



به کارگیری روش نلدر-مید در فرآیند تطابق ابر نقاط و مقایسه آن با روش های تجزیه مقادیر منفرد و الگوریتم ژنتیک

محمد خسروی¹، خلیل خلیلی^{2*}، حسین امیرآبادی³

1- دانشجوی دکترا، مهندسی مکانیک، دانشگاه بیرجند، بیرجند

2- دانشیار، مهندسی مکانیک، دانشگاه بیرجند، بیرجند

3- استادیار، مهندسی مکانیک، دانشگاه بیرجند، بیرجند

* بیرجند، صندوق پستی 97175/615، kkhallili@birjand.ac.ir

چکیده

اطلاعات مقاله

مقاله پژوهشی کامل

دریافت: 16 آذر 1392

پذیرش: 09 بهمن 1392

ارائه در سایت: 02 مهر 1393

کلید واژگان:

مهندسی معکوس

تطابق

ابر نقاط

بهینه سازی

در مهندسی معکوس گاهی اوقات با توجه به ابعاد و پیچیدگی قطعه کار نیاز به چندین بار برداشت نقاط توسط ماشین اندازه گیری مختصات و یا اسکن نوری و تنظیمات مربوطه می باشد. برای مدل سازی قطعه کار، لازم است نقاط به دست آمده از اندازه برداری های متفاوت در یک سیستم مختصات بیان شود، که به این عملیات تطابق می گویند. فرآیند تطابق برای دو یا چند ابر نقاط، تعیین تبدیل هندسی بین آن ها در یک سیستم مختصات مطلق است. از تطابق، پارامترهای چرخش (سه زاویه) و جابه جایی (سه مؤلفه جابه جایی) به دست می آید. با داشتن مختصات حداقل سه نقطه متناظر در دو دستگاه مختصات محلی و مطلق، با توجه به معادلات ریاضی می توان پارامترهای تطابق را به دست آورد. در عمل با توجه به عدم دقت و وجود اغتشاش در داده ها، برای منطبق نمودن آن ها (فرآیند تطابق) از روش های دیگر استفاده می شود. در این مقاله با توجه به مشکلات عملی و لزوم فرآیند تطابق در مباحث کاربردی، روش نلدر-مید در کاربردی متفاوت، برای انجام فرآیند تطابق ابر نقاط به کار گرفته شده است، همچنین روش های تجزیه مقادیر منفرد و الگوریتم ژنتیک پیاده سازی شده اند. این روش ها از لحاظ دقت، میزان همگرایی و زمان اجرا با یکدیگر مقایسه شده اند.

Employing Nelder-Mead method in point clouds registration process and comparison of the results with singular value decomposition and Genetic algorithm

Mohammad Khosravi, Khalil Khalili*, Hossein Amirabadi

Department of Mechanical Engineering, University of Birjand, Birjand, Iran

*P.O.B. 97175/615 Birjand, kkhallili@birjand.ac.ir

ARTICLE INFORMATION

Original Research Paper
Received 07 November 2013
Accepted 29 January 2014
Available Online 24 September 2014

Keywords:
Reverse Engineering
Registration
Point Clouds
Optimization

ABSTRACT

In reverse engineering it may be required to perform multiple measurements due to the size and part complexity limitations of the physical equipment CMM/Optical Scanner and / or settings. To model the whole part it is required to bring different point sets obtained during different scans to a common coordinate system. Registration process for point clouds is to find the geometric transform between them in which all point clouds are transformed into a single absolute coordinate system. Theoretically, it is very straight forward to perform registration by finding the six components of transformation matrix (3 angles plus 3 displacements) and this can be mathematically determined if three non-linear points are known in both global and local coordinate systems. The process of registration is strongly affected by inaccurate data and may fail in the case of noisy data, hence other methods are usually sought to find the transformation matrix. This paper tries to solve the problem in practical applications. The Nelder-Mead method was employ for point clouds registration for the first time. The registration was also performed using Singular value decomposition and Genetic Algorithm methods. The three methods were compared in terms of convergence, accuracy and computation time.

1- مقدمه

امروزی برای تولید محصولاتی با کیفیت مطلوب و در زمانی کوتاه از راه کارهایی نظیر مهندسی معکوس¹ و نمونه سازی سریع² استفاده می کنند.

در دنیای صنعتی امروز، لازم است قطعات ضمن داشتن کیفیت لازم، به روش های اقتصادی و در زمان کوتاه تری تولید شوند. بسیاری از صنایع جدید

1- Reverse engineering
2- Rapid prototyping

Please cite this article using:

M. Khosravi, K. Khalili, H. Amirabadi, Employing Nelder-Mead method in point clouds registration process and comparison of the results with singular value decomposition and Genetic algorithm, *Modares Mechanical Engineering*, Vol. 14, No. 9, pp. 117-124, 2014 (In Persian)

برای ارجاع به این مقاله از عبارت ذیل استفاده نمایید:

مدل، d_i بردار هر نقطه داده، R ماتریس چرخش و t بردار جابه‌جایی دو مجموعه نقاط می‌باشند. موقعیت مراکز هندسی ابر نقاط در رابطه (2) آورده شده است:

$$c_m = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N m_i, c_d = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N d_i \quad (2)$$

با کم کردن بردارهای مدل و داده از مرکز هندسی، روابط (3) و (4) به دست می‌آید:

$$M' = \{m'_i = m_i - c_m\}_{1,\dots,N} \quad (3)$$

$$D' = \{d'_i = d_i - c_d\}_{1,\dots,N} \quad (4)$$

با جایگزین کردن روابط (3) و (4) در رابطه (1)، رابطه (5) به دست می‌آید:

$$\begin{aligned} E(R, t) &= \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \|m'_i + c_m - R(d'_i + c_d) - \bar{t}\|^2 \\ &= \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \|m'_i - R d'_i - (t - c_m + R c_d) - \bar{t}\|^2 \\ &= \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \|m'_i - R d'_i\|^2 - \frac{2}{N} \bar{t} \sum_{i=1}^N (m'_i - R d'_i) \\ &\quad + \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \|\bar{t}\|^2 \end{aligned} \quad (5)$$

رابطه (5) از سه بخش تشکیل شده است. در عبارت دوم با توجه به اینکه m'_i و d'_i مقادیر تفاضل داده‌های مدل و داده از مراکز هندسی هستند، در صورت تطابق دو جسم عبارت مجموع برابر صفر می‌شود و در عبارت سوم به دلیل روی هم افتادگی مراکز هندسی و داشتن رابطه $t = c_m - R \cdot c_d$ مقدار $t=0$ می‌شود و در نهایت رابطه (5) به صورت رابطه (6) نشان داده می‌شود که فقط با پارامتر چرخش حداقل می‌شود [6]:

$$E(R, t) \propto \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \|m'_i - R d'_i\|^2 \quad (6)$$

برای فرآیند تطابق، سه الگوریتم تکراری نزدیک‌ترین نقطه (ICP) پذیرفته شده است.

الف- الگوریتم نزدیک‌ترین نقطه، با روش نقطه به نقطه

ب- الگوریتم نزدیک‌ترین نقطه، با روش نقطه به صفحه

ج- الگوریتم نزدیک‌ترین نقطه، با روش نقطه به تصویر

در این مقاله، هدف به دست آوردن پارامترهای تطابق (چرخش و جابه‌جایی) از روش‌های تجزیه مقادیر منفرد⁵، نلدر-مید و محاسبات تکاملی⁶ به کمک الگوریتم نزدیک‌ترین نقطه، با روش نقطه به نقطه می‌باشد و در نهایت نتایج این روش‌ها از لحاظ دقت، میزان همگرایی و زمان اجرا با یکدیگر مقایسه شده است.

2- روش‌های انجام فرآیند تطابق

این روش‌ها مختص فرآیند تطابق نمی‌باشند، بلکه روش‌های کلی هستند که برای بهینه‌سازی مسایل مهندسی مورد استفاده قرار می‌گیرند. این روش‌ها در این مقاله برای پیاده‌سازی فرآیند تطابق مورد استفاده قرار گرفته است.

2-1- روش تجزیه مقادیر منفرد

این روش بر اساس محاسبه تجزیه مقادیر منفرد معروف به روش SVD توسط آران، هانگ و بلوستین [10] معرفی شده است.

در این روش ماتریسی به نام ماتریس H تعریف شده که در رابطه (7) آورده شده است [6]:

$$\begin{aligned} H &= \sum_{i=1}^N m_i^T d'_i = \begin{bmatrix} S_{xx} & S_{xy} & S_{xz} \\ S_{yx} & S_{yy} & S_{yz} \\ S_{zx} & S_{zy} & S_{zz} \end{bmatrix} \\ S_{xx} &= \sum_{i=1}^N m'_{x,i} d'_{x,i}, S_{xy} = \sum_{i=1}^N m'_{x,i} d'_{y,i}, \dots \end{aligned} \quad (7)$$

در مهندسی معکوس با اسکن کردن قطعه کار اطلاعاتی درباره فرم هندسی قطعه کار، پله‌ها، شیارها و سوراخ‌های آن به دست می‌آید. اسکن‌های سه بعدی می‌توانند با پوشش کلیه سطوح قطعه کار، مختصات نقاط بی‌شماری را به دست آورده و در نهایت، توده‌ای از ابر نقاط¹ را به وجود آورند [1].

در عمل اندازه‌برداری و یا اسکن از روی قطعات با مشکلات و محدودیت‌هایی همراه است. برخی از این مشکلات در زیر به اختصار آورده شده است:

الف- اندازه ابعادی قطعات: با توجه به محدودیت ابعاد میز ماشین اندازه‌گیری مختصات، اندازه‌برداری از روی قطعه ممکن است در چندین مرحله و با تنظیمات مختلف انجام شود.

ب- عدم دسترسی همزمان به تمامی سطوح قطعات: به دلیل پیچیدگی قطعه بعضی از سطوح ممکن است در چندین مرحله اندازه‌برداری و یا اسکن شوند.

ج- عدم دسترسی به بعضی سطوح به دلیل وجود سایه: این مشکل مخصوص اسکن‌های غیرتماسی است. به دلیل فرورفتگی‌های خاص در قطعه و عدم امکان عبور نور در هنگام اسکن به وجود می‌آید که موجب کامل نبودن عملیات اسکن گشته و عملیات اسکن چندین بار تکرار خواهد شد.

در همه این حالات برای مدل‌سازی کامل از قطعه نیاز به ترکیب کردن چندین اسکن و یا اندازه‌برداری می‌باشد.

هر مجموعه از نقاط اسکن شده، نسبت به یک دستگاه خاص تعریف می‌شوند. در فرآیند انطباق داده‌ها²، مجموعه‌های نقاط اسکن شده به صورت

مجزا، با هم ترکیب شده و نسبت به یک سیستم مختصات واحد قرار می‌گیرند. انطباق داده‌ها، مرحله مهمی در فرآیند مهندسی معکوس محسوب می‌شود [1].

فرآیند تطابق برای دو ابر نقاط عبارت است از تعیین تبدیل³ هندسی که یک ابر نقاط را با ابر نقاط دیگر در یک سیستم مختصات مطلق هم راستا می‌کند [2]. هدف از تطابق، پیدا کردن تبدیلی است که به صورت بهینه اطلاعات داده‌ها را نسبت به مدل موقعیت‌دهی کند [3,4]. تطابق ابر نقاط برای رسیدن به بهترین هم‌پوشانی ممکن، از چند ابر نقاط مستقل به یک ابر نقاط یکپارچه می‌باشد. تطابق تصویر در کاربردهای واقعی نظیر تصویربرداری پزشکی، بینایی مصنوعی و طراحی به کمک کامپیوتر مورد استفاده قرار گرفته است [5].

الگوریتم‌های مختلفی برای فرآیند تطابق وجود دارد و یکی از روش‌های متداول که برای تطابق دو یا چند مجموعه نقاط مورد استفاده قرار می‌گیرد الگوریتم تکراری نزدیک‌ترین نقطه⁴ می‌باشد [6].

الگوریتم نزدیک‌ترین نقطه در ابتدا توسط بسل و مک‌کی [7] و چن و مدیونی [8] پیشنهاد شده است. این روش، روشی استاندارد برای تطابق ظریف ابر نقاط در مهندسی معکوس و بازرسی می‌باشد [9]. الگوریتم نزدیک‌ترین نقطه در طی زمان دچار تغییرات تدریجی زیادی شده است و محققین زیادی این تغییرات را سبب شده‌اند [9].

در این الگوریتم ابتدا دو مجموعه نقاط به صورت مدل و داده وارد شده و ماتریس تبدیل شامل ماتریس چرخش و بردار انتقال به دست آورده می‌شود. در این روش تابع هدف در رابطه (1) آورده شده است:

$$E(R, t) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \|m_i - (R d_i + t)\|^2 \quad (1)$$

در رابطه (1) مقدار N تعداد کل نقاط برای عملیات تطابق، m_i بردار هر نقطه

1- Point clouds
2- Data registration
3- Transformation
4- Iterative Closest Point (ICP)

5- Singular value decomposition
6- Evolution computation

در این مرحله با انعکاس نقطه، مطابق رابطه (11) سعی بر کاهش مقدار تابع هدف می‌باشد.

$$X_r = \bar{X} + \alpha(\bar{X} - X_{N+1}) \quad (11)$$

به X_r نقطه انعکاس یافته و α ضریب انعکاس گفته می‌شود. با قرار دادن مقدار ضریب انعکاس ($\alpha = 1$) در رابطه (12)، نقطه انعکاس یافته، مطابق رابطه (12) می‌شود.

$$X_r = 2\bar{X} - X_{N+1} \quad (12)$$

در صورتی که مقدار تابع هدف نقطه انعکاس یافته مطابق رابطه (13) باشد، X_r جایگزین نقطه‌ای با بیشترین مقدار تابع هدف می‌شود و ادامه الگوریتم از مرحله اول ادامه می‌یابد.

$$f(X_1) \leq f(X_r) < f(X_N) \quad (13)$$

در صورتی که روابط (14) یا (15) برقرار باشد جهت انعکاس مطلوب بوده و مرحله چهارم و پنجم الگوریتم ادامه می‌یابد.

$$f(X_r) \leq f(X_1) \quad (14)$$

$$f(X_N) \leq f(X_r) \quad (15)$$

مرحله چهارم: انبساط⁸ نقطه

در صورت برقراری رابطه (14) با انبساط نقطه، مطابق رابطه (16) مقدار تابع هدف در نقطه انبساط ارزیابی می‌شود.

$$X_e = \bar{X} + \gamma(\bar{X} - X_{N+1}) \quad (16)$$

به X_e نقطه انبساط یافته و γ ضریب انبساط گفته می‌شود. با قرار دادن مقدار ضریب انبساط ($\gamma = 2$) در رابطه (16)، نقطه انبساط یافته مطابق رابطه (17) می‌شود.

$$X_e = 3\bar{X} - 2X_{N+1} \quad (17)$$

اگر رابطه (18) برقرار باشد، X_e در صورتی که رابطه (19) برقرار باشد، X_r جایگزین نقطه‌ای با بیشترین مقدار تابع هدف می‌شود و ادامه الگوریتم از مرحله اول ادامه می‌یابد.

$$f(X_e) < f(X_r) \quad (18)$$

$$f(X_r) < f(X_e) \quad (19)$$

مرحله پنجم: انقباض⁹ نقطه

در صورت برقراری رابطه (15) با انقباض نقطه، مطابق رابطه (20) مقدار تابع هدف در نقطه انقباض ارزیابی می‌شود.

$$X_c = \bar{X} + \rho(\bar{X} - X_{N+1}) \quad (20)$$

به X_c نقطه انقباض یافته و ρ ضریب انقباض گفته می‌شود. برای ضریب انقباض دو مقدار ($\rho = \pm \frac{1}{2}$) وجود دارد. در صورتی که رابطه (21) برقرار باشد، ضریب انقباض $+\frac{1}{2}$ و نقطه انقباض یافته مطابق رابطه (22) می‌شود.

$$f(X_N) \leq f(X_r) < f(X_{N+1}) \quad (21)$$

$$X_c = \frac{3}{2}\bar{X} - \frac{1}{2}X_{N+1} \quad (22)$$

در صورتی که رابطه (23) برقرار باشد، ضریب انقباض $-\frac{1}{2}$ و نقطه انقباض یافته مطابق رابطه (24) می‌شود.

$$f(X_{N+1}) \leq f(X_r) \quad (23)$$

$$X_c = \frac{1}{2}\bar{X} + \frac{1}{2}X_{N+1} \quad (24)$$

در صورتی که مقدار تابع هدف نقطه انقباض یافته مطابق روابط (25) یا (26) باشد، X_c جایگزین نقطه‌ای با بیشترین مقدار تابع هدف می‌شود و ادامه الگوریتم از مرحله اول ادامه می‌یابد.

در رابطه (7) مقادیر m_i و d_i به ترتیب تفاضل مقادیر m_i و d_i از مراکز هندسی ابر نقاط داده و مدل می‌باشد. ماتریس چرخش از رابطه (8) به دست آمده که ماتریس‌های U و V از روش تجزیه ماتریس H حاصل می‌شود. ماتریس V بردارهای ویژه ماتریس H^TH و ماتریس U جذر معکوس مقادیر ویژه ماتریس H^TH می‌باشد.

$$R = V \cdot U^T \quad (8)$$

با تأثیر دادن مقدار R بر ابر نقاط داده (d_i) و تفاضل با ابر نقاط مدل (m_i) مقدار t (ماتریس جابه‌جایی) حاصل می‌شود.

لوروسو و همکاران [11] برای حداقل کردن تابع هدف (رابطه (1)) در یک تحقیق به بررسی و مقایسه چهار روش به صورت فرم بسته¹ پرداختند. اولین روش محاسبه براساس تجزیه مقادیر منفرد توسط آران، هانگ و بلوستین [10] ارائه شده است.

روش دوم که بر پایه ماتریس‌های متعامد² می‌باشد به وسیله مقادیر ویژه ماتریس توسط هورن، هیلدن و نگهدارپور [12] معرفی شده است.

روش سوم شامل ارائه مؤلفه‌های چرخش در بخش کاترینوم واحد³ می‌باشد که توسط هورن [13] توسعه یافته است.

در روش چهارم با استفاده از مقادیر کاترینوم دوگانه⁴ هر دو مؤلفه تبدیل (چرخش و جابه‌جایی) به دست می‌آید که توسط واکر، شاو و ولتز [14] ارائه شده است. با مقایسه الگوریتم‌های ذکر شده دقت، پایداری و کارآمدی آن‌ها مقایسه شده است.

اگر ت و همکاران [15] بر روی هر یک از چهار الگوریتم ذکر شده آزمون‌هایی انجام دادند تا آن‌ها را از جهت دقت، توانمندی، پایداری و سرعت با یکدیگر مقایسه کنند. به این ترتیب دقت مطلق هر یک از روش‌ها مقایسه شده و توانمندی آن‌ها ارزیابی شده است.

2-2- روش نلدر-مید

الگوریتم نلدر-مید به نام‌های الگوریتم جستجوی سیمپلکس سراسیبه⁵ و روش دگرگونی آمیبه⁶ در سال 1965 توسط جان نلدر و روجر مید ارائه شده است. این الگوریتم برای بهینه‌سازی توابع هدف چند متغیره غیرخطی بدون قید و شرط به صورت مستقیم مورد استفاده قرار می‌گیرد. این روش از مفهوم سیمپلکس استفاده کرده که یک شیء هندسی $N+1$ راس در N بُعد است. مراحل پیاده‌سازی الگوریتم به شرح زیر می‌باشد [16].

مرحله اول: مرتب‌سازی رئوس

در این مرحله با توجه به X_1, X_2, \dots, X_{N+1} نقطه و تابع هدف $f(X)$ ، مرتب‌سازی طبق رابطه (9) انجام می‌شود:

$$f(X_1) \leq f(X_2) \leq \dots \leq f(X_{N+1}) \quad (9)$$

X_1 و X_{N+1} به ترتیب کمترین و بیشترین مقادیر برای تابع هدف هستند.

مرحله دوم: محاسبه مرکز ثقل نقاط

در این مرحله مرکز ثقل همه نقاط به جز نقطه X_{N+1} (نقطه‌ای که بیشترین مقدار تابع هدف را دارد) طبق رابطه (10) محاسبه می‌شود:

$$\bar{X} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N X_i \quad (10)$$

مرحله سوم: انعکاس⁷ نقطه

1- Closed-form
2- Orthonormal matrices
3- Unit quaternion
4- Dual quaternion
5- Downhill Simplex search
6- Amoeba method
7- Reflection

8- Expansion
9- Contraction

الگوریتم ژنتیک سه قاعده مهم را در هر قدم برای ایجاد نسل بعدی، از جامعه فعلی به کار می‌برد:

قوانین انتخاب (تولید مثل): جواب‌های منفرد (والدین) انتخاب شده و در ایجاد نسل بعدی مشارکت می‌کنند.

قوانین تقاطع: با ترکیب دو والد، فرزندان نسل بعد را ایجاد می‌کند. قوانین جهش: تغییرات تصادفی را در والدین منفرد جهت شکل‌گیری فرزندان به کار می‌گیرد.

جاسک و رویکس [18] الگوریتم ژنتیک را برای تطابق تصاویر سه بعدی در پزشکی مورد استفاده قرار دادند. اشکال ویژه تصاویر سه بعدی دارای پیچیدگی کم بوده و دقت خوبی در پاسخ نهایی از الگوریتم ژنتیک حاصل شد.

کوردن و همکاران [19] یک الگوریتم تکاملی پیشرفته (CHC) را برای حل تطابق مسائل سه بعدی ارائه کردند. الگوریتم تکاملی پیشرفته و الگوریتم ژنتیک را برای فرآیند تطابق بر روی دو شکل متفاوت اجرا کرده و پارامترهای تبدیل (شش پارامتر) را مقایسه نمودند. آن‌ها به این نتیجه رسیدند که دقت الگوریتم تکاملی پیشرفته با کد باینری از الگوریتم ژنتیک با کد باینری بیشتر می‌باشد.

برن استروم و استودارت [20] الگوریتم ژنتیک را برای تطابق سطوح سه بعدی استفاده کردند. در این الگوریتم بهترین تطابق، حاصل شده و پارامترهای خروجی (چرخش و جابه‌جایی) بهینه شدند. در این روش، محاسبات تابع هدف مورد بررسی پیچیده بوده و تعداد عملیات با توجه به تعداد نقاط سطوح سه بعدی افزایش یافته است. به همین دلیل این الگوریتم حداکثر برای 100 نقطه پیشنهاد شده است.

یمنی و همکاران [21] یک رویکرد جدید برای سرعت بخشیدن به فرآیند تطابق دو مجموعه منحنی و با سطوح سه بعدی ارائه دادند. این الگوریتم یک روش توسعه یافته الگوریتم ICP بوده که به کمک الگوریتم ژنتیک، تابع هزینه رابطه (30) را کمینه کرد:

$$E(R, t) = \sum_{i=1}^n d^2(Ry_i + t, S) \quad (30)$$

در این رابطه $d(y_i, S)$ فاصله y_i تا شکل S ، ماتریس چرخش و t بردار جابه‌جایی می‌باشد.

سالومون و همکاران [22] از الگوریتم تکاملی تفاضلی برای تطابق تصاویر سه بعدی بهره گرفتند. این الگوریتم برای نمایش مقادیر حقیقی استفاده شده و در مرحله تولید مثل با الگوریتم ژنتیک تفاوت داشته است. الگوریتم دارای محاسبات زیادی بوده و برای تطابق دو تصویر کوچک به صورت حجمی که از قبل به صورت غیر دقیق هم‌راستا شده‌اند مورد استفاده قرار گرفت.

روبرتسون و فیشر [23] الگوریتم ژنتیک را برای تطابق محدوده داده‌ها به کار گرفته و از خطای میانگین مربعات¹⁰ به عنوان تابع هدف استفاده کردند. در این عملیات شش پارامتر فضایی (سه زاویه و سه جابه‌جایی) را بدون در نظر گرفتن هم‌پوشانی دو داده بهینه‌سازی کردند.

سیلوا و همکاران [24] الگوریتم ژنتیک را برای تطابق دقیق چندین تصویر با هم‌پوشانی کم انجام دادند. روش جدید خطای هم‌راستایی تصاویر را کمینه می‌کند. الگوریتم ژنتیک پیشنهادی توانایی تطابق سطوح را بدون نیاز به پیش هم‌راستایی دارد. نتایج آزمایش، دقت روش پیشنهادی را برای تطابق تأیید می‌کند.

چاو و همکاران [25] ضمن استفاده از الگوریتم ژنتیک برای تطابق

$$f(X_c) \leq f(X_r) \quad (25)$$

$$f(X_c) \leq f(X_{N+1}) \quad (26)$$

اگر رابطه (27) برقرار باشد مرحله ششم الگوریتم ادامه می‌یابد.

$$f(X_c) > f(X_{N+1}) \quad (27)$$

مرحله ششم: کاهش¹ نقطه

از این مرحله هنگامی استفاده می‌شود که الگوریتم برای جستجوی نقطه بهینه، نقطه با بیشترین مقدار تابع هدف را غیر مفید دانسته و ناحیه جستجو را به نزدیکی X_1 انتقال می‌دهد. در این صورت الگوریتم همه نقاط را به جز نقطه با کمترین مقدار تابع هدف را جابه‌جا می‌کند و نقاط به روز رسانی می‌شود. جایگزین کردن نقاط از رابطه (28) استفاده می‌شود.

$$X_i = X_1 + \sigma(X_i - X_1), \quad i = \{2, \dots, N + 1\} \quad (28)$$

σ ضریب کاهش بوده و این مقدار $(\sigma = \frac{1}{2})$ می‌باشد که با قرار دادن آن در رابطه (28)، رابطه (29) به دست می‌آید.

$$X_i = \frac{1}{2}X_1 + \frac{1}{2}X_i \quad (29)$$

مقدار ضرایب α ، γ ، ρ و σ به کار رفته در روابط (11)، (16)، (20) و (28)، طی پژوهش نلدر و مید [16] گزارش شده است.

الگوریتم نلدر-مید یک روش تکرار است که پس از حداقل کردن تابع هدف (رابطه (1))، مقادیر پارامترهای چرخش و جابه‌جایی بهینه (سه پارامتر زاویه و سه پارامتر جابه‌جایی) را به دست می‌آورد.

2-3- روش محاسبات تکاملی

محاسبات تکاملی با استفاده از مدل‌های تکاملی و به تکامل رسیدن جمعیت که راه حل مسئله است، مورد استفاده قرار می‌گیرند. فرآیند جستجوی ابتکاری پیشرفته و الگوریتم‌های بهینه‌سازی، فرآیند ابتکاری² نامیده می‌شوند. روش‌های محاسبات تکاملی یک راه حل بسیار مناسب برای دستیابی به نتایج دقیق می‌باشد [5].

برخی از روش‌های الگوریتم تکاملی از جمله الگوریتم CHC³، تکامل دیفرانسیلی⁴، الگوریتم ممتیک⁵ و روش جستجوی پراکنده⁶ برای بهبود مسائل بهینه‌سازی پیشنهاد شده است. اخیراً سایر روش‌های بهینه‌سازی بر پایه محاسبات تکاملی پیشنهاد شده است و از جمله می‌توان به روش‌های الگوریتم توزیع تخمین⁷ و روش اجتماع ذرات⁸ اشاره نمود [5].

2-3-1 الگوریتم ژنتیک

الگوریتم ژنتیک توسط جان هلند در سال 1975 ابداع شد [17]. این الگوریتم از الگوریتم‌های ابتکاری محسوب شده و روش جستجوی تصادفی فراگیر از فرآیند تکامل طبیعی پیروی می‌کند. الگوریتم ژنتیک بر جمعیت جواب‌های بالقوه عمل کرده و اصول تنازع بقا را در بهترین جواب مسئله به کار می‌گیرد. در هر نسل مجموعه جدیدی از تقریب‌ها براساس میزان برآزش⁹ آن‌ها در دامنه مسئله و تکثیر با عملگرهای گرفته شده از ژنتیک طبیعی ساخته می‌شود. این فرآیند در نهایت به تکامل جمعیتی از اعضاء ختم می‌شود که نسبت به اعضاء اولیه (والدین اصلی) با محیط، سازگاری بهتری دارند.

1- Reduction
2- Metaheuristic
3- Cross generational elitist selection, Heterogeneous recombination, and Cataclysmic mutation
4- Differential evolution
5- Memetic algorithms
6- Scatter search algorithms
7- Estimation distribution algorithms
8- Particle swarm optimization algorithms
9- Fitness

10- Mean Square Error (MSE)

داده‌ها، شش پارامتر تبدیل (سه زاویه و سه جابه‌جایی) را بهینه‌سازی کردند. الگوریتم ژنتیک پیشنهادی با تابع برازندگی و عملگرهای جدید، تطابق داده‌ها را 1000 بار سریع‌تر از روش‌های معمولی ژنتیک انجام می‌دهد.

3- تعریف مسئله

فرآیند تطابق به دلیل محدودیت‌هایی نظیر بزرگی قطعه، عدم دسترسی به سطوح به دلیل پیچیدگی و یا وجود سایه، جهت یکپارچه سازی ابر نقاط و در نهایت دستیابی به مدل کامل مورد استفاده قرار می‌گیرد.

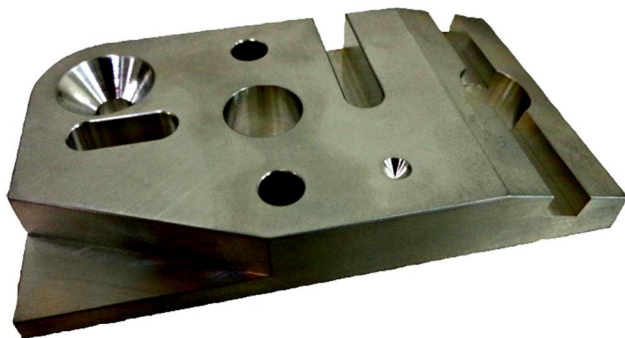
اگر چه فرآیند تطابق از نظر تئوری مسئله‌ای ساده است و با معلوم بودن مختصات حداقل سه نقطه غیر هم‌راستا در دو دستگاه مختصات محلی و مطلق، می‌توان پارامترهای تطابق (سه زاویه و سه مؤلفه جابه‌جایی) را به دست آورد، ولی در عمل به دلیل محدودیت دقت اندازه‌گیری دستگاه‌های اندازه‌گیر و وجود اغتشاش در داده‌ها، مختصات نقاط به دست آمده دارای مقداری خطا می‌باشند. وجود خطاهای ذکر شده دقت فرآیند تطابق را کاهش می‌دهد. در صورتی که تعداد نقاط هم‌پوشانی برای تطابق دو ابر نقاط افزایش یابد فرآیند تطابق از دقت بهتری برخوردار خواهد شد.

در این مقاله به منظور ایجاد دو مجموعه ابر نقاط و پیاده‌سازی فرآیند تطابق بر روی این دو مجموعه، قطعه انتخابی اندازه برداری شده و ضمن بخش‌بندی به دو قسمت توسط نرم‌افزار، مراحل چرخش و جابه‌جایی با مقادیر معلوم بر روی یک بخش قطعه انجام شده است. در نهایت فرآیند تطابق بین بخش ثابت قطعه (بخش b) و بخش تغییر وضعیت داده شده (بخش a)، توسط الگوریتم‌های تجزیه مقادیر منفرد، نلدر-مید و الگوریتم ژنتیک به صورت جداگانه پیاده‌سازی شده است. روش نلدر-مید در کاربردی متفاوت، برای انجام فرآیند تطابق ابر نقاط به کار گرفته شده است. این روش‌ها از لحاظ دقت، میزان همگرایی و زمان اجرا با یکدیگر مقایسه شده‌اند.

4- آزمایش تجربی

فرآیند تطابق ابر نقاط بر روی سه قطعه، شامل قطعه با هندسه منظم (نیم استوانه - شکل 1)، قطعه استاندارد (شکل 2) و قطعه کاربردی (شکل 3) پیاده‌سازی شده که جزئیات روش برای قطعه شکل 3 به دلیل پیچیدگی بیشتر نسبت به دو قطعه دیگر در ادامه آورده شده است.

قطعه کاربردی با ابعاد کلی $300 \times 140 \times 60$ میلی‌متر و از قسمت‌های مسطح و سطح آزاد تشکیل شده که بر روی بخش مسطح یک سری سوراخ ماشین‌کاری شده است. سوراخ‌های بخش مرکزی قطعه جهت هم‌پوشانی دو بخش از قطعه که قرار است فرآیند تطابق پیاده‌سازی شود، تعبیه شده است.



شکل 2 قطعه استاندارد برای پیاده‌سازی فرآیند تطابق

تعداد این سوراخ‌ها 20 عدد می‌باشند. جنس قطعه از آلومینیوم سری 7000 اکستروژن شده انتخاب شده است تا پس از ماشین‌کاری دارای صافی سطح قابل قبولی باشد.

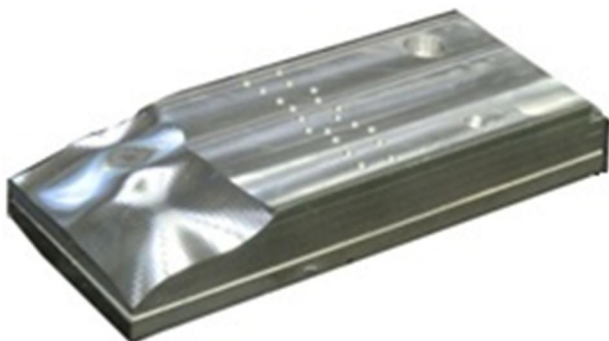
برای دقت عملیات ماشین‌کاری قطعه، از دستگاه فرز کنترل عددی مدل VMC-850 از شرکت جانفورد¹ استفاده شده است. تصویر قطعه در شکل 3 نشان داده شده است.

مراحل آزمایش تجربی فرآیند تطابق طبق نمودار گردش کار شکل 4 نشان داده شده و توضیح آن در مراحل بعدی آورده شده است.

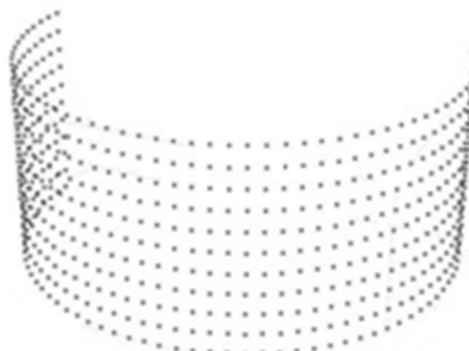
مرحله اول: برداشت مختصات نقاط از روی قطعه توسط ماشین اندازه‌گیری مختصات، ساخت شرکت سوئدی جانسون²، مدل سافیر³ انجام شده است. ابعاد میز $1500 \times 1000 \times 800$ میلی‌متر، کنترلر رنی‌شاو⁴ و دقت اسمی آن یک میکرون می‌باشد.

تعداد نقاط اندازه‌برداری از روی قطعه 791 نقطه بوده و نحوه اندازه‌برداری نقاط از روی قطعه، توسط ماشین اندازه‌گیری مختصات در شکل 5 نشان داده شده است. اندازه‌گیری برای حالتی که کورس دستگاه اجازه نمی‌دهد ممکن است در دو یا چند مرحله برداشت نقاط انجام شده و سپس فرآیند تطابق بر روی داده‌ها اعمال شود.

مرحله دوم: ابر نقاط قطعه انتخابی توسط نرم‌افزار کتیا⁵ به دو بخش a و b تقسیم شده است. نقاط دو بخش در شکل 6 نمایش داده شده است. تعداد نقاط بخش a، 50 عدد می‌باشد (شایان ذکر است که بخش a و b دارای هم‌پوشانی به تعداد 20 نقطه مشترک می‌باشند).

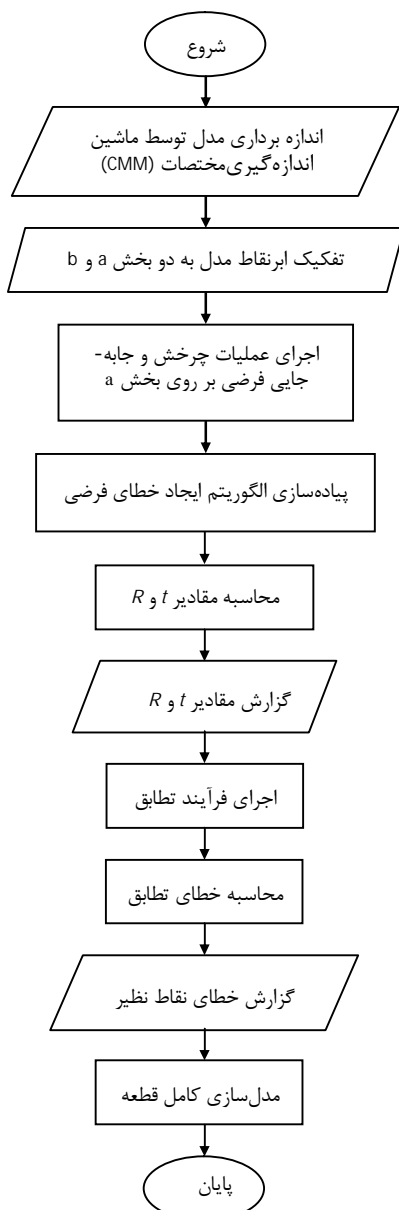


شکل 3 قطعه کاربردی ساخته شده برای پیاده‌سازی فرآیند تطابق



شکل 1 قطعه با هندسه منظم برای پیاده‌سازی فرآیند تطابق

1- Johnford
2- Johansson
3- Saphir
4- Renishaw
5- CATIA



شکل 4 نمودار گردش کار مراحل آزمایش تجربی فرآیند تطابق



شکل 5 مرحله اندازه برداری نقاط توسط ماشین اندازه گیری مختصات

مرحله سوم: مقادیر چرخش و جابه جایی به بخش a اعمال می شود. مقادیر چرخش حول محورهای X, Y, Z به ترتیب 25، 5 و 10 درجه و جابه جایی در امتداد محورهای X, Y, Z به ترتیب 15-، 20- و 35- میلی متر می باشد که در شکل 7 نمایش داده شده است. داده های خروجی در این بخش به نام c نام گذاری شده است.

مرحله چهارم: از آنجائی که عملیات برداشت نقاط و مراحل دیگر بدون خطا نیست، الگوریتم ایجاد خطا به صورت یک خطای اتفاقی شبیه سازی شده است. مقدار این خطا مطابق رابطه (31) بین 0 تا 0/01 می باشد. در صورتی که این خطا بر روی داده های c تاثیر داده شود داده های مورد نظر با عنوان d در نظر گرفته می شود.

$$P_{Rnd} = P_{trans} + acc \times RND \quad (31)$$

P_{trans} داده های تبدیل شده طی مراحل چرخش و جابه جایی، P_{Rnd} داده های پس از اعمال تابع اتفاقی، acc ضریب و RND تابع تصادفی می باشند.

مرحله پنجم: فرآیند تطابق به سه روش تجزیه مقادیر منفرد، نلدر-مید و الگوریتم ژنتیک به صورت جداگانه پیاده سازی شده است. برنامه آن ها در محیط نرم افزار متلب¹ نوشته شده و در خروجی مقادیر چرخش و جابه جایی (R و t) به دست آمده است.

مرحله ششم: در صورتی که ماتریس تبدیل به دست آمده (چرخش و جابه جایی) در داده های d (داده های پس از مراحل چرخش، جابه جایی و اعمال خطا) تأثیر داده شود، داده های به دست آمده با داده های اولیه قابل مقایسه خواهد بود. اختلاف این داده ها را e نام گذاری کرده و این مقایسه به عنوان خطای تطابق برای هر نقطه متناظر به دست می آید.

مرحله هفتم: با داده های e و b به کمک نرم افزار کتیا مدل یکپارچه ای به دست می آید، که نتیجه این عملیات می باشد.

5- بحث و مقایسه روش های فرآیند تطابق

در سه روش تجزیه مقادیر منفرد، نلدر-مید و الگوریتم ژنتیک برای به دست آوردن پارامترهای فرآیند تطابق (چرخش و جابه جایی) مبنای کار، کمینه کردن تابع هدف (رابطه (1)) می باشد.

روش تجزیه مقادیر منفرد یک روش حل به صورت فرم بسته می باشد. این روش برخلاف روش های تکرار جواب نهایی را در یک مرحله بدون حدس اولیه به دست می آورد. اساس کار این روش بر مبنای به دست آوردن مقادیر بردارهای ویژه (U, V) می باشد. کلیه نقاط هم پوشانی دو بخش a و b، جهت فرآیند تطابق برای به دست آوردن مقدار H دخالت داده می شود.

روش نلدر-مید یک روش بهینه سازی اکتشافی می باشد که بر مبنای تکرار، جواب بهینه را به دست می آورد. این روش با توجه به حدس اولیه و طی کردن مراحل شش گانه، جواب بهینه را نتیجه می دهد. در این روش حدس اولیه مناسب، در تعداد تکرار و سرعت همگرایی تاثیر دارد.

روش الگوریتم ژنتیک، یک روش ابتکاری است که با تکرار و حدس اولیه جواب بهینه را به دست می آورد. حدس اولیه مناسب در این روش مانند روش نلدر-مید، در تعداد تکرار و سرعت همگرایی تاثیر دارد. برای به دست آوردن جواب بهینه فقط بخشی از نقاط هم پوشانی در حل مسأله شرکت دارند. مقدار جمعیت اولیه و تعداد نسل در دقت جواب تاثیر داشته و با افزایش این دو پارامتر زمان رسیدن به جواب افزایش می یابد.

در این تحقیق با توجه به اجرای مکرر برنامه، مقدار جمعیت اولیه 100، تعداد

جدول 2 مقایسه مقادیر جابجایی در فرآیند تطابق

نام روش	t_x (mm)	t_y (mm)	t_z (mm)
تجزیه مقادیر منفرد	-15/009681	-20/010854	-35/005898
نلدر-مید	-14/999998	-19/999926	-35/000180
الگوریتم ژنتیک	-14/993319	-19/996714	-35/033202
مقادیر واقعی	-15	-20	-35

$$E^2(R) = E^2(R_x) + E^2(R_y) + E^2(R_z) \quad (32)$$

$$E^2(t) = E^2(t_x) + E^2(t_y) + E^2(t_z) \quad (33)$$

در جدول 3 مقادیر خطای نهایی چرخش و جابه جایی بین سه روش تجزیه مقادیر منفرد، نلدر-مید و الگوریتم ژنتیک، مقایسه شده است.

جدول 3 مقایسه خطای نهایی جابه جایی و چرخش در فرآیند تطابق

نام روش	$E(R)$ (deg.)	$E(t)$ (mm)
تجزیه مقادیر منفرد	0/000004	0/015694
نلدر-مید	0/000058	0/000194
الگوریتم ژنتیک	0/988483	0/034026

همپوشانی مراکز سوراخ ها به تعداد 20 سوراخ می باشند. بخش a پس از عملیات چرخش و جابه جایی در محل جدید قرار گرفت. حال اگر بخش a بر اساس مقادیر معکوس زوایا و جابه جایی جداول 1 و 2 به موقعیت ابتدایی خود انتقال یابد، می توان مقدار خطای مراکز سوراخ های همپوشانی را نیز به دست آورد.

به منظور بررسی زمان اجرا و میزان همگرایی هر یک از روش های تجزیه مقادیر منفرد، نلدر-مید و الگوریتم ژنتیک از یک محیط برنامه نویسی (متلب) و پردازشگر Intel(R) Core(TM) i7 2. GHZ واحد استفاده شد. هر یک از برنامه ها به طور مجزا چندین بار اجرا و نتایج آن در جدول 4 منعکس شد. جدول 5 مقادیر آماره های خطای مراکز سوراخ های همپوشانی در روش های تجزیه مقادیر منفرد، نلدر-مید و الگوریتم ژنتیک را نشان می دهد. مقادیر $|E|$ ، D_e ، σ به ترتیب مقدار متوسط بردار خطا، دامنه خطا، مجموع مربعات بردار خطا و انحراف معیار بردار خطا می باشد.

6- نتیجه گیری

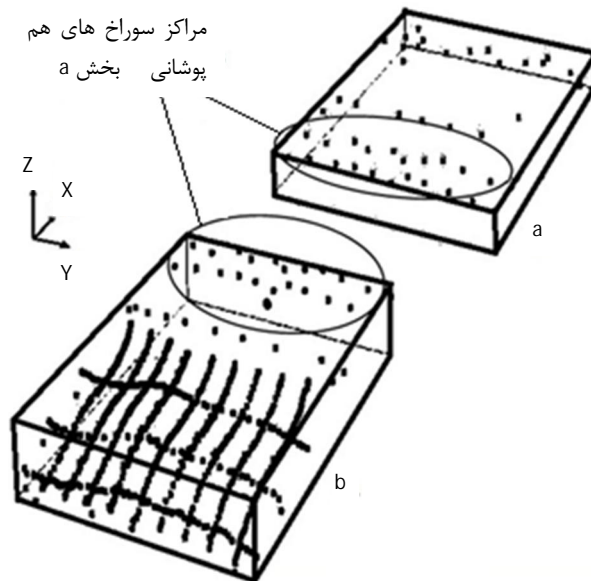
در این مقاله ضمن بررسی مسئله فرآیند تطابق ابر نقاط در کاربردهای عملی، سه روش مختلف تجزیه مقادیر منفرد، نلدر-مید و الگوریتم ژنتیک برای انجام فرآیند تطابق ابر نقاط پیاده سازی شد. از این میان روش نلدر-مید برای نخستین بار در حل مسئله تطابق ابر نقاط به کار گرفته شد. روش ها از نظر دقت، میزان همگرایی و زمان محاسبات مورد مقایسه قرار گرفتند. بر این اساس روش های تجزیه مقادیر منفرد و الگوریتم ژنتیک به ترتیب دارای کمترین و بیشترین خطای چرخشی می باشند. کمترین خطای جابه جایی

جدول 4 مقایسه زمان اجرا و همگرایی در فرآیند تطابق

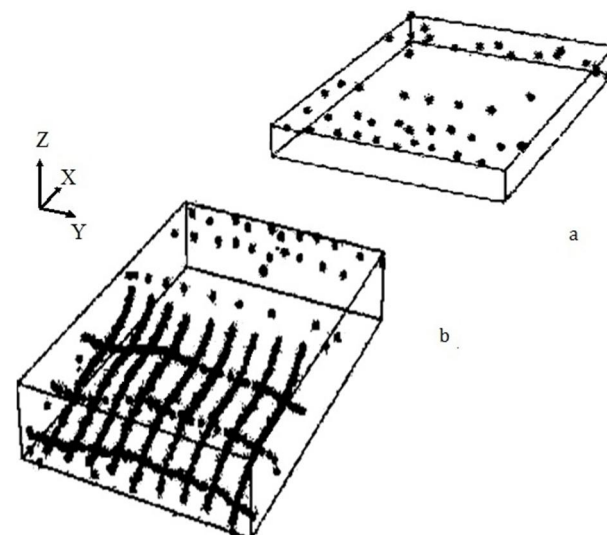
نام روش	زمان اجرا (sec.)	همگرایی (mm)
تجزیه مقادیر منفرد	0/06	N/A
نلدر-مید	0/29	4×10^{-10}
الگوریتم ژنتیک	33/2	13×10^{-2}

جدول 5 مقایسه خطای مراکز سوراخ های همپوشانی در فرآیند تطابق

نام روش	$ E $ (mm)	D_e (mm)	$\sigma^2 \sum$ (mm)	σ (mm)
تجزیه مقادیر منفرد	0/015694	0/000016	0/004926	0/000004
نلدر-مید	0/000031	0/000031	0/0000002	0/000009
الگوریتم ژنتیک	2/677924	0/487134	1/445569	0/148206



شکل 6 ابر نقاط بخش های a و b قطعه



شکل 7 ابر نقاط بخش a بعد از عملیات چرخش و جابه جایی

نسل 500 و نرخ جهش 0/3 در نظر گرفته شده است. نتایج حاصل از فرآیند تطابق به سه روش تجزیه مقادیر منفرد، نلدر-مید و الگوریتم ژنتیک در جداول 1 و 2 با یکدیگر مقایسه شده است. با مقایسه مقادیر چرخش و جابه جایی اعمال شده در قطعه آزمایشی و نتایج به دست آمده از سه روش فوق الذکر، مقادیر خطا در جابه جایی و چرخش به دست می آید. از روابط (32) و (33) می توان مقدار نهایی خطای جابه جایی و چرخش را به دست آورد.

قطعه آزمایشی شکل 6 به دو بخش a و b تقسیم شد و این دو بخش دارای

جدول 1 مقایسه زوایای چرخش در فرآیند تطابق

نام روش	$R_x(\alpha)$ (deg.)	$R_y(\beta)$ (deg.)	$R_z(\gamma)$ (deg.)
تجزیه مقادیر منفرد	9/999999	4/999997	24/999997
نلدر-مید	10/000043	5/000036	24/999983
الگوریتم ژنتیک	10/006803	4/011540	25/000316
مقادیر واقعی	10	5	25

- [10] K. S. Arun, T. S. Huang, S. D. Blostein, Least-squares fitting of two 3-d point sets, *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol. 9, No. 5, pp. 698-700, 1987.
- [11] A. Lorusso, D. W. Eggert, R. B. Fisher, A comparison of four algorithm for estimating 3-d rigid transformations, *British Machine Vision Conference*, Essex, UK, 1997.
- [12] B. K. P. Horn, H. M. Hilden, S. Negahdaripour, closed-form solution of absolute orientation using orthonormal matrices, *Journal of the Optical Society of America, Series A*, Vol. 5, No. 7, pp. 1127-1135, 1988.
- [13] B. K. P. Horn, Closed-form solution of absolute orientation using unit quaternions, *Journal of the Optical Society of America, Series A*, Vol. 4, No. 4, pp. 629-642, 1987.
- [14] M. W. Walker, L. Shao, R. A. Volz, Estimating 3-D location parameters using dual number quaternions, *CVGIP: Image Understanding*, Vol. 54, No. 3, pp. 358-367, 1991.
- [15] D.W. Eggert, A. Lorusso, R.B. Fisher, Estimating 3-D Rigid Body Transformations: A Comparison of Four Major Algorithms, *Machine Vision and Applications*, No. 9, pp. 272-290, 1997.
- [16] J.A. Nelder, R. Mead, A Simplex Method for Function Minimization, *The Computer Journal*, Vol. 7, No. 4, pp. 308-313, 1965.
- [17] J.H. Holland, Adaption in Natural and Artificial Systems, *Cambridge MA*, MIT Press, 1975.
- [18] J. Jacq, C. Roux, Registration of 3-D Images by Genetic Optimization, *Pattern Recognition Letters*, No. 16, pp. 823-841, 1995.
- [19] O. Cordon, S. Damas, J. Santamaria, A CHC evolutionary algorithm for 3D image registration, *LNAI*, No. 2715, pp. 404-411, 2003.
- [20] K. Brunnstrom, A. Stoddart, Genetic algorithms for free-form surface matching, *Proc. International Conference on Pattern Recognition*, Vol. 4, IEEE Comp.Soc., pp. 689-693, 1996.
- [21] S. Yamany, M. Ahmed, A. Farag, A new genetic-based technique for matching 3D curves and surfaces, *Pattern Recognition*, No. 32, pp. 1817-1820, 1999.
- [22] M. Salomon, G. Perrin, F. Heitz, Differential evolution for medical image registration, *International on Artificial Intelligence*, pp. 201-207, 2001.
- [23] C. Robertson, R. Fisher, Parallel evolutionary registration of range data, *Registration Understanding*, No. 87, pp. 39-55, 2002.
- [24] L. Silva, O. Bellon, K. Boyer, Enhanced, robust genetic algorithms for multiview range image registration, *Fourth International Conference on 3-D Digital Imaging and Modeling*, pp. 268-275, Banff, Canada, 2003.
- [25] C. K. Chow, H. T. Tsui, T. Lee, Surface registration using a dynamic genetic algorithm, *Pattern Recognition*, No. 37, pp. 105-117, 2004.

متعلق به روش نلدر-مید و بیشترین خطای جابه‌جایی مربوط به روش الگوریتم ژنتیک می‌باشد. در مجموع روش الگوریتم ژنتیک روش دقیقی برای کمینه کردن تابع هدف و بهینه کردن پارامترهای فرآیند تطابق (چرخش و جابه‌جایی) نمی‌باشد.

7- مراجع

- [1] V. Raja, K. J. Fernandes, *Reverse Engineering an Industrial Perspective*, pp. 5-60, UK: Springer, 2008.
- [2] Z. Xie, S. Xu, X. Li, A high-accuracy method for fine registration of overlapping point clouds, *Image and Vision Computing*, No. 28, pp. 563-570, 2010.
- [3] N. J. Mitra, N. Gelfand, H. Pottmann, L. Guibas, Registration of point cloud data from a geometric optimization perspective, *Eurographics Symposium on Geometry Processing*, Nice, France, 2004.
- [4] G. Mansour, S. Mitsi, K. D. Bouzakis, D. Sagris, E. Varitis, Optimization of point clouds registration by means of a hybrid algorithm, *The Annals of Dunarea de Jos University of Galati fascicle XIV Mechanical Engineering*, Galati, Romania, 2005.
- [5] J. Santamaria, O. Cordon, S. Damas, A Comparative Study of State-of-the-Art Evolutionary Image Registration Methods, *Computer Vision and Image Understanding*, No. 115, pp. 1340-1354, 2011.
- [6] A. Nüchter, J. Elseberg, P. Schneider, D. Paulus, Study of parameterizations for the rigid body transformations of the scan registration problem, *Computer Vision and Image Understanding*, No. 114, pp. 963-980, 2010.
- [7] P. J. Besl, N. D. McKay, A method for registration of 3-d shapes, *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol. 14, No. 2, pp. 239-256, 1992.
- [8] Y. Chen, G. Medioni, Object modeling by registration of multiple range images, *In: Proceedings of the 1991 IEEE International Conference on Robotics and Automation, IEEE Sacramento, California*, pp. 2724-2729, 1991.
- [9] N. Senin, B. M. Colosimo, M. Pacella, Point set augmentation through fitting for enhanced icp registration of point clouds in multisensor coordinate metrology, *Robotics and Computer-Integrated Manufacturing*, No. 29, pp. 39-52, 2013.