مجله مهندسی مکانیک مدرس، آذر 1393، دوره 14، شماره 9، ص‌ص 117-124

ماهنامه علمی پژوهشی

مهندسی مکانیک مدرس

mme.modares.ac.ir

به‌کارگیری روش نلدر-مید در فرآیند تطابق ابر نقاط و مقایسه آن با روش‌های تجزیه مقادیر منفرد و الگوریتم ژنتیک

محمد خسروی[1]، خلیل خلیلی[2*]، حسین امیرآبادی[3]

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، kkhalili@birjand.ac.ir

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
بهینه‌سازی

چکیده

در مهندسی معکوس گاهی اوقات با توجه به ابعاد و پیچیدگی قطعه‌کار نیاز به چندین بار برداشت نقاط توسط ماشین اندازه‌گیری مختصات و یا اسکن نوری و تنظیمات مربوطه می‌باشد. برای مدل‌سازی قطعه‌کار، لازم است نقاط به‌دست آمده از اندازه برداری‌های متفاوت در یک سیستم مختصات بیان شود، که به این عملیات تطابق می‌گویند. فرآیند تطابق برای دو یا چند ابر نقاط، تعیین تبدیل هندسی بین آن‌ها در یک سیستم مختصات مطلق است. از تطابق، پارامترهای چرخش (سه زاویه) و جابه‌جایی (سه مؤلفه جابه‌جایی) به‌دست می‌آید. با داشتن مختصات حداقل سه نقطه متناظر در دو دستگاه مختصات محلی و مطلق، با توجه به معادلات ریاضی می‌توان پارامترهای تطابق را به‌دست آورد. در عمل با توجه به عدم دقت و وجود اغتشاش در داده‌ها، برای منطبق نمودن آن‌ها (فرآیند تطابق) از روش‌های 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 به‌کار گرفته شده است، همچنین روش‌های تجزیه مقادیر منفرد و الگوریتم ژنتیک پیاده‌سازی شده‌اند. این روش‌ها از لحاظ دقت، میزان همگرایی و زمان اجرا با یکدیگر مقایسه شده‌اند.

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, kkhalili@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

در دنیای صنعتی امروز، لازم است قطعات ضمن داشتن کیفیت لازم، به روش‌های اقتصادی و در زمان کوتاه‌تری تولید شوند. بسیاری از صنایع جدید امروزی برای تولید محصولاتی با کیفیت مطلوب و در زمانی کوتاه از راه‌کارهایی نظیر مهندسی معکوس[1] و نمونه‌سازی سریع[2] استفاده می‌کنند.

1- Reverse engineering
2- Rapid prototyping

برای ارجاع به این مقاله از عبارت ذیل استفاده نمایید:

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)

در مهندسی معکوس با اسکن کردن قطعه‌کار اطلاعاتی درباره فرم هندسی قطعه‌کار، پله‌ها، شیارها و سوراخ‌های آن به‌دست می‌آید. اسکنرهای سه بعدی می‌توانند با پویش کلیه سطوح قطعه کار، مختصات نقاط بی‌شماری را به‌دست آورده و در نهایت، توده‌ای از ابر نقاط[1] را به‌وجود 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: به‌دلیل پیچیدگی قطعه بعضی از سطوح ممکن است در چندین مرحله اندازه‌برداری و یا اسکن شوند.

ج- عدم دسترسی به بعضی سطوح به‌دلیل وجود سایه: این مشکل مخصوص اسکن‌های غیرتماسی است. به‌دلیل فرورفتگی‌های خاص در قطعه و عدم امکان عبور نور در هنگام اسکن به‌وجود 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 داده‌ها[2]، مجموعه‌های نقاط اسکن شده به‌صورت 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 تبدیل[3] 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 به‌صورت 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 تکرارِی نزدیک‌ترین نقطه[4] 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:

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

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

$$\begin{aligned} E(R,t) &= \frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N}\|m_i' + c_m - R(d_i' + c_d)_{=\bar{t}} - t\|^2 \\ &= \frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N}\|m_i' - Rd_i' - (t - c_m + Rc_d)_{=\bar{t}}\|^2 \\ &= \frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N}\|m_i' - Rd_i'\|^2 - \frac{2}{N}\bar{t}\sum_{i=1}^{N}(m_i' - Rd_i') \\ &\quad + \frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N}\|\bar{t}\|^2 \end{aligned} \quad (5)$$

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 به‌دلیل روی هم افتادگی مراکز هندسی و داشتن رابطه $t=c_m-R\cdot c_d$ مقدارt=0 می‌شود و درنهایت رابطه (5) به‌صورت رابطه (6) نشان داده می‌شود که فقط با پارامتر چرخش حداقل می‌شود[6]:

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

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 به‌دست آوردن پارامترهای تطابق (چرخش و جابه‌جایی) از روش‌های تجزیه مقادیر منفرد[5]، نلدر-مید و محاسبات تکاملی[6] 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 براساس 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]:

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

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

5- Singular value decomposition
6- Evolution computation

در رابطه (7) مقادیر m'_i و d'_i به‌ترتیب تفاضل مقادیر m_i و d_i از مراکز هندسی ابر نقاط داده و مدل می‌باشد. ماتریس چرخش از رابطه (8) به‌دست 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 به‌صورت فرم بسته[1] پرداختند.

اولین روش محاسبه براساس تجزیه مقادیر منفرد توسط آران، هانگ و بلوستین[10] ارائه شده است.

روش دوم که بر پایه ماتریس‌های متعامد[2] می‌باشد به وسیله مقادیر ویژه ماتریس توسط هورن، هیلدن و نگهدارپور[12] معرفی شده است.

روش سوم شامل ارائه مؤلفه‌های چرخش در بخش کاترینوم واحد[3] می‌باشد که توسط هورن[13] توسعه یافته است.

در روش چهارم با استفاده از مقادیر کاترینوم دوگانه[4] هر دو مؤلفه تبدیل (چرخش و جابه‌جایی) به‌دست می‌آید که توسط واکر، شاو و ولتز[14] ارائه شده است. با مقایسه الگوریتم‌های ذکر شده دقت، پایداری و کارآمدی آن‌ها مقایسه شده است.

اگرت 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 سراشیبی[5] و روش دگرگونی آمیبی[6] در سال 1965 توسط جان نلدر و روجر مید ارائه شده است. این الگوریتم برای بهینه‌سازی توابع هدف چند متغیرهٔ غیرخطی بدون قید و شرط به‌صورت 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 $X_1, X_2, \ldots, X_{N+1}$ نقطه و تابع هدف $f(x)$، مرتب‌سازی طبق رابطه (9) انجام می‌شود:

$$f(X_1) \le f(X_2) \le \cdots \le f(X_{N+1}) \quad (9)$$

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

مرحله دوم: محاسبه مرکز ثقل نقاط

در این مرحله مرکز ثقل همه نقاط به‌جز 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: انعکاس[7] نقطه

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.

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

درصورتی 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.

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

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

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

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

مرحله چهارم: انبساط[8] نقطه

درصورت 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 و 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: انقباض[9] 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.

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

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

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

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

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

درصورتی 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.

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

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

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

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

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

مرحله ششم: کاهش[1] 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 به‌جز نقطه با کمترین مقدار تابع هدف را جابه‌جا می‌کند و نقاط به روز رسانی می‌شود. جایگزین کردن نقاط از رابطه (28) استفاده می‌شود.

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

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

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

مقدار ضرایب α ، γ ، ρ و σ به‌کار 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 به‌دست 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، فرآابتکاری[2] 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 CHC[3]، تکامل دیفرانسیلی[4]، الگوریتم ممتیک[5] و روش جستجوی پراکنده[6] برای بهبود مسائل بهینه‌سازی پیشنهاد شده است. اخیرا سایر روش های بهینه‌سازی بر پایه محاسبات تکاملی پیشنهاد شده است و از جمله می‌توان به روش‌های الگوریتم توزیع تخمین[7] و روش اجتماع ذرات[8] 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 به‌کار می‌گیرد. در هر نسل مجموعه جدیدی از تقریب‌ها براساس میزان برازش[9] 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 اعضای اولیه (والدین اصلی) با محیط، سازگاری بهتری دارند.

الگوریتم ژنتیک سه قاعده مهم را در هر قدم برای ایجاد نسل بعدی، از جامعه فعلی به‌کار 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 به‌کار 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 همکارن[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، R 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 به‌صورت حجمی که از قبل به‌صورت غیر دقیق هم‌راستا شده‌اند مورد استفاده قرار گرفت.

روبرتسون و فیشر[23] الگوریتم ژنتیک را برای تطابق محدوده داده‌ها به‌کار گرفته و از خطای میانگین مربعات[10] به‌عنوان تابع هدف استفاده کردند. در این عملیات شش پارامتر فضایی (سه زاویه و سه جابه‌جایی) را بدون درنظر 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

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

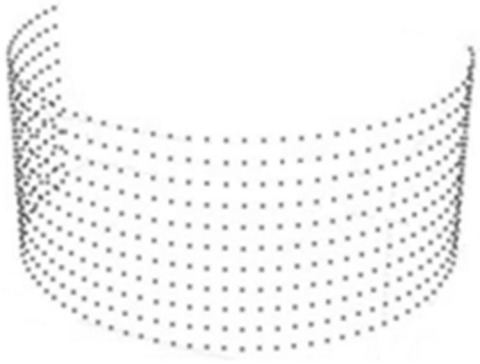
اگر چه فرآیند تطابق از نظر تئوری مسئله‌ای ساده است و با معلوم بودن مختصات حداقل سه نقطه غیر هم‌راستا در دو دستگاه مختصات محلی و مطلق، می‌توان پارامترهای تطابق (سه زاویه و سه مؤلفه جابه‌جایی) را به دست آورد، ولی در عمل به‌دلیل محدودیت دقت اندازه‌گیری دستگاه‌های اندازه‌گیر و وجود اغتشاش در داده‌ها، مختصات نقاط به‌دست 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 به‌منظور 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 به‌صورت جداگانه پیاده‌سازی شده است. روش نلدر-مید در کاربردی متفاوت، برای انجام فرآیند تطابق ابر نقاط به‌کار 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) پیاده سازی شده که جزئیات روش برای قطعه شکل 3 به‌دلیل پیچیدگی بیشتر نسبت به دو قطعه دیگر در ادامه آورده شده است.

قطعه کاربردی با ابعاد کلی 60×140×300 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 1 قطعه با هندسه منظم برای پیاده‌سازی فرآیند تطابق

شکل 2 قطعه استاندارد برای پیاده‌سازی فرآیند تطابق

تعداد این سوراخ ها 20 عدد می‌باشند. جنس قطعه از آلومینیوم سری 7000 اکسترود 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 جانفورد[1] 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 جانسون[2] ، مدل سافیر[3] انجام شده است. ابعاد میز 800×1000×1500 میلی متر، کنترلر رنی‌شاو[4] 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. اندازه گیری 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 کتیا[5] 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

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

مرحله سوم: مقادیر چرخش و جابه‌جایی به بخش a اعمال می‌شود. مقادیر چرخش حول محورهای X، Y و Z به‌ترتیب 25، 5 و 10 درجه و جابه‌جایی در امتداد محورهای X، Y و Z به‌ترتیب 15- ، 20- و 35- میلی‌متر می‌باشد که در شکل 7 نمایش داده شده است. داده‌های خروجی در این بخش به نام c نام‌گذاری شده است.

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

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

P_{trans} داده‌های تبدیل شده طی مراحل چرخش و جابه‌جایی، P_{Rnd} داده‌های پس از اعمال تابع اتفاقی، acc ضریب وRND تابع تصادفی می‌باشند.

مرحله پنجم: فرآیند تطابق به سه روش تجزیه مقادیر منفرد، نلدر-مید و الگوریتم ژنتیک به‌صورت جداگانه پیاده‌سازی شده است. برنامه آن‌ها در محیط نرم‌افزار متلب[1] نوشته شده و در خروجی مقادیر چرخش و جابه‌جایی (R و t) به‌دست آمده است.

مرحله ششم: در صورتی که ماتریس تبدیل به‌دست آمده (چرخش و جابه-جایی) در داده‌های d (داده‌های پس از مراحل چرخش، جابه‌جایی و اعمال خطا) تأثیر داده شود، داده‌های به‌دست آمده با داده‌های اولیه قابل مقایسه خواهد بود. اختلاف این داده‌ها را e نام‌گذاری کرده و این مقایسه به‌عنوان خطای تطابق برای هر نقطه متناظر به‌دست می‌آید.

مرحله هفتم: با داده‌های e و b به کمک نرم‌افزار کتیا مدل یکپارچه‌ای به-دست می‌آید، که نتیجه این عملیات می‌باشد.

5- بحث و مقایسه روش‌های فرآیند تطابق

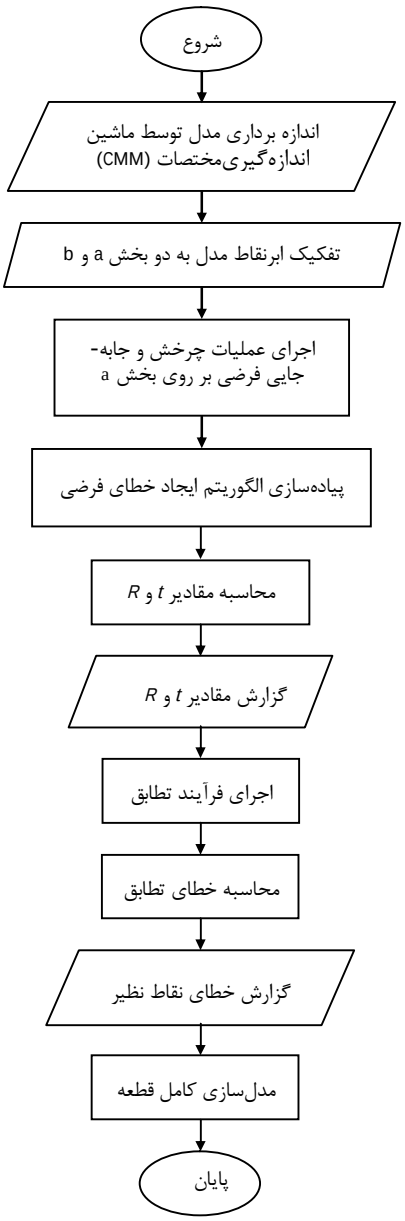
در سه روش تجزیه مقادیر منفرد، نلدر-مید و الگوریتم ژنتیک برای به‌دست آوردن پارامترهای فرآیند تطابق (چرخش و جابه‌جایی) مبنای کار، کمینه‌کردن تابع هدف (رابطه (1)) می‌باشد.

روش تجزیه مقادیر منفرد یک روش حل به‌صورت فرم بسته می‌باشد. این روش برخلاف روش‌های تکرار جواب نهایی را در یک مرحله بدون حدس اولیه به‌دست می‌آورد. اساس کار این روش بر مبنای به‌دست آوردن مقادیر و بردارهای ویژه (U, V) می‌باشد. کلیه نقاط هم‌پوشانی دو بخش a و b، جهت فرآیند تطابق برای به‌دست آوردن مقدار H دخالت داده می‌شود.

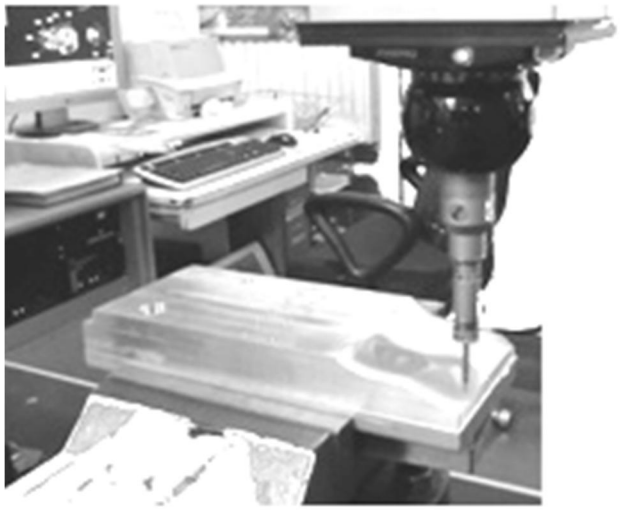
روش نلدر- مید یک روش بهینه‌سازی اکتشافی می‌باشد که بر مبنای تکرار، جواب بهینه را به‌دست می‌آورد. این روش با توجه به حدس اولیه و طی کردن مراحل شش گانه، جواب بهینه را نتیجه می‌دهد. در این روش حدس اولیه مناسب، در تعداد تکرار و سرعت همگرایی تاثیر دارد.

روش الگوریتم ژنتیک، یک روش ابتکاری است که با تکرار و حدس اولیه جواب بهینه را به‌دست می‌آورد. حدس اولیه مناسب در این روش مانند روش نلدر-مید، در تعداد تکرار و سرعت همگرایی تاثیر دارد. برای به‌دست آوردن جواب بهینه فقط بخشی از نقاط هم‌پوشانی 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 می‌یابد.

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

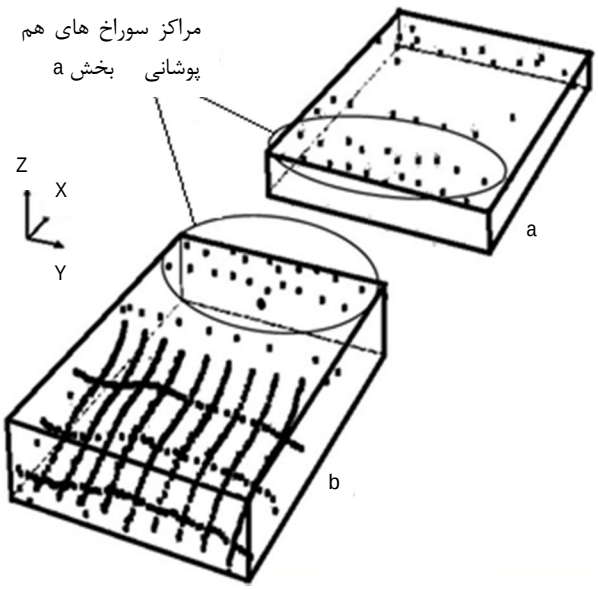


شکل 4 نمودار گردش‌کار مراحل آزمایش تجربی فرآیند تطابق

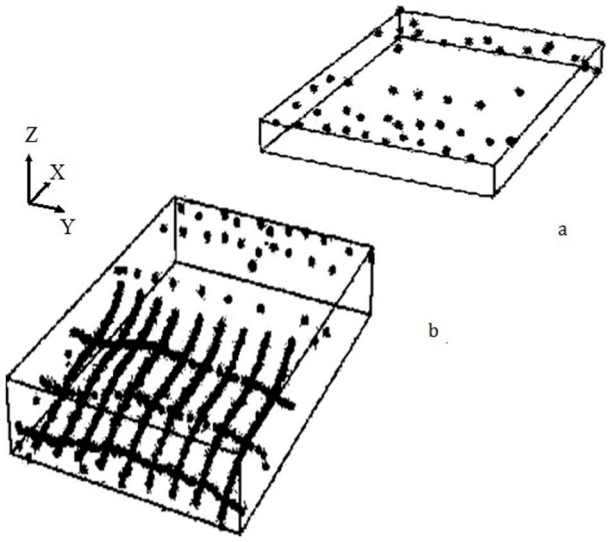


شکل 5 مرحله اندازه‌برداری نقاط توسط ماشین اندازه‌گیری مختصات

1- MATLAB



شکل6 ابر نقاط بخش‌های a و b قطعه



شکل 7 ابر نقاط بخش a بعد از عملیات چرخش و جابه‌جایی

نسل 500 و نرخ جهش 0/3 درنظر 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 جابه‌جایی اعمال شده در قطعه آزمایشی و نتایج به‌دست آمده از سه روش فوق الذکر، مقادیر خطا در جابه‌جایی و چرخش به‌دست می‌آید. از روابط (32) و (33) می‌توان مقدار نهایی خطای جابه‌جایی و چرخش را به‌دست 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	$R_x(\gamma)$ (deg.)	$R_y(\beta)$ (deg.)	$R_z(\alpha)$ (deg.)
تجزیه مقادیر منفرد	24/999997	4/999997	9/999999
نلدر- مید	24/999983	5/000036	10/000043
الگوریتم ژنتیک	25/000316	4/011540	10/006803
مقادیر واقعی	25	5	10

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 جابه‌جایی بین سه روش تجزیه مقادیر منفرد، نلدر-مید و الگوریتم ژنتیک، مقایسه شده است.

جدول 3 مقایسه خطای نهایی جابه‌جایی 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 سوراخ‌ها به تعداد 20 سوراخ می باشند. بخش a پس از عملیات چرخش و جابه‌جایی در محل جدید قرار گرفت. حال اگر بخش a بر اساس مقادیر معکوس زوایا و جابه‌جایی جداول 1 و 2 به موقعیت ابتدایی خود انتقال یابد. می توان مقدار خطای مراکز سوراخ‌های هم‌پوشانی را نیز به دست آورد.

به‌منظور بررسی زمان اجرا و میزان همگرایی هر یک از روش‌های تجزیه مقادیر منفرد، نلدر-مید و الگوریتم ژنتیک از یک محیط برنامه‌نویسی (متلب) و پردازشگر (Intel(R) Core(TM) i7 2. GHZ) واحد استفاده شد. هر یک از برنامه ها به‌طور مجزا چندین بار اجرا و نتایج آن در جدول 4 منعکس شد.

جدول 5 مقادیر آماره‌های خطای مراکز سوراخ‌های هم‌پوشانی در روش‌های تجزیه مقادیر منفرد، نلدر-مید و الگوریتم ژنتیک را نشان می‌دهد.

مقادیر $|\bar{E}|$ ، D_e، $\sum e^2$، σ به‌ترتیب مقدار متوسط بردار خطا، دامنه خطا، مجموع مربعات بردار خطا و انحراف معیار بردار خطا می باشد.

6- نتیجه‌گیری

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 پیاده‌سازی شد. از این میان روش نلدر-مید برای نخستین بار در حل مسئله تطابق ابر نقاط به‌کار گرفته شد. روش‌ها از نظر دقت، میزان همگرایی و زمان محاسبات مورد مقایسه قرار گرفتند. بر این اساس روش‌های تجزیه مقادیر منفرد و الگوریتم ژنتیک به‌ترتیب دارای کمترین و بیشترین خطای چرخشی می‌باشند. کمترین خطای جابه‌جایی

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 سوراخ‌های هم‌پوشانی در فرآیند تطابق

نام روش	$\lvert\bar{E}\rvert$ (mm)	D_e (mm)	$e^2\sum$ (mm)	σ (mm)
تجزیه مقادیر منفرد	0/015694	0/000016	0/004926	0/000004
نلدر- مید	0/000031	0/000031	0/00000002	0/000009
الگوریتم ژنتیک	2/677924	0/487134	1/445569	0/148206

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. Santamaría, O. Cordón, 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 ftting for enhanced icp registration of point clouds in multisensor coordinate metrology, *Robotics and Computer-Integrated Manufacturing,* No. 29, pp. 39-52, 2013.

[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.