

## شناسایی الگوی تصویری در نقشه‌های جغرافیایی با استفاده از روش ژنتیک (بخش دوم: کاربرد)

دکتر بهزاد مشیری - دانشکده فنی، دانشگاه تهران - پژوهشگاه سیستم‌های هوشمند، پژوهشگاه  
دانشهای بنیادی<sup>(۱)</sup>

مهندس کاوه مقدم تبریزی - دانشکده فنی، دانشگاه تهران - شرکت مهندسی مشاور مه‌اب قدس  
چکیده

همان‌طور که در بخش اول این مقاله یادآور شدیم، امروزه در مکانیزه نمودن تبدیل نقشه‌های دستی و تصویری به نقشه‌های کامپیوتری برای سیستم‌های اطلاعات جغرافیایی، در سازمانهای اجرائی و مراکز علمی ایران از روشهای متداول استفاده می‌شود. لکن برای دقت و سرعت عمل و قدرت تشخیص بالاتر در پردازش تصویر و شناسایی الگوها، روشهای هوشمند<sup>(۲)</sup> از جمله روش ژنتیک<sup>(۳)</sup> دارای مزایای بیشتر است. در این تحقیق روش جدیدی به عنوان ابزاری سودمند جهت تشخیص الگوی سمبل‌های جغرافیایی در نقشه‌های اطلاعات جغرافیایی (GIS) مورد بررسی قرار گرفته است.

### مقدمه

الگوریتم ژنتیک روشی جهت بهینه‌سازی است که بر مبنای ایده‌های تکامل و توارث استوار شده است و روشی آماری، اتفاقی است [Go - 89].

ما در اینجا بر خلاف معمول، از این الگوریتم به عنوان ابزاری سودمند جهت شناخت الگو استفاده کرده‌ایم.

ابتدا، به اجمال مطالبی در مورد این الگوریتم آمده و در بخش دوم این مقاله، کاربرد آن در مسئله تشخیص الگو و بخصوص شناخت الگو در محیط پیچیده‌ای همچون یک نقشه جغرافیایی آورده شده است.

1-Email: Moshiri @ Karun.ipm.ac.ir.

2- Intelligent approaches

3 - Genetic algorithm

## ۱- الگوریتم ژنتیک

الگوریتم ژنتیک در واقع مدلی آماری از نحوه تکامل و توارث موجودات زنده می‌باشد و جزو الگوریتمهای گشتن اتفاقی، در الگوریتمهای بهینه‌سازی، به حساب می‌آید. با این تفاوت که بجای اینکه یک نقطه از فضای مطالعه را مأمور گشتن در فضا کنیم، یک جمعیت از نقاط را در ابتدا انتخاب کرده و با روابط توارثی و رقابتی که ذکر خواهد شد، آنها را تغییر می‌دهیم و به دنبال نقطه بهینه در جمعیت نسلهای مختلف می‌گردیم. بدینسان احتمال رسیدن به نقطه حداقل (مینیمم مطلق) افزایش می‌یابد. در بخش دوم این مقاله مفاهیم اساسی و کلیدی این الگوریتم توضیح داده می‌شود.

### ۱-۱- مفاهیم اساسی الگوریتم

#### الف- کروموزم

منظور از کروموزم، رشته‌ای از عناصر بنام ژن است که ژنها می‌توانند اعداد حقیقی - باینری (دو گانه) و یا مقادیری زبانی باشند.

در واقع یک کروموزم معرف یک نقطه و یا یک حالت مورد بررسی در فضای مطالعه و یا دامنه بررسی می‌باشد. در بیشتر موارد ژنها را به صورت مقادیر باینری (دوگانه) در نظر می‌گیرند و بدین سان کروموزم، رشته‌ای از اعداد باینری (دوگانه) می‌باشد.

این روش معمولاً زمانی کاربرد پیدا می‌کند که فضای مطالعه به صورت گسسته باشد و یا بتوان فضا را گسسته ساخت.

مسئله مهم در بهینه‌سازی بوسیله الگوریتم ژنتیک، در حالتی که فضای مطالعه گسسته است، یافتن یک عدد  $n$  و نگاشت از نقاط فضای مطالعه به نقاط ایجاد شده توسط،  $n$  بیت، می‌باشد.

#### ب- گونه‌های آغازین

در این الگوریتم، ابتدا به صورت اتفاقی چند کروموزم انتخاب می‌شود. این کروموزم‌ها گونه‌های آغازین برای شروع الگوریتم می‌باشند.

هر اندازه که گوناگونی این گونه‌های آغازین بیشتر باشد و فاصله بیشتری در فضای مطالعه داشته

باشند، احتمال یکنواختی پیش از موعد و یا به دام افتادن سریع در مینیمم‌های (حداقل‌های) محلی، کاهش یافته و احتمال یافتن نقطه بهینه مطلق افزایش می‌یابد.

### ج - تابع هدف یا انطباق

تابع هدف در این الگوریتم، تابعی است که با کاهش تابع هزینه افزایش می‌یابد و معمولاً اگر تابع هزینه را با  $Cost (C)$  نشان دهیم که در آن  $C$  نشان دهنده کروموزوم می‌باشد، تابع هدف به صورت کلی زیر تعریف می‌گردد:

$$f(c) = \frac{\alpha}{\beta + \theta Cost(c)} \quad (1-1)$$

مقدار ثابت در مخرج برای این در نظر گرفته می‌شود که به ازاء هزینه صفر مقدار تابع هدف بی‌معنا نگردد. در جایی که اطمینان به صفر نشدن مقدار تابع هزینه وجود داشته باشد، معمولاً رابطه به صورت زیر در نظر گرفته می‌شود:

$$f(c) = \frac{\alpha}{Cost(c)} \quad (2-1)$$

### د - جمعیت آغازین

جمعیت آغازین در واقع اولین نسل بوجود آمده از گونه‌های آغازین می‌باشد. برای ساختن جمعیت آغازین یک عدد به عنوان تعداد جمعیت آغازین در نظر می‌گیریم و با  $(\nu)$  نشان می‌دهیم. فرض می‌کنیم تعداد  $n_b$  گونه آغازین داشته باشیم و  $\nu > n_b$  باشد و (معمولاً  $\nu > 10n_b$ ). هر گونه غازین را به تعداد  $n_i$  افزایش می‌دهیم که:

$$n_i = \left[ \frac{f_i \nu}{\sum_{j=1}^{n_b} f_j} \right] \quad (3-1)$$

منظور از علامت  $[]$ ، تابع جزء صحیح می‌باشد و دلیل استفاده از آن تبدیل به مقدار عدد صحیح

می‌باشد. به دلیل استفاده از تابع جزء صحیح، رابطه زیر می‌تواند برقرار باشد:

$$\sum_{i=1}^{n_b} n_i < v \quad (4-1)$$

بنابراین باقی افراد این جمعیت را به صورت اتفاقی، از روی گونه‌های آغازین می‌سازیم. دلیل اینگونه ساختن جمعیت آغازین این است که در انتخابهای بعدی و بوجود آوردن نسلهای دیگر، احتمال انتخاب گونه‌های بهتر، بیشتر باشد ولی شانس گشتن حول و حوش گونه‌های بدتر گرفته نشود.

#### ۵- برخورد یا لقاح

برخورد یا لقاح\* اپراتوری جهت بوجود آوردن نسلهای متوالی در الگوریتم ژنتیک است و در واقع این مفهوم، مدلی از روند لقاح بین موجودات زنده است. نحوه عمل لقاح بدین گونه است که به طور اتفاقی و یا احتمالی که به آن نرخ لقاح گفته می‌شود، دو عدد از کروموزمهای نسل قبل انتخاب می‌شوند. بطور مثال دو کروموزم ۱۰ بیتی A, B را به صورت شکل زیر در نظر می‌گیریم:

$$A = 0111011110$$

$$B = 1001011011$$

پس از انتخاب هر جفت کروموزم، عدد اتفاقی K در فاصله (n = طول کروموزم) انتخاب می‌شود و هر دو کروموزم از K امین ژن قطع شده و با یکدیگر ترکیب می‌شوند. بطور مثال در شکل (۱-۱) عمل لقاح بین دو کروموزم A, B نشان داده می‌شود. نتیجه این عمل، دو کروموزم AB, BA می‌باشد که اصطلاحاً کروموزمهای "فرزند" نامیده می‌شوند.

\*. Crossover

کروموزم والد اول	A = 0111011110
کروموزم والد دوم	B = 1001011011
	K = 3
کروموزم فرزند اول	AB = 0111011011
کروموزم فرزند دوم	BA = 1001011110

شکل (۱-۱) نحوه ترکیب دو کروموزم A , B

نوع لقاح معمولاً حول و حوش ۵۰٪ انتخاب می‌شود [Gr - 86] , [Da - 87] , [Na - 92].

#### و- جهش<sup>(۱)</sup>

یکی از مشکلات الگوریتمهای تکاملی، همگرا شدن زودتر از موعد به سمت مینیمم‌های محلی می‌باشد. بدین صورت که قبل از رسیدن به نقطه بهینه مطلق و یا یک نقطه بهینه خوب، جمعیت هر نسل، گوناگونی خود را از دست می‌دهد و عمل لقاح نیز نمی‌تواند گوناگونی را زیاد کند. برای رفع این مشکل، هر بار پس از تولید یک کروموزم فرزند، با احتمال بسیار پایین، یک یا چند بیت (بسته به نوع مسئله) بطور اتفاقی تغییر می‌دهیم. این امر باعث می‌شود ناهمگونی نسل بعد بیشتر شود و احتمال افتادن در مینیمم‌های محلی کاهش یافته و احتمال یافتن نقطه بهینه مطلق بالاتر رود. این عمل توسط اپراتور جهش یا موتاسیون انجام می‌شود. احتمال انجام عمل جهش را اصطلاحاً نرخ جهش می‌گوییم که معمولاً عددی کوچک و حدود ۰/۰۰۲ می‌باشد.

#### ز- رقابت

یکی از مشخصات تکامل، رقابت بین موجودات زنده است. در مدل ارائه شده در الگوریتم ژنتیک این امر نیز در نظر گرفته می‌شود. بدین صورت که احتمال انتخاب یک کروموزم در نسل قبل را

\*. Mutation

مانند حالت ایجاد جمعیت آغازین، وابسته به مقدار تابع هدف یا تابع هزینه در آن در نظر می‌گیریم. برای این کار اگر  $f_i$  تابع هدف کروموزوم  $i$ ام باشد، احتمال انتخاب آن را متناسب با  $\frac{f_i}{\sum^n f_i}$  در نظر می‌گیریم. برای این کار جمعیت آن را تا عددی مانند  $p_i$  افزایش می‌دهیم.

$$P_i = K \frac{f_i}{\sum_{j=1}^n f_j} \quad (5-1)$$

بدین صورت احتمال انتخاب کروموزومهای بهتر، بالاتر می‌رود. رقابت در این الگوریتم باعث می‌شود تا جمعیت به سمت نقاط بهینه همگرا شود.

با توجه به مفاهیم ذکر شده، روند الگوریتم ژنتیک بطور معمول بدین صورت است که ابتدا نسل آغازین ایجاد می‌شود. سپس با اعمال اپراتورهای برخورد و جهش، نسلهای بعدی تولید می‌گردند. ترتیب لقاح و جهش نیز بدین گونه است که ابتدا تمامی افراد نسل بعد (نسل فرزندان) ساخته می‌شود و سپس روی تمامی آنها عمل جهش با توجه به نرخ جهش انجام می‌شود.

شرط پایان الگوریتم نیز بطور معمول، تولید نسل، به تعداد مشخص می‌باشد.

چنانچه متذکر شدیم، الگوریتم ژنتیکی بر پایه ایده‌های برگرفته از روند طبیعی تکامل موجودات زنده گرفته شده است. این نکته باعث می‌شود تا الگوریتم در انتخاب روند و ترتیب اعمال، از قابلیت انعطاف خوبی برخوردار باشد. بدین معنا که می‌توان الگوهای دیگری نیز برای تکامل در نظر گرفت.

نکته مهم و مشترکی که باید بین تمامی این الگوها رعایت شود، جلوگیری از همگرایی زودرس و همگرایی دیررس است. برای نیل به این منظور می‌توان از نرخ جهش تطبیقی استفاده کرد. بدین صورت که در ابتدای الگوریتم، نرخ جهش یک مقدار اولیه می‌گیرد. در طول الگوریتم نیز هرگاه یکنواختی جمعیت تولید شده از حدی معین بیشتر شده، نرخ جهش افزایش می‌یابد تا به مقدار حداکثر مجاز خود برسد. هرگاه گوناگونی از حدی بیشتر شد، نرخ جهش کاهش می‌یابد تا به مقدار حداقل مجاز خود برسد. نرخ جهش تطبیقی باعث می‌شود، در مواقعی که الگوریتم در حال به دام افتادن در مینیممهای محلی است، امکان فرار داشته باشد و در مواقعی که احتمال همگرایی خود را از دست داده، به همگرایی آن کمک شود.

نرخ جهش تطبیقی باعث می‌شود، در مواقعی که الگوریتم در حال به دام افتادن در مینیممهای محلی است، امکان فرار داشته باشد و در مواقعی که احتمال همگرایی خود را از دست داده، به

همگرایی آن کمک شود.

### شرط پایان الگوریتم

شرط پایان الگوریتم را می توان به سه صورت زیر در نظر گرفت:

- ۱- قطع الگوریتم پس از همگرایی به سمت یک نقطه بهینه (اپتیمم).
  - ۲- تولید چند نسل چنانچه بهترین فرد آنها از بهترین فرد تولید شده در نسلهای قبلی، بهتر نباشد.
  - ۳- قطع الگوریتم، پس از تولید چند نسل به تعداد مشخص.
- بطور قطع، معیار اول و دوم با طبیعت و روند تکامل طبیعی موجودات زنده نزدیک تر است. اما با توجه به اینکه با معیار سوم، در صورت کارآیی، زمان اجرای الگوریتم به ازاء هر بار تکرار آن تقریباً ثابت می ماند، از این جهت برای نیل به هدف، الگوریتم ما مناسب تر می باشد.

### انتخاب کروموزم مناسب

در یک مسئله بهینه سازی، مناسب سازی فضای مطالعه حائز اهمیت است. در الگوریتم ژنتیک، چنانچه متذکر شدیم فضای مورد مطالعه باید به صورت قابل بیان توسط یک کروموزم با  $n$  ژن در بیاید. در حقیقت یک نکته ظریف در استفاده از الگوریتم ژنتیک، یافتن تبدیلی مناسب از فضای مطالعه به یک فضای قابل بیان توسط کروموزمی با  $n$  ژن است. به گونه ای که تناظر یک به یک بین نقاط یا فواصلی از نقاط فضای مطالعه و نقاط بوجود آمده، توسط کروموزمها وجود داشته باشد. در این تبدیل، وجود تطابق و هماهنگی بین فضای قابل قبول بهینه سازی و فضای ایجاد شده توسط کروموزمها باید در نظر گرفته شود. منظور از فضای قابل قبول بهینه سازی، قسمتهایی از فضای مطالعه است که محدودیتهای مسئله در آنها ارضا می شود. با توجه به این مفهوم، تولید کروموزمها باید به صورتی باشد که حتی الامکان نقاط معتبر و یا به عبارت دیگر نقاطی که محدودیتهای مسئله را ارضا می کنند، ایجاد شوند. این عمل باعث بالا رفتن سرعت الگوریتم می شود. دلیل بالا رفتن سرعت الگوریتم، ماهیت اتفاقی آن است. بدین معنا که اگر قرار باشد تعدادی از کروموزمهای پدید آمده، محدودیتهای مسئله را ارضاء نکنند، زمانی که صرف تولید آنها شده بیهوده بوده است، زیرا این کروموزمها خود بخود باید از گردونه بررسی خارج شوند. همچنین اگر

این مسئله در نظر گرفته نشود، فضای ایجاد شده توسط کروموزمهایی بی جهت بزرگ می‌شود. بزرگ شدن این فضا نیز باعث کاهش احتمال رسیدن به نقاط بهینه و افزایش احتمال به دام افتادن در مینیممهای محلی و احتمال خطای الگوریتم می‌شود.

## ۲- استفاده از الگوریتم ژنتیک در تشخیص الگو و پردازش تصویر

چنانچه متذکر شدیم، الگوریتم ژنتیک روشی اتفاقی است که بیشتر در مسائل بهینه‌سازی مورد استفاده قرار می‌گیرد.

مسئله تشخیص الگو را نیز می‌توان از دیدگاه بهینه‌سازی مورد بررسی قرار داد. در حقیقت و در هر مسئله تشخیص الگو می‌توان تابع هزینه‌ای را در نظر گرفت که به هنگام عمل تشخیص، مقدار آن مینیمم شود.

از این دیدگاه، تشخیص الگو را می‌توان بهینه‌سازی تابعی وابسته به اختلاف الگوی مورد پردازش و نماینده‌های کلاسهای مختلف داشت.

در مسئله یافتن تصویر در محیط پیچیده، می‌توان هدف را یافتن تابعی تبدیلی در نظر گرفت که اعمال آن به مدل اولیه، بهترین تطابق را با تصویر پیچیده ایجاد کند. به عبارت دیگر می‌توان گفت هدف، یافتن نقاطی از تصویر پیچیده است که بیشترین مطابقت را با مدل تبدیل یافته داشته باشد. بدین گونه مسئله "یافتن تصویر در محیط پیچیده" به یک مسئله بهینه‌سازی تبدیل می‌شود. با توجه به مطالب ذکر شده الگوریتم ژنتیک را می‌توان برای "یافتن تصویر در محیط پیچیده" بکار گرفت.

### الف - کروموزم مناسب جهت یافتن تصویر

فرض کنیم تعداد نقاط کلیدی حاصل از تصویر پیچیده،  $n_p$  و تعداد خطوط بین نقاط کلیدی که بر تصویر منطبق است (تقریباً منطبق)  $n_t$  باشد.

کروموزمی باینری (دوگانه) با طول  $n_t$  در نظر می‌گیریم.

هر ژن  $g_i$  از این کروموزم، معرف انتخاب شدن یا نشدن پاره خط  $i$  ام می‌باشد.

$$C = g_1 g_2 g_3 \dots g_{n_t}$$

کروموزم به صورت رشته:

در می‌آید که در آن:



$g_i = \{1\}$  پاره خط  $i$  ام انتخاب شده

$g_i = \{0\}$  پاره خط  $i$  ام انتخاب نشده

می باشد. با این تعریف هر کروموزم عددی باینری (دوگانه) به طول  $n_i$  می باشد.

بطور مثال در شکل (۲) تصویر پیچیده و خطوط متناظر با کروموزم

(۱۰۱۱۱۱۰۰۰۱۱۱۰۰۱۰۰۰۰۰۱۱۰۱۰۱۰۰۰۱۰۰۰۰۰) دیده می شود.

### ب- تابع انطباق\*

با توجه به تعریف کروموزم فوق، با هر تولید کروموزم تعدادی از پاره خطهای شکل انتخاب می شوند. به ازاء کروموزم  $i$  ام، پاره خط انتخاب شده توسط بیت  $i$  ام کروموزم و پاره خط  $K$  ام از مدل را در نظر می گیریم.

به ازاء پاره خط  $i$  ام به ازاء تمامی  $K$  ها  $C_{ijk}$  را محاسبه کرده و بهترین انطباق به ازاء پاره خط  $i$  ام  $f_{ij}$  می نامیم.

با این تعریف تابع انطباق کروموزم  $i$  ام را بیشترین  $f_{ij}$  به ازاء تمامی آنها در نظر گرفته و به صورت زیر تعریف می کنیم.

$$F = (CR_i) = F_i = \text{Max}(f_{ij}) \quad J = 1 \dots CR \quad (۶-۱)$$

که در آن  $CR_i$ ، کروموزم  $i$  ام می باشد.

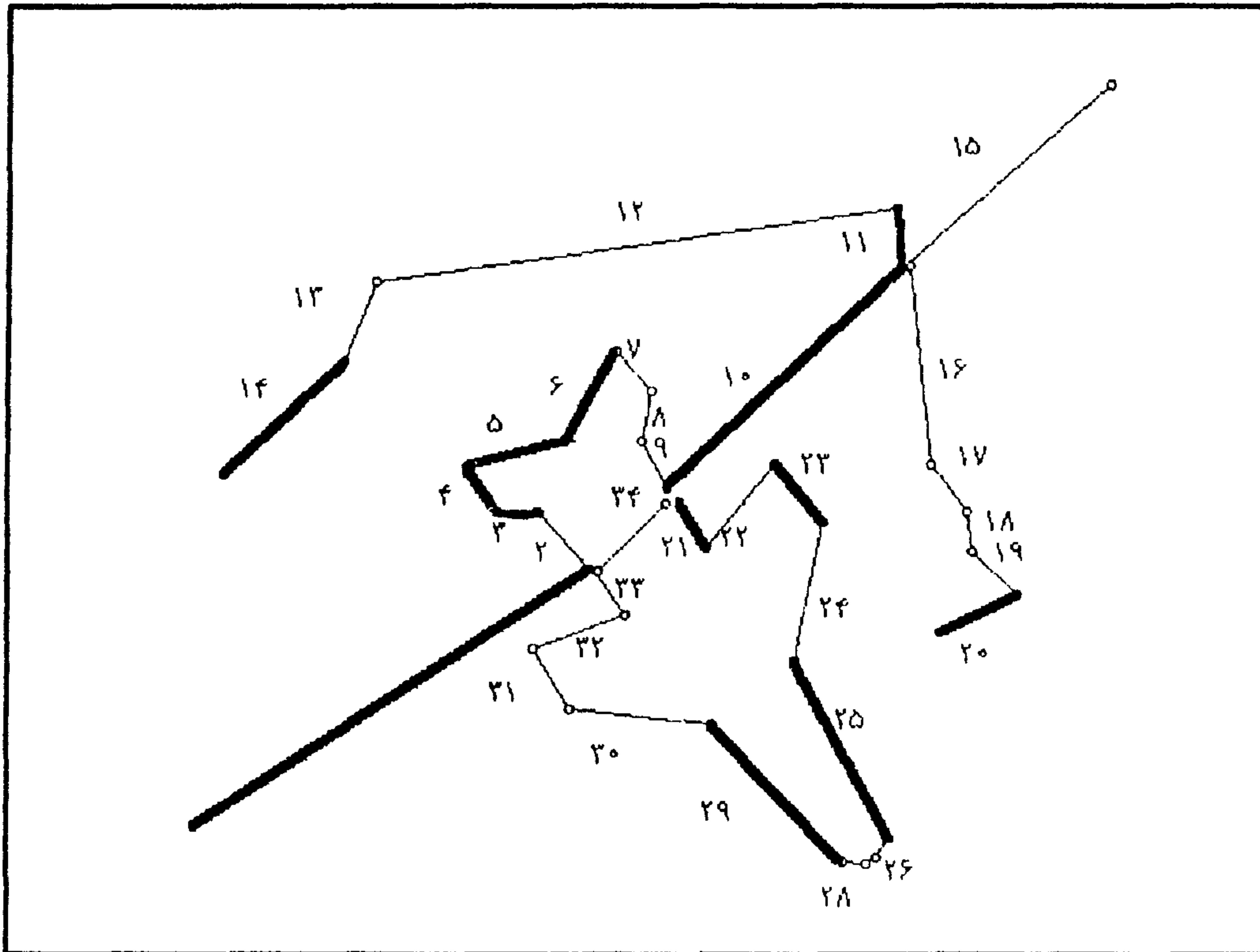
با تابع انطباق تعریف شده در صورت پایان یافتن الگوریتم، تابع تبدیل با بیشترین  $F_i$  تولید شده در نسلهای مختلف به عنوان تابع تبدیل برنده معرفی می شود. با اعمال این تبدیل به مدل، شکل مورد نظر در تصویر یافت می شود.

\*. Fitness Function

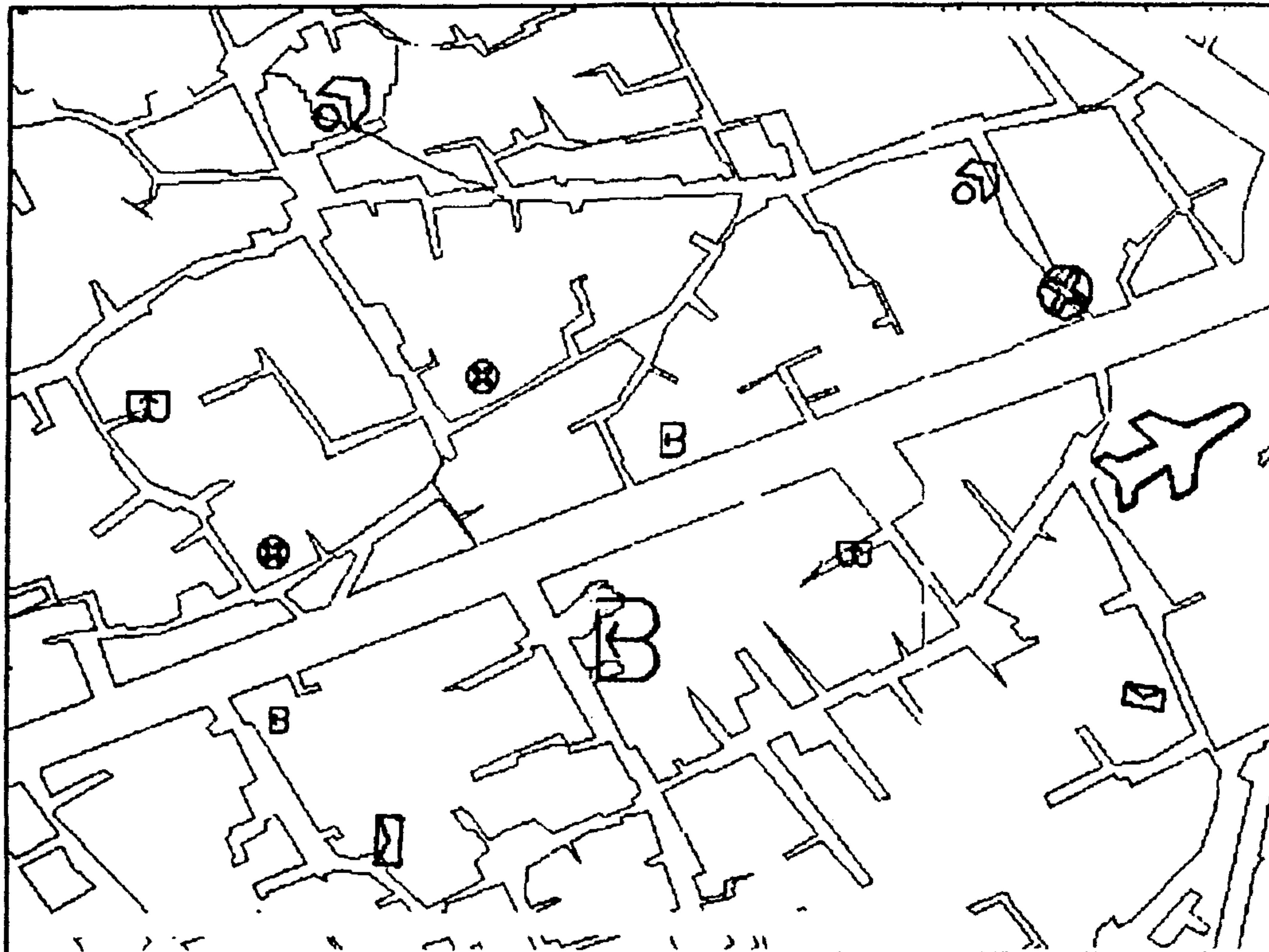
روند تشخیص الگوی تصویری در محیط پیچیده توسط الگوریتم ژنتیک به صورت زیر است:

- ۱- ایجاد ۵ کروموزم تصادفی به طول  $n_l$  به عنوان گونه‌های آغازین.
- ۲- ایجاد نسل آغازین با جمعیت ۲۰ کروموزم از روی گونه‌های آغازین با توجه به تابع انطباق آنها.
- ۳- ایجاد نسل جدید بوسیله جهش و لقاح با جمعیت ۲۰ کروموزم.
- ۴- ذخیره بهترین کروموزم هر نسل.
- ۵- تکرار اعمال ۳ و ۴ به تعداد ۱۰ بار.
- ۶- اعمال تبدیل مربوط به بهترین کروموزم به مدل برای یافتن شکل و تصویر.

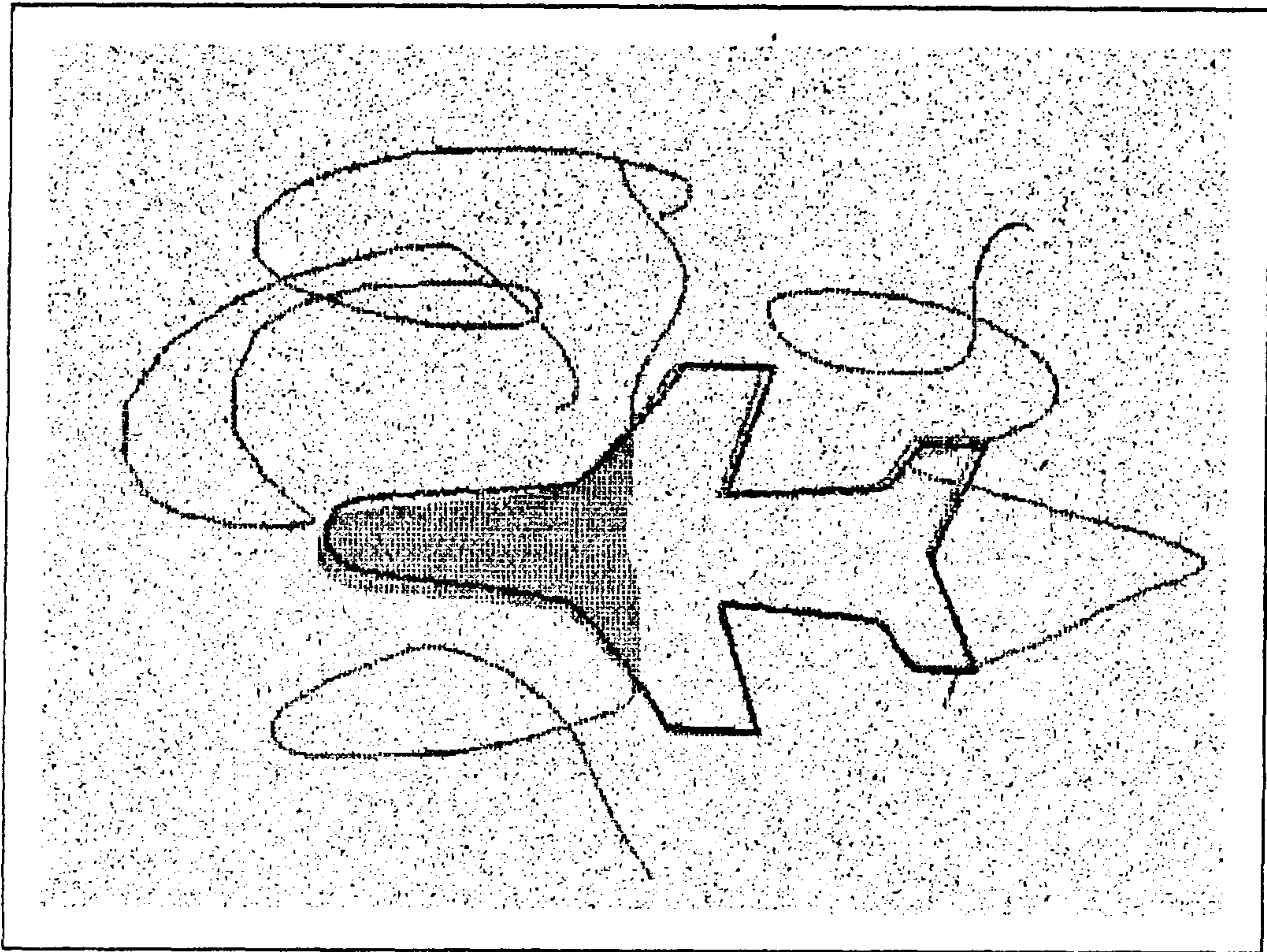
در شکل (۳) تصویر یک نقشه جغرافیایی مورد استفاده در این تحقیق نشان داده شده است. هدف، پیدا نمودن سمبل‌هایی همچون علامات فرودگاه و مدرسه در نقشه جغرافیایی مورد نظر می‌باشد. با استفاده از الگوریتم ژنتیک در اشکال (۴)، (۵-الف) و (۵-ب) علامات فرودگاه و مدرسه به ترتیب به طور دقیق شناسایی شده‌اند [مق - ۷۵].



شکل ۲



شکل ۳



شکل ۴



شکل ۵ - الف



شکل ۵ - ب

## **Symbol recognition in GIS maps using Genetic Algorithm, part two, Application**

**Dr. Moshiri, B., Assistant prof., Faculty of Engineering, University of Tehran.**

**Moghaddam, T., K., (Eng.), Faculty of Engineering, University of Tehran.**

### **Abstract**

As explained in the first section of this paper, the Conventional methods are Used for converting the manual GIS maps to computerized GIS maps in most of related organization in Iran at the time being. However, this paper presents the novel Approach based on intelligent approaches named Genetics approach.

This approach has more accuracy, better Resolution, faster response comparing with the conventional methods. this method also provide better Geographic symbole recognition for GIS maps.

## فهرست منابع:

[Da - 87] Davis, "Genetic Algorithm Simulated Anneling" , Morgan Kaufman Pub. Inc. 1987.

[Go - 89] D.E. Goldberg, "Genetic Algorithm in search, optimization and learning" , Addison - Wesely Pub. Co. Inc. 1989.

[Gr - 86] J.J. Grenfenstette, "Optimization of Control Parameters for Genetic Algorithms" , IEEE Trans. SMC. Vol 16, No. 1, 1986.

[Na - 92] Koichi Nara and et - al, "Implementation of Genetic Algorithm for distribution systems loss Minimum reconfiguration" , Transaction on power systems, Vol. 7 No. 3 Aug 1992.

[مق - ۷۵] کاوه مقدم تبریزی، "تشخیص الگوی تصویری در محیط پیچیده"، پایان نامه کارشناسی ارشد، گروه برق و کامپیوتر، دانشکده فنی - دانشگاه تهران، ۱۳۷۵.