



یک معیار شباهت جدید برای روش همبسته‌نگار موجک در بازیابی تصاویر و بهینه‌سازی آن با استفاده از الگوریتم‌های ژنتیکی

حمید ابریشمی مقدم

moghadam@eetd.kntu.ac.ir

دانشکده برق، دانشگاه صنعتی خواجه نصیرالدین طوسی، تهران، ایران

مهدی سعادت‌مند طرزجان

saadatmand@eieeee.org

واژه‌های کلیدی: نمایه‌گذاری و بازیابی تصاویر، معیار شباهت، الگوریتم‌های ژنتیکی، روش همبسته‌نگار موجک

۱- مقدمه

امروزه همزمان با پیشرفت فن‌آوری و توسعه شبکه‌های کامپیوتری، پایگاه‌های داده تصویری نیز به سرعت گسترش یافته‌اند. در هر روز ماهواره‌ها، سیستم‌های امنیتی، نظامی و پزشکی هزاران تصویر تولید می‌کنند. از اینرو ذخیره و بازیابی تصاویر در پایگاه‌های داده تصویری، به یک مسأله مهم و پراهمیت تبدیل شده است. برای این منظور روش‌های بازیابی تصاویر بر اساس محتوا^۱ (CBIR) ارائه گردیده‌اند. عبارت CBIR به روش‌هایی اطلاق می‌شود که قادرند با استفاده از مجموعه‌ای از ویژگی‌ها (که به صورت خودکار از تصاویر استخراج می‌شوند)، تصاویر مشابه و مرتبط از نظر مفهوم و محتوا را از یک پایگاه داده تصویری استخراج نمایند. اینگونه سیستم‌ها معمولاً شامل دو مرحله نمایه‌گذاری و بازیابی می‌باشند. در مرحله نمایه‌گذاری، مجموعه‌ای از ویژگی‌ها در قالب یک نمایه (بردار ویژگی) از تصویر استخراج می‌شود. سپس در مرحله بازیابی، تمام نمایه‌های پایگاه تصویر بر

چکیده: معمولاً روش‌های نمایه‌گذاری و بازیابی تصاویر بر اساس محتوی (CBIR) از دو مرحله نمایه‌گذاری و بازیابی تشکیل شده‌اند. وظیفه الگوریتم نمایه‌گذاری، استخراج یک بردار ویژگی از تصویر بر اساس ویژگی‌هایی چون رنگ، بافت و شکل است. در حالی که الگوریتم بازیابی، با استفاده از یک معیار شباهت (فاصله)، تصاویر پایگاه را بر حسب میزان شباهت (اختلاف) با تصویر پرس‌وجو مرتب می‌کند. تحقیقاتی که تاکنون در زمینه معیارهای شباهت انجام شده، برخلاف سایر بخش‌های الگوریتم‌های CBIR، به شکل شگفت‌آوری اندک است. در این مقاله، یک معیار فاصله جدید برای ارزیابی اختلاف بین تصاویر ارائه شده است. معیار فاصله پیشنهادی برای هر مؤلفه از بردار ویژگی وزنی در نظر می‌گیرد که بیانگر میزان اهمیت آن نسبت به دیگر مؤلفه‌ها است. ما از الگوریتم‌های ژنتیکی به منظور بهینه‌سازی وزن‌های مذکور متناسب با روش نمایه‌گذاری و ساختار بردار ویژگی استفاده کرده‌ایم. به منظور بررسی کارایی، از معیار فاصله پیشنهادی در روش W3C (شکل تصحیح شده روش همبسته‌نگار موجک) استفاده گردیده است. شبیه‌سازی‌ها بیانگر بهبود بازدهی الگوریتم CW3C با معیار فاصله پیشنهادی در مقایسه با چند معیار متداول دیگر و روش SIMPLiCity است.

¹ Content-Based Image Retrieval (CBIR)

اساس یک معیار شباهت (فاصله) با نمایه تصویر پرس وجو^۲ مقایسه و مرتب می‌شوند [۱].

و F^d است. \hat{F}^q نیز مطابق معادله (۳) تعریف می‌شود که در آن ν بیانگر اثر نویز بر بردار ویژگی F^q است.

$$\hat{F}^q = F^q + \nu \quad (3)$$

همانطور که در معادله (۱) مشاهده می‌شود، مهمترین بخش در معیارهای شباهت قطعی، تابع فاصله d است. یکی از متداولترین توابع فاصله در بازیابی تصاویر، تابع فاصله Minkowski است:

$$L_r(F^q, F^d) = \left[\sum_{j=1}^n |F_j^q - F_j^d|^r \right]^{\frac{1}{r}} \quad (4)$$

که در آن r مرتبه تابع فاصله و n اندازه بردار ویژگی است. فاصله Minkowski با $r=1$ ، $r=2$ و $r \rightarrow \infty$ به ترتیب به معیارهای معروفی چون فاصله منهتن (L_1) [۸]، فاصله اقلیدوسی (L_2) [۱۰] و فاصله ماکزیم (L_∞) ساده می‌شود. Swin و همکارانش در [۲] از معیار فاصله تقاطعی^۱ برای ارزیابی شباهت استفاده کرده‌اند:

$$d_{\cap}(F^q, F^d) = \sum_{j=1}^n \min(F_j^q, F_j^d). \quad (5)$$

در روش‌های پیشنهادی Hafner و همکارانش [۱۱] و Binaghi و همکارانش [۱۲] از معیار فاصله اقلیدوسی وزن‌دار برای ارزیابی شباهت بین بردارهای ویژگی استفاده شده است. در حالی که Stricker و همکارانش [۴] معیار فاصله منهتن وزن‌دار را به خدمت گرفته‌اند.

Huang و همکارانش [۳] نیز در روش همبسته‌نگار رنگ، معیار فاصله نسبی را برای ارزیابی شباهت معرفی کرده است:

$$\psi_{\mu}(F^q, F^d) = \sum_{j=1}^n \frac{|F_j^q - F_j^d|}{\mu + F_j^q + F_j^d}, \quad (6)$$

که در آن پارامتر μ با توجه به محدوده مقادیر مؤلفه‌ها تعیین می‌شود. مقدار پیشنهادی Huang برای μ یک می‌باشد.

در این مقاله، معیار فاصله نسبی وزن‌دار برای ارزیابی شباهت معرفی شده است. ما به منظور تعیین مقادیر بهینه وزن‌ها در معیار فاصله پیشنهادی، متناسب با روش نمایه‌گذاری و ساختار بردار ویژگی، از الگوریتم‌ها ژنتیکی استفاده کرده‌ایم. شبیه‌سازی‌های انجام شده بر روی روش CW3C [۱۸] (شکل بهبودیافته روش همبسته‌نگار موجک)، بیانگر بهبود عملکرد این الگوریتم با معیار فاصله پیشنهادی است.

۱-۱- مروری بر روش‌های نمایه‌گذاری

تاکنون در زمینه نمایه‌گذاری تصاویر تحقیقات گسترده‌ای انجام شده است [۲-۸]. حاصل این تحقیقات طیف وسیعی از الگوریتم‌ها است که از ویژگی‌های گوناگونی چون رنگ [۲-۳]، بافت [۴] و شکل [۵] در نمایه‌گذاری تصاویر سود می‌برند.

از دیدگاهی دیگر، می‌توان الگوریتم‌های نمایه‌گذاری را به دو دسته روش‌های مبتنی بر حوزه مکان [۲-۵] و روش‌های مبتنی بر حوزه تبدیل [۶-۸] تقسیم نمود. همبسته‌نگار موجک [۷] یک روش نمایه‌گذاری و بازیابی تصاویر در حوزه تبدیل موجک است. در این روش، همبستگی مکانی ضرایب موجک در سه مقیاس متوالی با استفاده از روش خود همبسته‌نگار [۳] محاسبه و مقادیر حاصل بردار ویژگی تصویر را تشکیل می‌دهند. همبسته‌نگار موجک در مرحله بازیابی نیز، از معیار فاصله L_1 به منظور ارزیابی اختلاف بین تصاویر استفاده می‌کند.

۱-۲- مروری بر معیارهای شباهت

برخلاف سایر بخش‌های الگوریتم‌های CBIR، تحقیقاتی که تاکنون در زمینه معیارهای شباهت انجام شده، به شکل شگفت‌آوری اندک است. معیارهای شباهت را می‌توان به دو دسته کلی قطعی^۳ (معادله ۱) و احتمالاتی^۴ (معادله ۲) تقسیم نمود [۹].

$$s(F^q, F^d) = c(d(F^q, F^d)) \quad (1)$$

$$s(F^q, F^d) = f(P(\hat{F}^q \approx F^d)) \quad (2)$$

که در آن، c یک تابع مثبت نزولی و d یک تابع اندازه‌گیری فاصله در فضای ویژگی است. همچنین منظور از $P(F^q \approx F^d)$ احتمال هم‌کلاس بودن بردارهای ویژگی F^q

^۲ Query image

^۳ Deterministic

^۴ Probabilistic

^۵ Intersection distance

در ادامه مقاله در بخش بعدی روش همبسته‌نگار موجک معرفی خواهد شد. بخش سوم به بررسی معیار فاصله پیشنهادی اختصاص یافته است. در بخش چهارم الگوریتم‌های ژنتیکی بطور اجمالی معرفی شده‌اند. بخش پنجم الگوریتم ژنتیکی پیشنهادی را (برای تنظیم بهینه وزن‌های معیار فاصله) شرح می‌دهد و در نهایت بخش‌های ششم و هفتم به شبیه‌سازی‌ها و نتیجه‌گیری اختصاص یافته است.

۲- معیار فاصله پیشنهادی

معیار فاصله نسبی (معادله ۶) دارای خصوصیات قابل توجهی است. این معیار برخلاف معیار فاصله اقلیدوسی [۱۰] در ارزیابی فاصله برای نمایه‌هایی که دارای صفرهای زیادی هستند از عملکرد مناسبی برخوردار است. بعلاوه، در این معیار اختلاف بین بردارهای ویژگی (در صورت) نسبت به اندازه آنها (در مخرج) نرمالیزه شده است. در نتیجه، انتظار می‌رود، اختلاف بین بردارهای ویژگی به شکل معنی‌داری محاسبه گردد. به عنوان مثال، فرض کنید بردارهای ویژگی F^q ، F^r و f^s داشته باشیم:

$$\begin{cases} |F_i^p - F_i^q| = |f_i^r - f_i^s|, & i = 1, 2, \dots, n. \\ F_i^p, F_i^q > f_i^r, f_i^s > 0 \end{cases} \quad (7)$$

با توجه به اینکه مؤلفه‌های f^s و f^r کوچکتر از F^q و F^d هستند (علی‌رغم اختلاف یکسان آنها)، لذا معیار فاصله d در صورتی قابل قبول است که نامساوی $d(F^q, F^d) < d(f^r, f^s)$ بر اساس معیار فاصله Minkowski (صرف نظر از مرتبه آن) داریم:

$$L_r(F^q, F^d) = L_r(f^q, f^d). \quad (8)$$

دلیل بروز خطای فوق عدم توجه به مقادیر مؤلفه‌ها است، در حالی که معیار فاصله نسبی نتیجه می‌دهد:

$$\psi_\mu(F^q, F^d) < \psi_\mu(f^q, f^d), \quad (9)$$

که نتیجه‌ای قابل قبول است.

در معیار فاصله نسبی به وزن مؤلفه‌ها نسبت به یکدیگر توجهی نشده است، در حالی که این پارامتر می‌تواند اثر چشم‌گیری در بهبود عملکرد الگوریتم بازیابی داشته باشد. به

همین منظور ما معیار فاصله نسبی وزن‌دار را مطابق معادله (۱۰) پیشنهاد می‌کنیم:

$$d_\mu(p, q) = \sum_{j=1}^n w_j \left| \frac{F_j^p - F_j^q}{\mu + F_j^p + F_j^q} \right|, \quad (10)$$

که در آن ضرایب w_i ($i = 1, 2, \dots, 96$) وزن‌های مؤلفه‌های بردار ویژگی بوده و بیانگر اهمیت هر مؤلفه نسبت به مؤلفه‌های دیگر است. پارامتر μ در معادله فوق، عددی مثبت و غیرصفر است که برای پرهیز از صفر شدن مخرج و تضعیف اثر ضرایب کوچک مورد استفاده قرار گرفته است. بر اساس مشاهدات تجربی، برای این پارامتر مقدار یک انتخاب شده است [۱۳].

تنظیم وزن‌های w_i متناسب با روش نمایه‌گذاری، می‌تواند تأثیر بسزایی در بهبود عملکرد الگوریتم بازیابی داشته باشد. ما برای این منظور از الگوریتم‌های ژنتیکی سود جستیم.

۲-۱- الگوریتم‌های ژنتیکی

الگوریتم‌های ژنتیکی خانواده‌ای از مدل‌های محاسباتی هستند که از تکامل موجودات (مسأله انتخاب طبیعی در طبیعت) الهام گرفته شده‌اند [۱۴]. انتخاب طبیعی یک فرایند زیستی است که بر اساس آن در یک جامعه رقابتی، احتمال برنده شدن افراد قویتر بیشتر است. در یک الگوریتم ژنتیکی فرض می‌شود که حل بالقوه یک مسأله (که آن را کروموزوم می‌نامند)، عضوی از یک جامعه باشد که می‌توان آن را با تعدادی پارامتر نمایش داد. این پارامترها به عنوان ژن‌های کروموزوم مربوطه شناخته می‌شوند. یک تابع هزینه، نیز برای مشخص کردن کیفیت کروموزوم‌ها تعریف می‌شود. طبیعتاً این تعریف به اهداف مسأله بهینه‌سازی وابسته خواهد بود.

جمعیت اولیه کروموزوم‌ها که معمولاً بصورت تصادفی تولید می‌شود، نسل اول را تشکیل می‌دهد. از این پس در هر مرحله، الگوریتم با انتخاب تعدادی از کروموزوم‌های جمعیت فعلی (والدین) و اعمال عملگرهای برش و جهش، کروموزوم‌های نسل بعد (فرزندان) را بوجود می‌آورد. انتظاری که از این فرایند تکاملی (تغییرات ژن‌ها) داریم این است که کروموزوم بهتر، تعداد فرزندان بیشتری تولید کند و در نتیجه،

امکان بقایش در نسل‌های بعد بیشتر باشد. این فرایند ادامه می‌یابد تا شرط خاتمه الگوریتم برآورده شود.

امروزه از الگوریتم ژنتیکی در کاربردهای مختلفی مانند بهینه‌سازی توابع، شناسایی سیستم‌ها، پردازش تصویر و... استفاده می‌شود. با این که دامنه کاربرد این الگوریتم‌ها بسیار وسیع است اما اغلب به آنها به چشم «بهینه‌سازهای توابع» نگاه می‌شود [۱۴]. هنگامی که هدف، پیدا کردن جوابی نزدیک به پاسخ بهینه، برای یک تابع چندبعدی با چندین قید باشد، بهینه‌سازهای ژنتیکی بسیار مؤثر و کارا هستند [۱۵].

۲-۲- الگوریتم ژنتیکی پیشنهادی

همانطور که می‌دانید هر الگوریتم ژنتیکی از بخش‌های رمزنگاری، انتخاب والدین، برش و جهش تشکیل شده است. در الگوریتم ژنتیکی پیشنهادی، هر کروموزوم از n ژن تشکیل شده است. هر ژن که یک عدد حقیقی بین صفر و یک است، وزن مؤلفه متناظرش را در بردار ویژگی مشخص می‌کند. به عبارت دیگر، ژن z_j همان ضریب w_j در معادله (۱۰) است. مطابق معادله (۱۲)، برای ارزیابی کیفیت کروموزوم‌ها، از تابع رتبه متوسط^۱ کل به عنوان تابع هزینه الگوریتم ژنتیکی استفاده می‌شود:

$$C(Q) = \sum_{k \in A_Q} \frac{\text{Rank}(I_k)}{|A_Q|}, \quad (11)$$

$$C = \frac{1}{|A|} \sum_{k \in A} C(I_k). \quad (12)$$

که در آن مجموعه A_Q شامل تمام تصاویر مرتبط با تصویر پرس‌وجوی Q در پایگاه تصویر A و $|A_Q|$ بیانگر تعداد اعضای مجموعه مذکور است. بنابراین، عبارت $C(Q)$ از رتبه متوسط تصاویر مرتبط با تصویر پرس‌وجوی Q .

روش کار برای ارزیابی هر کروموزوم چنین است که ابتدا، ژن‌های کروموزوم مورد نظر ضرایب w_j را تعیین می‌کنند. سپس تمام تصاویر پایگاه A مورد پرس‌وجو واقع شده و دقت فراخوانی الگوریتم بازیابی با استفاده از معادله (۱۲) محاسبه می‌شود. معیار فراخوانی متوسط از این جهت که به رتبه کلیه تصاویر مرتب در پایگاه تصویر توجه دارد، نسبت به دیگر

معیارهای ارزیابی عملکرد، چون صحت^۱ یا فراخوانی^۱ ترجیح داده می‌شود.

در الگوریتم ژنتیکی پیشنهادی از عملگر برش یک نقطه‌ای [۱۴] و عملگر جهش متداول استفاده شده است. به این ترتیب که قبل از آغاز به کار الگوریتم ژنتیکی، عددی بین صفر و یک به عنوان احتمال جهش در نظر گرفته می‌شود. سپس در طول فرآیند تکامل، پس از تولید هر فرزند، به ازای هر ژن یک عدد تصادفی تولید می‌شود. چنانچه این عدد از احتمال جهش کوچکتر باشد، ژن مذکور با ژنی جدید که به صورت تصادفی تولید گردیده، جایگزین می‌شود.

تکامل بیش از آنکه به حفظ گونه‌هایی بپردازد که تطابق بیشتری با محیط اطرافشان داشته‌اند، به حذف گونه‌هایی پرداخته که کمتر با محیط اطرافشان تطابق داشته‌اند [۱۶]. به عبارت دیگر، در تکامل حذف عناصر ضعیفتر به مراتب اثر بیشتری از حفظ عناصر قویتر دارد. در الگوریتم ژنتیکی پیشنهادی مشابه با Genitor [۱۷]، در هر تولید نسل، از میان جمعیت موجود تنها دو کروموزوم به عنوان ولی^۹ (یکی بر اساس روش مسابقه^{۱۰} [۱۴] و دیگری بصورت تصادفی) انتخاب می‌شوند و بنابراین تنها دو کروموزوم فرزند تولید در روش مسابقه، از بین جمعیت موجود تعداد N_T کروموزوم (که جمعیت مسابقه را تشکیل می‌دهند) بصورت تصادفی انتخاب می‌شود. سپس از میان این کروموزوم‌ها، کروموزومی که دارای بهترین مقدار هزینه است، انتخاب می‌شود. جمعیت جدید با جایگذاری دو فرزند حاصل، در جمعیت قبلی شکل می‌گیرد. به این ترتیب که یکی از دو فرزند جایگزین بدترین کروموزوم جمعیت فعلی و دیگری جایگزین بدترین کروموزوم جمعیت مسابقه می‌شود.

در الگوریتم ژنتیکی پیشنهادی، شیوه انتخاب والدین و تولید نسل جدید چنان انتخاب شده است، که پراکندگی جمعیت تا حد امکان حفظ شود. برای حصول اطمینان از این مسأله، در هر تولید نسل، از میان دو کروموزوم فرزند تولید شده، تنها آن

⁷ Precision

⁸ Recall

⁹ Parent

¹⁰ Tournament

⁶ Average rank

۳-۱- پایگاه تصاویر

به منظور ارزیابی کروموزوم‌ها از زیرمجموعه‌ای از پایگاه تصاویر COREL (مجموعه A) که شامل ۱۰۰۰ تصویر ($|A|=1000$) در ۱۰ دسته صدتایی می‌باشد، استفاده شده است [۶]. تصاویر هر دسته از نظر مفهومی با یکدیگر مشابه هستند. دسته‌های مذکور در جدول ۱ لیست شده‌اند.

۳-۲- بهینه‌سازی وزن‌های معیار فاصله پیشنهادی

برای بهینه‌سازی ضرایب w_i ، از الگوریتم ژنتیکی پیشنهادی بر روی پایگاه تصاویر فوق استفاده گردید. اندازه جمعیت ۱۵۰، اندازه جمعیت مسابقه $N_T = 30$ ، احتمال جهش 0.002 انتخاب گردید.

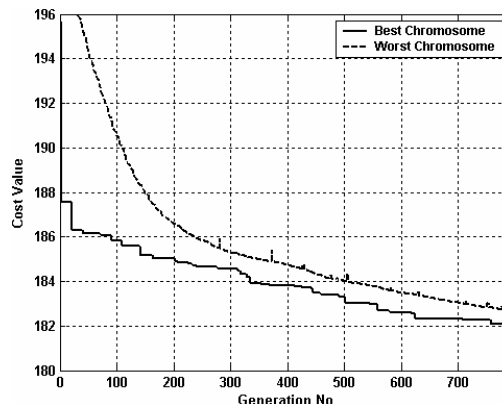
در شکل ۱ منحنی‌های تغییرات مقدار تابع هزینه (رتبه متوسط) برای بهترین و بدترین کروموزوم جمعیت در طول فرآیند تکامل نشان داده شده است. همانطور که مشاهده می‌شود، الگوریتم ژنتیکی پیشنهادی توانسته است مقدار تابع هزینه بهترین کروموزوم را از ۱۹۵ در آغاز کار به ۱۸۲ (معادل ۷٪ کاهش دهد). در شکل ۱۴-۸، ضرایب بهینه حاصل از الگوریتم ژنتیکی پیشنهادی برای روش CW3C، نشان داده شده است.

به منظور بررسی عملکرد CW3C با معیار فاصله پیشنهادی، از شاخص‌های رتبه (معادله ۱۲) و فراخوانی (معادله ۱۴) متوسط استفاده شده است.

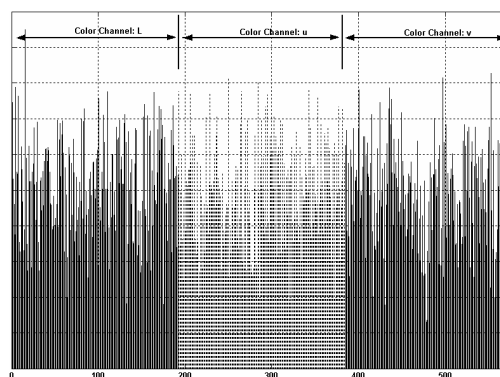
$$Y(Q) = \{I_k | Rank(I_k) < 100, I_k \in A_Q\} \quad (13)$$

$$R = \frac{1}{|A|} \sum_{k \in A} \frac{|Y(I_k)|}{100} \quad (14)$$

در جدول ۱، نتایج حاصل از ارزیابی فوق با معیار فاصله پیشنهادی (d_1)، در مقایسه با معیارهای فاصله منهتن (L_1)، اقلیدوسی (L_2) و نسبی (ψ_1) نشان شده است. همانطور که مشاهده می‌شود، معیار فاصله پیشنهادی سبب بهبود قابل توجه عملکرد CW3C، در مقایسه با دیگر معیارهای فاصله شده است. همچنین در این جدول، عملکرد الگوریتم CW3C با الگوریتم SIMPLicity [۶] به عنوان محک مقایسه شده است. همانطور که مشاهده می‌شود، CW3C عملکرد بسیار چشم‌گیری در مقایسه با این الگوریتم محک داشته است.



شکل ۱: تغییرات مقدار تابع هزینه (رتبه متوسط) برای بهترین و بدترین کروموزوم جمعیت در طول فرآیند تکامل با هدف بهینه‌سازی وزن‌های تابع ارزیابی شباهت در روش CW3C.



شکل ۲: وزن‌های بهینه معیار فاصله پیشنهادی در روش CW3C. وزن‌های مذکور با استفاده از الگوریتم ژنتیکی پیشنهادی محاسبه شده‌اند.

کروموزوم‌هایی وارد جمعیت جدید می‌شوند که مشابه با کروموزوم‌های جمعیت قبلی نباشند. دو کروموزوم $C_q = [w_{qi}]_{i=1}^n$ و $C_p = [w_{pi}]_{i=1}^n$ را مشابه گوئیم اگر برای آنها نامعادله $\sum_{i=1}^n |w_{pi} - w_{qi}| < \tau$ صادق باشد.

۳-۳- شبیه‌سازی

به منظور ارزیابی کارایی، از معیار فاصله پیشنهادی در روش CW3C استفاده شده است. در این روش طول بردارهای ویژگی $n=576$ است. همچنین برای پارامتر آستانه τ ، به صورت تجربی، مقدار ۲ انتخاب گردیده است.

جدول ۱: ارزیابی عملکرد الگوریتم CW3C با معیار فاصله پیشنهادی (d_i) در مقایسه با

چند معیار فاصله متداول (L_1 , L_2 و ψ_i) و روش SIMPLIcity.

	Category	Manhattan Distance (L_1)		Euclidean Distance (L_2)		Relevance Distance (ψ_i)		Proposed Similarity Measure (d_i)		SIMPLIcity	
		R (%)	C	R (%)	C	R (%)	C	R (%)	C	R (%)	C
1	Africans	41.8	225.7	34.9	257.6	42.2	224.6	44.5	212.0	47.4	177.6
2	Beaches	26.6	351.8	23.1	392.7	27.3	342.6	28.9	325.8	32.3	241.0
3	Buildings	36.3	290.9	35.6	296.2	36.0	281.5	37.0	268.1	32.9	260.9
4	Buses	82.6	72.1	80.9	74.3	82.8	69.7	83.1	69.2	36.2	259.6
5	Dinosaurs	57.0	177.5	46.1	237.5	58.1	165.2	65.4	131.9	97.9	49.7
6	Elephants	49.7	146.3	42.2	185.4	49.7	146.9	50.7	141.5	40.0	196.3
7	Flowers	54.0	148.8	44.7	188.6	52.8	155.1	53.3	150.2	40.0	298.1
8	Horses	55.4	161.3	48.4	187.5	56.7	153.5	57.2	151.9	71.6	91.9
9	Mountains	37.9	249.2	35.6	279.6	37.4	253.9	39.8	233.5	34.2	229.8
10	Food	62.1	133.7	60.4	129.9	61.9	133.8	60.8	136.8	33.7	270.8
	Total	50.3	195.7	45.2	222.9	50.5	192.7	52.1	182.1	46.6	207.6

- [2] M.J. Swain, B.H. Ballard, "Color indexing," *Int'l J. Computer Vision*, 7(1):11-32, 1991. [10]
- [3] J. Huang, S. Ravi Kumar, M. Mitra, W.-J. Zhu, R. Zabih, "Image indexing using color correlograms," *Proceedings of IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pp. 762-768, 1997. [10] [3]
- [4] M. Stricker, A. Dimai, "Spectral covariance and fuzzy regions for image indexing," *Machine Vision Applications*, 10:66-73, 1997.
- [5] F. Mahmoudi, J. Shanbehzadeh, A.M. Eftekhari-Moghadam, H. Soltanian-Zadeh, "Image retrieval based on shape similarity by edge orientation autocorrelation," *Pattern Recognition*, 31:1725-1736, 2003.
- [6] J. Z. Wang, J. Li, and G. Wiederhold, "SIMPLIcity: semantics sensitive integrated matching for picture libraries," *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 23(9):947-963, 2001.
- [7] H. Abrishami-Moghaddam, T. T. Khajoe, A.H. Rouhi, "A new algorithm for image retrieval using wavelet correlogram," *IEEE Int. Conf. Image Processing, ICIP2003*, Barcelona, Spain, Sep. 2003.
- [8] H. Abrishami-Moghaddam, T. Taghizadeh Khajoe, A. H. Rouhi, M. Saadatmand-T., "Wavelet correlogram: a new approach for image indexing and retrieval," Submitted to *Pattern Recognition*, 2004.
- [9] A. W.M. Smeulders, M. Worring, S. Santini, A. Gupta, R. Jain, "Content-based image retrieval at the end of the early years," *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 22(12):1349-1380, 2000.
- [10] M. Stricker, M. Orengo, "Similarity of color images," *Proc. Storage and Retrieval of Image and Video Databases*, III:2420:381-392, 1995.
- [11] J. Hafner, H.S. Sawhney, W. Equitz, M. Flickner, W. Niblack, "Efficient color histogram indexing for quadratic from distance functions," *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 17:729-736, 1994.
- [12] E. Binaghi, I. Gagliardi, R. Schettini, "Image retrieval using fuzzy evaluation of color similarity,"

در شکل های ۳ و ۴ پاسخ الگوریتم CW3C با معیار فاصله پیشنهادی برای دو تصویر پرس و جوی نمونه نشان داده شده است.

۴- نتیجه گیری

در این مقاله یک معیار فاصله جدید بنام فاصله نسبی وزن دار ارائه شده است. همچنین برای بهینه سازی وزن های معیار فاصله پیشنهادی، از الگوریتم های ژنتیکی استفاده شده است. به منظور ارزیابی عملکرد، از معیار شباهت پیشنهادی در الگوریتم CW3C استفاده شده است. شبیه سازی ها بیانگر کارایی الگوریتم ژنتیکی پیشنهادی در تنظیم بهینه وزن های معیار شباهت است. بعلاوه، مقایسه معیار فاصله پیشنهادی با چند معیار فاصله متداول دیگر حاکی از بهبود قابل توجه عملکرد CW3C است. همچنین CW3C با معیار شباهت پیشنهادی در مقایسه با SIMPLIcity نیز از عملکرد بسیار رضایت بخشی برخوردار است.

قدردانی

بدین وسیله نویسندگان مقاله از مرکز تحقیقات مخابرات ایران بخاطر حمایت از این پروژه قدردانی و تشکر می نمایند.

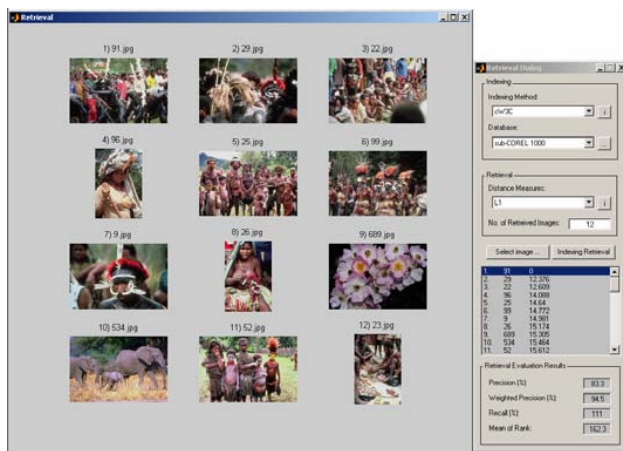
مراجع

- [1] V. N. Gudivada, J. V. Raghavan, "Special issues on content-based image retrieval systems," *IEEE Computer Magazine*, 28(9):18-22, 1995.

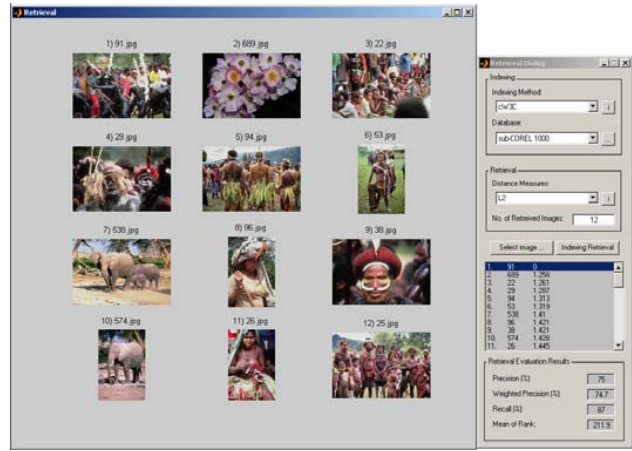
- [16] C. Darwin, "The origin of species by means of natural selection", Murray, 1859.
- [17] D. Whitley, "The GENITOR algorithm and selective pressure", *Proc. 3th International Conference on Genetic Algorithms*, ed. Morgan-Kaufmann: 116-121, 1989.
- [18] M. Saadatmand-T., H. Abrishami Moghadam, "Enhanced Wavelet Correlogram methods for Image Indexing and Retrieval," Submitted to *IEEE Conf. Image Processing, (ICIP2005)*, 2005.

Int. Journal of Pattern Recognition and Artificial Intelligence, 8:945-968, 1994.

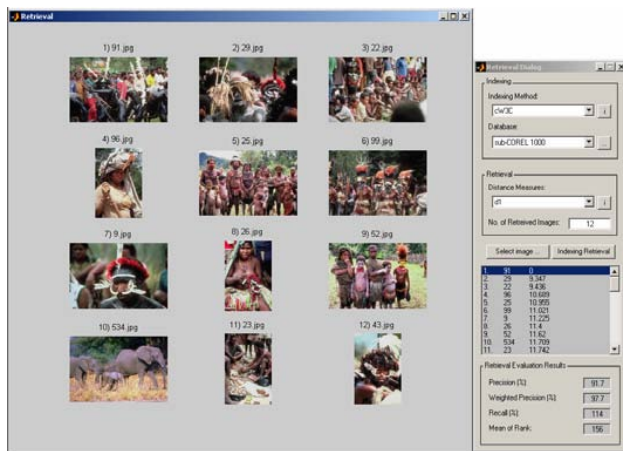
- [13] M. Saadatmand-T., H. Abrishamimoghadam, and M.-S. Moein, "Improving wavelet-correlogram algorithm for image indexing and retrieval," Accepted in *Iranian Conference on Intelligent Systems (CIS'04)*. (in Persian)
- [14] D. Whitley, "A genetic algorithm tutorial", *Statistics and Computer*, 4: 65-85, 1994.
- [15] M. Mitchell, S. Forrest, "Genetic algorithms and artificial life", *Artificial Life*, 1(3):267-289, 1994. Reprinted in C. G. Langton (Ed.) *Artificial Life: an Overview*, MIT Press, Cambridge, MA (1995).



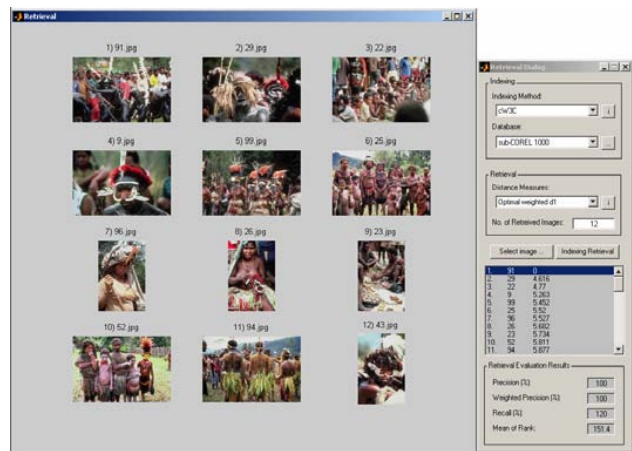
L_1



L_2

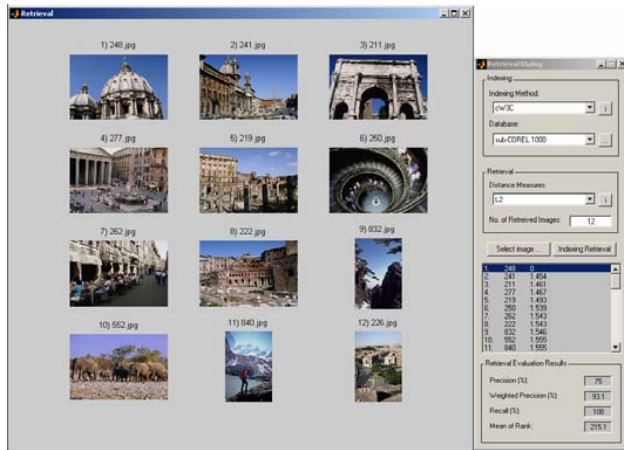


ψ_1

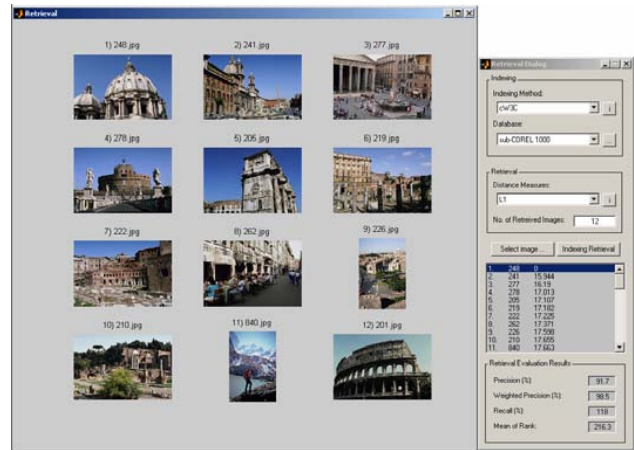


d_1

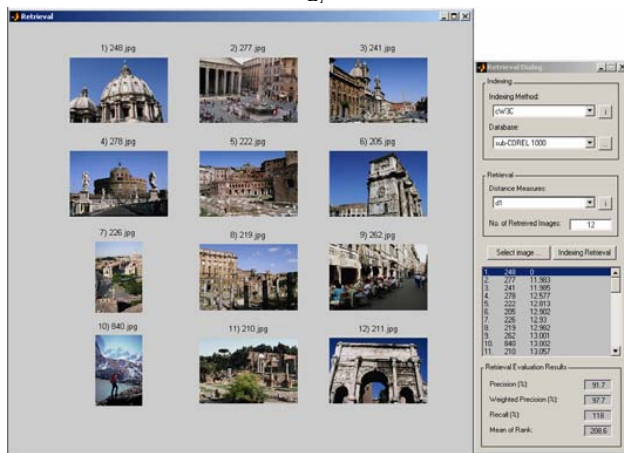
شکل ۳: نتایج حاصل پرس و جوی تصویر ۹۱ با استفاده از الگوریتم CW3C با معیار فاصله پیشنهادی و چند معیار فاصله متداول دیگر.



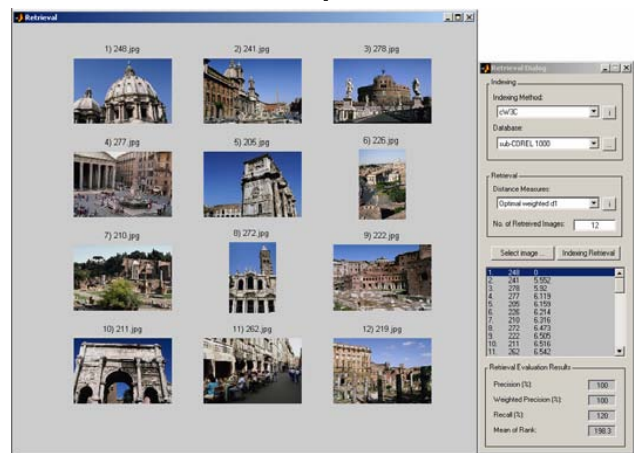
L_1



L_2



ψ_1



d_1

شکل ۴: نتایج حاصل پرس و جوی تصویر ۲۴۸ با استفاده از الگوریتم CW3C با معیار فاصله پیشنهادی و چند معیار فاصله متداول دیگر.