تبدیل هاف تعمیم داده شده، روش مناسبی در تشخیص شکل است ولی بسیار زمانبر بوده، برای کاربردهای بلادرنگ مفید نمی باشد. در دسته دیگری از روشها ترکیب هایی از ویژگی های محلی و کلی شکل های مدل بدست آمده، با ویژگیهای استخراج شده از تصویر ورودی مقایسه می شوند. بعلاوه شبکه های عصبی نیز در این کاربرد مفید بوده اند.

روشی که در اینجا مطرح می شود، روشی برای تطبیق جزئی شکل^۱ است که از الگوریتم های ژنتیکی و ارایه رشته های معنادار^۲ استفاده می نماید.



شکل ۱۴- ارایه رشته ای معنادار برای یک شکل نمونه

۲- رشته های معنادار

رشته های معنادار برای ارایه شکل ها بکار می روند. هر شکل یک چند ضلعی است که از چندین پاره خط تشکیل شده است. یک رشته از ویژگیها بصورت (x_1, x_2, \dots, x_n) برای ارائه هر شکل بکار می رود. هر ویژگی $x_i = (l_i, \theta_i)$ از دو پارامتر طول l_i پاره خط متناظر و زاویه θ_i پاره خط با پاره خط x_{i-1} تشکیل شده است. برای مثال چهارضلعی شکل ۱۴ بصورت رشته معنادار زیر ارایه می گردد:

$$\left(\left(4, \frac{\pi}{2} \right), \left(4.2, \frac{\pi}{4} \right), \left(7, \frac{3\pi}{4} \right), \left(3, \frac{\pi}{2} \right) \right)$$

برای استقلال از اندازه شکل، طول هر ویژگی توسط طول ویژگی قبل از آن نرمالیزه می شود:

$$l_i^1 = \frac{l_i}{l_{i-1}}$$

¹ Partial Shape matching

² Attributed String representation

برای مثال فوق ارایه شکل فوق بصورت زیر خواهد بود:

$$\left(\left(1.33, \frac{\pi}{2} \right), \left(1.05, \frac{\pi}{4} \right), \left(1.67, \frac{3\pi}{4} \right), \left(0.43, \frac{\pi}{2} \right) \right)$$

با توجه به اینکه همپوشانی شکلها باعث می شود طول شکلها متفاوت با مجموع طول هر یک از شکلهای تشکیل دهنده آن باشد، از طول کل یک شکل برای نرمالیزه کردن اندازه شکل استفاده نمی کنیم.

۳- تطبیق شکل با استفاده از الگوریتم های ژنتیکی

با داشتن یک شکل ورودی با n ویژگی و s شکل مدل با مجموعاً M ویژگی، می توان تطبیق جزئی شکل را بصورت مسأله یافتن تطبیق میان n ویژگی با M ویژگی دید. فضای جستجو دارای اندازه M^n می باشد. زیرا شکل ورودی ممکن است دارای چند نمونه جزئی از یک شکل مدل باشد. بزرگ بودن فضای جستجو استفاده از الگوریتم های ژنتیکی را توجیه می کند.

۴- ارایه ویژگی های شکل در کروموزوم

هر فرد نگاشتی از یک ویژگی شکل ورودی به یکی از ویژگی های شکل مدل است و بصورت لیستی از لیست ها ارایه می شود. هر عنصر دارای دو مقدار است، یکی برای نشان دادن شکل مدل برای تطبیق و دیگری برای نشان دادن ویژگی متناظر با آن. پارامترها بصورت زیر تعریف می گردند:

- برای هر ویژگی، طولهای نرمالیزه شده و زوایا با استفاده از توابع L ، θ محاسبه می شوند.
- شکل ورودی بصورت $I = (I_1, I_2, \dots, I_n)$ نشان داده می شود که در آن I_p ویژگی p ام بوده، از مقادیر $(L(I_p), \theta(I_p))$ تشکیل شده است. اندازه شکل ورودی $n = |I|$ معرف تعداد ویژگی ها در I می باشد.
- شکل های مدل عبارتند از M_1, \dots, M_s که در آن $M_j = (M_{j,1}, M_{j,2}, \dots, M_{j,m_j})$ است. $M_{j,r}$ ویژگی r ام شکل مدل j ام بوده، از مقادیر $(L(M_{j,r}), \theta(M_{j,r}))$ تشکیل گشته است. اندازه شکل مدل j ام $|M_j| = m_j$ می باشد.
- هر فرد $P = (P_1, \dots, P_k, \dots, P_n)$ متناظر است با یک نگاشت μ از ویژگی های شکل ورودی به ویژگی های شکل مدل بطوریکه $P_k = \mu(I_k) = m_{j,i}$ و $1 \leq i \leq m_j, 1 \leq j \leq s$ و $L \leq k \leq n$ می باشد. برای مثال $\{(2, 3), (2, 4), (2, 5), (3, 4)\}$ یک فرد در GA است. ویژگی اول شکل ورودی توسط این کروموزوم به $(2, 3)$ ، عبارتی به ویژگی سوم از مدل دوم، نگاشت می گردد.

۵- مقادیر اولیه

جمعیت اولیه مجموعه ای از کروموزومهایی با مقادیر تصادفی است. هر کروموزوم بصورت زیر بدست می آید. ابتدا یک ویژگی از شکل ورودی I_k بطور تصادفی انتخاب می شود و به ویژگی تصادفی $M_{j,r}$ در یک شکل مدل تصادفی نگاشت می گردد. ویژگی های I_{k+1}, I_{k+2}, \dots سپس به ویژگی های $M_{j,r+1}, M_{j,r}$

... +2، نگاشت می شوند. ترتیب ویژگی های M_j بصورت حلقوی در نظر گرفته می شود. پس از نسبت دادن همه ویژگی های ممکن M_j ، اگر هنوز یک ویژگی از تصویر ورودی به ویژگی مدل نسبت داده نشده است، ویژگی بعدی از شکل ورودی I_{k+m_j} به یک ویژگی تصادفی شکل $M_{j,r}$ نگاشت می شود و تا جاییکه ممکن باشد، ویژگی های بعدی ... I_{k+m_j+1} ، I_{k+m_j+2} ، ... نیز به ویژگی های این شکل مدل ... $M_{j,r+1}$ ، $M_{j,r+2}$ ، ... نگاشت می شوند. این فرآیند تا برقراری نگاشت بین کلیه ویژگی های تصویر ورودی ادامه می یابد. ترتیب ویژگی های شکل ورودی نیز بصورت حلقوی دیده می شود، عبارتی I_1 ویژگی بعد از I_n است. اندازه جمعیت دو برابر اندازه تعداد ویژگی های شکل ورودی در نظر گرفته می شود.

۶- ارزشیابی

ارزش هر کروموزوم نشان می دهد تا چه میزان ویژگی های شکل ورودی با ویژگی های شکل مدل نسبت داده شده به آن تطبیق دارند. همچنین میزان ارزش به درجه تناسب بین ویژگی های مدلی که ویژگی های همسایه به آن نگاشت شده اند، بستگی دارد.

برای محاسبه ارزش، میزان سازگاری بین ویژگی های شکل ورودی و ویژگی های مدل متناظرش بررسی می گردد. تفاوت (عدم تشابه) بین ویژگی شکل ورودی I_k و ویژگی مدل $\mu(I_k)$ با معیار متوسط تابع فاصله ($d(I_k, \mu(I_k))$) بصورت زیر اندازه گرفته می شود:

$$d(I_k, \mu(I_k)) = d_\theta(I_k, \mu(I_k)) + d_l(I_k, \mu(I_k))$$

$$d_\theta(I_k, \mu(I_k)) = c_\theta \text{abs}(\theta(I_k) - \theta(\mu(I_k)))$$

ثابت C_θ برای نادیده گرفتن تفاوت های کمتر از $\frac{\pi}{18}$ اعمال می شود. اگر دو ویژگی متوالی به یک شکل مدل نگاشت نشوند، $d_l(I_k, \mu(I_k)) = 0$ در نظر گرفته شده، در غیر این صورت

$$d_l(I_k, \mu(I_k)) = \frac{\text{abs}(l(I_k) - l(\mu(I_k)))}{\max(l(I_k) - l(\mu(I_k)))}$$

فاصله بین دو ویژگی با یک مقدار آستانه مقایسه می گردد. اگر فاصله کوچک باشد، مؤلفه متناظرش تطبیق داده شده دانسته می شود. در غیر این صورت ویژگی ها مطابق تشخیص داده نمی شوند.

$$\text{Matched}(I_k, \mu(I_k)) = \begin{cases} 1 & \text{if } d(I_k, \mu(I_k)) < \varepsilon \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases}$$

تابع ارزشیابی برای تعداد مدلهایی که ویژگی های شکل ورودی توسط کروموزوم به ویژگی های آنها نگاشت می شود، جریمه در نظر می گیرد و بصورت زیر نگاشت می شود:

$$\text{Fitness} = -(\text{Number of partial shapes} + \text{Number of unmatched features of input shape})$$

بعبارتی ارزش برابر است با منفی مجموع تعداد شکلهای جزئی و تعداد ویژگی های تطبیق داده نشده شکل ورودی.

۷- مکانیزم انتخاب

برای اعمال انتخاب در GA، از یک روش مرتب سازی خطی هنگام عمل ترکیب استفاده شده. بطوریکه در آن با ارزش ترین فرد بطور متوسط پنج برابر بیشتر از بدترین فرد جامعه فرزند تولید می کند. بعلاوه از مکانیزم انتخاب بقای برترین^۱ نیز استفاده گردیده است و برترین ثلث (۰/۳۳) از افراد نسل در نسل بعد باقی می ماند. مقادیر بصورت دلخواه اختیار شده اند.

۸- عملگرهای ژنتیکی

عملگرهای ترکیب و جهش برای تولید نسل بعد بکار رفته اند و از تپه نوردی^۲ برای بهبود پاسخهای بدست آمده استفاده شده است.

- عملگر ترکیب بصورت ترکیب ساده یک نقطه ای پیاده سازی گردیده است.
- جهش نقاطی روی کروموزوم را بطور تصادفی انتخاب کرده، ویژگی های شکل ورودی را به ویژگیهای یک شکل مدل تصادفی نگاشت می کند. همه کروموزومها با نرخ ۳۰٪ مورد جهش قرار می گیرند. این نرخ بطور تجربی بدست آمده است.
- تپه نوردی برای بهبود بخشیدن به نگاشتها در مرزهای بین دنباله هایی از ویژگی های نگاشت شده به مدل های متفاوت بکار می رود. در هر گام تپه نوردی سعی بر این است که ارزش یک کروموزوم با انتقال نقطه تقاطع^۳ (بین دنباله های ویژگی های نگاشت شده به مدل های متفاوت) در هر یک از جهات افزایش یابد و مؤلفه مربوطه نا مناسب ترین ویژگی از مدلی که یک ویژگی همسایه به آن نگاشت شده است، جایگزین گردد. برای مثال اگر $\mu(I_k) = M_{j,i}$ و $\mu(I_{k+1}) = M_{j,i'}$ باشد، تپه نوردی $\mu(I_k)$ را به $M_{j,i'-1}$ یا $\mu(I_{k+1})$ را به $M_{j,i+1}$ تغییر می دهد، در صورتیکه این تغییر مقدار ارزش را بالاتر برد.

۹- آزمایشات

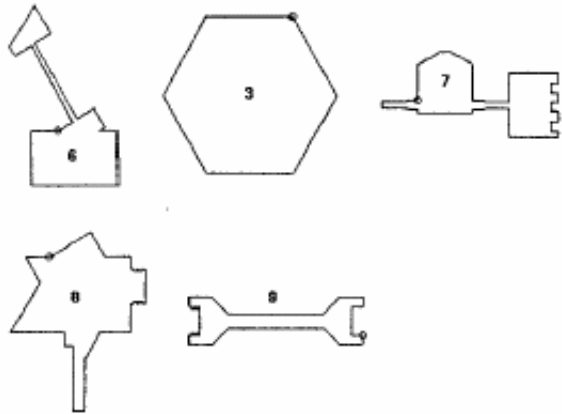
در آزمایشات انجام شده سه دسته از مدلها (شکل ۱۵، ۱۶، و ۱۷) و تعدادی تصویر ورودی (شکل ۱۸) بکار رفته اند. نتایج آزمایشات نشان می دهد که بکارگیری هر یک از سه عملگر ترکیب، جهش، و تپه نوردی به تنهایی یا دو تایی جواب مناسبی نمی دهد. حال آنکه استفاده از هر سه عملگر به طور توأم نتایج مطلوبی ارایه می کند.

با توجه به شکلهایی که در تصاویر ورودی بکاررفته اند، الگوریتم در همه موارد بجز یک شکل، در ۱۰۰ آزمایش انجام شده بطور کامل تطبیق انجام داده است. تنها برای یک شکل از مجموعه تصاویر ورودی، نرخ ۹۹ درصد تشخیص را داریم. لازم است این روش، برای مجموعه بزرگتری از شکلهای، بخصوص شکلهایی که دارای حفره هستند، تست شود.

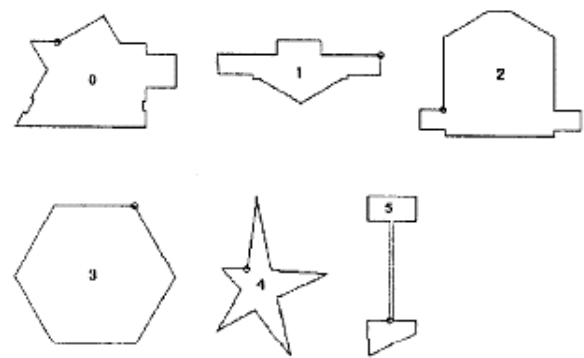
^۱ Elitist Survival Selection Mechanism

^۲ Hill Climbing

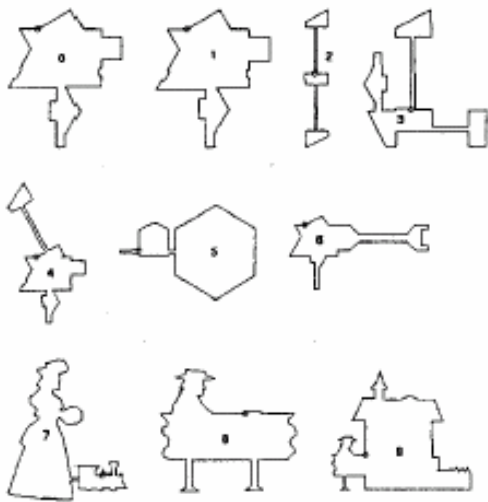
^۳ Intersection point



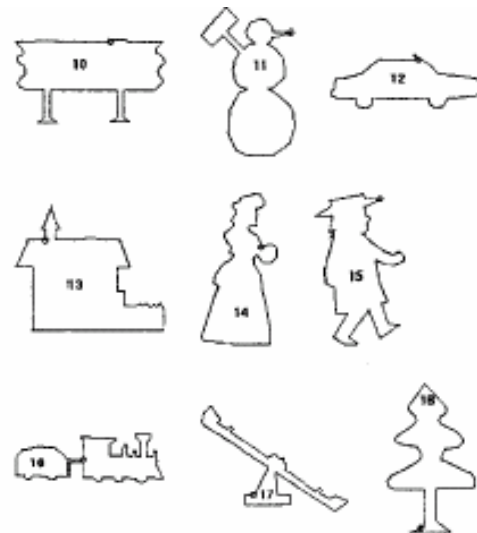
شکل ۱۶- شکلهای مدل نرمالیزه شده که برای دسته دوم آزمایشات بکار رفته اند



شکل ۱۵- شکلهای مدل نرمالیزه شده که برای دسته اول آزمایشات بکار رفته اند



شکل ۱۸- شکلهای ورودی نرمالیزه شده که برای آزمایشات بکار رفته اند



شکل ۱۷- شکلهای مدل نرمالیزه شده که برای دسته سوم آزمایشات بکار رفته اند

ت: تشخیص شکل اشیاء با اجزاء متحرک [۴،۵]

۱- مقدمه

تشخیص یا شناسایی اشیاء را در بینایی ماشین می توان بصورت یافتن همبستگی^۱ بین یک شیء نامعلوم و لیستی از شکلهای مرجع یا مدلها تعریف کرد. بعبارتی :

$$I(O_{scene}) = n : DIST_S(O_{scene}, O_{ref}^n) = \min \{ DIST_S(O_{scene}, O_{ref}^m) \mid 1 \leq m \leq R_{num} \}$$

که در آن :

O_{scene} : شیء نامعلوم در صحنه تصویر،

$I(O_{scene})$: هویت شیء نامعلوم،

n : عددی که اشاره گر به n امین شیء مرجع در پایگاه مراجع است،

R_{num} : تعداد کل اشیاء مرجع،

$DIST_S(A,B)$: فاصله یا امتیاز تطبیق بین A و B در فضای مکانی می باشد.

رابطه فوق مفهوم "تطبیق الگوها"^۲ را نشان می دهد. این مفهوم یکی از مفاهیم ساده است، ولی پیاده سازی آن مشکلات زیادی دارد. برای مثال تغییر شکل شیء در تصویر بعلت چرخش، مکان و فاصله اش از دوربین، می تواند باعث شود که O_{scene} از شکل مدل متناظرش O_{ref}^n کاملاً متفاوت شود.

در ادامه ابتدا روشهایی برای مقابله با مشکل فوق را مطرح خواهیم کرد. سپس استفاده از الگوریتمهای ژنتیکی را برای رفع این مشکل بررسی می کنیم. در انتهای نتایج بررسی ها را ارایه کرده، نتیجه گیری خواهیم نمود.

۲- روشهای سنتی برای تشخیص اشیاء

با توجه به آنچه که گفته شد، روشهایی برای تشخیص شیء در تصویر با توجه به چرخش، تغییر اندازه و تغییر شکل مطرح شدند که در ادامه تعدادی از آنها را خواهیم آورد.

۲-۱ استفاده از توصیفگرهای هندسی که با اعوجاج تغییر نمی کنند

اگر بتوان امتیاز تطبیق را با توجه به پارامترها یا ارایه هایی از شکل شیء محاسبه کرد در اثر تبدیلات هندسی تغییر نکنند، مشکل مطرح شده را بر طرف کرده ایم. بعبارتی :

$$I(O_{scene}) = n : DIST_R(R_{scene}, R_{ref}^n) = \min \{ DIST_R(R_{scene}, R_{ref}^m) \mid 1 \leq m \leq R_{num} \}$$

که در آن :

¹ Correlation

² Template Matching

پارامترهای R_{scene} و O_{ref}^n به ترتیب ارایه های نامتغیر هندسی شیء در تصویر و شیء مدل می باشند و $DIST_R(A,B)$ فاصله بین دو شیء A و B در فضای تبدیل شده است.

توصیفگرهایی مانند توصیفگرهای گشتاوری^۱ و توصیفگرهای فوریه^۲ برای تقریب زدن شباهت شکل اشیاء مناسب تشخیص داده شده اند. با این همه نمی توان گفت که کدام قسمت شکل دو شیء مشابه بوده است و به همین دلیل تشخیص همراه با ابهام است. بعلاوه در صورت خراب بودن مرز شکل، استفاده از این روشها مناسب نمی باشد.

۲-۲ روشهای مبتنی بر تناظر غالب^۲

اخیراً روشهای مبتنی بر تناظر نقاط غالب بسیار مورد توجه قرار گرفته اند. در این روشها، شکل یک شیء بوسیله لیست مرتبی از نقاط با انحنای بالا (نقاط غالب) روی مرزش توصیف می شود. از دید تئوری، اگر شکل دو شیء مشابه باشد، تناظر یک به یکی بین مجموعه نقاط غالب آن دو وجود دارد و به همین وسیله میتوان تبدیلات هندسی که باعث تغییر شکل تصویر شده اند را شناخت و اثر آن را حذف کرد.

فرض کنید $P_{scene} = \{d_{s_1}, d_{s_2}, \dots, d_{s_k}\}$ مجموعه نقاط غالب مرز شکل شیء در تصویر (O_{scene}) و $P_{scene} = \{d_{r_1}, d_{r_2}, \dots, d_{r_k}\}$ مجموعه نقاط غالب مرز شکل مدل (O_{ref}) باشند که از نقاط دید مختلفی مشاهده شده اند.

بعلاوه فرض می کنیم شیء جامد، سخت و تقریباً صفحه ای است و دوربین با فاصله کافی از آن قرار دارد. هر جفت نقطه در تصویر را می توان با اعمال تبدیل هندسی آفین^۳ به نقاط متناظر شان بطور تقریبی بدست آورد:

$$\begin{bmatrix} d_{s_i}(x) \\ d_{s_i}(y) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} a & b \\ c & d \end{bmatrix} \begin{bmatrix} d_{r_i}(x) \\ d_{r_i}(y) \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e \\ f \end{bmatrix}$$

همانطور که در رابطه فوق مشاهده می شود، ۶ متغیر مجهول وجود دارد و در نتیجه با داشتن سه جفت نقطه متناظر می توانیم تبدیل هندسی را بیابیم. سپس می توان از تبدیل بدست آمده برای نرمالیزه^۴ کردن مرز مرجع استفاده کرد تا اثر تصویر برداری از نقاط دید مختلف حذف گردد.

بعلاوه می توان گفت شیء در تصویر نسبت به شیء مرجع دچار تغییر اندازه، دوران و انتقال شده است. پس داریم:

$$\begin{bmatrix} d_{s_i}(x) \\ d_{s_i}(y) \end{bmatrix} = S \cdot \begin{bmatrix} \cos\theta & \sin\theta \\ -\sin\theta & \cos\theta \end{bmatrix} \begin{bmatrix} d_{r_i}(x) \\ d_{r_i}(y) \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e \\ f \end{bmatrix}$$

¹ Moment Descriptors

⁴ Fourier Descriptors

² Dominant Point Correspondence

³ Affine Geometrical Transform

⁴ Normalization

که در آن S ضریب مقیاس و θ زاویه دوران است. تبدیل اقلیدسی صفحه‌های فوق ساده تر از تبدیل آفین قبل است.

روشهای تشخیص بر اساس نقاط غالب سریع و ساده هستند، اما صحت و دقت آنها به صحت ودقت تشخیص نقاط غالب از نقاط دید مختلف و در شرایط تصویر برداری متفاوت بستگی دارد. این محدودیت ها با استفاده از روش الگوریتم های ژنتیکی بر طرف شده است که توضیح داده خواهد شد.

روشهایی که تا به حال مطرح شده اند، برای تشخیص اشیاء صلب از نقاط دید مختلف بوده اند. اما روش مناسبی برای تشخیص اشیاء با اجزاء متحرک مطرح نشده است. در چنین شرایطی با داشتن دو شکل متفاوت در دو تصویر، نمی توانیم بگوئیم که دو شیء مختلف در تصاویر وجود داشته، یا یک شیء بوده که قسمتی از آن حرکت کرده است. شرایط تشخیص، زمانیکه نقاط دید مختلف تصویر برداری نیز مطرح باشند، مشکل تر خواهد بود.

یک راه حل برای مسأله فوق این است که روشهای موجود را برای تشخیص اجزاء شکل مرجع در تصویر بکار گیریم. سپس با توجه به محدودیت هایی که برای حرکت هر جزء شیء قائل هستیم، بگوئیم آیا این اجزاء مربوط به یک شیء هستند یا نه. این روش اگر چه ساده به نظر می رسد، ولی پیاده سازی آن بسیار مشکل است. اولاً با تشخیص اجزاء وقتی تصاویر آنها ناقص است یا توسط شیء دیگری پوشیده شده است، سرو کار داریم. ثانیاً باید از نقاط دید مختلف آنها را تشخیص دهیم. این نقاط دید برای اجزاء مختلف باید هماهنگی مختلف لازم را داشته باشند. ثالثاً ممکن لازم باشد رویه هایی که برای تشخیص وجود دارند، برای شکلهای مختلف تغییر داده شوند. برای مثال اگر یک جزء شیء شکل ساده ای داشته باشد، ممکن است با اشیاء زیادی در تصویر اشتباه گرفته شود. در چنین شرایطی باید همه شکلهای مشابه را برای ارضای محدودیتهای جزء شیء تست کرد.

در اینجا می خواهیم از روش الگوریتم های ژنتیکی برای تشخیص اشیاء با اجزاء متحرک استفاده نماییم. در قسمت بعد ابتدا استفاده از الگوریتم های ژنتیکی را برای تشخیص اشیاء صلب مطرح می کنیم و سپس استفاده از این روش را برای تشخیص اشیاء با اجزاء متحرک ارائه خواهیم نمود. در قسمت بعد، نتایج آزمایشات با این روش را آورده، در انتها نتیجه گیری خواهیم کرد.

۳- استفاده از الگوریتم های ژنتیکی برای تشخیص اشیاء

این بحث را در دو سر فصل برای اشیاء صلب و اشیاء با اجزاء متحرک مطرح می کنیم.

۳-۱ تشخیص شکل اشیاء صلب با GA

می توان از GA برای تقریب زدن شکل شیء در تصویر و حذف تبدیلات هندسی ناشی از نقاط دید مختلف استفاده نمود. برای این کار سه نقطه " هسته"^۱ که در امتداد یک خط نیستند^۲ روی مرز مرجع انتخاب

^۱ Seed Points

^۲ Non_Collinear

می شوند تا کروموزوم یک فرد را در جمعیت تشکیل دهند. جمعیت P از C عدد کروموزوم تشکیل می شود که هر یک حاوی سه نقطه کاندید می باشند. این نقاط با اضافه کردن یک عدد تصادفی به یک نقطه دلخواه شروع روی مرز شیء در تصویر O_{scene} بدست می آیند. عدد اضافه شده سبب تغییر اشاره گری می شود که به نقاط مرتبی روی مرز اشاره دارد. عبارتی نقاط مشخص هستند و اینکه کدام انتخاب شود مورد نظر است (نه انتخاب مکان روی مرز).

برای هر فرد جمعیت، سه نقطه هسته روی O_{ref} و سه نقطه متناظر آنها روی O_{scene} برای محاسبه تبدیل آفین بکار می روند. سپس تبدیل آفین بدست آمده برای نرمالیزه کردن O_{ref} بکار می رود تا مرز مرجع روی مرز تصویر قرار داده شود. مقدار ارزشی که به هر کروموزوم داده می شود عبارتست از همپوشانی مناطقی که توسط مرزهای روی هم قرار شده تشکیل شده اند.

برای ایجاد نسلهای بعد افراد دو به دو در جمعیت انتخاب می شوند تا والدین فرزندان نسل بعد باشند. احتمال انتخاب هر فرد متناسب با میزان ارزش کروموزوم آن است. انتخاب و ایجاد فرزندان تکرار میشود تا تعداد افراد نسل جدید برابر تعداد افراد نسل قبل شود. نسلها به همین ترتیب ایجاد می شوند تا در نهایت کروموزومی پیدا شود که ارزش آن به اندازه کافی بالا باشد و یا آنکه تعداد نسلها از تعداد خاصی بیشتر شود.

۲-۳ تشخیص اشیاء با اجزاء متحرک توسط GA

روش فوق را برای تشخیص اشیائی که اجزاء متحرک دارند تغییر می دهیم. ابتدا مرز شیء را با استفاده از روش تقریب چند ضلعی هدایت شده با انحنا^۱ به مجموعه کوچکتری از نقاط کاهش می دهیم. تعداد نقاط باید حتی الامکان کوچک باشد تا زمان محاسباتی کم شود ولی در عین حال باید بتواند شکل اجزاء شیء را با چند ضلعی هایی تقریب بزند. سپس مجموعه نقاط را به چند پارتیشن تقسیم می کنیم. بطوریکه هر پارتیشن یک جزء متحرک از شیء را نشان دهد:

$$P_{ref} = [P_{r_1}, P_{r_2}, \dots, P_{r_N}] = \bigcup_{i=1}^M P_i$$

بعلاوه فرض می کنیم P_1 نشان دهنده بدنه اصلی شیء است. رابطه فوق تنها ترکیب مکانی بین قسمتهای مختلف شیء را مطرح می کند، ولی می دانیم که مکان هر جزء می تواند نسبت به بدنه اصلی تغییر کند. اگر هر جزء P_i بتواند در یک مسیر G_i نسبت به بدنه اصلی حرکت کند، داریم:

$$P_{ref} = P_1 \bigcup_{i=2}^M [G_i] P_i$$

با استفاده از P_{ref} می توان O'_{ref} را بدست آورد که چند ضلعی است که شکل شیء مرجع O_{ref} را تقریب می زند. با داشتن شیء O_{scene} در تصویر که از مجموعه $P_{scene} = [P_{s1}, P_{s2}, \dots, P_{sQ}]$ از نقاط تشکیل شده است، می توان گفت که اگر O_{ref} و O_{scene} از یک شیء ولی از نقاط دید مختلف تشکیل شده باشند، آنگاه یک تبدیل هندسی $[A]$ و مجموعه ای از مسیرهای $[G_2, G_3, \dots, G_M]$ وجود دارند، بطوریکه:

¹ Curvature guided polygonal approximation

$$O_{scene} = [A]O_{ref} \approx [A]O'_{ref} = [A]P_1 \bigcup_{i=2}^M [A][G_i]P_i$$

می توان هر مسیر را نیز به مسیرهای کوچکتری که از دوران یا انتقال تشکیل شده باشند شکست :

$$G_i = \prod_{j=1}^L [g_j]$$

برای سادگی، در اینجا فرض می کنیم که اشیاء تنها از دو قسمت تشکیل شده اند و جزء متحرک نسبت به بدنه اصلی یا تنها دوران می یابد و یا تنها دچار انتقال می شود. اگر G_i یک دوران باشد، هر نقطه در P_i حول مرکزش به اندازه زاویه Φ دوران خواهد کرد. اگر G_i یک انتقال باشد، هر نقطه در P_i به اندازه فاصله d در یک جهت معین جابجا خواهد شد. اگر چه محدودیت های زیادی را اعمال نموده ایم ولی هنوز تعداد زیادی از اشیاء در جهان در این محدودیت ها می گنجند.

در روشی که بر اساس الگوریتم های ژنتیکی ارایه خواهیم کرد، هدف جستجو برای تبدیل هندسی و مسیرهایی است که بتواند شیء مرجع را نرمالیزه کند و در صورتیکه شکل یک شیء نامعلوم با شکل مرجع یکی است، بتواند شیء مرجع را با شکل آن شیء نامعلوم مطابقت دهد. فضای جستجو از مجموعه V با پنج متغیر $\{s, \theta, e, f, \Phi$ یا $d\}$ تشکیل شده است. اگر هر یک از ابعاد پنج گانه به D سطح کوانتیزه شده باشند، بزرگی فضای جستجو D^5 حالت خواهد بود. برای کاهش بزرگی این فضای جستجو، زیر فضای $V' = \{t_1, t_2$ یا $d\}$ از فضای فوق را در نظر می گیریم. دو متغیر t_1 و t_2 نقاطی از P_{scene} هستند که به دو نقطه هسته دلخواه در P_{ref} نگاشت می شوند. می توان از رابطه (۴) نتیجه گرفت که هر ترکیب از t_1 و t_2 حالتی از فضای V را تعریف میکند، اما بزرگی فضای V' به D^3 کاهش پیدا خواهد کرد.

مقدار ارزش F که به هر حالت داده می شود، عبارتست از میزان تطابق بین شکل شیء در تصویر و شکل مرجع نرمالیزه شده :

$$F = DIST_S(O_{scene}, \tilde{O}_{ref})$$

که در آن:

$$\tilde{O}_{ref} = [A]P_1 \cup [A][G]P_2$$

$$O'_{ref} = P_1 \cup [G]P_2$$

پارامتر $[A]$ تبدیل هندسی در صفحه است که نقاط t_1 و t_2 را به یک جفت از نقاط هسته O_{ref} نگاشت می کند. پارامتر G مدلی از مسیری است که توسط Φ (برای اجزاء دورانی) یا d (برای اجزاء انتقالی) تعریف می شود.

ساختار کروموزوم برای ارایه هر حالت در فضای جستجو به صورت زیر است :

قطعه ۱	قطعه ۲	قطعه ۳
T_1	t_2	Φ یا d

هر کروموزوم از سه قطعه تشکیل شده است که هر یک ارایه ای نه بیتی از متغیر V' هستند. برای عملگر ترکیب^۱، زوجی والدین با توجه به مقدار ارزششان از جمعیت انتخاب می شوند. برای هر زوج از والدین،

^۱ Crossover

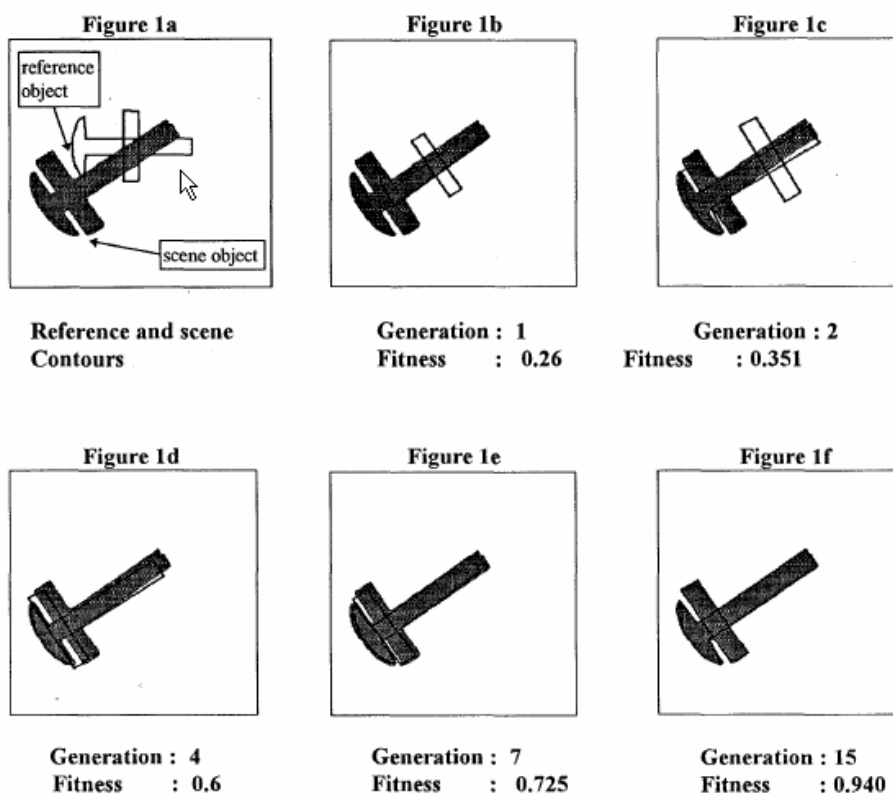
رشته‌های بی‌متناظر که به قطعات یکسان از کروموزوم تعلق داشته باشند، در نقاط تصادفی ترکیب می‌شوند تا فرزندان را ایجاد کنند. اگر جوابی برای رابطه (۷) وجود داشته باشد، مقدار ارزش کروموزومها با افزایش نسلها به تدریج افزایش خواهد یافت و به مقداری نزدیک به یک همگرا خواهد شد.

۴- نتایج آزمایشات

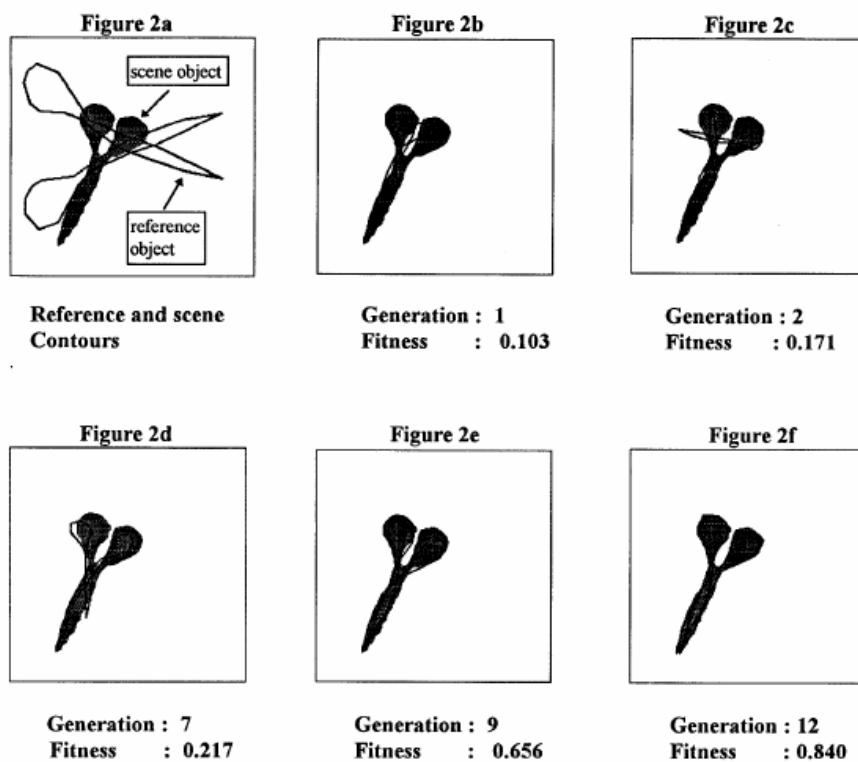
در آزمایشات انجام شده، دو فرض بر رابطه (۷) اعمال نموده ایم. اول آنکه فرض کرده ایم اشیاء شکلهای تقریباً صفحه‌ای دارند و نزدیک محور اپتیمال دوربین تصویر برداری هستند. این محدودیت باعث می‌شود که بتوان تبدیل هندسی [A] را در رابطه (۷) با تبدیل اقلیدسی صفحه‌ای نشان داد. دوم آنکه فرض نموده ایم که اشیاء حداکثر از دو جزء تشکیل شده‌اند، یکی بدنه اصلی شیء و دیگری یک جزء متحرک. بعلاوه مدل مسیر G را به یک دوران یا انتقال محدود کردیم. محدودیت‌های فوق کاربرد روش ارایه شده را به تشخیص دسته‌ای مشخص از اشیاء در محیط کنترل شده محدود می‌کند.

جمعیتی صد نفره از کروموزومها برای پیاده‌سازی جستجوی ژنتیکی مورد استفاده قرار گرفته است. بطور متوسط جواب نهایی پس از ۱۵ نسل بدست می‌آید. اولین نمونه آزمایشی در شکل ۱۹a نشان داده شده است. در این شکل، شکل شیء مرجع و شکل شیء در تصویر دیده می‌شود. جزء متحرک می‌تواند بطور خطی از بدنه اصلی دور یا نزدیک شود. نقطه دید و مکان جزء متحرک برای مرجع و تصویر متفاوت است. روش ژنتیکی ارایه شده به این تصویر اعمال شد تا تبدیل هندسی بین آنها پیدا شود. تصویر نرمالیزه شده متناظر با بهترین کروموزوم در چند نسل در تصاویر ۱۹b تا ۱۹f آورده شده است. همانطور که مشاهده می‌شود جواب پس از ۱۵ نسل بدست آمده است.

نمونه دوم تطبیق دو تصویر از یک فیچری را نشان می‌دهد که زاویه بازشدنشان متفاوت است (شکل ۲۰a). نتایج بهترین کروموزوم‌های چند نسل در شکلهای ۲۰b تا ۲۰f آمده است. تبدیل نرمالیزه و مدل مسیر صحیح بعد از ۱۲ تکرار بدست آمده‌اند.



شکل ۱۹- تطبیق تصویر یک آچار با شکل مرجع



شکل ۲۰- تطبیق تصویر یک قیچی با شکل مرجع

فصل دوم

مدلسازی شکل

بکمک الگوریتم های ژنتیکی و ابزار هندسی

بازسازی شکل سه بعدی اشیاء با استفاده از سایه دو بعدی آنها در تصویر مشکلی است که از جمله مسایل بینایی ماشین می باشد. استفاده از الگوریتم های ژنتیکی می تواند مشکل بهینه سازی شکل سه بعدی را آسان سازد.

این فصل را به مدلسازی شکل بکمک الگوریتم ژنتیکی و ابزار هندسی اختصاص داده ایم که مطالعات انجام شده توسط آقای سایتو¹ و همکارانش انجام شده اند. این فصل به مباحث زیر تقسیم شده است:

الف: مدل کردن یک شیء با استفاده از چند ضلعی ها

ب: مدلسازی چند شیء با استفاده از سوپر کوادریک ها

پ: مدلسازی شیء با استفاده از چند تصویر

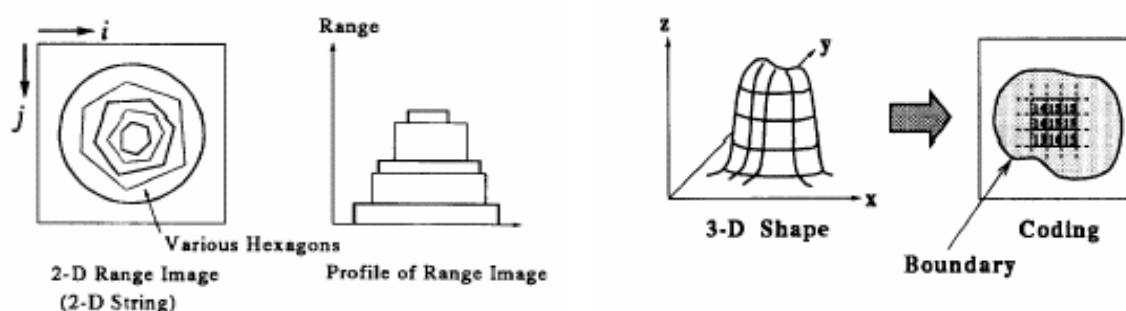
¹ Saito, Hideo

الف: مدل کردن یک شیء با استفاده از چند ضلعی ها [۶]

تصویر سایه یک شیء سه بعدی، اطلاعاتی درباره سطح شیء و جهت قرار گرفتن سطوح شیء می دهد، ولی نمی توان آن را بطور قطعی تعیین نمود. بنابراین لازم است محدودیت هایی برای شکل شیء قایل شویم تا قادر به بازسازی شکل سه بعدی از تصویر سایه باشیم.

۱. در حال حاضر محدودیت های زیر را برای شکل سه بعدی شیء در نظر می گیریم:
۲. مرز شیء در تصویر سایه مشخص است.
۳. شیء دارای قسمت های تو خالی نمی باشد.
۴. سطح شیء هموار است.

برای اعمال GA لازم است که بتوانیم جوابهای ممکن را بصورت رشته های کروموزوم کد نماییم. در این روش شکل سه بعدی شیء بوسیله یک تصویر دو بعدی از $L \times L$ پیکسل با M سطح خاکستری نشان داده می شود که رشته ای کد شده است. پیکلهایی که خارج مرز شیء هستند با توجه به محدودیت اول برابر صفر قرار داده می شوند (شکل ۲۱).



شکل ۲۲- روشی برای ایجاد رشته های اولیه.

این رشته ها با روی هم گذاشتن چند ضلعی های تصادفی ایجاد میشوند.

شکل ۲۱- روشی برای کدسازی یک شکل سه بعدی.

رشته ای که ارائه دهنده یک شکل سه بعدی یک تصویر $L \times L$ پیکسلی با M سطح است

با توجه به روش کدینگ، شکل سه بعدی بهینه توسط GA بصورت زیر یافت می شود.

(۱) ایجاد جمعیت اولیه ای از N رشته. وقتی که بخواهیم شکل سه بعدی را بوسیله رشته ای توصیف کنیم، تعداد کل جوابهای ممکن برای شکل M^N می باشد که N تعداد پیکسلهای داخل مرز شیء است. با توجه به بزرگ بودن این عدد، یافتن شکل سه بعدی مشکل خواهد بود. بنابراین مجموعه شکلهای سه بعدی که جستجو می شوند، با توجه به محدودیت دوم کوچک شده. رشته های کروموزوم در جمعیت اولیه با قرار دادن چند ضلعی هایی با شکل تصادفی روی هم ایجاد می شوند (شکل ۲۲). شکل ۲۳ مثالهایی از اشکال سه بعدی را توسط رشته ای در جمعیت اولیه ارائه می شوند نشان می دهد.

(۲) محاسبه مقدار ارزش برای هر رشته. هر رشته ارائه کننده یک شکل سه بعدی است که می تواند تصویر سایه دو بعدی را تعیین کند. مقدار ارزش رشته بصورت شباهت بین تصویر سایه تعیین شده با رشته و

تصویر سایه اندازه گرفته شده (شکل ۲۴) تعریف می شود. مقدار ارزش $f(n)$ بصورت رابطه زیر مطرح می گردد:

$$f(n) = c - \sum_i \sum_j |S_s(i, j) - S_m(i, j)|$$

که در آن:

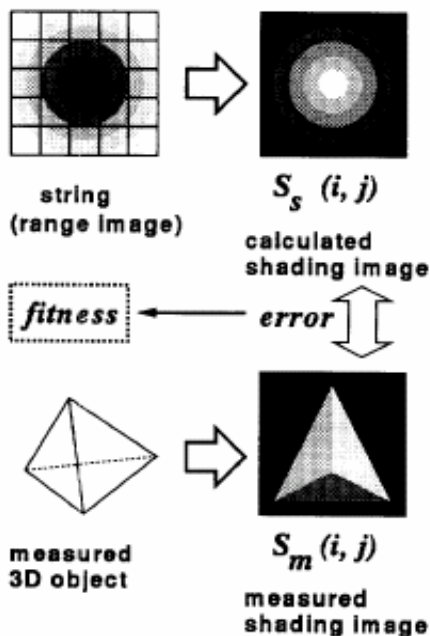
C : یک ثابت برای مثبت کردن مقدار ارزش،

$S(i, j)$: تصویر سایه ای که توسط رشته کروموزوم در جمعیت جوابها تعیین می گردد.

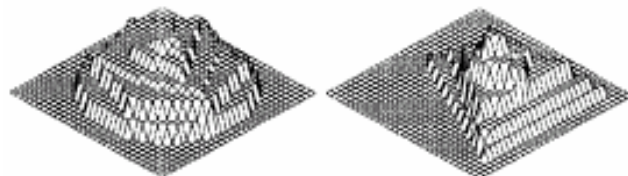
$S_s(i, j)$: تصویر هموار شده $S(i, j)$ و

$S_m(i, j)$: تصویر سایه اندازه گرفته شده می باشند. برای هموار سازی تصویر از یک همسایگی 3×3 در اطراف هر پیکسل استفاده می شود.

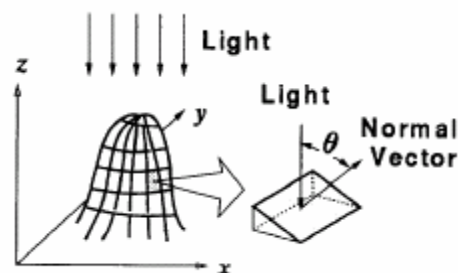
تصویر سایه $S(i, j)$ که توسط یک رشته تعیین می شود باتوجه به رابطه $S(x, y) = r_0 \cos \theta$ محاسبه می گردد که در آن r_0 ثابت انعکاس سطح و θ زاویه بین بردار نرمال سطح و جهت منبع نور است (شکل ۲۵). دلیل از تصویر هموار، محدودیت سوم از مجموعه محدودیت هایی است که برای سطح شکل سه بعدی قابل شدیم.



شکل ۲۴- تعریف مقدار ارزش رشته



شکل ۲۳- نمونه هایی از شکل های سه بعدی ارایه شده توسط رشته ای در جمعیت اولیه.

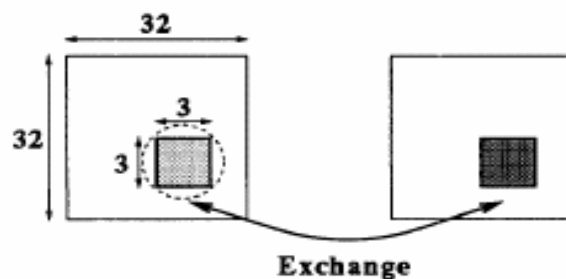
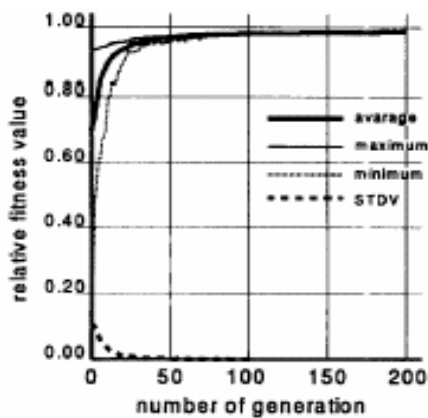


شکل ۲۵- بردار نرمال سطح و جهت تابش منبع نور

(۳) ترکیب. برای ترکیب دو رشته: یک ناحیه 3×3 پیکسلی بین یک جفت از رشته ها تعویض می شود (شکل ۲۶).

(۴) جهش. یک پیکسل در رشته ها بطور تصادفی انتخاب شده، مقدار پیکسل بصورت تصادفی تغییر داده می شود. احتمال انتخاب $0.3/0$ می باشد.

برای آزمایش این روش از تعدادی تصاویر شبیه سازی شده و تعدادی تصاویر واقعی استفاده شده است. در هر دو صورت روش بطور مناسب عمل می کند. شکل ۲۷ رابطه بین شماره نسل و مقدار ارزش رشته را نشان می دهد. در نسل اول، مقدار ارزش متوسط بسیار پایین و انحراف معیار در جمعیت (که بیانگر میزان پراکندگی است) بزرگ می باشد که نشان می دهد جمعیت اولیه یک جمعیت تصادفی است. این رابطه همچنین نشان می دهد که در نسلهای بعدی ارزش متوسط افزایش یافته، پراکندگی کاهش می یابد.



شکل ۲۶- طرح شماتیک ترکیب.

شکل ۲۷- رابطه بین تعداد نسلها و مقدار ارزش رشته ها.

ب: مدل‌سازی چند شیء با استفاده از سوپر کوادریک ها^۱ [۷]

سوپر کوادریک ها نسخه جدیدی از سطوح کوادراتیک می باشند. اشکال پیچیده را می توان با استفاده از چند پارامتر بوسیله سوپر کوادریک ها ارایه کرد. رابطه سوپر کوادریک بصورت زیر است:

$$F = \left(\left| \frac{x-x_0}{ax} \right|^{\frac{2}{\varepsilon_2}} + \left| \frac{y-y_0}{ay} \right|^{\frac{2}{\varepsilon_2}} \right)^{\frac{\varepsilon_1}{\varepsilon_2}} + \left| \frac{z-z_0}{az} \right|^{\frac{2}{\varepsilon_1}} = 1$$

ε_1 و ε_2 پارامترهایی هستند که میزان مربع بودن را نشان می دهند. پارامترهای a_x و a_y و a_z به ترتیب پارامترهای مقیاس در امتدادهای X , Y , و Z می باشند. این پنج پارامتر شکل شیء سوپر کوادریک را مشخص می کنند. بنابراین برای مدل کردن شیء کفایت این پارامترها را تعیین نماییم.

علاوه بر پارامترهای شکل، لازم است مکان و جهت شیء را نیز مشخص کرد. نقطه مرکز ثقل شیء با پارامترهای X_0 , Y_0 , و Z_0 و جهت شیء با زوایای θ , φ , ψ ارایه می شود. با توجه به اینکه میتوان Z_0 را دلخواه تعیین نمود پارامترهایی که باید برای مدل کردن شکل شیء و مکان و جهت آن یافت شوند ε_1 , ε_2 , a_x , a_y , a_z , θ , φ , ψ , X_0 , Y_0 می باشند.

با توجه به اینکه تعداد پارامترها در این مساله بهینه سازی زیاد است، استفاده از روشهای بهینه سازی سنتی مشکل می باشد. بنابراین استفاده از GA برای اینکار مناسب بنظر می رسد. علاوه بر این با توجه به اینکه GA روش جستجوی چند نقطه ای^۲ است و جوابهای ممکن متعددی در جمعیت وجود دارند. می توان از GA برای مدل کردن همزمان شکل چند شیء در تصویر سایه استفاده نمود. برای این کار از روش به اشتراک گذاری^۳ برای بدست آوردن چند جواب استفاده می کنیم.

۱- کد کردن جوابها

برای استفاده از GA لازم است ابتدا جمعیتی تصادفی از جوابها ایجاد نماییم. هر جواب توسط یک رشته کروموزوم کد می شود و هر رشته کروموزوم یک رشته باینری است که قطعات آن پارامترهای سوپر کوادریک را کد می نمایند. طول رشته کروموزوم در آزمایشات انجام شده ۳۲ بیت در نظر گرفته شده است. (شکل ۲۸)

ε_2	ε_1	ψ	ϕ	θ	a_z	a_y	a_x	x_0	y_0
2	2	2	2	2	4	3	3	6	6
[bit]									

شکل ۲۸- ارایه رشته ای پارامترهای سوپر کوادریک

¹ Superquadrics

² Multi_Point Searching Technique

³ Sharing

۲- ارزشیابی رشته های کروموزوم

برای ارزشیابی هر رشته کروموزوم، با استفاده از پارامترهای سوپر کوادریک موجود در آن تصویر سایه شکل مدل ایجاد می گردد. سپس میزان شباهت این تصویر با تصویر سایه ورودی محاسبه شده، بعنوان ارزش رشته کروموزوم در نظر گرفته می شود. برای محاسبه شباهت، تصاویر لبه و تصاویر خاکستری هر دو تقریب زده می شوند (شکل ۲۹)، زیرا اطلاعات لبه برای تعیین محل شیء و اطلاعات سایه برای تعیین شکل شیء مهم هستند. به همین منظور همبستگی متقابل بین تصویر ورودی و تصاویر ایجاد شده با توجه به مدل، به عنوان شباهت محاسبه خواهند شد.

۳- عملگرهای ژنتیکی

عملگرهای معمول ترکیب و جهش به جمعیت هر نسل اعمال می شوند تا نسل بعد را ایجاد نمایند. به این ترتیب از نسلی به نسل بعد جمعیت متکامل شده مقادیر ارزش بالاتر خواهند بود. بعلاوه تعدادی از رشته های برتر^۱ هر نسل در جمعیت نسل بعد حفظ می گردند.

۴- اشتراک^۲

از آنجاییکه در الگوریتم های ژنتیکی، تعدادی از جوابها در یک جمعیت مطرح هستند، می توان چند جواب را بطور همزمان متکامل نمود. این ویژگی GA آن را برای یافتن پارامترهای مدل چند شیء در تصویر مناسب می سازد. برای آنکه چند جواب را بتوان بطور همزمان متکامل کرد، تابع ارزشیابی را بنحوی تغییر می دهیم که مقدار ارزش بین رشته های مشابه به اشتراک گذاشته شود و به همین دلیل این تغییر را " اشتراک" می نامیم. تابع ارزشیابی جدید بصورت:

$$E_s(i) = \frac{E(i)}{\sum_j S\{d(i,j)\}}$$

خواهد بود که در آن:

$E_s(i)$ میزان ارزش رشته i ام با توجه به اشتراک،

$E(i)$ میزان ارزش رشته i ام بدون توجه به اشتراک،

¹ Elite

² Sharing

فاصله بین رشته i ام و j ام، و

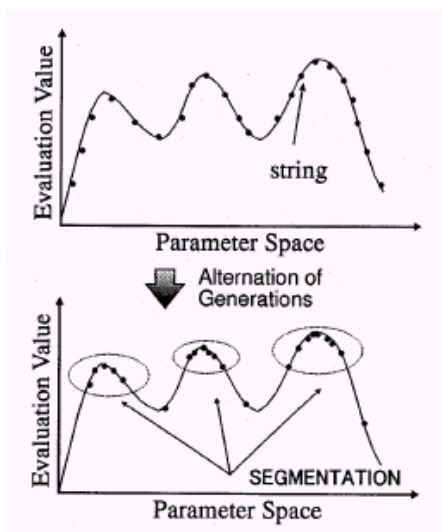
$S\{d\}$: تابع اشتراک است.

فاصله بین دو رشته بصورت فاصله بین مراکز ثقل اشیاء متناظر با رشته ها تعریف می گردد. تابع اشتراک باید برای مقادیر فاصله d بزرگ، مقدار کوچکی داشته باشد. بنابراین می توان بصورت:

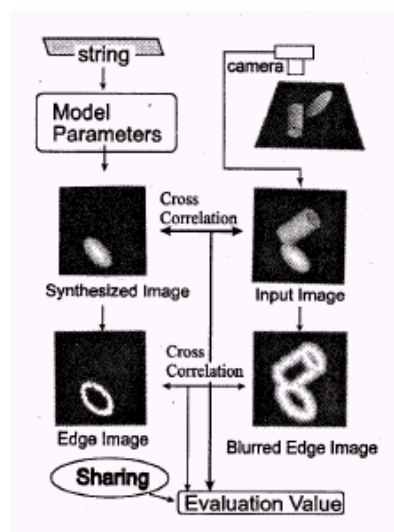
$$S\{d\} = \max\left(1 - \frac{d}{\delta}, 0\right)$$

در نظر گرفته شود که δ ثابت تعیین کننده میزان اثر اشتراک است. در آزمایشات انجام شده، δ برابر ۴ اختیار شده است.

با توجه به اشتراک، میزان ارزش یک رشته در صورت وجود رشته های مشابه در جمعیت کم خواهد شد. این اثر مانع همگرایی جمعیت به یک جواب می گردد و باعث می شود جمعیت به چند جواب همگرا شود (شکل ۳۰). با توجه به توزیع رشته ها در فضای جستجو، در مرحله بعد باید جوابهایی را که به بهترین نحو ارایه گر مدلهای شیء هستند، از سایر جمعیت جدا کنیم.



شکل ۳۰- با بکارگیری اشتراک، جمعیت به چند جواب همگرا خواهد شد.



شکل ۲۹- ارزشیابی رشته ای که ارایه کننده یک مدل سوپر کوادریک است.

۵- جداسازی جوابها

برای جداسازی جوابها از جمعیت باید ابتدا جوابها را گروه بندی یا دسته بندی نماییم، بطوریکه هر گروه متناظر با شکل یک شیء در تصویر باشد. برای اینکار از یک روش خوشه بندی^۱ بر اساس مرکز ثقل^۲ مدلهای استفاده می نماییم. در این روش توزیع فرکانسی رشته ها در فضای مراکز ثقل (x_0, y_0) در نظر گرفته

¹ Bary center

² Clustering

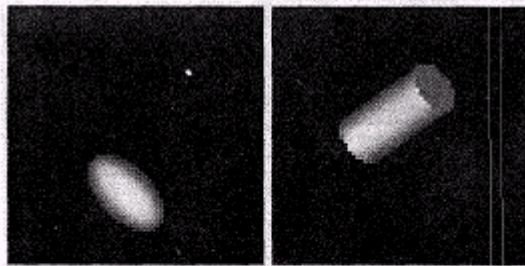
می شود. ابتدا میانگین مراکز ثقل همه رشته ها (x_c, y_c) را با مرکز ثقل با بالاترین فرکانس تکرار (x_f, y_f) مقایسه می کنیم. اگر فاصله d_s بین آنها از مقدار آستانه کمتر باشد، جمعیت به یک گروه دسته بندی خواهد شد. در غیر اینصورت جمعیت با استفاده از خطی عمود بر خط مستقیم بین (x_c, y_c) و (x_f, y_f) به دو دسته تقسیم می گردد. این عمل تقسیم تا رسیدن به d_s کوچکتر از آستانه ادامه می یابد. مقدار آستانه در آزمایشات انجام شده برابر ۴ در نظر گرفته شده است. پس از دسته بندی جمعیت، در هر گروه بهترین رشته انتخاب شده و بهینه سازی محلی^۱ خواهد شد. بهینه سازی محلی نیز توسط GA ولی بدون اشتراک صورت می گیرد.

۶- آزمایشات

برای آزمایش روش مطرح شده از تصاویری مصنوعی استفاده گردیده است. رشته های کروموزوم ۶۴ بیتی و بزرگی جمعیت هر نسل ۴۵۰ در نظر گرفته شده است. در هر جمعیت ۹۰ رشته برتر حفظ می گردند.

شکل ۳۱ تصویر مصنوعی ورودی برای دو شیء فرضی و شکل ۳۲ مدل بدست آمده توسط روش ارایه شده را نشان می دهد که نشان دهنده موفقیت روش می باشد. برای نشان دادن اثر اشتراک، توزیع رشته ها در فضای پارامتر در شکل ۳۳ - الف نشان داده شده است. (شکلهای ۳۳ - ب و ۳۳ - ج) فرکانس رشته ها در مقابل مکان مرکز ثقل (x_0, y_0) را پس از ۳۰ نسل نشان می دهند. پس از اعمال اشتراک، رشته ها در دو ناحیه جمع می شوند که متناظر با مکان مراکز ثقل دو شیء در تصویر است (شکل ۳۳ - ج)، حال آنکه در صورت عدم اعمال اشتراک همه رشته های کروموزوم به سمت یک ناحیه و در اطراف یک جواب همگرا خواهند شد (شکل ۳۳ - ب). بنابراین اشتراک برای یافتن چند جواب مفید است. قابل ذکر است که از آنجاییکه روش GA یک روش تصادفی است، پارامترهای بدست آمده چندان دقیق نمی باشند. بنابراین استفاده از یک جستجوی محلی برای بالابردن دقت پارامترهای سوپر کوادریک لازم است.

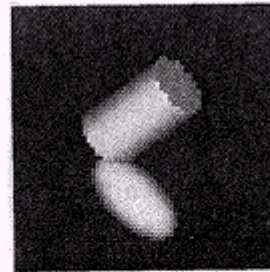
¹ Local Optimization



(a) Obtained model #1 (b) Obtained model#2

	a_x	a_y	a_z	ϵ_1	ϵ_2	θ	ϕ	ψ	x_0	y_0
#1	7.0	12.0	9.5	1.00	1.00	0.00π	0.00π	0.75π	-3.0	-14.0
#2	7.0	8.0	13.5	0.05	1.00	0.25π	0.25π	0.25π	-1.0	6.0

(c) Estimated parameters of the superquadrics models.



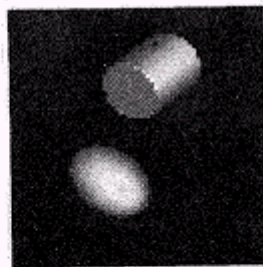
(a) Input shading image.

	a_x	a_y	a_z	ϵ_1	ϵ_2	θ	ϕ	ψ	x_0	y_0
#1	7.0	7.0	13.0	1.00	1.00	0.85π	0.75π	0.25π	-3.0	-14.0
#2	8.0	8.0	13.0	0.05	1.00	0.25π	0.25π	0.25π	-1.0	7.0

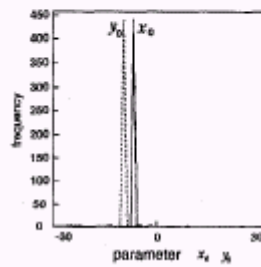
(b) Assumed parameters of superquadrics models.

شکل ۳۲- مدل‌های سوپر کوادریکی که با روش ارزیابی شده بدست آمده‌اند.

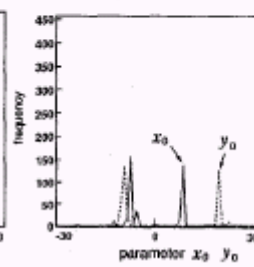
شکل ۳۱- تصویر سایه مدل‌های مفروض.



(a) Input shading image.



(b) Without sharing.



(c) With sharing.

شکل ۳۳- توزیع رشته‌ها در فضای پارامتر برای تقریب پارامترهای مدل شیء

پ: مدل‌سازی شیء با استفاده از چند تصویر [۸]

۱- مقدمه

مدلسازی برای اشیاء یکی از مسایل مهم در بینایی ماشین است، چرا که مدلها در تشخیص اشیاء، تشخیص محیط، بازسازی فضای سه بعدی از تصویر و غیره مورد استفاده قرار می‌گیرند. معمولاً ساختن مدلها توسط یک اپراتور انجام می‌شود، که کار چندان آسانی نیست. بنابراین اگر بتوانیم یک سیستم برای استخراج اتوماتیک مدل با استفاده از چند تصویر بسازیم، می‌توانیم هزینه ساختن مدلها را کاهش دهیم.

یکی از موارد استفاده از مدلها، بازسازی تصاویری است که بدلیلی خراب شده‌اند. معمولاً نقاط متناظر بین تصویر و مدل پیدا می‌شوند و با استفاده از آنها، تصویر بازسازی می‌شود. ولی با توجه به اینکه کاندیدهای زیادی در تصویر وجود دارند که متناظر با نقاط مدل میباشند، گاهی نقاط متناظر اشتباه انتخاب می‌شوند که منجر به بازسازی غلط تصویر خواهد شد.

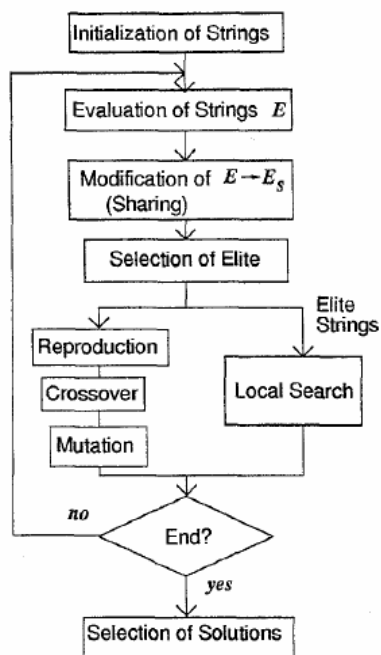
در اینجا می‌خواهیم ابتدا روشی مبتنی بر الگوریتم‌های ژنتیکی را مطرح سازیم که با استفاده از چند تصویر از شیء، مدلی از آن ایجاد می‌کند. با توجه به اینکه GA روشی مناسب برای یافتن بهینه از میان جمعیتی از جوابهاست. می‌توان از آن استفاده کرد و از میان مدل‌های مختلفی که برای توصیف شیء وجود دارد، بهینه را انتخاب نمود. سپس از روشهای فازی نیز به همراه الگوریتمهای ژنتیکی بهره می‌جویم.

۲- مدل‌سازی اشیاء از تصاویر متعدد با استفاده از الگوریتمهای ژنتیکی

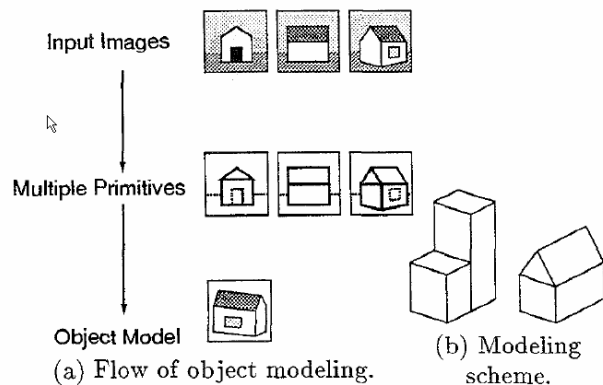
۲-۱ تعریف مساله

فرض می‌شود که شیء یک ساختمان است که می‌تواند بعنوان یک مدل پلی‌هدرال^۱ در نظر گرفته شود. مساله چگونه تقریب شکل، مکان و جهت گیری مدل با استفاده از چند تصویر از شیء می‌باشد. شکل ۳۴ مثالی از روش فرض شده است. چند تصویر از شیء در جهات دید مختلف گرفته می‌شود. بعلاوه فرض می‌کنیم که پارامترهای دوربین معلومند.

^۱ Polyhedral



شکل ۳۵- جریان فرآیند مدلسازی توسط GA

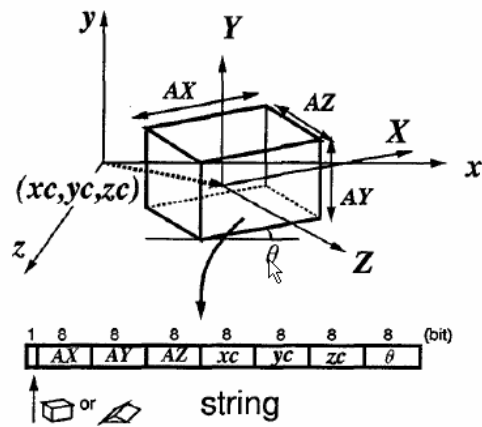


شکل ۳۴- روش مدلسازی اشکال

۲-۲ مدلسازی با GA

الگوریتم ژنتیکی مدلی را با استفاده از چند تصویر بهینه معرفی می کند که تابع ارزشیابی را بتواند ماکزیمم نماید. تابع ارزشیابی عبارت است از شباهت بین تصاویر ورودی و تصاویر نگاشت شده با استفاده از مدل تقریبی از شکل شیء. فرآیند کلی بصورت شکل ۳۵ می باشد.

در این روش، یک شیء مجموعه ای است از عناصر ساده اولیه (شکل b-۳۴). از آنجاییکه در عدد مدل کردن ساختمانها هستیم، عناصر اولیه را می توان به حجم های مستطیلی یا مثلثی محدود کرد که دارای اندازه، مکان و جهت مختلف هستند. همانطور که در شکل ۳۶ می توان دید، پارامترهای هر عنصر اولیه عبارتند از مکان مرکز شیء، اندازه و جهت عنصر که بصورت (x_c, y_c, z_c) ، (A_x, A_y, A_z) و θ نشان داده می شود. جهت عنصر تنها یک درجه آزادی دارد، زیرا با توجه به ساختمان بودن اشیاء مورد نظر، آنها موازی با صفحه زمین ساخته می شوند.



شکل ۳۶- روش کد کردن ساختار اولیه

۲-۲-۱ کد کردن پارامترها

برای ارایه پارامترها در GA از رشته باینری استفاده می کنیم. برای هر پارامتر، هشت بیت استفاده می شود. بعلاوه یک بیت برای تمایز مستطیل و مثلث معرفی می گردد. بنابراین هر رشته، از ۵۷ بیت تشکیل شده است. با این هدف که فاصله همینگ^۱ متناظر با تفاوت مقادیر پارامترها باشد، از روش کد کردن گری^۲ استفاده می شود.

۲-۲-۲ ارزشیابی رشته کروموزوم

همانطور که گفته شد، میزان ارزشی که به هر رشته کروموزوم داده می شود، عبارت است از شباهت بین تصاویر ورودی و تصاویر مدلی که از رشته کروموزوم ایجاد می شود (شکل ۳۷). دو معیار برای محاسبه مقدار ارزش، مورد توجه قرار می گیرد:

۱- میزان همبستگی بین تصاویر گرادیان هموار شده از تصاویر ورودی و تصاویر قاب از عناصری که توسط رشته مشخص می شوند. (معیار E_1)

۲- میزان سازگاری الگوهای بافت روی صفحه مدل با تصاویر ورودی (معیار E_2)

معیار اول را می توان بصورت زیر محاسبه کرد:

$$E_1 = \sum_i \frac{\sum_{x,y} B_i(x,y) S_i(x,y)}{\sqrt{\sum_{x,y} B_i^2(x,y)} \sqrt{\sum_{x,y} S_i^2(x,y)}}$$

در این رابطه $S_i(x,y)$ معرف تصویر مدل در تصویر i ام و $B_i(x,y)$ تصویر گرادیان از تصویر ورودی i ام می باشد. تصویر $B_i(x,y)$ بصورت زیر بدست می آید:

¹ Hamming Distance
² Gray Coding

$$B_i(x,y) = G(x,y) * \sqrt{\left\{ \frac{\partial I_i(x,y)}{\partial x} \right\}^2 + \left\{ \frac{\partial I_i(x,y)}{\partial y} \right\}^2}$$

که در آن $G(x,y)$ توزیع گاوسی و $I_i(x,y)$ تصویر ورودی i ام است.

معیار دوم را می توان بصورت واریانس تصاویر بافت وقتی که روی صفحه مدل نگاشته شوند، تعریف کرد (شکل ۳۸). بعبارتی:

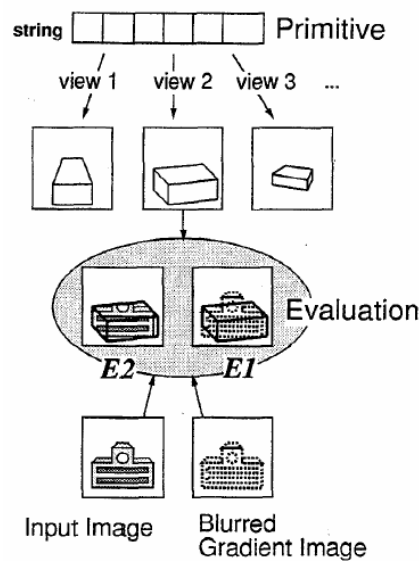
$$E_2 = \sum_{x,y} \sum_i \left\{ T_i(x,y) - \frac{\sum_j T_j(x,y)}{p} \right\}^2$$

که در آن $T_i(x,y)$ نشان دهنده الگوی بافت نگاشت شده از تصویر i ام است و P تعداد تصاویر نگاشت شده روی مدل می باشد. اگر پارامترهای مدل صحیح باشند، بافت های نگاشت شده معادل خواهند بود و E_2 صفر می شود.

مقدار ارزش E بصورت زیر محاسبه می گردد:

$$E = E_1 - \alpha \times E_2$$

که در آن α یک ثابت وزن دهنده است.



شکل ۳۷- ارزشیابی رشته کروموزوم

۲-۲-۳ اشتراک

از آنجاییکه هر شیء از چند عنصر اولیه تشکیل شده است، برای مدل کردن آن، باید همه عناصر را با هم پیدا کنیم. روش GA برای اینکار مناسب است. زیرا GA می تواند چندین رشته را در جمعیت داشته باشد.

برای آنکه بتوانیم چند جواب را بصورت مؤثر پیدا کنیم روش اشتراک¹ را مطرح می نمایم. بکمک این روش، در صورتیکه یک رشته به سایر رشته های جمعیت شبیه باشد، مقدار ارزش آن کاهش می یابد. اینکار باعث می شود که جمعیت به سوی یک جواب همگرا نشود و بتوانیم چند جواب را بدست آوریم. بنابراین مقدار ارزش با توجه به اشتراک از روابط زیر محاسبه می شود:

$$E_s(x_i) = \frac{E(x_i)}{\sum_{j=1}^n s(d(x_i, x_j))}$$

که در آن:

$$s(d) = \max(1 - d/\sigma, 0)$$

رشته های i ام و j ام : x_i, x_j

مقدار ارزش x_i (قبل از اشتراک) : $E(x_i)$

مقدار ارزش x_i (پس از اعمال روش اشتراک) : $E_s(x_i)$

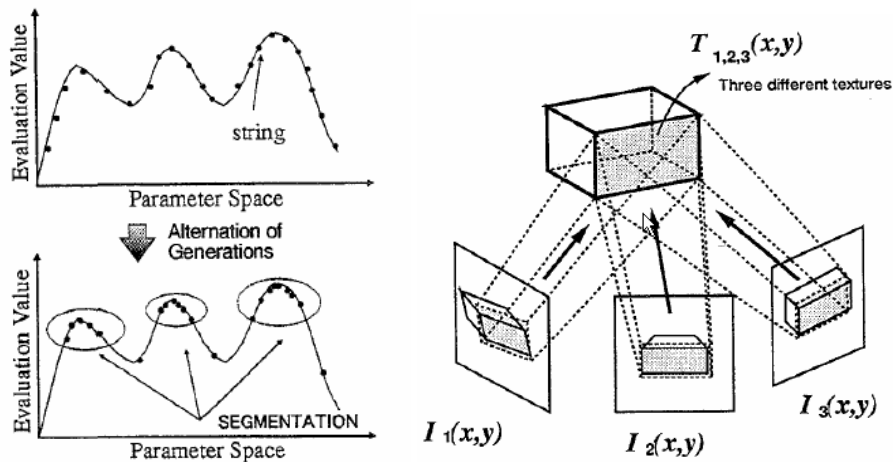
تعداد رشته های کروموزوم در جمعیت : n

فاصله بین x_i, x_j : $d(x_i, x_j)$

$s(d)$: تابع اشتراک d و برابر $\max(1 - d/\sigma, 0)$

σ و ثابت تعیین کننده میزان اثر اشتراک

می باشد. فاصله بین دو رشته (x_j, x_i) ، فاصله همینگ کد باینری دو رشته است.



شکل ۳۹- بوسیله اشتراک، جمعیت در نسلهای مختلف حاوی چندین جواب متفاوت خواهد بود.

شکل ۳۸- بافت نواحی تناظر روی سطح مدل نگاشت میشود. این بافتهای نگاشت شده با $T_{1,2,3...}(x,y)$ نشان داده میشوند.

¹ Sharing scheme

۲-۲-۴ عملگرهای ژنتیکی

ابتدا رشته های اولیه بصورت تصادفی ایجاد می شوند. سپس هر رشته به کمک تابع ES ارزشیابی میشود. با توجه به مقدار ارزش، تعدادی از رشته ها انتخاب می شوند. این رشته ها بکمک یک روش جستجوی محلی بهبود داده شده، بعنوان رشته های فرزند ذخیره می گردند. برای سایر رشته ها، رشته های والد با توجه به احتمال انتخاب که متناسب با ارزش رشته است انتخاب شده، در فرایند ترکیب شرکت می کنند تا رشته های فرزند را ایجاد کنند. ترکیب از نوع یک نقطه ای^۱ بوده و روی بیت ها اعمال می گردد. بعلاوه تعدادی از بیت ها بصورت تصادفی انتخاب شده و توسط جهش معکوس می شوند. این فرآیند تکرار خواهد شد.

همانطور که در شکل ۳۹ دیده می شود، جوابها در نواحی همگرا می شوند. با توجه به توزیع رشته ها در فضای جستجو، باید روشی برای تقسیم بندی این نواحی انتخاب کنیم که چندان ساده نیست. می توان برای مثال از یک روش هیوریستیک استفاده کرد.

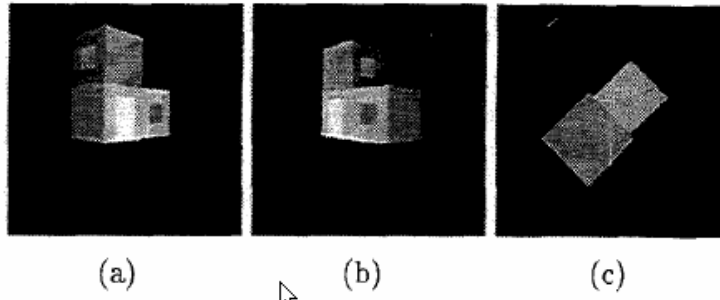
۲-۳ نتایج آزمایشات

برای بررسی روش ارایه شده از تصاویر واقعی و مصنوعی استفاده شده است (شکل ۴۰). در آزمایشات از سه تصویر با فواصل ۴۵ درجه برای مدل سازی استفاده شده است. در GA، ۲۵۶ رشته در جمعیت مورد استفاده قرار گرفته اند و ۱۰۰ نسل برای بدست آوردن جواب بهینه تکرار شده است.

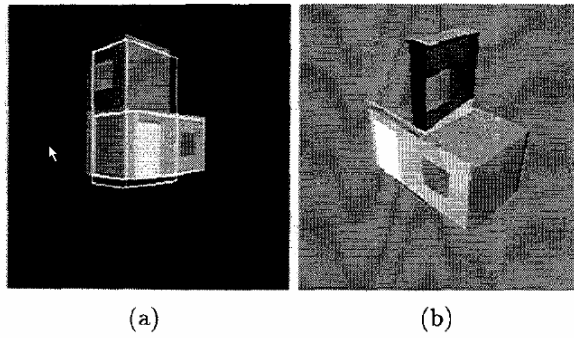
شکل ۴۱ مدلی که با استفاده از تصاویر شکل ۴۰ بدست آمده را نشان می دهد. همانطور که در شکل (a - ۴۱) دیده می شود، دو عنصر اولیه مستطیلی را می توان بدست آورد. با اینهمه با توجه به ضعف دسته بندی رشته ها، مدل بطور مناسب با تصاویر ورودی تطبیق ندارد. شکل (b - ۴۱) مثالی از تصویر ایجاد شده از شیء در جهت دیگر با استفاده از مدل بدست آمده را نشان می دهد.

شکل ۴۳ تصویر دیگری از همان شیء در زمینه ای طبیعی و شلوغ را نشان می دهد. با استفاده از مدل شیء، شیء به راحتی در تصویر تشخیص داده می شود.

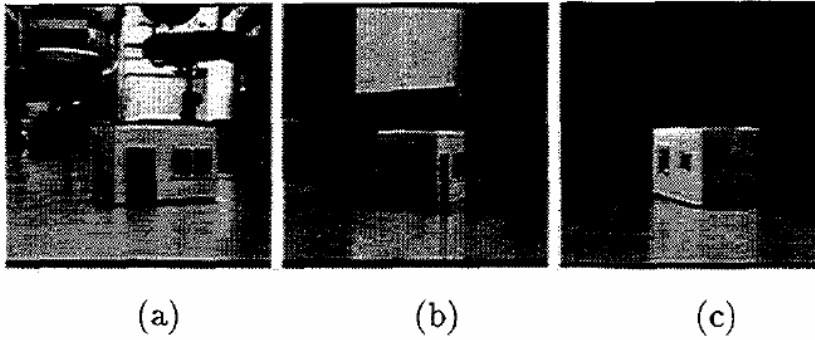
¹ One point crossover



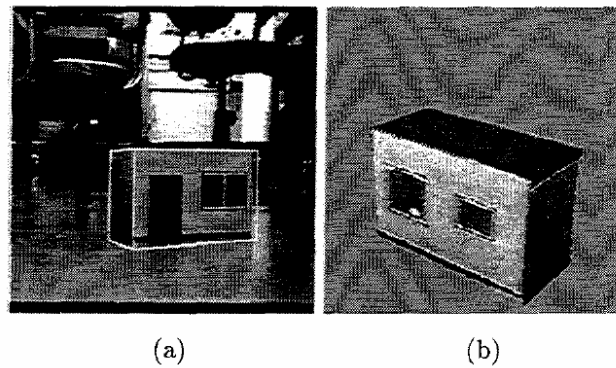
شکل ۴۰- مثالهایی از تصاویر از دیدهای مختلف



شکل ۴۱- مدل شیء که از تصاویر ساختگی از چند دید بدست آمده است.



شکل ۴۲- تصاویر حقیقی از چند دید



شکل ۴۳- مدل شیء که از تصاویر حقیقی از چند دید بدست آمده است. الف) مدل بدست آمده، ب) مثالی از تصویر تحلیل شده از دید دیگر.

فصل سوم

تشخیص و تحلیل شکل

بکمک الگوریتم های ژنتیکی و ابزار مورفولوژی

تحلیل مورفولوژی زبانی جبری برای ارایه و کار با تصاویر را فراهم میسازد. عبارات جبری در این زبان بصورت نگاشتی از شکلهای دلخواه به ویژگیهای تصویر عمل میکنند که برای تحلیل و تشخیص مناسبترند. تصاویر عملوندهایی هستند که تحت دنباله ای از عملگرهای مورفولوژی قرار میگیرند. هر عملگر مورفولوژی با استفاده از یک عنصر ساختاری¹ عمل میکند که نوع عملش را تعیین مینماید.

در این فصل مطالعات انجام شده در رابطه با تحلیل و تشخیص شکل بکمک الگوریتم ژنتیکی و ابزار مورفولوژی را مطرح مینماییم و آن را به دو مبحث زیر تقسیم میکنیم:

الف: تحلیل شکل با پردازش مورفولوژی

ب: کد سازی مورفولوژی مرزها

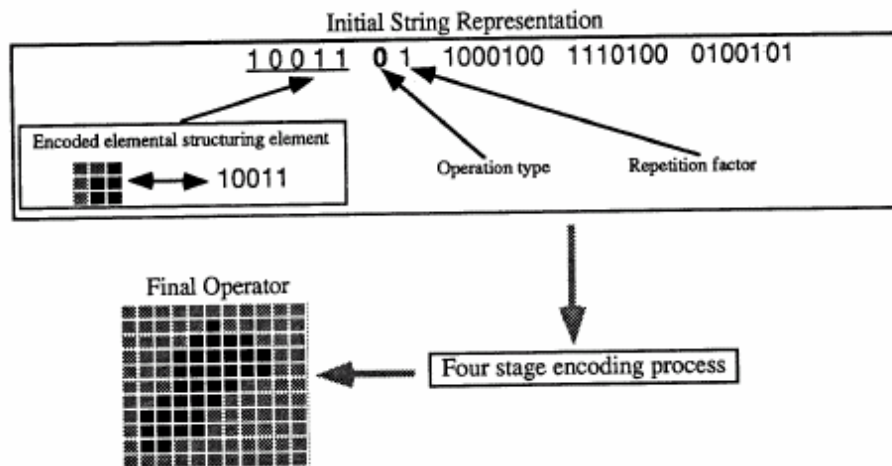
¹ Structuring Element

الف: تحلیل شکل با پردازش مورفولوژی [۹]

در این قسمت یک سیستم برای تشخیص شکل توصیف می گردد. ابتدا روشی برای ارزیابی جمعیتی از عملگرهای مورفولوژی بررسی شده. سپس از عملگرهای ترکیب و جهش برای تکامل عملگرهای مورفولوژی و بدست آوردن اطلاعات معنادار برای شکل استفاده می شود. در نهایت یک تابع ارزشیابی بعنوان یک معیار عملکرد برای عبارات مورفولوژی مطرح می گردد.

۱- ارزیابی عملگرها

عملگرها بصورت یک دنباله بیتی ارزیابی می شوند. هر دنباله بیتی از چند قسمت تشکیل می شود و در هر قسمت یک عنصر ساختاری، نوع عملگر مورد استفاده و ضریب تکرار عملگر کد می گردد. کروموزومی که در پیاده سازی استفاده شده از ۴ قسمت ۷ بیتی تشکیل گشته است (شکل ۴۴). هر قسمت یکی از ۳۲ عنصر ساختاری، نوع عملگر و ضریب تکرار را کد می کند. عنصرهای ساختاری شکلهایی هستند که در قابهای ۳*۳ تعریف شده اند. نوع عملگر یکی از دو نوع گسترش^۱ و فرسایش^۲ است و ضریب تکرار تعیین می کند که آیا عملگر تعیین شده تکرار می شود یا خیر.



شکل ۴۴- دکد کردن یک فرمول به ساختار یک عملگر

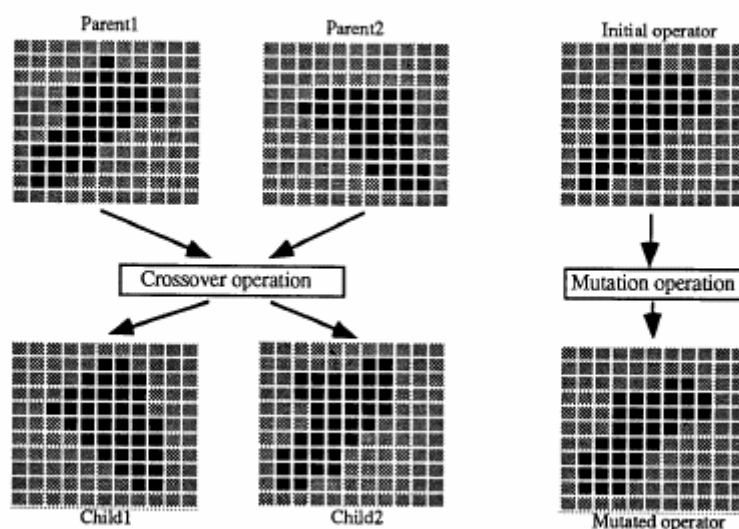
کل رشته $۲۸ = ۴ * ۷$ بیتی عبارتی را تعریف می کند که می تواند برای ایجاد یک عملگر شکل روی یک قاب $۱۱ * ۱۱$ بکار رود. هفت بیت اول از سمت چپ رشته انتخاب می شوند و عنصر ساختاری B از این هفت بیت استخراج می گردد. عملگرهای گسترش یا فرسایش بعدی روی این عنصر ساختاری اعمال می شوند. عملگر ممکن است با توجه به مقدار ضریب تکرار، دو بار اعمال شود. هفت بیت بعدی از رشته خوانده شده،

^۱ Dilation
^۲ Erosion

دوباره به همان صورت عمل می گردد. اما این بار عمل گسترش یا فرسایش روی عنصر ساختاری دو بعدی بدست آمده از مرحله قبل اعمال می شود. اعمال مکرر عملگرهای رشته بصورت فوق، عملگر اولیه را به عملگر نهایی تبدیل می کنند. عبارت جبری در نهایت بصورت فرسایش شکل اصلی X با عملگر نهایی تعریف می شود.

۲- ترکیب و جهش

یک محل ترکیب در رشته کروموزوم بصورت تصادفی انتخاب شده، دو رشته والد از آن محل ترکیب شکسته می شوند و رشته های فرزند را ایجاد می کنند (شکل ۴۵). عملگرهای فرزند خصوصیات شکلی را از والدینشان به ارث می برند، بطوریکه اطلاعات مرتبط با این خصوصیات به نسلهای بعدی نیز منتقل می شوند. این انتقال اطلاعات، بعلت خطی بودن^۱ نحوه ارایه عملگرها ست. ساختارهای داده خطی، رشته های بیتی هستند که میزان اهمیت اطلاعات ژنتیکی از بیت های چپ به بیت های راست کاهش می یابد. در ارایه بیتی ذکر شده عملگرهای مورفولوژی سمت راست، اهمیت کمتری دارند، بطوریکه عملگر مورفولوژی آخر تنها تغییراتی کوچک در ساختار عملگر ایجاد می کند.



شکل ۴۵- عملگرهای ترکیب و جهش

۳- تابع ارزشیابی^۲

ارزش یک عبارت به نحوه عملکرد آن روی مجموعه آموزشی بستگی دارد. شکلهای موجود در تصاویر مجموعه آموزشی به دو یا چند دسته تقسیم می شوند. در حالت دو دسته ای عملگر باید بتواند شکلهای موجود در دسته اول را تأیید کند و شکل های دسته دوم را رد نماید. هر تأیید غلط یا رد اشتباه منجر به کاهش میزان عملکرد^۳ می شود.

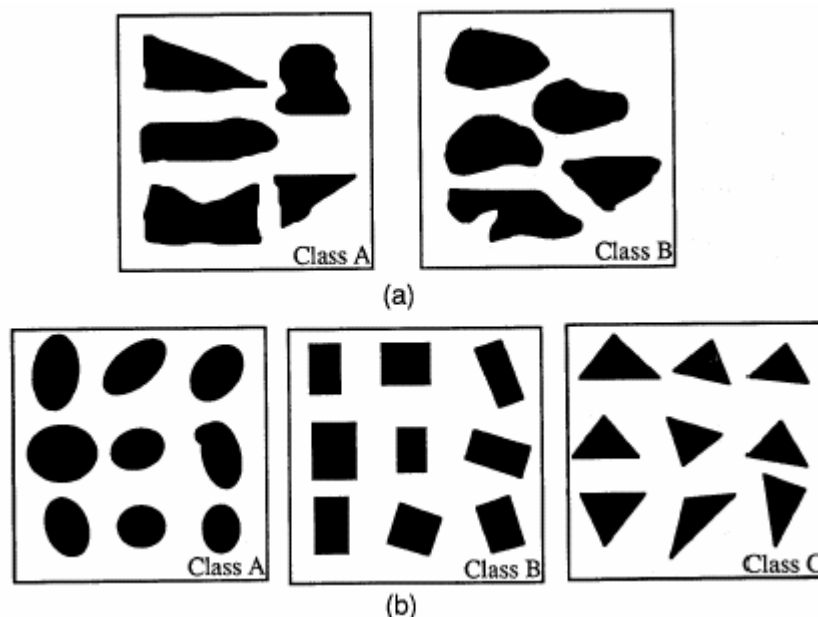
^۱ Linearized

^۲ Evaluation Function

^۳ Performance

عملگر نهایی بدست آمده از رشته کروموزوم برای فرسایش تصویر بکار می رود. نتیجه عمل فرسایش، شکل تغییر یافته ای است که بعنوان پاسخ شکل اولیه به این عملگر شناخته می شود. سطح پاسخ^۱ بصورت درصد پیکسلهای فرسایش یافته به تعداد کل پیکسلهای تصویر درقاب تعریف می گردد که با یک مقدار آستانه θ مقایسه خواهد شد. مقدار θ نصف اندازه شکل اولیه در نظر گرفته شده، هر شکل تقریباً ۸۰ درصد قاب را می پوشاند. بنابراین θ ، ۴۰ درصد انتخاب می گردد. اگر سطح پاسخ عملگر به دسته اول (کلاس A)، بیش از سطح آستانه و به دسته دوم (کلاس B)، زیر سطح آستانه باشد، عملگر یک عملگر تشخیص دهنده^۲ شناخته می شود.

شاخص عملکرد^۳ یک عملگر بصورت نسبت سطح پاسخ های بدست آمده از آن تعریف می شود. در تعریف شاخص عملکرد فرض شده است هنگام محاسبه پاسخ متوسط، پاسخ برای هر شکل این کلاس صحیح است. در غیر این صورت شاخص عملکرد برابر یک مقدار پایین قرار داده می شود. شاخص عملکرد بعنوان معیار ارزش در جمعیت بکار می رود. هنگامیکه شانس بیشتری برای تولید مثل افراد باارزشتر در جمعیت وجود داشته باشد، متوسط ارزش جمعیت بالا خواهد رفت.



شکل ۴۶- تشخیص شکل . در (a) حالت دو دسته ای و در (b) مورد سه دسته ای نشان داده شده است.

۴- نتایج آزمایشات

نمودار ۱ شاخص عملکرد را برای آزمایشات ۲ و ۳ دسته ای در ۲۵ نسل نشان می دهد. شکلهای مورد استفاده در این آزمایشات در شکل ۴۶ آورده شده اند. اولین عملگر تشخیص دهنده در آزمایش ۲ دسته ای در نسل ۱۸ ام و در آزمایش ۳ دسته ای، در نسل ۲۱ ام بدست آمده است.

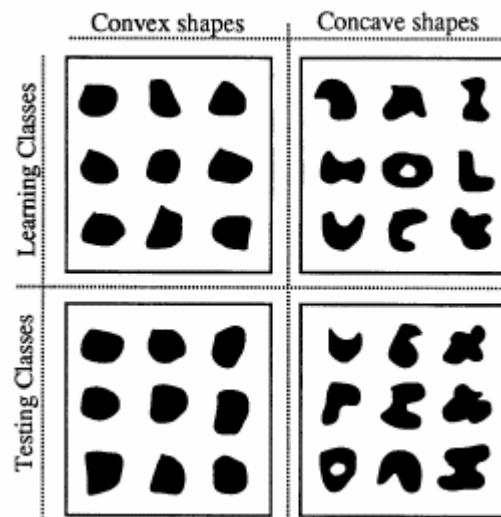
¹ Response Level

² Discriminatory Operator

³ Performance index

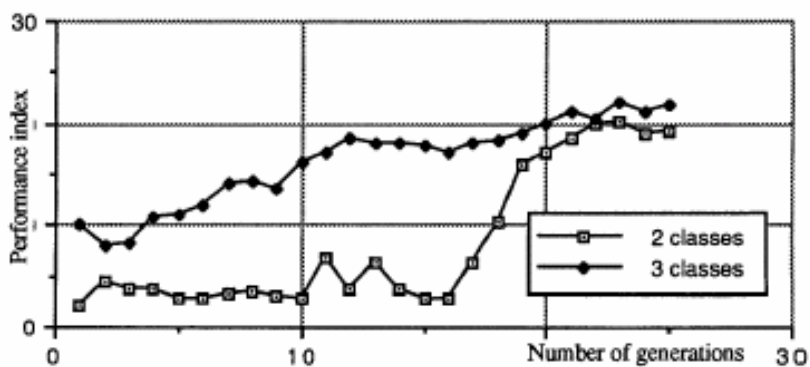
آزمایش ۲ دسته ای نشان می دهد که تشخیص ۱۰۰٪ حتی با شکلهای دلخواه ممکن است، بعلاوه در آزمایش ۳ دسته ای، نیز می توان تشخیص ۱۰۰٪ را بدست آورد. شاخص عملکرد در آزمایش ۳ دسته ای بصورت مجموع دو شاخص عملکرد، A مقابل B و B مقابل C محاسبه می شود. بعلاوه دو آستانه در این آزمایش وجود دارد که سه بازه تشخیص را تشکیل می دهد.

در آزمایش دیگری، عملکرد عملگر تشخیص دهنده در یک مجموعه آزمایش بررسی شده است. در هر دو مجموعه آزمایشی دو دسته شکل مقعر^۱ و محدب^۲ (شکل ۴۷) موجود است. پس از آموزش با مجموعه آموزشی، بهترین عملگرهای نسل دوم، پنجم، دهم، پانزدهم، بیستم و بیست و پنجم برای بررسی تشخیص اشکال در مجموعه آزمایشی انتخاب می شوند. نمودار ۲ شاخص عملکرد برای این آزمایش را نشان می دهد. عملگر تشخیص دهنده در این آزمایش در نسل یازدهم بدست می آید. با اینکه عملگر نسل پانزدهم تنها قادر به تشخیص در مجموعه آموزشی بود و نمی توانست مجموعه آزمایشی را تمیز دهد، در نسل بیستم عملگری متکامل می شود که قادر به تشخیص در مجموعه آزمایشی نیز هست.

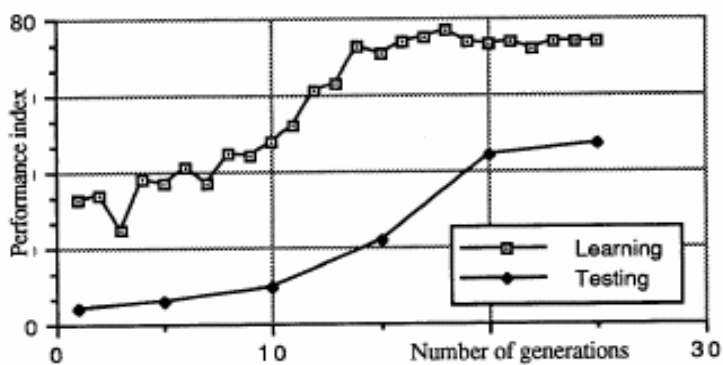


شکل ۴۷- مجموعه آموزشی و آزمایشی برای شکلهای محدب و مقعر

¹ Concave
² Convex



نمودار ۱- شاخص عملکرد برای ۲۵ نسل



نمودار ۲- تابع ارزشیابی و نتایج آزمایش برای آزمایشات انجام شده با شکلهای محدب و مقعر

ب: کدسازی مورفولوژیکی مرزها [۱۰]

۱- مقدمه

در حالیکه کانالهای ارتباطی بسیار محدود هستند، سیستم های مخابراتی در حال حاضر باید به نیازهای میلیونها مشتری خود پاسخ دهند. برای خدمات تصویری، مشکل محدودیت پهنای باند باعث می شود روشهای فشرده سازی یکی از عناصر لازم باشند. هر سیستم کد سازی تصویر را می توان در سه سطح توصیف کرد. پارتیشن کردن تصویر، مدل کردن پارتیشن و کد کردن آنترپی مدل.

برای پارتیشن کردن تصویر می توان از بلوکهایی با شکلهای دلخواه استفاده کرد و یا آنکه تصویر را به نواحی با شکلهای دلخواه تقسیم نمود. در روش دوم که اینجا استفاده می شود مسأله کد کردن مرز نواحی مطرح است. روش کد زنجیره ای فریمن^۱ از روشهای سنتی برای کد کردن مرز شکلهای محسوب می شود که بسیار کارا و بدون حذف اطلاعات عمل می کند ولی اشکالات اصلی آن هزینه بالای تعداد بیتهای لازم و عدم توانایی آن در شناخت شکل ناحیه مورد توصیف است. بسیار مطلوب است روشی بیابیم که به جای نقاط روی مرز ناحیه، شکل کلی ناحیه را در نظر داشته باشد. در این صورت رابطه مناسبی بین هزینه بیتی و صحت خواهیم داشت. بعلاوه ابزاری برای توصیف شکل بعنوان ویژگی می تواند برای توصیف یا تحلیل شکل شیء بسیار مفید باشد.

روشی که برای توصیف شکل توضیح داده شد، روش تبدیل اسکلت^۲ است. تبدیل اسکلت یک روش ارایه هندسی بکمک دیسک های ماکزیمال می باشد، بطوریکه قسمت داخلی هر شیء با استفاده از یک ساختار اولیه دیسکی توصیف می گردد. برای نواحی دو بعدی دیسکها داخل ناحیه قرار داده می شوند، در نتیجه توصیف شکل ناحیه عبارتست از ارایه محل قرار گرفتن مراکز دیسکها و شعاع آنها. با اینکه این روش در بسیاری از مسایل کاربرد پیدا کرده است ولی نمی توان از دیسکها بعنوان ویژگیهای ناحیه استفاده نمود. اگر فرض کنیم در روش تبدیل اسکلت، عنصر ساختاری $\sigma_1(X)$ باشد، می توان گفت دیسک یک حالت خاص $\sigma_1(X)$ است. میتوان شکل یک ناحیه را با استفاده از خانواده ای از یک عنصر ساختاری دلخواه بیان نمود. خانواده عنصر ساختاری را می توان با گسترش^۳ مکرر $\sigma_1(X)$ با خودش بدست آورد. چنین توصیفی می تواند خواصی همچون لبه ها، میزان دایره بودن، طول و عرض و جهت ناحیه را ارایه دهد و به همین دلیل می توان از آن بعنوان ویژگی ناحیه استفاده کرد.

در اینجا هدف یافتن روشی برای توصیف شکل بهینه عنصر ساختاری $\sigma_1(X)$ است. اگر $\sigma_1(X)$ را روی یک ناحیه کوچک 7×7 تعریف کنیم، 2^{49} شکل مختلف برای آن ممکن است. بنابراین بهینه سازی این ساختار، جستجو در فضای بزرگ و پیچیده ای را ایجاد می نماید که الگوریتم های ژنتیکی برای آن مناسب هستند.

¹ Freeman Chain Code

² Skeleton Transformation

³ Dilation

۲- تجزیه اسکلت^۱ در GA

با کد کردن تابع ساختاری $\sigma_1(x)$ بصورت یک کروموزوم و تعریف یک تابع ارزشیابی، می توان GA را دریافتن $\sigma_1(x)$ بهینه بکار گرفت. فرض کنید $\sigma_1(x)$ روی یک تصویر $N \times M$ باینری تعریف شده باشد. با توجه به طبیعت باینری آن، دو مقدار برای ارایه ژنهای کروموزوم (صفر برای سیاه و یک برای سفید) کافی است و کروموزوم را با اسکن کردن $\sigma_1(x)$ تشکیل می دهیم (شکل ۴۸). تابع ارزشیابی را نیز بصورت شمارش تعداد نقاط اسکلت در تجزیه اسکلت تعریف می کنیم. هر چه تعداد نقاط اسکلت بیشتر باشد ارزش ساختاری بیشتر است.



$\sigma_1(x)$

0100011000011110

شکل ۴۸- نحوه کد کردن کروموزوم. شکل فوق به رشته (0 1 0 0 0 1 1 0 0 0 0 1 1 1 1 0) کد شده است.

با اعمال عملگرهای ژنتیکی به جمعیتی از این کروموزومها می توان نسل دیگری از آنها را بدست آورد که تکرار این امر سبب تکامل جمعیت خواهد شد. با توجه به بار زیاد محاسباتی تجزیه اسکلت و محاسبه تابع ارزشیابی، مطلوب است GA را روی یک جمعیت کوچک با دور تکرار کم اجرا نماییم. برای اینکه مطمئن باشیم GA به ساختار بهینه همگرا می شود. محدودیت هایی روی اندازه جمعیت و زمان تکامل لازم در نظر می گیریم، دو نکته حائز اهمیت است:

(۱) باید مطمئن باشیم همواره بهترین فرد در جمعیت حفظ می شود، زیرا در صورت از دست دادن آن ممکن زمان زیادی برای ایجاد دوباره آن لازم باشد.

(۲) در هر دور تکرار باید تا جایکه ممکن است فرزندان جدید ایجاد کنیم تا احتمال بدست آوردن ساختارهای بهتر. بیشتر باشد. برای ارضای شرایط فوق از روشی به نام سیمپلکس^۲ استفاده می نماییم.

الگوریتم بصورت زیر عمل می کند: اندازه جمعیت یک عدد فرد انتخاب می شود. بهترین کروموزوم در نسل قبل، بدون تغییر در نسل جدید و در ردیف اول قرار داده می شود. سپس بین هر دو کروموزوم انتخاب شده بصورت تصادفی، کروموزوم برتر بعنوان برنده در نظر گرفته می شود. پس از آن بین مجموعه برنده ها عملگر ترکیب اعمال می گردد تا تعداد $\frac{N-1}{2}$ فرزند بدست آید. فرزندان بدست آمده در ردیف های فرد نسل جدید (بجز ردیف اول) قرار داده می شوند. ردیف های زوج نسل جدید بکمک جیش روی بهترین کروموزوم پر خواهند گردید.

¹ Skeleton Decomposition

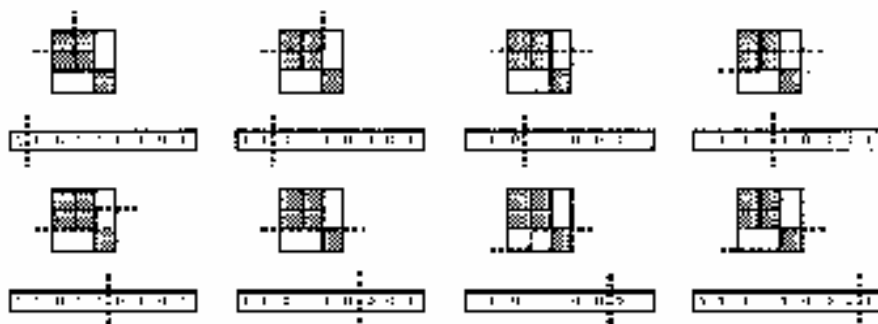
² Simplex Reproduction

۳- عملگرهای ژنتیکی مناسب برای شکلها

برای آنکه نسل جدید متفاوت با نسل قبل بدست آوریم، از عملگرهای ژنتیکی استفاده می کنیم که رایج ترین آنها ترکیب و جهش می باشند. جهش روشی برای بازیابی مقداری از یک ژن که در جمعیت از دست رفته، می باشد. ترکیب تبادل اطلاعات مفید را بین دو والد نسل قبل برای بدست آوردن فرزندی با نقاط قوت هر دو والد ممکن می سازد.

یکی از خصوصیات مهم GA این است که عملگرهای آن بدون داشتن دانشی از نحوه کد سازی روی کروموزومها عمل می کنند. با اینهمه در طبیعت خود عملگر نیز تکامل می یابد. برای افزایش کیفیت عملکرد، باید عملگرهای بهینه ای مورد استفاده قرار دهیم. با در نظر گرفتن تمام حالات ممکن برای ترکیب یک نقطه ای^۱ می توان تغییرات ایجاد شده روی $\sigma_1(x)$ را بررسی کرد. شکل ۴۹ یک تابع ساختاری $\sigma_1(x)$ ، ارایه کروموزومی آن و ترکیب های ممکن آن را نشان می دهد. می توان مشاهده کرد که بریدن عمودی تابع ساختاری با ترکیب یک نقطه ای ممکن نمی باشد و بدین ترتیب بسیاری از حالات مطلوب را از دست می دهیم.

پیکسلهای همسایه در ارایه $\sigma_1(x)$ ، ویژگی های معنا داری را از شکل توصیف می کنند و نباید به راحتی از هم جدا شوند. برای ممکن بودن ترکیب هایی بصورت شکل ۵۰ از روش ارایه های ماتریسی (به جای بردار بیٹی) استفاده می کنیم. برای تعیین نقطه ترکیب، یک نقطه x_1 بصورت تصادفی روی یکی از چهار مرز ماتریس انتخاب می گردد. سپس نقطه تصادفی x_2 روی سه مرز باقیمانده انتخاب می شود و خط بین این دو نقطه چگونگی ترکیب را تعیین می نماید. همانطور که در شکل ۵۱ مشاهده می گردد، این روش ترکیب همگرایی را تسریع کرده، بعلاوه قادر است در زمانی مساوی نسبت به ترکیب سنتی، به ساختارهای با ارزشتری همگرا شود.

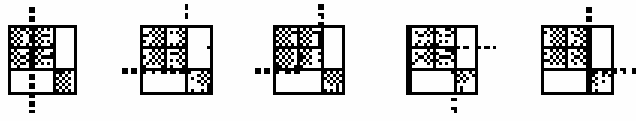


شکل ۴۹- نمایش همه برشهای ممکن برای یک عملگر ترکیب یک نقطه ای

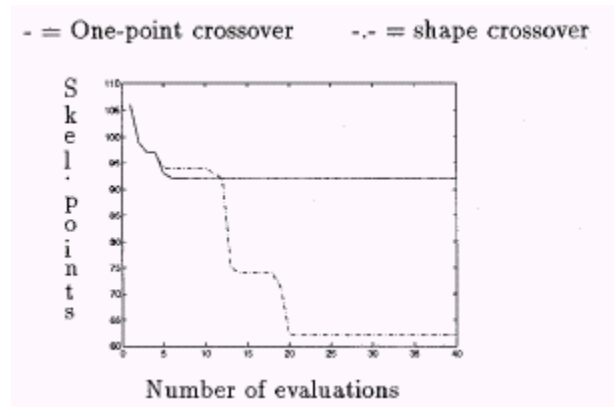
۴- آزمایشات

فرض کنید بخواهیم با استفاده از روش فوق ویژگی برای یک تصویر باینری بیابیم که در دسته بندی بکار رود. ویژگی بدست آمده را می توان با مجموعه ای از الگوهای که برای دسته بندی بکار می روند مقایسه کرد. روش فوق بر روی دو مثال مصنوعی و واقعی آزمایش شده است.

¹ One point crossover



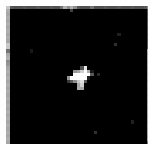
شکل ۵۰- نمایش برشهایی که برای یک ترکیب یک نقطه ای ممکن نمیباشند



شکل ۵۱- نمایش همگرایی ترکیب یک نقطه ای و ترکیب یک نقطه ای شکل گرا^۱

ابتدا یک تصویر مصنوعی با تکرار یک شکل 5×5 دلخواه اولیه در مکانهای مختلف و با بزرگیهای متفاوت و اجتماع گرفتن از همه تکرارها ایجاد شد (شکل ۵۲). با یکبار تکرار ویژگی و بزرگنمایی آن با ضریب ۱۰، می توان شکل ۵۲ را بدست آورد. این ویژگی با موفقیت توسط GA بدست آمده است (شکل ۵۳). مثال دیگری در شکل ۵۴ آورده شده است. ویژگی های متفاوتی برای اعداد بدست آمده اند که می توانند برای دسته بندی بکار روند.

می توان گفت بهینه سازی توابع ساختاری تجزیه اسکلت با استفاده از الگوریتم های ژنتیکی، جستجوی کارا و موفقیت آمیزی در یک فضای جستجوی پیچیده است. ارایه عملگر ترکیب مناسب کاربرد، همگرایی را برای مسأله تجزیه اسکلت تسریع و بهبود می بخشد.



شکل ۵۳- ویژگی شیء شکل ۵۲



شکل ۵۲- شیئی که باید تحلیل گردد

^۱ Shape Oriented one-point crossover



شکل ۵۴- نمونه هایی از ویژگی های شکل

فصل چهارم

مدلسازی شکل

بکمک الگوریتم های ژنتیکی و FFD

مدلسازی یا طراحی شکل در سیستمهای طراحی بکمک کامپیوتر (CAD) فرآیندی با سعی و خطاست و به تجربه و خلاقیت بستگی دارد. میخواهیم روشی برای ایجاد اتوماتیک شکلهای مناسب با استفاده از الگوریتمهای ژنتیکی و تغییر شکل فرم آزاد¹ (FFD) مطرح نماییم.

اگرچه یک ارایه باینری میتواند شکلی را بصورت کروموزوم در GA ارایه دهد (یک برای نقاط داخل شکل، صفر برای نقاط خارج شکل)، ولی چنین ارایه ای دارای سه ویژگی نامطلوب است:

- (۱) طول کروموزوم مناسب برای ارایه هر شکل دلخواه، زیاد است.
- (۲) در چنین ارایه ای شکلهایی با حفره های کوچک نامطلوب یا اجزای منزوی ایجاد میشوند که موردنظر نیستند.
- (۳) به عبارت در آوردن شکل دارای صحت پایین است.

به همین دلیل روشهای دیگری از جمله روش FFD برای ارایه شکلهای دلخواه مطرح شده اند. در روش FFD، یک شکل با تغییر مکان نقاط کنترل روی یک شبکه FFD تغییر شکل داده میشود. با این روش، یک شکل دلخواه را میتوان با کروموزومی متشکل از چند عدد اعشاری نشان داد. بعلاوه شکلهای ایجاد شده در این ارایه، شکلهای نامطلوب نیستند و دارای سطوح با انحنای هموار میباشند (بعبارتی بعبارت در آوردن شکل دارای صحت بالاست).

در این فصل مطالعات انجام شده در رابطه با مدلسازی شکل بکمک الگوریتم ژنتیکی و روش FFD را مطرح مینماییم و آن را به دو مبحث زیر تقسیم میکنیم:

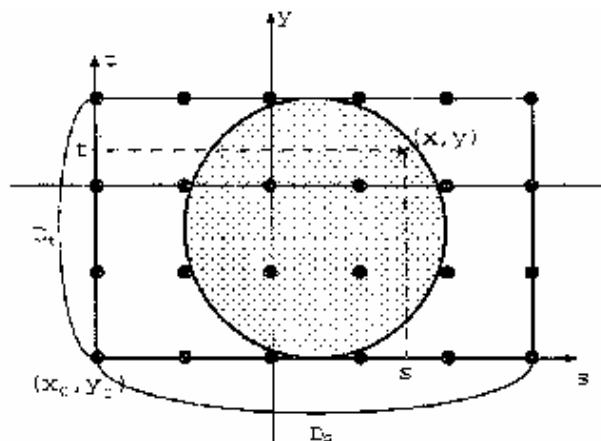
الف: تنظیم پارامترها برای روش FFD

ب: الگوریتم ژنتیکی چند مرحله ای

¹ Free-Form Deformation

الف: تنظیم پارامترها برای روش FFD [۱۱]

با آنکه روش FFD برای ارزیابی شکل بسیار مناسب است، تعیین پارامترهای اولیه مشکل می‌باشد. برای استفاده از GA و FFD باید این پارامترها را با مقادیر اولیه ای مقداردهی کرد و سپس مقادیر مناسبی برای آنها تنظیم نمود.



شکل ۵۵- سیستم مختصات و شبکه SFFD

۱- ارزیابی شکل بروش FFD

در روش FFD ساده، شبکه های دوبعدی مستطیلی و شکلهای دوبعدی مطرح میشوند. این روش بصورت زیر عمل میکند (شکل ۵۵):

(۱) شکل اولیه را تعریف کن (در شکل ۵۵، شکل اولیه یک دایره است).

(۲) ناحیه مستطیلی را، که شکل اولیه داده شده را میپوشاند، تنظیم کن. روی این ناحیه، سیستم مختصات محلی s-t تعریف میشود. اندازه های مستطیل عبارتند از D_s در جهت s و D_t در جهت t. مختصات گوشه پایین- چپ مستطیل بصورت (x_0, y_0) در سیستم مختصات x-y بیان میگردد.

(۳) یک شبکه از نقاط کنترل P_{ij} ($i=0 \sim M_s, j=0 \sim M_t$) روی مستطیل بصورت زیر ایجاد کن:

$$P_{ij} = (x_0, y_0) + \left(\frac{i}{M_s} D_s, \frac{j}{M_t} D_t \right)$$

پس از ایجاد آمادگی های فوق، تغییر شکل با گامهای زیر انجام میگردد.

(۴) مختصات (s, t) برای نقطه $X(x, y)$ عبارتست از:

$$s = (x - x_0) / D_s$$

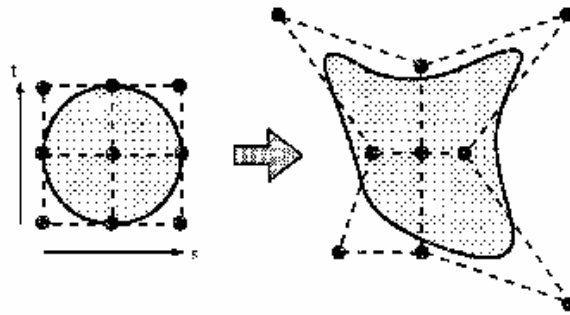
$$t = (y - y_0) / D_t$$

(۵) برای جابجا کردن نقاط کنترل P_{ij} از مکان اولیه آنها روی شبکه تغییر شکل انجام میگیرد. مکان تغییر شکل داده شده X_{ffd} برای نقطه دلخواه X از روابط زیر حاصل میشود:

$$X_{ffd} = \sum_{i=0}^{M_s} \sum_{j=0}^{M_t} B_{i,M_s}(s) \cdot B_{j,M_t}(t) \cdot P_{ij}$$

$$B_{i,M_s}(t) = \binom{M_s}{i} (1-t)^{M_s-i}$$

استفاده از روش FFD بصورت فوق و حرکت نقاط کنترل شبکه، شکلهای دلخواه را ایجاد میکند. در نتیجه مکان نقاط شبکه، ارایه دهنده یک شکل دلخواه است. مثالی از این روش در شکل ۵۶ آمده است. بنابراین برای ارایه یک شکل دلخواه در کروموزوم، با فرض داشتن مکانیزی برای ایجاد شکل اولیه و روابط فوق، لازم است تنها مکان نقاط کنترل شبکه را کد کنیم.



شکل ۵۶- تغییر شکل بروش FFD

۲- فرآیند مدلسازی تکاملی شکل

مراحل کلی برای مدلسازی تکاملی شکل بصورت زیر میباشد:

- (۱) شکل اولیه را تعریف کرده، نقاط کنترل شبکه را برای پوشاندن شکل تنظیم کن.
- (۲) جمعیت اولیه ای از شکلهای ایجاد کن. اینکار با حرکت تصادفی نقاط کنترل انجام میگیرد.
- (۳) مقدار ارزش هر کروموزوم را محاسبه کن.
- (۴) اگر شرایط خاتمه ارضاء شده اند، فرآیند کامل گردیده است. در غیر اینصورت با اعمال عملگرهای ژنتیکی (بازتولید، ترکیب و جهش) جمعیت دیگری ایجاد کرده، به گام ۳ برو.

مراحل فوق بصورت زیر انجام میگیرند.

۲-۱ تعریف نقاط کنترل شبکه

هر نقطه روی شبکه $C(0)$ یک نقطه کنترل اولیه است، بعبارتی $\{ P_{ij}(0) \} = C(0)$ که در آن $P_{ij}(0)$ همان P_{ij} تعریف شده می باشد.

۲-۲ ایجاد جمعیت اولیه

با استفاده از متغیرهای تصادفی یکنواخت^۱ هر نقطه کنترل بطور تصادفی به نقطه ای داخل دایره ای به شعاع R_{ctr} و با مرکز نقاط کنترل اولیه حرکت داده می شود :

$$C^n(1) = \{P_{ij}^n(1)\}$$

$$P_{ij}^n(1) = P_{ij}^n(0) + (r^* \cos \theta^*, r^* \sin \theta^*)$$

که در آن :

r^* : یک عدد تصادفی در $[0, R_{ctr}]$ و

θ^* : یک عدد تصادفی در $[0, 2\pi]$ می باشد. جمعیت اولیه از N_{size} عدد فرد از $C^n(1)$ تشکیل می گردد :

$$C(1) = \{C^1(1), C^2(1), \dots, C^{N_{size}}(1)\}$$

۲-۳ ارزشیابی

برای ارزشیابی باید تابعی داشته باشیم که هر چه شکل، بهتر شکل مورد نظر را تقریب بزند، ارزش بیشتری به آن نسبت دهد.

۲-۴ باز تولید، ترکیب و جهش

- باز تولید^۲ : با توجه به مقدار ارزش هر فرد جمعیت، انتخاب رقابتی برای تعیین والدین فرزندان نسل $t+1$ اعمال می شود :

$$C(t+1) = \{C^1(t+1), \dots, C^{N_{size}}(t+1)\}$$

- ترکیب^۳ : پس از انتخاب یک زوج $C^1(t+1)$ و $C^j(t+1)$ از جمعیت $C(t+1)$ بطور تصادفی، یک زیر شبکه پیوسته تصادفی روی شبکه انتخاب می گردد. اندازه و محل زیر شبکه تصادفی است. زیر شبکه ها بصورت زیر تعریف می شوند :

$$C_{Sub}^i(t+1) = \{P_{ij}^i(t+1) | i = i_1 \sim i_2, j = j_1 \sim j_2\}$$

$$C_{Sub}^j(t+1) = \{P_{ij}^j(t+1) | i = i_1 \sim i_2, j = j_1 \sim j_2\}$$

که در آن i_1, i_2, j_1, j_2 متغیرهای تصادفی یکنواخت در محدوده $0 \sim M_s$ و $0 \sim M_t$ می باشند. زیر شبکه های تعریف شده، بین والدین انتخاب شده جابجا می شوند (شکل ۵۷).

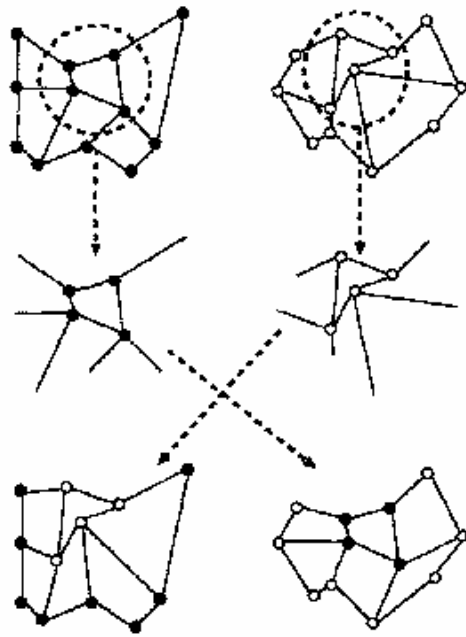
- جهش^۴ : برای فرد $C(t+1)$ در جمعیت، یک نقطه کنترل بطور اتفاقی انتخاب شده، با روشی مشابه روش مورد استفاده در ایجاد جمعیت اولیه، حرکت داده می شود.

¹ Uniform random variables

² Reproduction

³ Crossover

⁴ Mutation



شکل ۵۷- ترکیب

۳- آزمایشات

برای بررسی نحوه عملکرد این روش، آزمایشی برای ایجاد یک شکل چند ضلعی با سطوح هموار انجام شده است. برای حل این مسأله تابع ارزشیابی باید دارای دو عبارت جریمه باشد. یکی جریمه مساحت است، D_{area} ، که در صورت نزدیک بودن مساحت شکل به مساحت چند ضلعی داده شده کاهش می یابد :

$$D_{area} = \left| \left(\text{area of shape} \right) - \left(\text{area of polygon} \right) \right|$$

دیگری جریمه محدودیت دامنه است. برای کاهش جریمه محدودیت دامنه، سطح شکل باید بطور کامل روی سطح چند ضلعی داده شده قرار گیرد. نقاطی از شکل که خارج از ناحیه چند ضلعی واقع می شوند، مقدار این جریمه را افزایش می دهند. اگر V_i نقطه ای روی شکل باشد، جریمه محدودیت دامنه، $intrude$ ، بصورت زیر تعریف می شود :

$$intrude = \sum_i error(V_i)$$

$$Error(V_i) = \begin{cases} \text{اگر روی سطح چند ضلعی باشد } 0.0 \\ \text{اگر خارج از چند ضلعی باشد } d_i \end{cases}$$

که در آن پارامتر d_i معرف فاصله نقطه V_i از سطح چند ضلعی است.

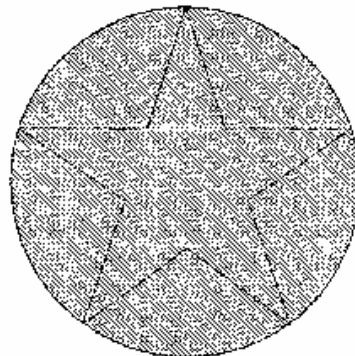
تابع ارزش بصورت زیر تعریف می شود :

$$\text{Fitness} = -\text{Darea} - \text{intrude}$$

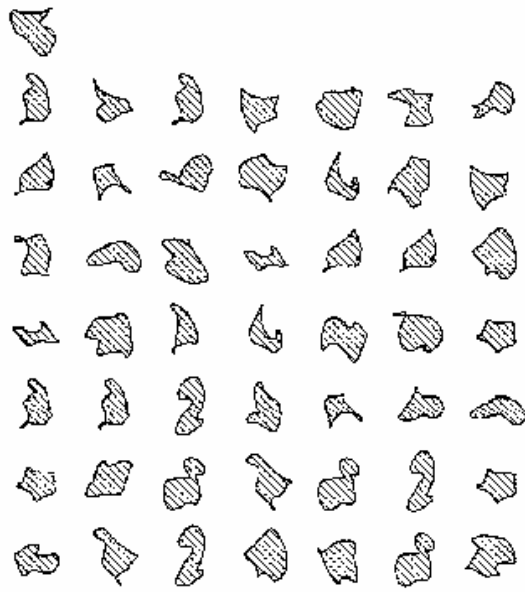
بدیهی است که شکل بهینه همان شکل چند ضلعی است. اما با توجه به قابلیت FFD، انتظار داریم شکل بدست آمده، شکلی نزدیک به چند ضلعی ولی دارای سطوحی با انحناى هموار باشد.

در آزمایشات انجام شده شکل اولیه یک دایره بوده، چند ضلعی ستاره نشان داده شده در شکل ۵۸ است. شکل ۵۹ جمعیت اولیه پس از بازتولید و شکل ۶۰ بهترین نتایج چند نسل را نشان می دهد. نتایج زیر بدست آمده اند :

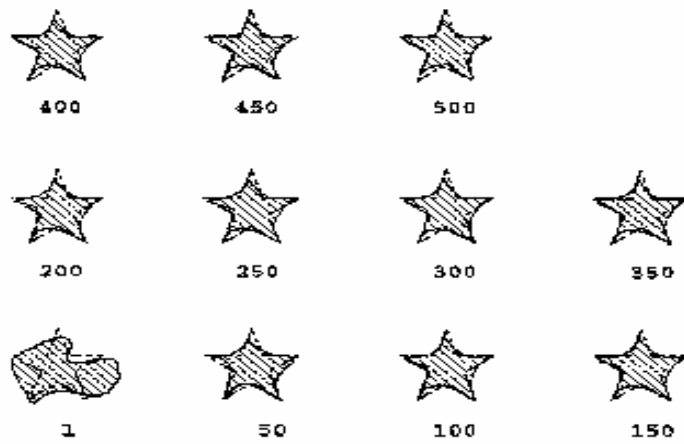
- زمان محاسبات متناسب با توان سوم اندازه شبکه FFD می باشد.
- اگر چه با بزرگتر بودن جمعیت نتایج بهتری بدست می آید، نتایج چندان بهبودی نسبت به نتایج برای اندازه های ۵۰ تا ۱۰۰ نشان نمی دهند. با توجه به تناسب زمان محاسبات با اندازه جمعیت، اندازه جمعیت مناسب بین ۵۰ تا ۱۰۰ می باشد.
- جهش دارای نقش بسیار عمده ای است. در صورت عدم استفاده از جهش، GA همگرایی زودرس داشته و نتایج بسیار بدی می دهد. بعلاوه در صورت بالا بودن نرخ جهش، GA مانند یک جستجوی تصادفی عمل می کند و نتایج خوبی بدست نمی آیند. نرخهای بین 0.01 تا 0.02 برای جهش مناسب تشخیص داده شده اند.
- ترکیب نقش چندان مهمی ندارد. اما اگر تعداد نسلهای کم در نظر گرفته شود (برای مثال ۵۰ نسل)، با بالا بودن نرخ ترکیب، نتایج بهتری حاصل می گردد. اگر نرخ ترکیب 0.8 انتخاب شود، بهترین نتیجه در نسل ۵۰ ام بدست می آید. می توان گفت ترکیب همگرایی را تسریع می بخشد.



شکل ۵۸- شکل اولیه و چندضلعی داده شده



شکل ۵۹- جمعیت موجود در نسل اول پس از بازتولید



شکل ۶۰- بهترین شکلها در هر نسل

ب: الگوریتم ژنتیکی چند مرحله ای [۱۲]

۱- مشکلات استفاده از GA

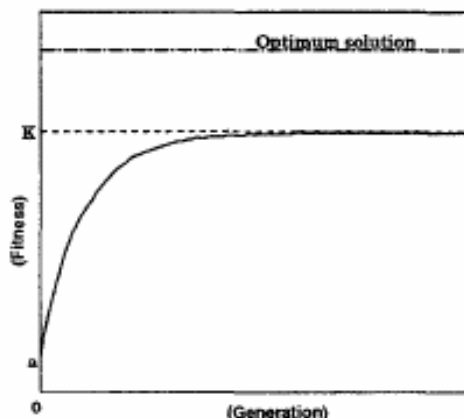
هنگامیکه نسلهای اولیه (نسلهای جوان) در حال تکاملند، ایجاد کروموزومهای بهتر ساده تر است، زیرا جمعیت دارای انواع ژنها است (بعبارتی پراکندگی^۱ آن زیاد است)، با ادامه یافتن تکامل و رسیدن به نسلهای پیر، جمعیت پراکندگی خود را از دست می دهد و به همین دلیل کمتر اتفاق می افتد که فرد برتری ایجاد شود. بنابراین می توان نمودار ارزش های برتر را با فرمول زیر تقریب زد (شکل ۶۱):

$$f(t) = k \left(1 - \left(1 - \frac{a}{k} \right) e^{-\frac{t}{T}} \right)$$

که در آن k مقدار ماکزیمم، a مقدار ارزش برتر در نسل اول (با فرض $t=0$ برای نسل اول) و T پارامتری است که سرعت همگرایی را مطرح می کند. بدیهی است که این پارامترها توسط طراح به الگوریتم داده نمی شوند، بلکه بعنوان نتیجه اعمال الگوریتم بدست می آیند.

برای افزایش پراکندگی در جمعیت، باید در صورت امکان پارامترها را طوری تنظیم کرد که T بزرگ شود و یا روش انتخابی بکار برد که سبب بزرگ شدن T گردد. اما روشی که همواره پراکندگی را حفظ می کند، روش جستجوی تصادفی است ($T \cong \infty$).

بهتر است از روشی استفاده شود که علاوه بر حفظ نتایج نسلهای قبل بتواند پراکندگی را در جمعیت برقرار کند. روش الگوریتم ژنتیکی چند مرحله ای^۲ (MSGA) می تواند به این منظور بکار رود. در روش GA چند مرحله ای، الگوریتم GA در چند مرحله و با حفظ اطلاعات مرحله قبل انجام می گیرد. از آنجاییکه GA در هر مرحله از یک جمعیت اولیه جدید آغاز بکار میکند انتظار می رود نمودار ارزش ماکزیمم بصورت پله هایی از نمودار GA معمولی در آید. شکل ۶۲ نمودار ماکزیمم برای روش چند مرحله ای را نشان می دهد.



شکل ۶۱- نمودار ارزش ماکزیمم

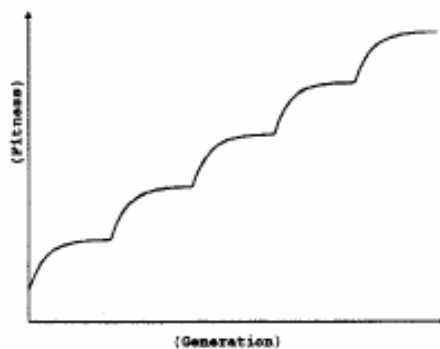
¹ Variety

² Multi- Step Genetic Algorithm

۲- مشکلات بکارگیری FFD

در روش FFD می توان شکلی را تغییر شکل و حرکت آزاد نقاط کنترل بدست آورد. با این همه از آنجاییکه شکل حاصل از تغییر شکل یک شکل اولیه بدست می آید، شکل ایجاد شده دارای بخشی است که شکل اولیه را تداعی می کند. ایجاد یک شکل کاملاً متفاوت با شکل اولیه بسیار مشکل است. با افزایش تعداد نقاط کنترل توانایی تغییر شکل افزایش می یابد و امکان ایجاد اشکال پیچیده ایجاد می شود. از طرفی افزایش تعداد نقاط کنترل سبب افزایش هزینه محاسبات و بزرگ شدن فضای جستجو می شود بنابراین FFD در این حالت به صرفه نخواهد بود. از آنجاییکه FFD محدود به شکل اولیه است، ایجاد یک شکل دلخواه در صورت تفاوت زیاد آن با شکل اولیه غیر ممکن است.

بنابر آنچه گفته شد، بهتر است FFD هر بار با یک شکل اولیه جدید آغاز بکار کند. اگر با تغییر شکل آن به تعداد دفعات معینی، نتیجه مطلوب بدست نیامد، شکل اولیه دیگری انتخاب می گردد و FFD روی آن اعمال می شود.



شکل ۶۲- بهبود ارزش ماکزیمم با روش GA چند مرحله ای

۳- الگوریتم مدلسازی تکاملی شکل بهبود یافته

- با استفاده از الگوریتم GA چند مرحله ای و FFD جدید، می توان الگوریتم را بصورت زیر مطرح کرد :
۱. یک شکل اولیه (برای مثال دایره، کره، ..) به عنوان مقدار اولیه X_{00} انتخاب کن و $X_0 = X_{00}$ قرار ده.
 ۲. نقاط کنترل شبکه ای ایجاد کن که کل شکل X_0 را پیوشاند.
 ۳. با حرکت دادن تصادفی نقاط کنترل، جمعیت اولیه ای از شکلهای ایجاد کن.
 ۴. مقدار ارزش هر شکل را محاسبه کن.
 ۵. اگر شرایط خاتمه GA ارضاء نشده اند، عملگرهای ژنتیکی را به جمعیت اعمال کن و سپس به مرحله چهار برو.
 ۶. اگر شرایط خاتمه MSGA ارضاء شده اند الگوریتم خاتمه یافته است. در غیر این صورت شکل بهینه این مرحله را بعنوان شکل اولیه X_0 در نظر بگیر و به مرحله ۲ برو.
- نتایج استفاده از این روش با GA استاندارد در جدول ۱ مقایسه شده اند.

جدول ۱- پارامترها

method	algorithm	step	popu- lation size	gener- ation size
A1	multi-step	10	50	50
A2	multi-step (elite)	10	50	50
B1	standard	1	50	500
B2	standard	1	500	500

فصل پنجم

تشخیص شکل

بکمک الگوریتم های ژنتیکی و

زیرمجموعه کمینه یا صحت زیرپیکسل

یکی از مسایل مورد توجه در زمینه بینایی بر اساس مدل، استخراج ساختارهای هندسی اولیه و از پیش تعریف شده از داده های هندسی است. برای مسایلی از جمله تعیین موقعیت اجسام، ساختن مدل و تشخیص اشیاء در تصاویر، استخراج ساختار هندسی اولیه از گامهای پایه محسوب میشود.

یکی از معمولترین روشهایی که برای هدف فوق بکار میرود، تبدیل هاف است. اما این روش، بعلت افزایش نمایی حافظه لازم با افزایش بعد فضای پارامترهای ساختار، برای ساختارهای ساده مناسب است. از طرفی الگوریتم های ژنتیکی برای مسایل بهینه سازی سختی که نویزی، چند بعدی، و با تعداد مینیمم های محلی زیاد باشند، مناسب تشخیص داده شده است. بهمین دلیل از الگوریتمهای ژنتیکی برای حل مساله استفاده مینماییم.

برای بازنمایی فضای مساله، میتوان از زیرمجموعه کمینه¹ از نقاط عضو² برای ساختن کروموزوم استفاده کرد. با توجه به رزولوشن کم اکثر تصاویر در مسایل بینایی ماشین، صحت و سرعت همگرایی روش فوق بسیار کم خواهد بود. با توجه به اینکه تشخیص با صحت بالا بکمک نقاط زیرمجموعه کمینه بسیار مشکل است، از تعریف نقاط زیرمجموعه کمینه همراه با صحت زیرپیکسل استفاده می گردد.

در ادامه دو روش فوق را مطرح خواهیم نمود و نتایج آزمایشات با آنها را خواهیم آورد. این فصل شامل دو بخش زیر است:

(الف) روش زیرمجموعه کمینه

(ب) روش صحت زیرپیکسل

¹ Minimal subset

² Member points

الف: روش زیرمجموعه کمینه [۱۴، ۱۳]

۱- مقدمه

یک ساختار هندسی اولیه، منحنی یا سطحی است که بتوان آن را توسط یک معادله با تعدادی پارامتر آزاد توصیف نمود. داده های هندسی لیست نامرتبی از نقاط در فضای دو یا سه بعدی کارتزین میباشند. یکی از مسایل مورد توجه در زمینه بینایی بر اساس مدل، استخراج ساختارهای هندسی اولیه و از پیش تعریف شده از داده های هندسی است. برای مسایلی از جمله تعیین موقعیت اجسام، ساختن مدل و تشخیص اشیاء در تصاویر، استخراج ساختار هندسی اولیه از گامهای پایه محسوب میشود.

یکی از معمولترین روشهایی که برای هدف فوق بکار میرود، تبدیل هاف است. اما این روش، بعلاوه افزایش نمایی حافظه لازم با افزایش بعد فضای پارامترهای ساختار، برای ساختارهای ساده مناسب است. از طرفی الگوریتم های ژنتیکی برای مسایل بهینه سازی سختی که نویزی، چند بعدی، و با تعداد مینیمم های محلی زیاد باشند، مناسب تشخیص داده شده است. بهمین دلیل از الگوریتمهای ژنتیکی برای حل مساله استفاده مینماییم.

برای تشخیص یک شکل یا ساختار در تصویر، ورودی یک تصویر متشکل از N نقطه است. فرض میکنیم هر شکل را بتوانیم توسط یک رابطه به شکل کلی $f(p,a)$ نشان دهیم که در آن p تعداد نقاط داده و a بردار پارامترهای شکل موردنظر است. برای مثال یک خط دوبعدی را میتوان با رابطه $a_0+a_1x+a_2y=0$ نشان داد که بردار (a_0,a_1,a_2) نشان دهنده بردار پارامترها و (x,y) نقطه داده است.

برای بازنمایی فضای مساله، میتوان از زیرمجموعه کمینه^۱ از نقاط عضو^۲ برای ساختن کروموزوم استفاده کرد و برای استخراج ساختار هندسی اولیه مراحل زیر را دنبال نمود:

- (۱) انتخاب تصادفی تعدادی از زیرمجموعه های کمینه از داده های هندسی
- (۲) ارزشیابی ساختار هندسی که از زیرمجموعه میگذرد (با استفاده از تابع هزینه)
- (۳) اعلام بهترین ساختار از ساختارهای مرحله قبل

در ادامه چگونگی انجام این مراحل را مطرح خواهیم کرد.

۲- زیرمجموعه های کمینه و استخراج ساختار هندسی اولیه

ورودیهای یک الگوریتم استخراج ساختار، N نقطه در فضای کارتزین، بعلاوه معادله توصیف کننده ساختاری که باید استخراج شود میباشند. برای مثال میتوان ساختارهای خط، دایره، و بیضی را در فضای دوبعدی، و ساختارهای صفحه، کره، مخروط، استوانه، و حلقه را در فضای سه بعدی مثال زد.

^۱ Minimal subset

^۲ Member points

زیرمجموعه کمینه، کمترین تعداد نقاط لازم برای تعریف یک نمونه یکتا از یک ساختار هندسی میباشد. چنین زیرمجموعه‌های می‌تواند معرف تمام نقاط دیگر ساختار باشد و آنرا مشخص نماید. تعداد نقاط لازم در زیرمجموعه کمینه، یکی کمتر از اندازه بردار پارامتر معادله توصیفی ساختار میباشد. این تعداد نقاط، که آنرا P مینامیم، یک ساختار یکتا را مشخص میکنند. برای مثال برای تعریف یک دایره سه نقطه و برای تعریف یک بیضی پنج نقطه لازم و کافی است. از نقاط هر زیر مجموعه کمینه، میتوان یک ساختار را بدون خطا گذراند و بردار پارامتر a را با توجه به این نقاط محاسبه نمود. بردار پارامتری که بدست می آید، این امکان را بوجود می آورد که با استفاده از معادله ساختار موردنظر، فاصله نقاط داده را از ساختار بدست آمده محاسبه نماییم. این فواصل پسماند نامیده میشوند و برای محاسبه تابع هزینه هر ساختار بکار میروند.

۳- استفاده از الگوریتم ژنتیکی

در این روش مجموعه اولیه ای از کروموزومها انتخاب میشود که آنرا جمعیت اولیه مینامیم. سپس با استفاده از عملگرهای ژنتیکی، مانند ترکیب^۱ و جهش^۲، جمعیت متکامل میشود تا به یک عضو بهینه همگرا گردد. معمولاً رسیدن تا این مرحله لازم نیست، بلکه در صورت یکی بودن بهترین عضو جمعیت در چند تکرار، میتوان الگوریتم را خاتمه داد.

بازنمایی: برای بازنمایی کروموزوم هر فرد در جمعیت، با توجه به زیرمجموعه کمینه میتوان هر فرد را در یک ساختار هندسی اولیه در نظر گرفت و کروموزوم را از P ژن تشکیل داد، که هر یک یکی از نقاط در زیرمجموعه کمینه توصیف کننده ساختار باشند. از آنجاییکه N نقطه در داده های هندسی موجود است، برای نشان دادن هر نقطه در زیرمجموعه کمینه میتوان از شماره نقطه که عددی بین یک تا N است، استفاده نمود. برای مثال اگر ۱۰ نقطه داده داشته باشیم و بخواهیم زیرمجموعه کمینه را از نقاط اول، ششم، و نهم تشکیل دهیم، کروموزوم بصورت $\{1,6,9\}$ درخواهد آمد. از آنجاییکه در زیر مجموعه کمینه نمیتوان از دو نقطه یکسان استفاده نمود، در کروموزوم نیز دو ژن یکسان ممکن نمیشود. بعلاوه ترتیب ژنها دارای اهمیت نیست.

ارزشیابی: برای ارزشیابی هر کروموزوم، میتوان از تابع هزینه ای استفاده نمود که بصورت تعداد نقاط داده های هندسی که در یک قالب خاص در اطراف ساختار هندسی قرار میگیرند، تعریف شده باشد. برای اینکار ساختاری از نقاط زیرمجموعه کمینه تشکیل دهنده هر کروموزوم گذر داده میشود و بردار پارامتر آن بدست می آید. برای تمام نقاط داده، فاصله تا این ساختار محاسبه میشود و در صورتی که از آستانه ای کمتر باشد، یا عبارتی داخل قالب قرار گیرد، جزو نقاط ساختار شمرده خواهد شد. هر چه تعداد نقاط در این قالب بیشتر باشد، احتمال نامناسب بودن این ساختار کمتر است. اندازه قالب را معمولاً با توجه به واریانس داده های هندسی انتخاب مینمایند. میتوان آن را بعلاوه یا منهای یک پیکسل در اطراف ساختار در نظر گرفت.

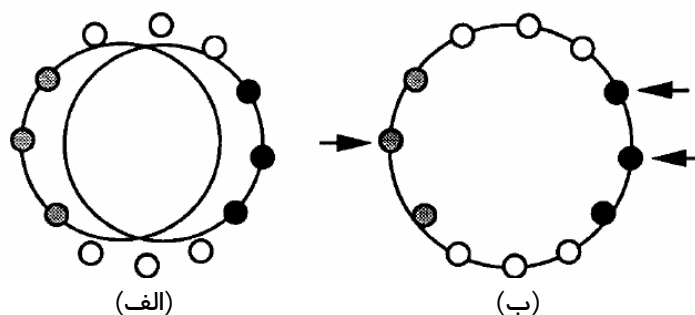
¹ Crossover

² Mutation

جمعیت اولیه: تعداد جمعیت اولیه را بصورت تصادفی انتخاب میکنیم. معمولاً تعداد افراد جمعیت بین حداقل ۵۰ نفر و حداکثر چند صد نفر در نظر گرفته میشود. برای انتخاب جمعیت اولیه، داده های هندسی به نواحی تقسیم میشوند، بطوریکه در هر ناحیه تعداد کمی داده هندسی موجود باشد. سپس انتخاب تصادفی زیرمجموعه کمینه در هر ناحیه صورت میگیرد. با توجه به اینکه انتخاب در یک ناحیه کوچک انجام میشود، احتمال اینکه نقاط انتخاب شده به یک ساختار تعلق داشته باشند، بیشتر است.

ترکیب: دو ساختار برای تولیدمثل (با ترکیب) و جهش از میان جمعیت با فرکانسی متناسب با تابع هزینه شان انتخاب میشوند تا دو ساختار فرزند جدید ایجاد نمایند. برای ترکیب دو کروموزوم، ژنها بصورت تصادفی بین دو والد جابجا میشوند تا فرزندان بدست آیند. عملگر مورد استفاده، عملگر ترکیب یکنواخت^۱ است. برای مثال اگر دو والد بصورت $\{1,6,9\}$ و $\{5,3,4\}$ داشته باشیم، در صورت ترکیب روی ژن دوم دو فرزند $\{1,3,9\}$ و $\{5,6,4\}$ بوجود می آیند.

نقش ترکیب در الگوریتم های ژنتیکی بسیار با اهمیت است، زیرا سبب الحاق ژنهای باارزش و بدست آوردن کروموزومهای با ارزش میشود. برای مثال در شکل ۶۳ یک دایره در تصویر وجود داشته است. دو کروموزوم در نسل والد، دو دایره را تشخیص داده اند (شکل ۶۳- الف). با ترکیب این دو کروموزوم، کروموزومی بدست می آید که در شکل ۶۳-ب نقاط مجموعه کمینه متناظرش با پیکان نشان داده شده اند. این کروموزوم فرزند قادر است دایره بزرگتر را تشخیص دهد و بدلیل اینکه نقاط بیشتری روی این ساختار واقع میشوند، دارای ارزش بیشتری نسبت به دو والدش است.



شکل ۶۳- (الف) تشخیص قسمتی از دایره توسط دو کروموزوم والد و (ب) تشخیص کامل دایره توسط کروموزوم فرزند

انتخاب: این دو فرزند به جمعیت اضافه میشوند و دو نفر از جمعیت که دارای کمترین مقدار تابع هزینه هستند، از جمعیت حذف میگردند تا تعداد افراد جمعیت ثابت بماند. بعبارتی از انتخاب حالت پایدار^۲ استفاده میشود.

^۱ Uniform crossover operator

^۲ Steady-state

شرط خاتمه: این الگوریتم تا رسیدن به همگرایی تکرار میشود. همگرایی را میتوان بصورت مرحله ای تعریف کرد که در آن طی ۵۰ مرحله تولیدمثل قبل بهترین عضو جمعیت ثابت مانده باشد.

بهترین عضو جمعیت، توصیف کننده ساختار هندسی موردنظر است و بوسیله کروموزوم آن، میتوان پارامترهای ساختار را ساخت. بعلاوه بکمک آن میتوان تمام نقاط داده های هندسی را که متعلق به این ساختار هستند، مشخص نمود. برای یافتن سایر ساختارهای موجود در تصویر، جستجو برای ساختارهای هندسی در نقاط داده باقیمانده تکرار میشود. اینکار تا رسیدن به ساختار هندسی که تابع هزینه آن از مقدار قابل قبولی کمتر است، انجام میگردد.

۴- نتایج پیاده سازی

در آزمایشات انجام گرفته به روش فوق، نشان داده شده است که نحوه عملکرد روش به میزان زیادی به جمعیت اولیه بستگی دارد. برای ایجاد جمعیت اولیه میتوان از زنجیره های متصل استفاده کرد. هر زنجیره، مجموعه متصلی از نقاط لبه است. نقاط لبه در ابتدا به زنجیره ها تقسیم میشوند. انتخاب تصادفی در هر زیرمجموعه یا زنجیره بطور مجزا انجام میگردد، بنابراین شانس انتخاب نقاط بالا میرود. این روش نتایج خوبی داشته است.

در مقایسه با روش هاف، این روش نیز مانند روش هاف روشی کارا و پایدار است، به این معنا که ساختار هندسی صحیح در تصویر یافت میشوند، حتی اگر اطلاعات نویزی یا ناقص باشند. عیب روش ذکر شده این است که برای یافتن هر ساختار در شکل الگوریتم باید دوباره تکرار شود، در حالیکه در روش هاف در یک دور، همه ساختارها یافت میشوند. بنابراین روش ذکر شده برای تعدادمحدود ساختارها مناسب است.

ب: روش صحت زیرپیکسل [۱۵،۱۶]

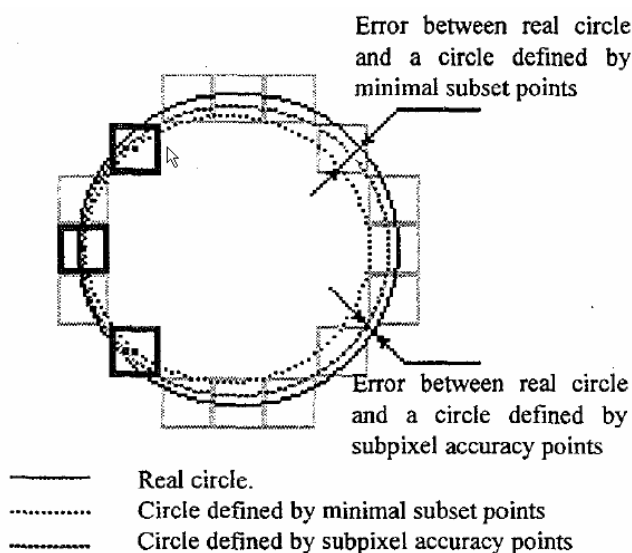
۱- مقدمه

همانطور که در روش قبل گفته شد، میتوان یک زیرمجموعه کمینه از نقاط را به بردار پارامتر تبدیل کرد. بکمک این بردار پارامترها، همراه با رابطه شکل موردنظر میتوان فاصله نقاط داده های شکل را با شکل موردنظر محاسبه نمود. این فواصل را پسماند^۱ مینامند و از طریق آنها تابع هزینه هر شکل محاسبه میشود.

اگر N نقطه داده وجود داشته باشد و اندازه مجموعه کمینه R باشد، آنگاه $\binom{N}{R}$ زیرمجموعه کمینه وجود دارد. حال آنکه اگر از زیرمجموعه های کمینه استفاده نکنیم، هر بردار پارامتر ممکن a یک جواب خواهد بود. در نتیجه استفاده از زیرمجموعه های کمینه فضای جستجوی الگوریتم تشخیص را کاهش زیادی میدهد.

الگوریتم روش قبل را میتوان به اینصورت خلاصه نمود: برای مجموعه ای از N نقطه و تابع هزینه $h(r)$ ابتدا مجموعه ای از R نقطه بصورت تصادفی انتخاب نماییم. سپس بردار پارامتر شکل یعنی a را برای همه R نقطه پیدا کنید. مقادیر پسماند r_1, \dots, r_N را برای مجموعه N نقطه با توجه به $f(p, a)$ محاسبه کرده، در انتها مناسب بودن این مجموعه انتخاب شده را با ارزشیابی تابع هزینه $h(r_1, \dots, r_N)$ ارزش دهید.

با توجه به رزولوشن کم اکثر تصاویر در مسایل بینایی ماشین، صحت و سرعت همگرایی روش فوق بسیار کم خواهد بود. با توجه به اینکه تشخیص با صحت بالا بکمک نقاط زیرمجموعه کمینه بسیار مشکل است، از تعریف نقاط زیرمجموعه کمینه همراه با صحت زیرپیکسل استفاده میکنیم (شکل ۶۴).



شکل ۶۴- تعریف دایره با صحت زیرپیکسل

¹ Residual

۲- صحت زیرپیکسل^۱

برای دستیابی به صحت زیرپیکسل میتوان از مدل وجه^۲ استفاده کرد. یکی از موارد عمومی استفاده از لاپلاسین استفاده از آن در یافتن مکانهای لبه است. برای اینکار از نقاط گذر از صفر آن استفاده میشود. این مفهوم بر اساس کانولوشن یک تصویر با لاپلاسین تابع گاسی (یا LoG) بنا شده است.

نقاط گذر از صفر میتوانند به خوبی مکان لبه ها را مشخص نمایند. میتوان فرض کرد که در همسایگی یک گذر از صفر، تصویر فیلتر شده قابل مدل شدن با یک چند ضلعی^۳ است. مقادیر زیرپیکسل با نمونه برداری از این تابع پیوسته در فواصل منظم صورت میگیرد که تناوب آن به رزولوشن مطلوب بستگی دارد. همچنین میتوان فرض نمود که در یک همسایگی ۳×۳ چندضلعی موردنظر دارای معادله زیر است:

$$f(x,y) = k_0 + k_1x + k_2y + k_3x^2 + k_4xy + k_5y^2 + k_6x^2y + k_7xy^2 + k_8x^2y^2$$

برای محاسبه ضرایب استفاده از مجموعه چندضلعی ارتوگونال چبی شف^۴ پیشنهاد شده است.

۳- ترکیب الگوریتمهای ژنتیکی با صحت زیرپیکسل

استفاده از روش الگوریتمهای ژنتیکی همراه با مجموعه کمینه نقاط داده، همانطور که گفتیم، دارای ضعف هایی میباشد. از جمله اینکه برای تشخیص با صحت بالا مناسب نیست. بعلاوه با این روش نمیتوان چند شکل را بطور همزمان در تصویر یافت.

با توجه به مشکلات فوق میتوان الگوریتم را بصورت زیر و با استفاده از صحت زیرپیکسل تغییر داد:

- جمعیت اولیه $M(0)$ را بصورت تصادفی ایجاد کن و تابع هزینه را برای هر فرد جمعیت محاسبه نما.

- حلقه زیر را تکرار کن:

۱- اگر تابع هزینه دارای مقدار رضایت بخش است، توقف کن.

۲- جمعیت نسل بعد $P(t+1)$ را با انتخاب دو نفر از جمعیت $M(t)$ با احتمال مشخص برای ایجاد فرزند توسط عملگرهای ژنتیکی ایجاد کن.

۳- تابع هزینه را برای فرزندان محاسبه کن.

۴- برای افرادی که دارای ارزش بالا هستند، تمام نقاط زیرمجموعه را با صحت زیرپیکسل تصحیح کن.

¹ Subpixel accuracy

² Facet

³ Polynomial

⁴ Chebyshev discrete orthogonal polynomial set

۱-۴ یک نقطه (x,y) را در نقاط زیرمجموعه کمینه انتخاب کن. همسایگی این نقطه را با فیلتر LOG کانوالو نما و تصویر فیلتر شده I_{LoG} را بدست آور.

۲-۴ برای هشت همسایه نقطه، مقدار تابع حقیقی $f(x,y)$ را که برای تمام نقاط حقیقی تعریف شده است محاسبه کن، به اینصورت که مجموعه چندضلعی را به مقادیر پاسخ فیلتر در مکان متناظر I_{Log} برآزش ده.

۳-۴ وقتی $f(x,y)=0$ (معادله ای که منحنی گذر از صفر را تعیین میکند)، یک نقطه جواب از معادله منحنی را با صحت زیرپیکسل بدست آور.

۴-۴ برای تمام نقاط زیرمجموعه، آنها را با صحت زیرپیکسل تصحیح کن. برای اینکار از مراحل ۱-۴ تا ۳-۴ استفاده نما.

۵-۴ متناظر با نقاطی که به نقاط زیرمجموعه جدید تصحیح شده اند، تابع هزینه افراد جمعیت را محاسبه کن.

۶-۴ اگر تابع هزینه جدید بیشتر از تابع هزینه قبلی است، نود را با پارامترهای جدید جایگزین کن.

۴- الگوریتم تشخیص همزمان چند شکل

الگوریتم روش قبل، همانطور که مطرح شد، دارای این اشکال است که برای تشخیص چند شکل در تصویر باید الگوریتم را چند بار به تصویر اعمال نمود. با استفاده از تابع هزینه استاندارد شده و شباهت بین افراد میتوان در یک بار اعمال الگوریتم، چند شکل را در تصویر تشخیص داد.

۴-۱ تابع هزینه استاندارد

اگر مقدار تابع هزینه برای بهترین فرد جمعیت بالا باشد، در جمعیت های بعد پراکندگی را از دست خواهیم داد. به همین دلیل یافتن سایر ساختارها و شکلهای در تصویر مشکل میشود. برای جلوگیری از این امر میتوان از تابع هزینه استاندارد بصورت زیر استفاده نمود:

$$h(r_1, \dots, r_N) = \sum_{i=1}^N s(r_i) / \sum_{i=1}^M s(d_i)$$

در این رابطه N تعداد نقاط داده تصویر، R اندازه زیرمجموعه کمینه و r_i پسماندها یا فواصل نقاط کروموزوم با معادله شکل $f(p,a)$ میباشد. تابع s یک تابع پله است. اگر r_i کوچکتر یا مساوی عرض قالب باشد، آنگاه $s=1$ است و در غیر اینصورت $s=0$ میباشد. عبارتی $\sum_{i=1}^N s(r_i)$ تعداد نقاط تصویر را که درون قالب قرار میگیرند، میشمرد. بعلاوه M تعداد نقاط کل فضای تصویر است و d_1, \dots, d_M کوچکترین فاصله هر نقطه تا شکل مورد نظر میباشد. در نتیجه تابع هزینه استاندارد نشان دهنده نسبت نقاط داده شکل به کل تعداد نقاط داخل قالب با

عرض مشخص و در وسط شکل هندسی است. در نتیجه مقدار تابع هزینه به اندازه شکل هندسی بستگی نخواهد داشت.

۴-۲ شباهت بین افراد جمعیت

فرض میکنیم $a(a_0, \dots, a_R)$ و $b(b_0, \dots, b_R)$ بردارهای پارامتر دو فرد جمعیت باشد. فاصله بین این دو فرد، شباهت بین آن دو نامیده میشود:

$$S_{ab} = \sum_{i=0}^R w_i |a_i - b_i|$$

که در آن $\sum_{i=0}^R w_i = 1$ میباشد و w_i وزن هر یک از پارامترهای فرد است. اگر S_{ab} از مقدار آستانه ای که با توجه به کاربرد تعیین میگردد کمتر باشد، a و b را در یک کلاس طبقه بندی مینماییم.

۴-۳ تشخیص چند شکل با استفاده از الگوریتمهای ژنتیکی

برای استفاده از الگوریتم های ژنتیکی در تشخیص چند شکل در تصویر بطور همزمان از مفهومی بعنوان جمعیت طبقه بندی شده استفاده مینماییم. در این جمعیت یک نماینده از هر کلاس قرار دارد. این نماینده دارای بیشترین مقدار تابع هزینه در کلاس خود است. هر کلاس با استفاده از معیار شباهت تعریف میشود، عبارتی S_{ab} در هر کلاس از یک مقدار آستانه کوچکتر است.

الگوریتم بصورت زیر میباشد:

۱- بطور تصادفی یک جمعیت اولیه $M(0)$ را ایجاد کن و تابع هزینه و مقدار شباهت را برای هر فرد جمعیت محاسبه نما.

۲- یک جمعیت طبقه بندی شده اولیه مشتمل بر هر فرد با تابع هزینه بیشترین بعنوان نماینده هر کلاس ایجاد کن.

۳- حلقه زیر را تکرار نما:

۳-۱ جمعیت نسل بعد $M(t+1)$ را با انتخاب دو نفر از جمعیت $M(t)$ با احتمال مشخص برای ایجاد فرزندان با استفاده از عملگرهای ژنتیکی ایجاد کن.

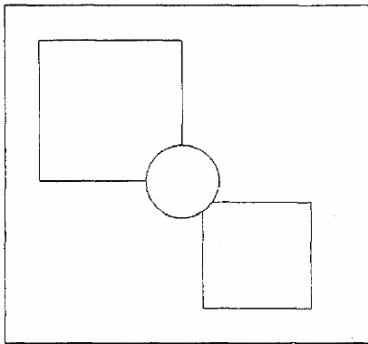
۳-۲ تابع هزینه و مقدار شباهت را برای فرزندان ایجاد شده محاسبه کن.

۳-۳ فردی از جمعیت طبقه بندی شده را با فردی با بالاترین مقدار تابع هزینه جایگزین کن (با توجه به مقدار شباهت).

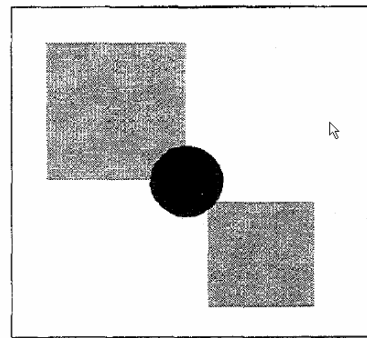
۳-۴ اگر تابع هزینه دارای مقدار رضایت بخش است، خارج شو.

۵- نتایج

در آزمایشات انجام شده به روش ذکر شده، نشان داده شده است که الگوریتم ژنتیکی همراه با صحت زیرپیکسل سریعتر از روش الگوریتم ژنتیکی به تنهایی عمل میکند. برای مثال در تصویر شکل ۶۵ (الف) یک تصویر خاکستری اولیه و در تصویر شکل ۶۵ (ب) نقاط مرز پیدا شده توسط الگوریتم مطرح گشته نشان داده شده است. این روش همچنین برای تصاویر طبیعی نیز مورد آزمایش قرار گرفته است.



(ب)



(الف)

شکل ۶۵- (الف) تصویر خاکستری اولیه، (ب) نقاط لبه تصویر.

فصل ششم

تشخیص حروف بکمک الگوریتم های ژنتیکی

تشخیص حروف نوشته شده توسط افراد مختلف یا توسط یک فرد ولی در زمانهای مختلف، نیاز به سیستمی دارد که بتواند بین ویژگیهای متمایز کننده هر حرف و ویژگیهای اضافی که در تشخیص به آنها نیازی نیست، تفاوت قایل شود. بطور کلی در روشهایی که برای طراحی چنین سیستمی بکار رفته اند، فرض می شود همه سبک های نوشتن، تغییر شکلی^۱ از یک الگوی ایده آل هستند. بنابراین برای ساختن سیستم تشخیص، لازم است این الگوهای ایده آل ساخته شده و به دسته بندی کننده^۲ داده شوند. با وجود این، یافتن چنین الگوهایی برای نوشته های دستنویس تقریباً غیر ممکن است. حروف در انواع و اقسام شکلها و الگوها توسط افراد مختلف با ساختارهای فیزیکی و روانی متفاوت نوشته می شوند. یافتن مدلی که برای همه افراد مفید باشد ممکن نیست، ولی مطلوب است مدلی پیدا کنیم که برای اکثریت افراد قابل استفاده باشد.

در اینجا می خواهیم سیستمی را معرفی کنیم که می تواند بصورت خودکار دانش خود را درباره شکل حروف دستنویس جمع آوری کرده، بهنگام درآورد و بعلاوه از این دانش برای طراحی یک دسته بندی کننده استفاده کند. عبارتی سیستمی مورد نظر است که بتواند الگوهای ایده آل (پروتو تایپ^۳) را از مجموعه نمونه های ارایه شده به آن یاد بگیرد و هرگاه مجموعه نمونه های آن برای یادگیری ناکافی باشد، این مجموعه را بهنگام درآورد.

¹ Deformation

² Classifier

³ Prototype

الف: نمونه سازی شکل حروف [۱۷،۱۸]

۱- کد کردن شکل حروف

از آنجاییکه اطلاعات بصورت رشته های کروموزوم توسط GA مورد استفاده و تکامل قرار می گیرند، لازم است در کد کردن جوابها دقت کافی شود. دو خصوصیت هنگام کد کردن مورد اهمیت است: فرضیه بلوک سازنده^۱ و پیوستگی^۲. فرضیه بلوک سازنده از بین نرفتن اطلاعات را هنگام جدا کردن قطعه ای از رشته از قطعه دیگر تضمین می کند و در صورت پیوستگی کامل، جهش های متوالی روی یک رشته منجر به مسیر پیوسته ای در فضای ویژگی خواهد شد. در صورتیکه این دو خصوصیت برای نحوه کد کردن جوابها برقرار باشد، کارایی جستجوی ژنتیکی بالا خواهد رفت. بعلاوه از آنجاییکه فضای جستجو با طول رشته کروموزوم رابطه نمایی دارد، لازم است توصیف حروف تا آنجاییکه درجه ای از معکوس پذیری^۳ را حفظ کند، کوچک در نظر گرفته شود. در اینجا برای هر حرف، حداکثر چهار مولفه توصیفگر اختیار شده است.

با توجه به آنچه گفته شد، از توصیفی سلسله مراتبی برای شکل حروف استفاده شده، بطوریکه هر حرف از تعدادی مولفه اولیه^۴ تشکیل گشته است. مولفه ها به ترتیب نوشته شدن مرتب می شوند و پیشینه^۵ مولفه آخر، مولفه اول قرارداد می شود. الگوی ورودی با استفاده از یک الگوریتم تطبیق منحنی^۶ به مولفه های آن (پاره خطها و کمانهای دایره) شکسته می شود. هر مولفه با ۸ بیت بصورت زیر نشان داده می شود: جهت مولفه به ۸ مقدار کوانتیزه می گردد که ۳ بیت را اشغال می کند، انحنای ۴ مقدار کوانتیزه می شود که ۲ بیت را اشغال می کند، طول نسبی یا عبارتی نسبت طول مولفه به طول کل حرف تنها به ۲ مقدار و ۱ بیت کوانتیزه می گردد، و نهایتاً رابطه فضایی^۷ بین مولفه و پیشینه اش با دو بیت ارایه می شود. یک بیت برای رابطه بالا/پایین و یک بیت برای چپ/راست. در صورتیکه نگاشت افقی یا عمودی دو مولفه مجاور روی هم بیافتد، بطوریکه رابطه فضایی نتواند چپ (بالا) یا راست (پایین) انتخاب شود، بیت متناظر با رابطه فضایی با علامت #^۸ جایگزین می شود. بنابراین هر حرف با ۳۲ بیت ارایه می شود که حد مناسبی برای نایل شدن به دو هدف متناقض، حفظ اطلاعات مجزا از شکل حرف تا جاییکه امکان دارد و حذف تفاوت موجود در شکل نمونه های مختلف یک حرف، می باشد.

روشی که برای کد کردن شکل حرف در نظر گرفته ایم فرضیه بلوک سازنده را ارضاء می کند، زیرا هر حرف از کد مولفه هایش تشکیل شده است. بعلاوه هر مولفه نیز از بلوک های کوچکتری تشکیل شده که

¹ Building block hypothesis

² Continuity

³ Reversibility

⁴ Component

⁵ Successor

⁶ Curve Fitting Algorithm

⁷ Spatial relationship

⁸ Don't care

هر یک یکی از خصوصیات مولفه را تشکیل می دهند. خاصیت پیوستگی بطور تقریبی ارضاء می شود، به این ترتیب که از روش کد گری^۱ برای ارایه جهت مولفه و انحنای مولفه استفاده می گردد.

۲- یادگیری ژنتیکی شکل حروف

یک دسته بندی کننده در یک محیط عمل می کند و از محیط فیدبک^۲ هایی دریافت می نماید. ساختار داخلی یک دسته بندی کننده از مجموعه ای از قوانین تشکیل شده است. به هر قانون یک عدد مثبت حقیقی به عنوان قوت قانون نسبت داده می شود که در هنگام یادگیری تغییر میکند یک سیستم دسته بندی کننده در دو فاز ارزشیابی قانون و اکتشاف قانون عمل می کند. در فاز ارزشیابی قانون ارتباط بین سیستم و محیط برقرار می شود و در فاز اکتشاف قانون، از GA برای تأمین قوانین جدید استفاده می گردد.

هدف از یادگیری ایجاد پروتوتایپ هایی برای استفاده در تشخیص است. در ادامه فرض می کنیم که هر بار یک دسته، هدف یادگیری است. پروتوتایپ ها باید از میان تعدادی از نمونه های کلاس مورد نظر (نمونه های مثبت) و همچنین تعدادی از نمونه های کلاسهای دیگر (نمونه های منفی) انتخاب شوند. فضای جستجوی ژنتیکی، فضای تشکیل شده از همه پروتوتایپ هاست، بنابراین ارایه مناسبی از توصیف حروف تعلیم داده شده لازم است. به همین منظور از نوع خاصی از رشته های تعلیم داده شده به نام شماتا^۳ استفاده گرفته است که رشته ای از سه علامت {0، 1، #} می باشد (Don't care، # است). بنابراین مقدار ارزشی که به هر پروتوتایپ تخصیص داده می شود، اندازه میزان تعمیم در مجموعه آموزشی است. این مقدار باید برای پروتوتایپ هایی که تعداد زیادی از نمونه های مثبت و تعداد کمی از نمونه های منفی را می پوشانند بزرگ باشد. هدف بدست آوردن پروتوتایپ هایی است که بیشتر نمونه های مثبت را پوشانده هیچ یک از نمونه های منفی را شامل نشوند. دسته بندی کننده با استفاده از قوانین خود روی مجموعه آموزشی عمل می کند. هر گاه یک نمونه مثبت را تشخیص دهد، یک امتیاز و هر گاه یک نمونه منفی را دسته بندی کند، یک تنبیه دریافت می نماید.

۳- نمونه ساز ژنتیکی^۴ و آزمایشات

نتایج آزمایشات با روشهای فوق نشان می دهد که سیستم کاراست، ولی تنها درصد کمی از مجموعه آموزشی توسط پروتوتایپ ها پوشانده می شوند. دلیل این مشکل اتکا به الگوریتم های ژنتیکی برای بهینه سازی قوانین دسته بندی کننده است. با چنین روشی، پوشش کامل تغییرات موجود در نمونه های یک کلاس به حداقل سه دلیل زیر ممکن نمی باشد :

¹ Gray Code

² Feedback

³ Schemata

⁴ Genetic Prototyper

(۱) هر قانون مستقل از سایر قوانین و تنها برای درجه تعمیمش ارزشیابی می شود. حال آنکه اگر برای مثال هر قانون ملزم به پوشش تعدادی از نمونه های مثبت باشد، می تواند ارزش زیادی به خود اختصاص می دهد، اگر چه تعمیم آن به هیچ وجه خوب نیست.

(۲) سیستم مجاز به فراموش کردن قوانین با قوت کم است، بنابراین سیستم حافظ اطلاعات^۱ نیست.

(۳) همگرایی به نحوی است که همه قوانین کپی هایی از تعداد کمی از قوانین برتر در جمعیت هستند. اگر تعداد جوابهای جمعیت ثابت فرض شود، این بدین معناست که فضای کافی برای کشف و حفظ جوابهایی با ارزش پایین تر وجود ندارد.

نتایج بدست آمده لزوم پیشنهاد روشی دیگر برای هدف مورد نظر را ایجاب می نماید. در روش دیگری که مطرح می نمایم، محدودیت جمعیت با تعداد ثابت را بر می داریم و در عوض سیستم را با فرآیند های بررسی افزونگی^۲ و الگوریتم حذف^۳ تجهیز می کنیم، بطوریکه جمعیت در هر زمان یک مجموعه صحیح^۴ باشد. در صورتیکه جمعیت مجموعه صحیح نباشد، افراد برتر جمعیت شانس بیشتری برای انتخاب شدن و تغییر یافتن دارند. در اینجا فرض شده است که یک الگوریتم انتخاب چرخ رولت^۵ ساده که به یک مجموعه صحیح اعمال می شود، می تواند جستجو را در اطراف جوابهای برتر متمرکز کند.

نحوه عملکرد سیستم به صورت زیر است. در هر گام الگوریتم تعداد ثابتی قانون به مجموعه قوانین اضافه می شوند (تولید)، سپس قوانین افزون^۶ در صورت وجود حذف می گردند (انتخاب). در فاز تولید عملاً کپی هایی از قوانین موجود با روش انتخاب چرخ رولت ایجاد شده، سپس تحت عملگرهای ترکیب و جهش قرار می گیرند. در فاز انتخاب کپی های قوانین موجود و همچنین قوانینی که قوانین کلی تر آنها را شامل می شوند، حذف می گردند.

قابل توجه است که در چنین سیستمی، الگوریتم ژنتیکی ممکن است قوانین بیشتر و بیشتری تولید کند، بدون آنکه افزونگی مطرح باشد و این باعث بزرگ و بزرگ تر شدن جمعیت گردد. برای بررسی این امکان، این روش بر روی یک مسأله ساده، یافتن اعداد کوچکتر از ۶۴، تست شد. همه اعداد اول کوچکتر از ۶۴ بعنوان نمونه های مثبت و همه اعداد غیر اول کوچکتر از ۶۴ بعنوان نمونه های منفی در مجموعه آموزشی قرار داده شدند. ابتدا همه نمونه های مثبت به سیستم داده شد تا توصیفی عمومی برای پوشش همه نمونه های مثبت بیابد. تابع ارزشیابی بصورت تفاوت بین تعداد نمونه های مثبت و نمونه های منفی تحت پوشش یک قانون تعریف شد. تعداد قوانین ممکن $3^6 = 729$ و تعداد قوانین پوشش دهنده همه اعداد اول (بعلاوه تعدادی از

¹ Information Preserving

² Redundancy Check

³ Elimination Algorithm

⁴ Proper Set

⁵ Roulette wheel selection

⁶ Redundant Rule

اعداد غیر اول (دو عدد می باشد. سیستم بطور متوسط در ده اجرا، تعداد ۶۰۰ ارزشیابی انجام می دهد، بین سه تا پنج قانون می یابد، در حالیکه اندازه جمعیت بطور یکنواخت تا ۲۵ قانون افزایش می یابد.

در آزمایشی دیگر ۵۰۰۰ عدد که توسط ۵۰ نفر نوشته شده بودند، جمع آوری و به سیستم داده شوند. برای شروع از ۶۰۰ قانون که ۵۰ تا ۱۰۰ عدد آنها به هر کلاس تعلق داشت، استفاده شد. تابع ارزشیابی نیز بصورت تفاوت بین تعداد نمونه های مثبت و منفی پوشش داده شده توسط یک قانون تعریف شد. سیستم بطور متوسط پس از ۱۰ اجرا، تعداد ۱۰۰۰۰ ارزشیابی انجام داده، بین دو تا هفت قانون بسته به کلاس یادگرفته شده می یابد. در طول آزمایش اندازه جمعیت تا ۲۰۰ قانون زیاد می شود.

نتایج بدست آمده از آزمایشات نشان می دهد که در روش جدید فضای جستجوی الگوریتم بی رویه بزرگ نخواهد شد و باعث کارایی بهتر جستجو می گردد و از یک الگوریتم ژنتیک استاندارد بهتر عمل می کند.

فصل هفتم

استفاده از الگوریتم های ژنتیکی در ابزار مورفولوژی

در این فصل می‌خواهیم از الگوریتم‌های ژنتیکی برای طراحی و تجزیه فیلترهای مورفولوژی بهره بگیریم. این فصل شامل چهار بخش است:

الف: طراحی فرآیندهای سلسله مراتبی مورفولوژی

ب: طراحی فیلترهای مورفولوژی

پ: طراحی فیلترهای مورفولوژی غیر استاندارد

ت: تجزیه عناصر ساختاری مورفولوژی

در بخش اول با داشتن یک تصویر اولیه و یک تصویر هدف می‌خواهیم فرآیندی از عملگرهای مورفولوژی بدست آوریم که بتواند بطور اتوماتیک تصویر اولیه را به تصویر هدف تبدیل کند. فیلترهای مورفولوژی دسته مهمی از فیلترهای پردازش سیگنال دیجیتال غیر خطی هستند که کاربردهای زیادی در کاهش نویز، تشخیص لبه، و تشخیص شیء دارند. ولی روشهای طراحی آنها احتیاج به مهارت زیادی در مورفولوژی ریاضی دارد و کار ساده‌ای نیست. در بخش دوم هدف مطرح ساختن روشی مبتنی بر GA برای طراحی این فیلترهاست. بعلاوه در بخش سوم با تغییر تعریف استاندارد فیلترهای مورفولوژی، برای بدست آوردن استحکام^۱ بیشتر در عین حفظ ویژگیهای مطلوب، فیلترهای مورفولوژی غیر استاندارد حاصل شده، طراحی آنها با استفاده از الگوریتمهای ژنتیکی مطرح میگردد.

یک عنصر ساختاری مورفولوژی در رابطه با مجموعه‌ای از عملگرهای مورفولوژی مشخص مثال گسترش^۲ محدب نامیده می‌شود اگر برای مجموعه‌ای از عناصر ساختاری بتوان آن را بصورت زنجیره‌ای از گسترش‌ها روی عناصر نشان داد. در غیر اینصورت برای آن مجموعه از عناصر ساختاری غیر محدب^۳ است و تنها می‌توان آن را بصورت زنجیره‌ای از عملگرهای بولین روی عناصر محدب (پارتیشن‌ها^۴) مطرح کرد.

تجزیه عناصر ساختاری باینری به زنجیره‌ای از عاملهای اولیه بسیار حائز اهمیت است. این تجزیه در سیستمهای معمولی (سریال) و همچنین در سیستمهای SIMD (موازی) کار پیاده‌سازی عملگرهای مورفولوژی را ساده می‌کند. با توجه به اینکه برای تجزیه عناصر محدب، روشهای معینی مطرح شده ولی تجزیه عناصر غیر محدب هنوز مسأله‌ای حل نشده است، در این بخش چهارم می‌خواهیم پاسخ مناسبی برای مسأله تجزیه بهینه عناصر ساختاری غیر محدب به رشته‌ای از عملگرهای اولیه بیابیم.

^۱ Robustness

^۲ Convex

^۳ Nonconvex

^۴ Partitions

الف : طراحی فرآیندهای سلسله مراتبی مورفولوژی [۱۹]

با داشتن یک تصویر اولیه و یک تصویر هدف می خواهیم فرآیندی از عملگرهای مورفولوژی بدست آوریم که بتواند بطور اتوماتیک تصویر اولیه را به تصویر هدف تبدیل کند. برای اینکار از الگوریتم های ژنتیکی استفاده می شود.

۱_ عملگرهای گسترش یا فرسایش

عملگرهای گسترش یا فرسایش، عملگرهای پایه برای فرآیندهای پردازش تصویر می باشند. بسته به اینکه همسایگی چهار تایی یا هشت تایی در نظر گرفته شود، می توان چهار عملگر بصورت زیر داشت :

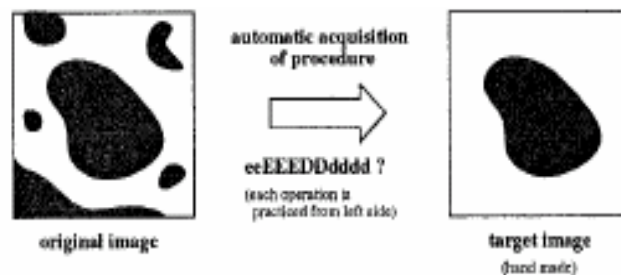
e: فرسایش چهار همسایگی

E: فرسایش هشت همسایگی

d: گسترش چهار همسایگی

D: گسترش هشت همسایگی

با داشتن یک تصویر اولیه و یک تصویر هدف که از حذف پیکسلهای اضافی بطور دستی بدست آمده است (شکل ۶۶)، می خواهیم فرآیندی از عملگرهای گسترش و فرسایش بسازیم که بتواند بطور اتوماتیک تصویر اولیه را به تصویر هدف تبدیل کند.



شکل ۶۶- تصویر اولیه و تصویر هدف

۲_ الگوریتم های ژنتیکی دوره ای^۱

برای استفاده از الگوریتم های ژنتیکی در بدست آوردن دنباله ای از عملگرهای گسترش و فرسایش که تصویر اولیه را به تصویر نهایی تبدیل کند، می توان عملگرهای گسترش و فرسایش را بصورت ژن و دنباله ای از آنها را بصورت یک کروموزوم در نظر گرفت. الگوریتم های ژنتیکی می توانند دنباله بهینه ای از عملگرها را بیابند.

¹ Genetic algorithm in an era

الگوریتم ژنتیکی را بصورت شکل ۶۷ استفاده می کنیم. فرآیند جستجو به شکل زیر است:

(۱) جمعیت اولیه را بساز. جمعیت اولیه از ۱۰۰ کروموزوم تشکیل می شود که هر کروموزوم از چهار نوع ژن تشکیل شده است. طول کروموزوم ها از چهار تا ۲۰ متغیر می باشد.

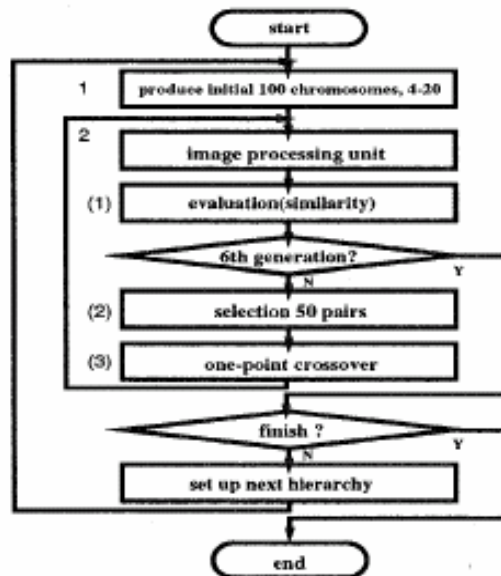
(۲) تا رسیدن به شرط خاتمه (نسل ششم) حلقه زیر را تکرار کن :

الف) محاسبه مقدار ارزش^۱ : محاسبه ارزش هر کروموزوم با استفاده از مفهوم شباهت^۲ (یک ضریب همبستگی نرمالیزه^۳) بین تصویر هدف و تصویر پردازش شده انجام می شود.

ب) انتخاب^۴ : با توجه به مقدار ارزش در جمعیت و با استفاده از روش چرخ گردان^۵، ۵۰ زوج از جمعیت را انتخاب کن.

ج) ترکیب : ترکیب بصورت یک نقطه ای انجام می گردد.

فرآیند فوق، حلقه داخلی شکل ۶۷ را نشان می دهد.



شکل ۶۷- طرح کلی جستجو با GA

استفاده از روش فوق و چهار عملگر فرسایش و گسترش نمی تواند همیشه ما را به نتایج مطلوب برساند. با توجه به امکان تصاویر متفاوت و پیچیده لازم است روش مفصل تری استفاده شود. بطور کلی می توان گفت سه حالت ممکن می باشد. حالت اول تبدیل مناسب تصویر اولیه به تصویر هدف است. حالت دوم

¹ Evaluation of fitness

² Similarity

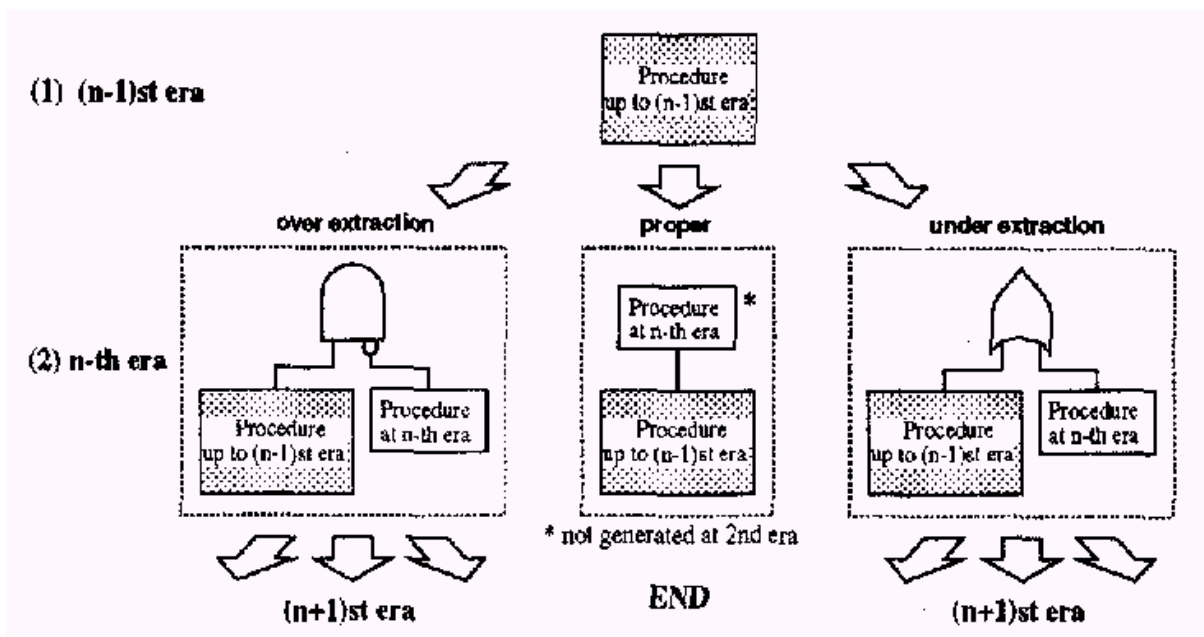
³ Normalized Correlation Coefficient

⁴ Selection

⁵ Roulette Rule

حالی است که تعداد پیکسل‌های استخراج شده بیش از تعداد لازم می باشد^۱ و حالت سوم، حالتی است که تعداد پیکسل‌های استخراج شده کمتر از تعداد لازم است^۲.

برای بدست آوردن نتایج بهتر، مفهوم دوره^۳ را در الگوریتم ژنتیکی استفاده می نمایم. دوره، یک بازه در تکامل دنباله ای از عملگرها (کروموزوم) است. در صورتیکه نتایج مورد قبول نباشد دوره جدیدی از تکامل آغاز می شود.



شکل ۶۸- ساختار اولیه ترتیب پردازش

با استفاده از AND، NOT و OR و دنباله های عملگرها می توان ساختار مورد نظر را بدست آورد (شکل ۶۸). سیستم مورد نظر ساختاری از فرآیندهای سلسله مراتبی را تولید می کند که برای ایجاد شکل هدف بکار می روند. ساختار بصورت یک درخت باینری مطرح می شود و نمایانگر پیچیدگی شکل هدف است. پس از دوره (n-1) ام، اگر مقدار ارزش یک جواب در جمعیت بالا است (برای مثال بیش از ۰/۹) فرآیند جستجو خاتمه خواهد یافت.

الف : حالت اول - تبدیل مناسب (قسمت وسط شکل ۶۸)

اگر تفاوت پیکسل‌های تصویر هدف و تصویر پردازش شده کم باشد، جستجو برای فرآیندی صورت می گیرد که پس از فرآیند (n-1) ام انجام گیرد. در این فرآیند، سیستم دنباله ای را می یابد که پیکسل‌های اضافی حاصل از (n-1) امین پردازش را حذف کند. سپس دنباله بدست آمده به دنباله مرحله قبل اضافه شده، جستجو به اتمام می رسد.

ب : حالت دوم - استخراج اضافی پیکسلها^۴ (قسمت چپ شکل ۶۸)

^۱ Over Extraction

^۲ Under extraction

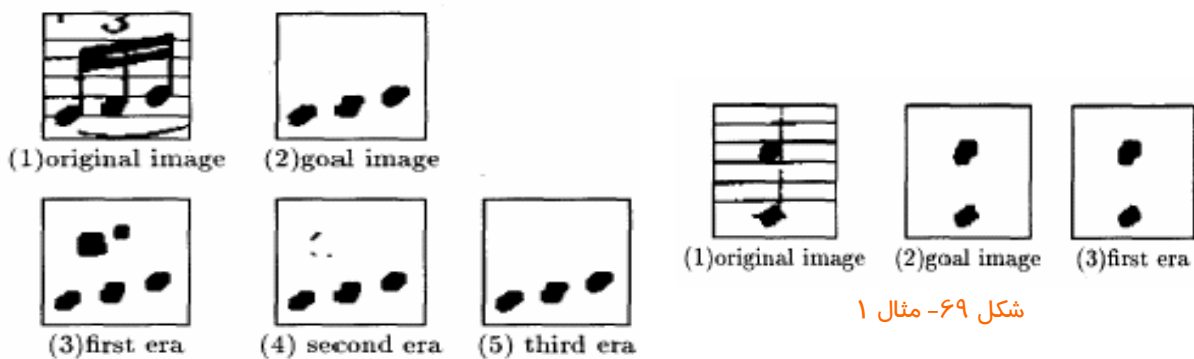
^۳ Era

^۴ Over extraction

اگر تعدادی از پیکسلها اضافی باشد، سیستم دنباله ای را می یابد که قسمتهای اضافی را بازیابی کند. سپس بین نتیجه دوره (n-1) ام و نتیجه دوره n ام، یک رابطه AND+NOT برقرار می شود. عبارتی تصویر زیر هدف از تفریق تصویر هدف از تصویر بدست آمده حاصل می شود بنابراین قسمت اضافی بصورت هدف جدید در این دوره مطرح می شود. پس از به نتیجه رسیدن این دوره دنباله بدست آمده با AND+NOT به ساختار قبل اضافه می شود.

ج : حالت سوم - استخراج ناکافی پیکسلها^۱ (قسمت راست شکل ۶۸)

اگر نتیجه بدست آمده دارای استخراج ناکافی باشد، جستجو برای دنباله ای انجام می شود که بتواند قسمت حذف شده را بازیابی کند. سپس بین دنباله بدست آمده و دنباله قبل رابطه OR برقرار خواهد شد. نحوه عمل مشابه حالت استخراج اضافی می باشد. در صورتیکه سیستم نتواند به نتیجه مطلوب دست یابد جستجو برای فرآیندی جدید در دوره (n+1) ام آغاز خواهد شد.



شکل ۶۹- مثال ۱

شکل ۷۰- مثال ۲

۳- نتایج آزمایشات

الف - مثال ساده

در اولین آزمایش با یک تصویر ۶۴*۶۴ (شکل ۶۹-۱) و شکل هدف مورد نظر شکل (۶۹-۲) نتیجه مطلوب در اولین دوره بصورت دنباله (EedDEDEdeD) بدست می آید. نتیجه اعمال این دنباله در شکل (۶۹-۳) آمده است. میزان همبستگی ۰/۹۶۳ بدست می آید که ادامه دوره دوم را منتفی می کند.

ب - مثال دوم : استفاده از AND + NOT

در مثال دوم تصویر اولیه بصورت شکل (۷۰-۱) و تصویر هدف بصورت شکل (۷۰-۲) می باشد. در دوره اول دنباله (eEEDDdddeDE) بدست می آید که نتیجه اعمال آن شکل (۷۰-۳) و میزان ارزش ۰/۵۴۸ است. در نتیجه لازم است جستجو در دوره دوم ادامه یابد.

¹ Under extraction

سیستم از ۱۰ زیر هدف برای گام دوم استفاده می نماید. اگر از بهترین ۱۰ تصویر دوره اول استفاده شود، تصاویر تفاوت چندانی نخواهد داشت. در نتیجه ۱۰ زیر هدف بصورت زیر ایجاد می شوند: ابتدا ۱۵۰ دنباله در جمعیت را با استفاده از فواصل بین آنها به ۱۰ گروه تقسیم می کنیم. سپس از ۱۰ گروه، بهترین آنها را با استفاده از ارزش همبستگی انتخاب می نماییم. تفاوت های تصویر اولیه و تصویر های بدست آمده، بعنوان زیر هدف های جدید بکار می روند.

با بررسی استخراج های اضافی و ناکافی ۱۰ نمونه انتخاب شده و می توان دید که استخراج های اضافی دارای پیکسلهای بیشتر هستند. بنابراین جستجو برای ساختارهای AND + NOT در دوره دوم انجام می گیرد. زیر هدف ها، قسمت های استخراج اضافی در ۱۰ نمونه می باشند. بنابراین ۱۰۰ ساختار AND + NOT بین ۱۰ دنباله دوره اول و ۱۰ دنباله دوره دوم ساخته می شود و میزان ارزش آنها محاسبه می گردد. بهترین دنباله در دوره دوم $\overline{dEeEdEEeDddD} \cap EEddeEDdeDdDE$ می باشد که ارزش ۰/۸۸۴ دارد.

پس از دوره دوم و با بررسی ۱۰ نمونه می توان دید که پیکسلهای استخراج اضافی و ناکافی هر دو بسیار اندکند. بنابراین در دوره سوم از دنباله اتصالی^۱ استفاده می شود. جستجو برای دنباله های جدید صورت می گیرد که پس از ۱۰ نمونه برتر از ساختارهای AND + NOT دوره دوم اعمال شوند و بتوانند تفاوت های اندک بین تصویر هدف و نتایج دوره دوم را بر طرف کنند. همانند دوره اول، در دوره سوم شش نسل توسط GA ایجاد می شوند. در نهایت بهترین ساختار بصورت

$$(EDdedeEdEDed (eDEEDDddeeDE \cap \overline{dEeEdEEeDddD}))$$

پیدا می شود که دارای ارزش ۰/۹۸۷ است. شکل ۷۱ مراحل این جستجو را نشان می دهد. در دوره دوم یک ساختار AND + NOT و در دوره سوم یک ساختار اتصالی مورد استفاده بوده است.

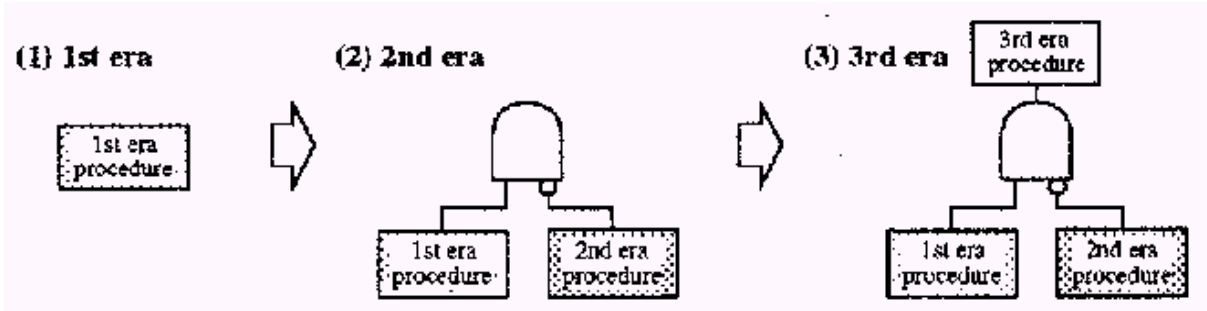
ج - مثال سوم: استفاده از ساختار AND + NOT و ساختار OR

در صورتیکه تصویر اولیه شکل (۱-۷۲) و تصویر هدف شکل (۲-۷۲) باشد، در دوره دوم با مقایسه تصاویر نتیجه و تصویر هدف استفاده از ساختار AND + NOT لازم بنظر می رسد. در دوره سوم نیاز به ساختار OR داریم و در دوره چهارم از ساختار اتصالی استفاده خواهد شد. مراحل جستجو در شکل ۷۳ و بهترین نتیجه در شکل (۶-۷۲) نشان داده شده است که حاصل اعمال دنباله

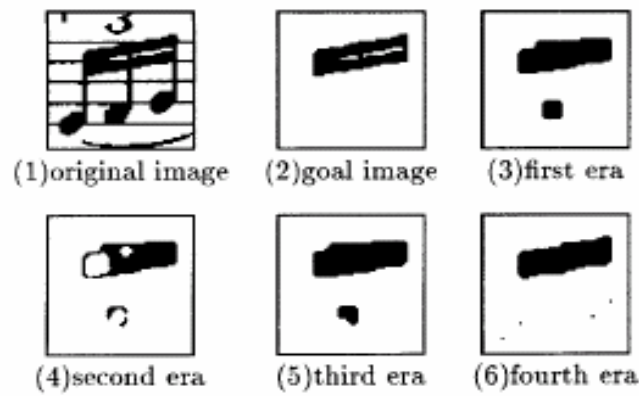
$$DdDeeDEdEe ((eDDeEEddEDED \cap \overline{eEEDDDEDEedd}) \cup EEEedddD))$$

است و ارزش ۰/۸۷۷ دارد.

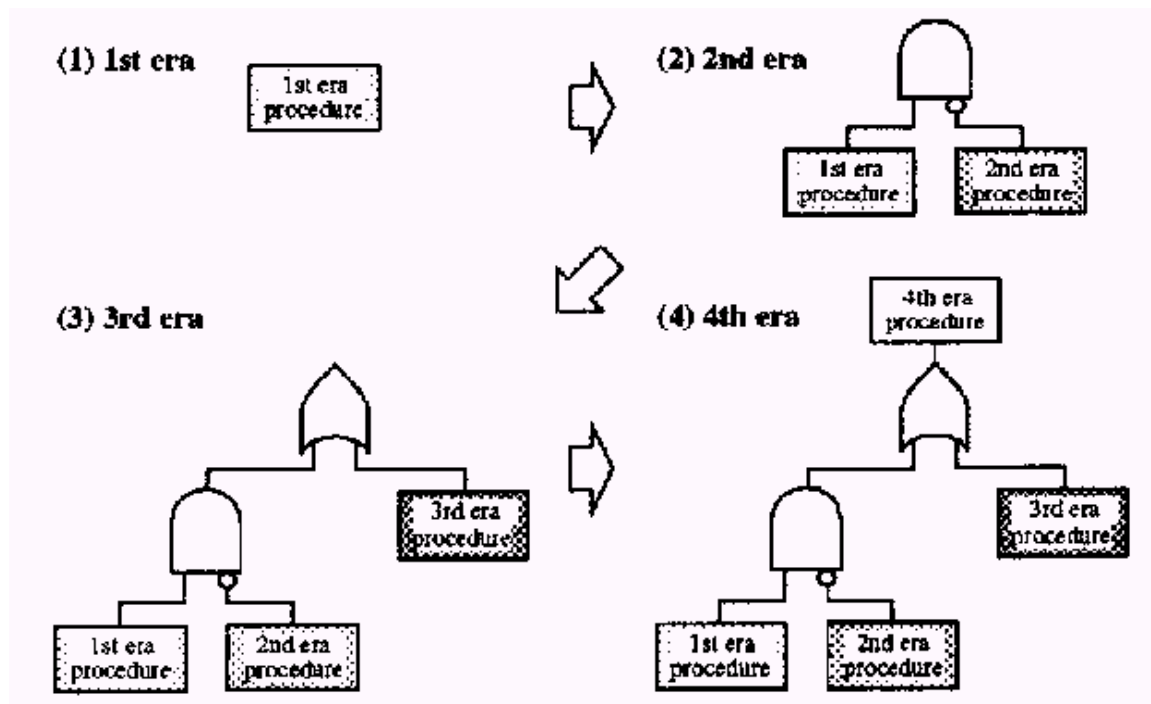
¹ Joint sequence



شکل ۷۱- فرآیند جستجوی مثال ۲



شکل ۷۲- مثال ۳



شکل ۷۳- فرآیند جستجوی مثال ۳

ب : طراحی فیلترهای مورفولوژی [۲۰]

فیلترهای مورفولوژی دسته مهمی از فیلترهای پردازش سیگنال دیجیتال غیر خطی هستند که کاربردهای زیادی در کاهش نویز، تشخیص لبه، و تشخیص شیء دارند. ولی روشهای طراحی آنها احتیاج به مهارت زیادی در مورفولوژی ریاضی دارد و کار ساده ای نیست. در اینجا می خواهیم روشی مبتنی بر GA برای طراحی این فیلترها مطرح کنیم.

۱- کد کردن فیلتر

برای حل مسأله توسط GA باید ابتدا بتوانیم فیلترهای مورفولوژی را بصورت رشته های کروموزوم کد کنیم. برای هر فیلتر، دو پارامتر مطرح است : عنصر ساختاری^۱ و دنباله عملگرهای مورفولوژی.

کد کردن عنصرهای ساختاری باینری ساده است و می توان به راحتی صفرها و یکهای عنصرهای ساختاری را در مکان مناسب و متناظر آنها در رشته کروموزوم قرار داد. ولی برای عناصر ساختاری خاکستری و با فرض آنکه مقادیر مجاز برای هر مکان در عنصر ساختاری در بازه صفر تا l_{max} قرار گیرد، می توان مقدار هر مکان عنصر ساختاری را توسط $[\log_2(l_{max})]^+1$ رقم باینری نشان داده، سپس با قرار دادن این رشته های باینری در کنار هم، رشته کروموزوم را تشکیل داد.

اگر برای ابعاد عنصر ساختاری یک حد ماکزیمم در نظر بگیریم، ممکن است برای یک عنصر ساختاری با ابعاد کوچکتر، مکانهایی باشند که توسط عنصر ساختاری پوشانده نشوند. این مکانها را توسط مقدار Null پر می کنیم. جدول ۲ مثالی برای چگونگی کد کردن مقادیر نشان می دهد.

جدول ۲- مثالی از کد مناسب برای کدسازی مکانهای داخل و خارج از ناحیه پشتیبانی عنصر ساختاری

Binary Code	Corresponding value in position within structuring element's overall dimensions
0 0 0	*
0 0 1	0
0 1 0	1
0 1 1	2
1 0 0	3
1 0 1	4
1 1 0	5
1 1 1	6

¹ Structuring element

پس از کد کردن عنصر ساختاری، نوبت به دنباله عملگرهای مورفولوژی می رسد. برای کد کردن این دنباله دو عامل مهم می باشد: (۱) مجموعه عملگرهای مورفولوژی قابل انتخاب کدام است و (۲) تعداد عملگرهای ممکن در یک دنباله چند تاست. برای مثال برای فیلتر `close _ open`، مجموعه عملگرهای `{dilate, erode}` و طول چهار برای دنباله عملگرها بصورت `dilate _ erode _ erode _ dilate` لازم است. علاوه برای آنکه فیلترهای ساده مانند فیلترهای `open, dilate, erode` و `close` نیز پشتیبانی شوند، در مجموعه عملگرها به عملگر هیچ (`do _ nothing`) نیز داریم. جدول ۳ کد لازم برای مجموعه عملگرها را نشان می دهد. برای ترکیب عنصر ساختاری و دنباله عملگرها به منظور تشکیل کروموزوم، می توان از روش ساده اتصال دو رشته باینری به هم استفاده نمود.

جدول ۳- مثالی از کد کردن عملگرهای مورفولوژی (در صورتیکه اعمال مجاز `dilation, erosion` و `do-nothing` باشند)

Binary Code	Morphological Operator
0 0	Do-Nothing
0 1	Do-Nothing
1 0	Erosion
1 1	Dilation

۲- تابع ارزشیابی

برای یافتن مقدار ارزش هر کروموزوم، رشته کروموزوم ابتدا دکد شده، عنصر ساختاری و دنباله عملگرهای متناظرش یافت می شوند. سپس فیلتر بدست آمده از آنها به تصویری نویزی اعمال می گردد. مقدار ارزش کروموزوم براساس معیار خطای مطلق متوسط MAE تصویر فیلتر شده بیان می شود. اگر MAE برای تصویر فیلتر شده از MAE برای تصویر نویزی بدتر باشد، مقدار ارزش کروموزوم صفر در نظر گرفته می شود. در غیر اینصورت مقدار ارزش کروموزوم برابر با تفاوت بین MAE تصویر فیلتر شده و تصویر نویزی قرار داده می شود.

۳- آزمایشات

برای تست روش مطرح شده از تصویری نویزی (با اضافه کردن نویز بصورت مصنوعی) استفاده می گردد. هدف این است که GA بتواند فیلتر شکل ۷۴ را بیابد. پس از ۱۰۰۰ نسل GA فیلتر شکل ۷۵ را بدست آورده است که عملکردی مشابه دارد و می تواند نویز تصویر را به مقدار قابل توجهی کاهش دهد. بنابراین با استفاده از یک GA بسیار ساده، جستجو برای فیلترهای مورفولوژی موفقیت آمیز است. با طراحی مناسبتر GA می توان به جستجو برای فیلترهای پیچیده تر نیز امیدوار بود.

	0	0	0	
0	1	2	1	0
0	2	2	2	0
0	1	2	1	0
	0	0	0	

Erode - Dilate - Dilate - Erode
(Open - Close)

شکل ۷۴- فیلتر مورفولوژی استفاده شده برای تست GA

	11	
9	14	9
	11	

Erode - Dilate - Dilate - Erode
(Open - Close)

شکل ۷۵- فیلتری که توسط GA پس از ۱۰۰۰ نسل بدست می آید.

پ : طراحی فیلترهای مورفولوژی غیراستاندارد [۲۱]

۱- فیلترهای مورفولوژی نرم^۱

با تغییر تعریف استاندارد فیلترهای مورفولوژی، برای بدست آوردن استحکام^۲ بیشتر در عین حفظ ویژگیهای مطلوب، فیلترهای مورفولوژی نرم حاصل می شوند. تفاوت بین فیلترهای استاندارد و فیلترهای نرم در این است که عملگرهای ماکزیمم (سوپریمم^۳) و مینیمم (اینفیمم^۴) در تعریف فیلترهای استاندارد با معادل عام تر آنها^۵ جایگزین می گردد. بعلاوه یک مرز « نرم » به عنصر ساختاری اضافه می شود. به جای استفاده از یک عنصر ساختاری، یک سیستم ساختاری معرفی می گردد که از سه پارامتر تشکیل شده است. مجموعه های متناهی A و B (A ⊆ B) و یک عدد طبیعی r با شرط 1 ≤ r ≤ |B| که در آن |B| اندازه ناحیه پشتیبانی B است. پارامتر B تابع ساختاری یا مجموعه ساختاری، A مرکز سخت آن، B \ A مرز نرم آن و r اندیس ترتیب^۶ مرکز یا پارامتر تکرار^۷ می باشد.

تابع یا مجموعه ساختاری را می توان مشابه یک عنصر ساختاری در فیلترهای مورفولوژی کد کرد. بعلاوه کدسازی ترتیب عملگرهای مورفولوژی برای فیلترهای نرم نیز مشابه کدسازی ترتیب عملگرها در فیلترهای استاندارد می باشد. پارامتر تکرار می تواند بصورت یک عدد صحیح ساده کد شده، به انتهای رشته باینری ارایه کننده تابع ساختاری و ترتیب عملگرهای مورفولوژی اضافه شود. مقادیر اولیه برای پارامترهای تکرار کروموزومهای جمعیت در ابتدای GA بصورت تصادفی انتخاب می گردد. هنگام ترکیب، دووالد با پارامترهای تکرار r₁ و r₂، فرزندان با پارامترهای تکرار r_a و r_b نتیجه می دهند :

$$r_a = \frac{1}{2} \left(\frac{r_1}{S_1} + \frac{r_2}{S_2} \right) S_a$$
$$r_b = \frac{1}{2} \left(\frac{r_1}{S_1} + \frac{r_2}{S_2} \right) S_b$$

که در آن S_a، S₂، S₁ و S_b اندازه نواحی پشتیبانی سیستمهای ساختاری یا عبارتی مقادیر r ماکزیمال آنها میباشد.

¹ Soft morphological filters

² Robustness

³ Supremum

⁴ Infimum

⁵ Weighted order Statics

⁶ Ordre ndex

⁷ Repetition Paremeter

۲- فیلترهای مورفولوژی مرتب براساس درجه^۱

فیلترهای مورفولوژی مرتب براساس درجه، دسته خاصی از فیلترهای نرم می باشند که مرکز سخت سیستم ساختاری آنها تابعی با مجموعه پشتیبانی تپی است. پارامترهای این دسته از فیلترها نیز مشابه فیلترهای مورفولوژی نرم کد می شوند.

۳- ارایه ماترون^۲ برای فیلترهای مورفولوژی

برای طراحی ژنتیکی فیلترهای مورفولوژی پردازش تابع - مجموعه^۳ و پردازش تابع^۴، که به روش ارایه ماترون تعریف شده اند، نیاز به یک روش توصیف ساده بصورت زیر داریم:

فیلتر Φ یک فیلتر مورفولوژی است اگر مستقل از انتقال^۵ و یکنواخت^۶ باشد. در تصاویر خاکستری، هسته $Ker[\Phi]$ ^۷ مجموعه همه تصاویر g است که $\Phi(g)(0)=0$ باشد. عبارتی g ، $Ker[\Phi]$ است اگر و تنها اگر تصویر فیلتر شده $\Phi(g)$ در مرکز نامنفی باشد. ارایه ماترون خاکستری بصورت زیر است:

$$\varphi(f) = \max \{f \circ g \in Ker[\varphi]\}$$

که در آن $f \circ g$ یک فرسایش (پردازش تابع) خاکستری می باشد.

هسته را می توان بصورت یک کروموزوم دو بعدی، متشکل از پشته ای از عناصر ساختاری کد کرد که هر عنصر ساختاری در آن به روش مشابه فیلترهای استاندارد کد شده است. برای ترکیب دو کروموزوم، یک سطح از پشته بطور تصادفی بعنوان نقطه ترکیب انتخاب می گردد.

۴- ارزشیابی کروموزوم ها

برای ارزشیابی هر کروموزوم، عکس عمل کد سازی برای دكد کردن کروموزوم انجام گرفته، فیلتر مورفولوژی متناظر با آن ساخته می شود. سپس این فیلتر به یک تصویر نویزی اعمال شده، تابع ارزشیابی براساس خطای مطلق متوسط^۸ (MAE) و خطای مجذور متوسط^۹ (MSE) تعریف می شود. ارزش هر کروموزوم متناسب است با عکس MAE یا MSE تصویر بدون نویز، که از فیلتر کردن تصویر نویزی با فیلتر متناظر با کروموزوم بدست آمده است.

¹ Rank _ Order morphological filters

² Matheron representation

³ Function _ Set Processing

⁴ Function Processing

⁵ Translation invariant

⁶ Monotonic

⁷ Kernel

⁸ Mean absolute error

⁹ Mean square error

۵- آزمایشات

برای بررسی نحوه عملکرد روش مطرح شده، تصویری با ۱۰٪ نویز نمکی^۱ و ۱۰٪ نویز فلغلی^۲ تخریب شد. یک قسمت ۱۰۰*۱۰۰ پیکسلی از این تصویر تخریب شده به همراه تصویر اولیه به GA داده شد تا برای سه نوع فیلتر استاندارد، نرم و مرتب برحسب درجه و با تعداد دور تکرار مساوی، فیلترهای بهینه یافته می شوند. جدول ۴ نتایج اعمال فیلترهای بدست آمده به تصویر کامل تخریب شده را نشان می دهد. میتوان نتیجه گیری نمود که استفاده از یک GA ساده برای طراحی انواع فیلترهای مورفولوژی موفقیت آمیز است.

قابل توجه است که برای محاسبه ارزش یک فیلتر (متناظر با یک فرد در جمعیت GA) لازم است نحوه عملکرد آن در یک کاربرد خاص، برای مثال کاهش نویز بررسی شود. بنابراین برای محاسبه ارزش یک کروموزوم پیچیدگی محاسباتی O را داریم:

$$O = (n * n) * (m * m) * N$$

که در آن n ابعاد تصویر فیلتر شده، m ابعاد ماسک فیلتر و M تعداد عملگرهای مورفولوژی اعمال شده (فرسایش و گسترش) می باشد. برای مسایل متوسط (تصاویر ۵۱۲ * ۵۱۲ پیکسلی، فیلترهای ۷ * ۷ و چهار عدد عملگر) زمان محاسبات بیش از ۳۰ ثانیه خواهد بود، در نتیجه برای یک جمعیت ۱۰۰ نفره و برای ۳۰۰ دور تکرار، زمان ۷ ساعت طی می شود. لازم است برای بدست آوردن نتایج قابل قبول تر از توانایی کامپیوترهای موازی استفاده گردد.

جدول ۴- مقایسه خطای مطلق متوسط و خطای مجذور متوسط برای تصاویر نویزی پس از فیلتر شدن با فیلترهای متعدد یافت شده توسط GA

	MAE	MSE
Image corrupted with salt and pepper noise	30.55	3736.82
Image filtered with standard morphological filter	8.89	399.43
Image filtered with rank-order morphological filter	6.94	232.26
Image filtered with Matheron representation filter	10.71	746.05

¹ Salt noise

² Pepper noise

ت : تجزیه عناصر ساختاری مورفولوژی [۲۲]

در مورفولوژی ریاضی عملگرهای گسترش و فرسایش با عنصر ساختاری B را می توان روی تصویر A اعمال نمود تا نتایج مورد نظر را بدست آورد. یک عنصر ساختاری B در رابطه با مجموعه ای از عملگرهای مورفولوژی مشخص (برای مثال گسترش) محدب^۱ نامیده می شود اگر برای مجموعه ای از عناصر ساختاری (عاملها^۲) بشکل $\{F_i, i=1, \dots, M\}$ بتوان آن را بصورت زنجیره ای از گسترش ها روی عناصر F_i نشان داد :

$$B = F_{k_1} \oplus F_{k_2} \oplus \dots \oplus F_{k_m}$$
$$k_j \in [1, M], j=1, \dots, m$$

در غیر اینصورت B برای آن مجموعه از عناصر ساختاری غیر محدب^۳ است و تنها می توان آن را بصورت زنجیره ای از عملگرهای بولین روی عناصر محدب (پارتیشن ها^۴) مطرح کرد:

$$B = C_1 \otimes C_2 \otimes \dots \otimes C_z$$

که در آن \otimes نمایانگر هر یک از عملگرهای بولین (اجتماع U، اشتراک \cap ، ..) و C_i عناصر محدبی هستند که می توانند بصورت زنجیره ای از گسترش ها بیان گردند.

تجزیه عناصر ساختاری باینری به زنجیره ای از عاملهای اولیه بسیار حائز اهمیت است. این تجزیه در سیستمهای معمولی (سریال) و همچنین در سیستمهای SIMD (موازی) کار پیاده سازی عملگرهای مورفولوژی را ساده می کند. با توجه به اینکه برای تجزیه عناصر محدب، روشهای معینی مطرح شده ولی تجزیه عناصر غیر محدب هنوز مسأله ای حل نشده است، در این قسمت می خواهیم پاسخ مناسبی برای مسأله تجزیه بهینه عناصر ساختاری غیر محدب به رشته ای از عملگرهای اولیه بیابیم.

۱- معیارهای بهینه سازی

برای تجزیه یک عنصر ساختاری، هدفهای زیر را داریم :

- حداقل سازی تعداد مجموعه های تجزیه کننده (برای کاهش تعداد عملگرهای گسترش)
- حداقل سازی تعداد کل محاسبات (برای افزایش سرعت)
- حداقل سازی تعداد کل عناصر در مجموعه های تجزیه کننده (برای کاهش اندازه ساختارهای داده و در نتیجه کاهش نیاز به حافظه در سیستمهای سریال)

¹ Convex

² Factors

³ Nonconvex

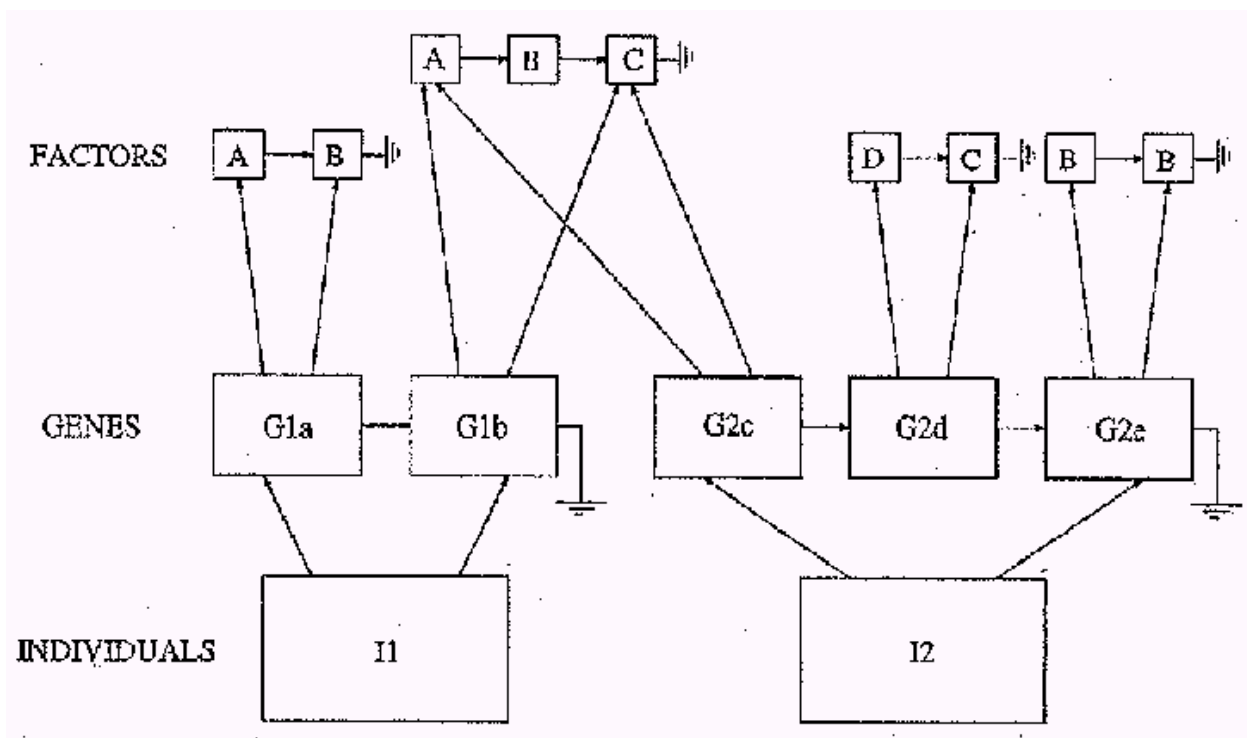
⁴ Partitions

- امکان پیاده سازی عملگرهای مورفولوژی پیچیده در سیستمهای سلولاری^۱ که مجموعه دستورالعملهای آن براساس عملگرهای ساده و اولیه بنا شده است (تا بتوان بر تأثیرات توپولوژی اتصالات ساده که اندازه عناصر ساختاری ممکن را محدود می سازد فائق آمد).
- حتی تعیین عاملهایی با شکلهای مشخص (برای کمک به تشخیص اشیاء دوبعدی)

اهمیت معیارهای فوق را می توان با تنظیم پارامترهای یک تابع هزینه تغییر داد.

۲- ساختمان داده در روش تکاملی

ساختمان داده برای ارایه هر فرد در الگوریتم ژنتیکی باید بتواند عناصر محذب را بطور انعطاف پذیر و فشرده توصیف کند و شکل آنها را نشان داده، نحوه تجزیه آنها به عاملها را نیز نمایانگر باشد. اما علاوه بر توانایی های فوق، باید بگونه ای باشد که مرحله ارزشیابی در GA ساده و سریع انجام گیرد. مطلوب است نحوه ارایه دارای طولی متغیر باشد، زیرا تعداد Z از پارتیشن های ممکن برای تجزیه هر مؤلفه I دارای حد بالایی نیست. از طرفی تعداد m و شکل عاملهای F_{kj} که عناصر C_{kj} را می سازند، بطور مستقیم روی C_k اثر دارد. با توجه به آنچه گفته شد، هر فرد بصورت زنجیره ای از ژنها با طول دلخواه ارایه می شود و هر ژن نمایانگر یک پارتیشن از عنصر ساختاری ورودی است (شکل ۷۶). اجتماع منطقی همه ژنها تشکیل دهنده یک فرد می باشد.



شکل ۷۶- ساختمان داده ارایه کننده دو فرد

¹ Cellular

ساده ترین روش ارزیابی، نشان دادن هر فرد با ساختمان داده ای است که هر یک از فیلدهای آن، حاوی همه اطلاعات فوق باشد. ولی در اینجا از ساختار پیچیده تری استفاده شده که رسیدن به نتایج بهینه را تسریع کرده، حافظه کمتری اشغال می کند. این ساختار بصورت سلسله مراتبی و در سه سطح مطرح می باشد (شکل ۷۶):

▪ **سطح عامل** : مؤلفه های اولیه، عملگرهای مورفولوژی ابتدایی هستند (بعبارتی عناصر مجموعه دستوالعمل^۱). یک عدد صحیح، عنصر مورد استفاده از مجموعه دستوالعمل را تعیین می کند و یک اشاره گر امکان دنبال کردن زنجیره عناصر را فراهم می آورد.

▪ **سطح ژن** : هر ژن از یک یا چند عامل تشکیل شده است و متناظر است با یک زنجیره از گسترش عاملها. یک عدد صحیح مبدأ پارتیشن توصیف شده بکمک ژن و در نتیجه تبدیل لازم برای جای دادن ژن در عنصر ساختاری اولیه (مبدأ) را مشخص کرده، اشاره گری ژن بعدی را معرفی می نماید.

▪ **سطح فرد** : هر فرد از یک یا چند ژن تشکیل شده است و متناظر است با اجتماعی از زنجیره گسترش ها که خود متناظر با یک تجزیه یا قسمتی از یک تجزیه است. یک عدد صحیح تعداد کل ژنهای تشکیل دهنده هر فرد و یک اشاره گر محل قرار گرفتن ژن اول هر زنجیره را مشخص می کند. بعلاوه یک عدد اعشاری با دقت مضاعف میزان ارزش هر فرد را ذخیره می نماید.

۳- جمعیت اولیه

تعاریف زیر را در نظر بگیرید :

تعریف ۱: مجموعه دستوالعمل IS ، مجموعه ای از M عامل می باشد :

$$IS = \{ F_i, i = 1, \dots, M \}$$

تعریف ۲: علامت $H(x,y)$ معرف $H \oplus \{(x,y)\}$ است، بعبارتی یک انتقال را نشان می دهد.

تعریف ۳: برای هر تصویر H ، داریم :

$$nH \equiv H \oplus \dots \oplus H$$

(برای n بار و $n \geq 0$)

تعریف ۴: برای هر تصویر H ، OH نشان دهنده مبدأ آن است.

اگر برای هر F_i در IS ، $O_{F_i} \in F_i$ باشد، آنگاه $OH \in H$ خواهد بود.

شروع فرآیند با معرفی هر عنصر از مجموعه $C(B)$ با تعریف زیر می باشد:

$$C(B) \equiv \left\{ H \mid H_{(h,k)} \subseteq B, \text{ for arbitrary } (h,k) \right\}$$

¹ Instruction Set

هر عنصر $C(B)$ می تواند یک ژن ممکن را نشان دهد.

از آنجاییکه $O_{F_i} \in F_i$ ، مجموعه زوجهای ممکن (h,k) توسط مجموعه همه عناصر B تعیین می گردد. برای یک تصویر H ، اگر $(h,k) \in B \circ H$ باشد، آنگاه $H_{(h,k)} \in C(B)$ است. در نتیجه الگوریتم همه پیکسلهای عنصر ساختاری را اسکن کرده، تعیین می کند کدام عاملها می توانند یک زنجیره مجاز از گسترش ها با شروع از آن پیکسل تشکیل دهند. ژن بدست آمده به یک شیفت اضافی برای انطباق مبدأ آن با مبدأ B نیاز دارد.

با توجه به مجهول بودن طول جواب بهینه، اتصال تصادفی تعدادی ژن ندرتاً نتایج مناسبی ایجاد می کند. بنابراین تصمیم گرفته شد که از هر عنصر $C(B)$ ، که تشکیل دهنده همه ژنهای کاراست، برای ایجاد یک فرد با کروموزومی متشکل از تنها یک ژن استفاده شود. بعلاوه می توان از کپی های تکراری چنین کروموزومهایی در جمعیت اولیه استفاده کرد.

۴- تابع ارزشیابی

تابع ارزشیابی $f(I)$ برای تعیین ارزش هر فرد I و هدایت الگوریتم جستجو بکار می رود. یک تابع هزینه $fc(I)$ برای اینکار در نظر گرفته شده است. اگر $U_{i=1}^N B_i = B$ ، که در آن پارٹیشن عمومی تشکیل دهنده I با طول N است، باشد $fc(I)$ همان $f(I)$ خواهد بود. این تابع باید دارای خواص زیر باشد :

۱. برای جوابهای مجاز برابر $f(I)$ باشد.

۲. همچنین برای جوابهای غیر مجاز تعریف شده باشد. (برای مثال جوابهایی که بطور کامل عنصر ساختاری اولیه را نمی پوشانند).

۳. قابل پیاده سازی بصورت یک تابع و جریمه باشد.

توابع جریمه در مسایل با قیود زیاد بکار می روند و جریمه ای روی جوابهای غیر مجاز اعمال می کنند، بنابراین تابع هزینه بصورت زیر مطرح می گردد :

$$F_c(I) = af(I) + b f_p(I)$$

اگر $U_{i=1}^N B_i = B$ باشد، $a=1$ خواهد بود. در غیر اینصورت a متناسب است با نسبت بین تعداد عناصر موجود در جواب به تعداد کل عناصر در B . ضریب b از طریق پارامترهای تعریف شده توسط کاربر متناسب با اندازه فعلی جمعیت می گردد. بعلاوه f_p تابع جریمه متناسب با درصد عناصر B است که در تجزیه توسط کروموزوم مورد نظر قرار دارند.

با فرض اینکه هدف فرآیند، بدست آوردن تجزیه ای است که تعداد عملگرها را برای محاسبه گسترش یک تصویر با عنصر ساختاری B حداقل سازد، تابع ارزش $f(I)$ عمدتاً از مجموع هزینه هر پارٹیشن B_i تشکیل شده است. بعلاوه تعداد عملگرهای اجتماع منطقی نیز در نظر گرفته می شود.

۵- جستجوی ژنتیکی

ساختار الگوریتم جستجو از مراحل زیر که در یک حلقه تکرار می شوند، تشکیل گشته است:

- **عملگرهای انتخاب:** برای انتخاب دو والد از میان جمعیت، از روش انتخاب رقابتی^۱ استفاده می شود. اندازه رقابت دو در نظر گرفته شده، مقداری فشار بر روی جمعیت^۲ اعمال می شود. این فشار باعث می شود هر فرد با کسانی رقابت کند که حداقل تعداد

$$V(I_1, I_2) = \frac{\#(U_i I_{1,i}) \cdot \#(U_i I_{2,i})}{\#(B)}$$

پیکسل مشابه با آن داشته باشد. بنابراین رقابت بین افراد مشابه انجام می گیرد.

- **عملگرهای ژنتیکی باینری:** از دو عملگر ژنتیکی برای ایجاد کروموزومهای نسل بعد استفاده می شود:

(۱) عملگر بریدن و بافتن^۳، اگر λ تعداد ژنهای تشکیل دهنده یک کروموزوم باشد، این عملگر کروموزوم را بطور تصادفی از λ نقطه ممکن می برد. اگر یکی از $\lambda - 1$ نقطه که دو ژن متوالی را بهم متصل می کند انتخاب شود، کروموزوم به دو نقطه شکسته می شود،

$$\frac{1}{\lambda}$$

در غیر اینصورت به احتمال λ تغییری نخواهد کرد. دو، سه، یا چهار قطعه کروموزوم مربوط به دو فرد متفاوت در یک پشته قرار می گیرند. فاز دوم، یا دو عنصر بالای پشته را بهم متصل می کند تا تنها یک فرزند ایجاد کند، و یا هر عنصر را به یک فرد کامل ارتقاء می دهد. بنابراین اندازه جمعیت در هر نسل قابل تغییر است

(۲) عملگر دوم، برعکس عملگر اول، سعی می کند ارزش والدین را با ترکیب کروموزومهای آنها افزایش دهد. ژنی از والد اول در کروموزوم والد دوم تزریق می گردد، بطوریکه یکی از ژنهای والد دوم را جایگزین می شود. بنابراین طول کروموزوم والد تغییری نکرده، بلکه محتویاتش عوض می شود. این عمل روی والد اول نیز انجام می شود، بنابراین دو فرزند از دو والد بدست می آید.

- **عملگرهای مقایسه:** در این مرحله والدین و فرزندان مقایسه می شوند تا براساس روش جمعیت سازی معین^۴ افرادی که در نسل بعد قرار می گیرند، تعیین شوند.

¹ Tournament Selection scheme

² Genic Selection Crowding

³ Cut and Splice

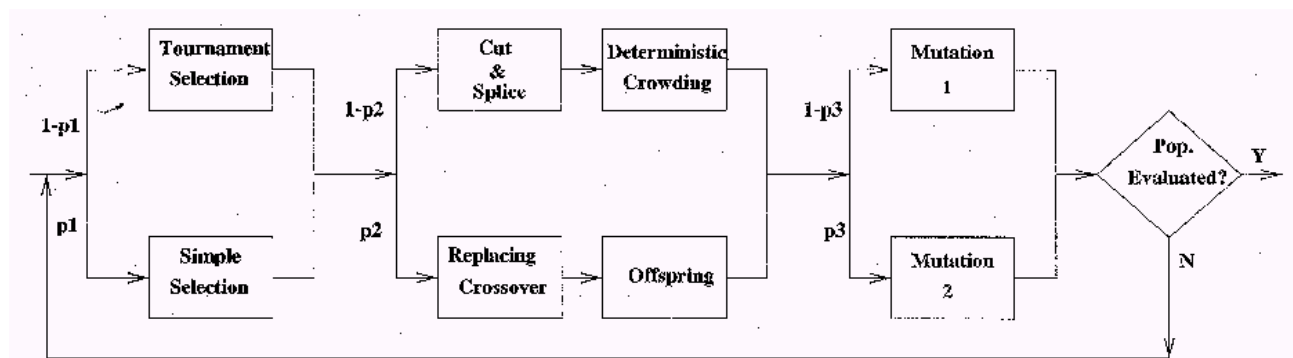
⁴ Deterministic Crowding scheme

▪ عملگرهای ژنتیکی تک عملوندی^۱ : در GA استاندارد، عملگر تک عملوندی، جهش است. هدف از جهش در اینجا بازیابی ژنهای از دست رفته است. برای اینکار ژنها از آراییه ای از ژنها (حاوی کلیه ژنهای ممکن است) انتخاب شده، در حافظه ذخیره می شوند. دو عملگر استفاده می گردند :

(۱) جهش ۱: این عملگر هر یک از ژنهای تشکیل دهنده کروموزوم را با ژن g از آراییه مقایسه میکند. مشابه ترین ژن در زنجیره با ژن g جایگزین میشود. این ژن، ژنی است که اشتراک بین دو ژن را حداکثر کند.

(۲) جهش ۲: این عملگر باعث میشود ژن g در کروموزوم در نظر گرفته شود و ژنهایی که با آن همپوشانی دارند کنار گذاشته شوند. اگرچه این کار ممکن است سبب کاهش ارزش کروموزوم گردد، ولی پراکندگی را در جمعیت افزایش میدهد.

فرآیند بطور کامل در شکل ۷۷ نشان داده شده است. بطور کلی ۳ مسیر مختلف را میتوان در این گراف طی کرد. مسیر با توجه به احتمالات P_1 ، P_2 و P_3 انتخاب میشود. این پارامترها در ابتدای هر نسل و با توجه به وضعیت نسل فعلی و بصورت تطبیقی تعیین میگردند.



شکل ۷۷- آرایه شماتیک فرآیند نسلی: در هر نسل افراد جفت به جفت انتخاب میشوند و سپس با توجه به مقادیر احتمال p_1 ، p_2 و p_3 انتخاب، عملگرهای باینری و عملگرهای تک عملوندی اعمال میگردند.

۶- آزمایشات

نتیجه بررسی روش مطرح شده، نشان میدهد میزان حافظه لازم برای سیستم به نسبت با اندازه عنصر ساختاری اولیه و تعداد و اندازه عناصر ساختاری ابتدایی افزایش می یابد. تجزیه عناصر 16×16 با استفاده از مجموعه دستورالعمل ۸ تایی روی پردازنده HP9000 با ۱۲۸ مگابایت حافظه RAM برای ۲۰۰ نسل، با شروع از ۲۰۰۰ فرد و اشغال ۸۰ مگابایت حافظه حدود شش ساعت وقت میگیرد. این زمان نیاز به کامپیوترهای موازی را اثبات میکند.

¹ Unary Genetic Operators

مراجع

- [1] Lee, P. and Nagao, T. (1995) , “ Hierarchical description of two dimensional shapes using a genetic algorithm“, IEEE Int’l Conf.on Evolutionary Computation, Vol .2, PP .637 – 640
- [2] Kawanishi, H. and Hagiwara, M. (1995), “A Shape Detection Method using Improved Genetic Algorithm”, IEEE International Conference on Systems, Man and Cybernetics, 1995 Intelligent Systems for the 21st Century ., pp235 -240.
- [3] Ozcan, E. and Mohan,C.K. (1996) , “Shape Recognition using Genetic Algorithms”, Proceedings of IEEE International Conference on Evolutionary Computation, 1996 pp . 414 416
- [4] Tsang P.W.M (1997) ,“ A Novel Genetic Algorithm for Recognition of Object Shapes with Movable Parts”, Genetic Algorithms in Engineering Systems : Innovations And Applications, 1997GALESIA 97Second Int ’l conf.on, pp478 -485
- [5] Tsang P.W.M. (1995) , “A Genetic Algorithm for Affine Invariant Object Shape Recognition”, Genetic Algorithms in Engineering Systems : Innovations And Applications, 1995 Int’l Conf.on , pp 239 298
- [6] Saito, H. and Usami, K. (1993) , “Shape from Shading using Genetic Algorithm”, 1993 Proceedings of the IECON '93 International Conference on Industrial Electronics, Control, and Instrumentation, pp. 1620 1625
- [7] Saito, H. and Kimura, M. (1996) , “Shape Modeling of Multiple Objects from Shading Images using Genetic Algorithms”, Systems, Man and Cybernetics, 1996 IEEE International Conference on, vol.4, pp 2463 2468
- [8] Saito, H. and Mori, M. (1996) , “Object Modeling from Multiple Images using Genetic Algorithms”, Pattern Recognition, 1996 Proceedings of the 11th Int'l Conf . On, vol. 4, pp. 669 673
- [9] Bala, J. and Wechsler, H. (1991) , “Shape Analysis using Morphological Processing and Genetic Algorithm”, Tools for Artificial Intelligence, 1991 TAI '91, Third International Conference on Publication Date:1991,pp30 137.
- [10] Brigger, P. and Kunt, M. (1995) , “Morphological Contour Coding using Structuring Functions Optimized by Genetic Algorithms”, Image Processing, 1995. Proceedings., International Conference on , vol.1, pp534 537
- [11] Watabe, H . (1997) , “A Study on Evolutional Shape Modeling: Parameter Tuning”, Proc. of 1997First Int ’l Conf. on Knowledge-Based Intelligent Electronic Systems, vol.1, pp.313 319
- [12] Watabe, H. and Kawaoka, T. (1998) , “Evolutional Shape Modeling by Extended Genetic Algorithm: Multi-Step GA”, Proc. of 1998Second Int ’l Conf. on Knowledge-Based Intelligent Electronic Systems, pp.317 323
- [13] Gerhard Roth and Martin D. Levine (1992), “Geometric primitive extraction using a genetic algorithm”, IEEE Computer Society Conf. On Computer Vision and Pattern Recognition, 1992Proc ., pp.640 643

- [14] Gerhard Roth and Martin D. Levine (1992), "Geometric primitive extraction using a genetic algorithm", IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol 14, pp. 904-905
- [15] Yaodong Wang and Noboru Funakubo (1996), "Detection of geometric shapes by the combination of genetic algorithms and subpixel accuracy", Proc. of the 13th Int'l Conf. on Pattern Recognition, vol3, pp535-539
- [16] Wang, Y. and Funakubo, N. (1999), "High Performance of Geometric Primitives Detection using Genetic Algorithm", pp934-940
- [17] Bontempi, B. and Marcelli, A. (1995), "Towards a Genetic Based Prototyper for Character Shapes", Document Analysis and Recognition, 1995 Proc. of the Third Int'l Confon, vol. 2, pp694-697
- [18] Marcelli, A. (2000), "Exploring Genetic Programming for Modeling Character Shapes", Systems, Man, and Cybernetics, 2000 IEEE Int'l Conf.on, vol. 4, pp2757-2762
- [19] Yoda, I., Yamamoto, K. and Yamada, H. (1994), "An Automatic Acquisition of Hierarchical Mathematical Morphology Procedures by GA", Pattern Recognition, 1994 Proceedings of the 12th IAPR Int'l Conf. on, vol.2-Conference B: Computer Vision & Image Processing., pp421-425
- [20] Harvey, N.R. and Marshal, S. (1994), "Using Genetic Algorithms in the Design of Morphological Filters", Genetic Algorithms in Image Processing and Vision, IEE Colloquium on, pp6/1-6/5.
- [21] Harvey, N.R. and Marshal, S. (1995), "The Design of different classes of Morphological Filter using Genetic Algorithms", Image Processing and its Applications, 1995 Fifth International Conference on, pp.227-231
- [22] Nong, Y., Yushu, L. and Qifu, X. (2000), "Genetic Training Algorithm for Morphological Filters", Signal Processing Proceedings, 2000 WCCC-ICSP 2000 5th Int'l Confon, vol. 1, pp476-479