

Approximation de courbes par Algorithme Génétique Multi-Objectif

Hervé Locteau¹ – Romain Raveaux² – Sebastien Adam¹
Yves Lecourtier¹ – Pierre Héroux¹ – Éric Trupin¹

¹Laboratoire LITIS

Université de Rouen, F-76800 Saint-Etienne du Rouvray, France

{Prenom.Nom}@univ-rouen.fr

²romain.raveaux@laposte.net

Résumé : Cet article présente une méthode d'approximation de courbes planaires basée sur un algorithme génétique multi-objectif. L'algorithme d'optimisation/exploration localise les points caractéristiques d'une courbe en minimisant simultanément le nombre de points caractéristiques et l'erreur d'approximation. Par le biais de ce type d'approche, l'algorithme propose à son terme un ensemble de solutions parmi lesquelles l'utilisateur peut choisir le compromis selon ses intentions. L'approche proposée est évaluée à partir de courbes issues de la littérature et comparée avec de nombreuses approches.

Mots-clés : Approximation polygonale, Optimisation Multi-Objectif, Algorithme Génétique, Front de Pareto.

1 Introduction

L'approximation de courbes planaires par des segments et/ou des arcs de cercles est une étape importante pour la reconnaissance de formes et le traitement d'images. L'intérêt est de fournir une description compacte et adaptée aux traitements ultérieurs. Les résultats d'approximation peuvent aussi être utilisés pour caractériser les formes en vue de leur reconnaissance.

Le problème peut être formalisé de la manière suivante : soit une courbe $C = \{C_i \equiv (x_i, y_i)\}_{i=1}^N$ composée de N points ordonnés, l'objectif est de trouver un sous-ensemble $S = \{S_i \equiv (x_i, y_i)\}_{i=1}^M$ à M points ordonnés et un ensemble de paramètres associés $P = \{P_i \equiv (x_{c_i}, y_{c_i})\}_{i=1}^M$ où les (x_{c_i}, y_{c_i}) sont les coordonnées des centres des arcs de cercle. S désigne ici l'ensemble des extrémités des segments ou arcs de cercles tandis que les P_i définissent les paramètres permettant d'obtenir la meilleure approximation sur les portions de courbe alors délimitées dans le cas d'un arc. Bien que de nombreux travaux concernent soit l'approximation polygonale de courbe, soit l'approximation de courbe par le biais d'arcs de cercles, un nombre plus restreint d'approches concerne une approximation combinant ces deux types de primitives. Parmi les études traitant ce dernier sujet [ICH 96, ROS 95, HOR 01, SAR 03], citons tout particulièrement la méthodologie employée par Sarkar *et al.* dont le principe consiste à utiliser un algorithme génétique proposant une solution quasi optimale dans ce contexte d'approximation. Ainsi, le problème d'approximation de courbe est-

il perçu comme une tâche d'optimisation. L'algorithme sélectionne automatiquement les meilleurs points de la courbe au regard d'un critère donné. Le nombre de points est alors une donnée fixée du problème et l'approche utilise le concept de l'évolution génétique afin de déterminer une approximation quasi-optimale. On peut noter que le choix du nombre de points sans connaissance de l'allure de la courbe initiale est une tâche complexe. Partant du même paradigme, nous présentons dans cette étude un nouvel algorithme génétique pour l'approximation de courbes. Notre approche se singularise alors par l'usage d'un algorithme d'optimisation multi-objectif. Cette perception du problème apporte alors à l'utilisateur (ou éventuellement au système exploitant les résultats) la possibilité de choisir un compromis entre différents critères de qualité, et ce dès le terme de la première génération.

La suite du papier est organisée comme suit. Dans la section 2, une introduction au problème d'optimisation multi-objectif est proposée et nous y présentons notre algorithme. Dans la section 3, nous illustrons l'usage de cet algorithme dans le cadre de l'approximation de courbe. La section 4 dresse alors les résultats obtenus ainsi qu'une comparaison de ces derniers vis à vis de ceux recensés dans la littérature. Enfin, nous concluons dans la section 5.

2 Optimisation multi-objectif par algorithme génétique

Lorsqu'un problème d'optimisation implique plus d'une fonction objectif, la tâche consistant à rechercher une ou plusieurs solution(s) optimale(s) est appelée optimisation multi-objectif. Des ouvrages de référence ont été publiés sur ce sujet, notamment [DEB 01]. Nous rappelons ici les notions essentielles afin de présenter l'algorithme que nous proposons. L'optimisation multiple se distingue de l'optimisation simple dans la mesure où il est alors nécessaire de définir des compromis entre les objectifs. Si nous considérons simplement deux objectifs, dans le cas où ils sont en conflit, l'amélioration de l'un engendre alors la détérioration de l'autre. Notamment, dans le cas de l'approximation polygonale, diminuer l'erreur d'approximation implique toujours l'augmentation du nombre de sommets. Deux grandes approches pour y remédier apparaissent dans la littérature. La première approche

consiste à combiner l'ensemble des objectifs (la méthode la plus simple étant la combinaison linéaire) afin d'en créer un unique. Cette reformulation ramène alors le problème à une optimisation d'un seul critère pouvant être effectuée par le biais d'approches bien connues (telles que celles à base de gradient, de recuit simulé ou d'algorithmes génétiques classiques). Dans cette optique, le compromis entre les différents objectifs est alors fixé *a priori* à partir de la règle de combinaison. La principale critique que l'on peut alors formuler concerne la difficulté de sélectionner un tel compromis *a priori*. Il peut apparaître plus intéressant de différer ce choix. Il s'agit là de la motivation des méthodes de Pareto s'appuyant sur la notion de dominance entre solutions candidates. Une solution en domine une autre si elle est meilleure vis à vis de l'ensemble des critères indépendamment les uns des autres. Le concept de dominance peut être illustré par la figure 1. Deux critères J_1 et J_2 y sont alors à minimiser. L'ensemble des points non-dominés constituant le front de Pareto y sont représentés par des 'o' et les solutions dominées par des 'x'. En s'appuyant sur ce concept de dominance, l'objectif de l'algorithme d'optimisation consiste à déterminer le front de Pareto, c'est-à-dire l'ensemble des solutions non-dominées. Parmi les méthodes d'optimisation permettant de résoudre une telle tâche, les algorithmes génétiques sont particulièrement adaptés dans la mesure où ils reposent sur l'utilisation d'une population de solutions candidates. Ils ont été intensément utilisés pour des contextes analogues. Les algorithmes les plus utilisés sont VEGA (Vector Evaluated Genetic Algorithm) [SCH 85], MOGA (Multi Objective Genetic Algorithm) [FON 93], NSGA (Non-Dominated Sorting Genetic Algorithm) [SRI 94], NSGA II [DEB 00], PAES (Pareto Archived Evolution Strategy) [KNO 00] et SPEA (Strength Pareto Evolutionary Algorithm) [ZIT 99]. Les stratégies employées dans ces contributions sont différentes. Les résultats obtenus diffèrent essentiellement au niveau de la vitesse de convergence et de la répartition des solutions sur le front. Un bon état de l'art est reporté dans [COE 01].

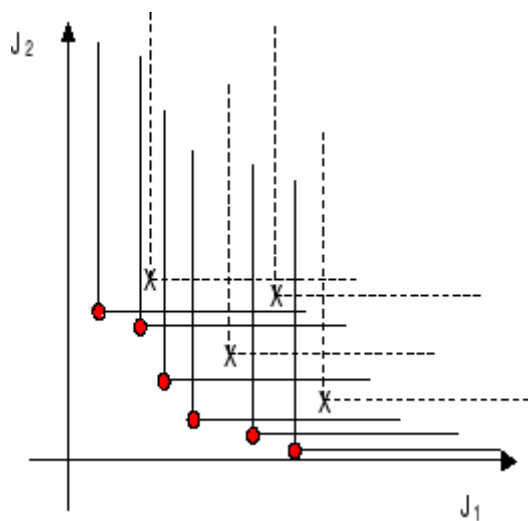


FIG. 1 – Illustration du concept de front de Pareto

L'algorithme proposé est élitiste et *steady-state* ce qui signifie (i.) qu'il repose sur deux populations et (ii.) que la stra-

tégie de mise à jour des individus des populations n'est pas globale mais s'établit individu par individu. Les deux populations sont d'une part une population *classique*, composée d'individus évoluant et d'autre part une population *archive* regroupant les individus définissant l'estimation du front de Pareto à un instant donné. Ces deux populations sont combinées au cours des itérations de l'algorithme génétique. La première population a pour objectif l'exploration de l'espace des paramètres et la seconde l'exploitation des connaissances acquises ainsi que la convergence de l'algorithme. En s'appuyant sur ces concepts, notre méthode d'optimisation utilise l'algorithme 1. Cet algorithme a été défini de telle sorte qu'il puisse être employé pour différents cas d'usage. La définition d'une nouvelle application consiste alors seulement à spécifier le codage des individus, à définir une fonction d'évaluation et à choisir les valeurs des paramètres génétiques d'opérateurs spécifiques.

Initialisation de la Population I

Initialisation de l'Archive A : éléments non-dominés de I

Répéter

$F \leftarrow$ Fusion Population-Archive

$(I_1, I_2) \leftarrow$ Sélection aléatoire (F)

$(I_3, I_4) \leftarrow$ Croisement(I_1, I_2)

Mutation (I_3)

Mutation (I_4)

Évaluation (I_3)

Évaluation (I_4)

Si I_3 domine I_4 ou inversement **Alors**

$I_5 \leftarrow$ Élément dominant (I_3, I_4)

Sinon

conserver (I_3, I_4)

Fin Si

Mise à jour éventuelle de A / I_5 ou (I_3, I_4)

Mise à jour éventuelle de I / I_5 ou (I_3, I_4)

Jusqu'à nombre maximum de générations

ALG 1: L'algorithme multi-objectif utilisé

Dans l'implémentation actuelle de cet algorithme, le codage d'un individu peut être binaire, réel ou mixte. De même, les opérations de croisement, mutation ou initialisation peuvent être adaptées en fonction de l'application. Dans le cas d'un codage binaire, le croisement est un croisement classique au niveau de 2 points tandis que l'initialisation et la mutation ont été redéfinies de façon spécifique. La stratégie d'intégration d'un individu candidat au sein de l'archive repose sur le test de dominance entre l'individu candidat et les éléments de l'archive. Le candidat est inséré au sein de l'archive si aucun élément de l'archive ne le domine. De plus, tous les éléments de l'archive dominés par cet individu sont alors supprimés. Un problème concernant l'optimisation évolutionnaire multi-objectif a été reporté dans la littérature et concerne une mauvaise exploration du front de Pareto ; les éléments de l'archive se focalisant sur certaines parties le front. Cette difficulté est palliée dans notre approche par l'introduction d'une distance minimale entre deux éléments dans l'espace des objectifs. Un élément intégré dans l'archive n'est pas intégré dans la population. L'individu candidat remplace préférentiellement un élément qu'il domine. S'il n'en

domine aucun, et n'est dominé par aucun, il remplace un élément au hasard afin de favoriser le renouvellement des éléments de la population pour l'exploration. Cet algorithme a été testé sur des problèmes multi-objectifs classiques tels que BNH, TNK ou OSY [CHA 03]. Les résultats alors obtenus ont montré la pertinence de notre approche dans la mesure où les approximations obtenues des fronts étaient similaires à celles obtenues par les algorithmes de référence pour un même nombre d'appels à la fonction d'évaluation.

3 Application à l'approximation de courbe

Afin d'appliquer l'algorithme présenté ci-avant au problème d'approximation de courbe, un individu doit représenter une solution possible au problème d'approximation. C'est pourquoi, un individu est retranscrit par N gènes, avec N le nombre de points de la courbe initiale. Un gène est mis à 1 si le point contribue à la définition de la solution, à 0 dans le cas contraire. Un tel codage pour un individu est donné à titre d'exemple par la figure 2. Chaque point C_i de la courbe C correspond à un bit du chromosome. Dans le cas de cette figure, un individu est associé à une chaîne binaire de 45 gènes correspondant aux $C_1 \dots C_{45}$ initiaux. L'approximation se compose de 2 segments et de 6 arcs de cercles. Les points de ruptures sont ainsi $C_3, C_5, C_{20}, C_{29}, C_{36}, C_{37}, C_{41}$ et C_{44} . Une telle approximation (la meilleure pour 8 points de rupture) correspond à l'individu "0010100000000000001000000010000010100010010".

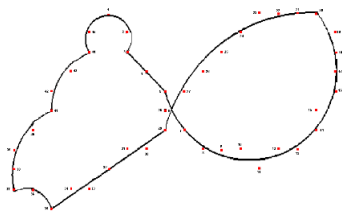


FIG. 2 – Exemple d'individu pour la courbe 4(c)

En utilisant un tel codage, l'algorithme génétique décrit à la section 2 est appliqué. Pour diminuer le nombre d'itérations de l'algorithme génétique, un opérateur spécifique pour l'initialisation est utilisé. Il est défini à partir d'une analyse de bas niveau de la courbe à approximer. Un histogramme des courbures est tout d'abord évalué. Puis, durant l'initialisation, pour chaque point, une probabilité de sélection (gène à 1) est calculée à partir de cet histogramme. Cette stratégie permet d'éviter une sélection de points colinéaires et à l'inverse, de privilégier la sélection de points à haute courbure. Un opérateur spécifique de mutation est également employé. Il consiste à décaler d'un rang le gène positionné à 1, donc le point de rupture. Ceci correspond à un affinement local de l'approximation. Concernant les critères devant être optimisés, deux objectifs ont été pris en compte dans la version actuelle. Le premier objectif est l'erreur quadratique et le second concerne le nombre de points. Ceci permet d'avoir un compromis entre la précision du résultat et le nombre de segments et arcs, grâce au front de Pareto.

On pourra noter que l'utilisation d'un objectif à valeurs discrètes (le nombre de points de rupture) garanti à lui seul la diversité des éléments constituant le front de Pareto. Nous n'avons donc pas besoin de spécifier une distance minimale entre deux éléments de l'archive. Le choix entre un arc de cercle et un segment pour l'approximation d'une partie de la courbe $S_i S_{i+1}$ est effectué en comparant l'erreur quadratique (les paramètres de la primitive en question étant alors stockés en P_i). Les paramètres d'un arc de cercle sont obtenus par une technique de minimisation des moindres carrés issue de [SAR 03] et dont nous rappelons ici le principe. Soient $(S_p = C_j, S_{p+1} = C_n) \in S^2$, le centre (x_c, y_c) de l'arc de cercle approximant la courbe C entre C_j et C_n appartenant à la médiatrice de $[C_j C_n]$, on définit a et b par $a = -(x_n - x_j)/(y_n - y_j)$ et $b = 0.5(y_j + y_n - a(x_j + x_n))$. Il vient alors :

$$(x_c, y_c) = \left(-\frac{\sum_{i=j}^n K_1(i)K_2(i)}{\sum_{i=j}^n K_1(i)K_3(i)}, ax_c + b \right)$$

$$R^2 = (x_j - x_c)^2 + (y_j - y_c)^2$$

Avec les notations :

$$K_1(i) = -x_j + ay_j + x_i + ay_i$$

$$K_2(i) = x_j^2 + (y_j - b)^2 - x_i^2 - (y_i - b)^2$$

$$K_3(i) = -2x_j - 2a(y_j - b) + 2x_i + 2a(y_i - b)$$

4 Résultats expérimentaux

Afin d'illustrer les performances de l'algorithme proposé, celui-ci a été appliqué aux 4 courbes fréquemment employées pour ce type de problème présentées dans [TEH 89] et reportées au niveau de la figure 4.

Ces tests permettent de confronter notre algorithme avec ceux de la littérature. Pour chacune des courbes, le programme a exécuté 200 itérations en utilisant une population de 100 individus. Cette configuration engendre près de 800 appels à la fonction d'évaluation (voir algorithme 1). Les taux de mutation et de croisement ont été fixés initialement à 0.05 et 0.6 mais ils peuvent évoluer au fur et à mesure du déroulement de l'algorithme. Comme nous l'avons évoqué précédemment, la sortie de l'algorithme présenté n'est pas uniquement une erreur quadratique pour un nombre de sommets fixé *a priori*. Nous obtenons l'ensemble du front du Pareto du problème d'optimisation. C'est pourquoi les résultats que nous reportons est un ensemble de couples (erreur quadratique, nombre de sommets).

À titre d'exemple, la figure 3 montre l'ensemble de ces couples obtenu à l'issue de l'exécution de notre algorithme sur la courbe « demi cercles ». Sur cette figure, on voit clairement l'intérêt du multi-objectif puisque le système fournit un ensemble d'approximations candidates. Une remarque doit être effectuée quant à la lecture des résultats obtenus. Dans la mesure où les algorithmes génétiques sont stochastiques, les résultats peuvent différer d'une exécution à une autre. Aussi, pour cette évaluation, nous reportons (tableau 1) à la fois la meilleure (M) et la moins bonne (m) erreur quadratique pour chaque nombre de sommets obtenues après 5 exécutions pour

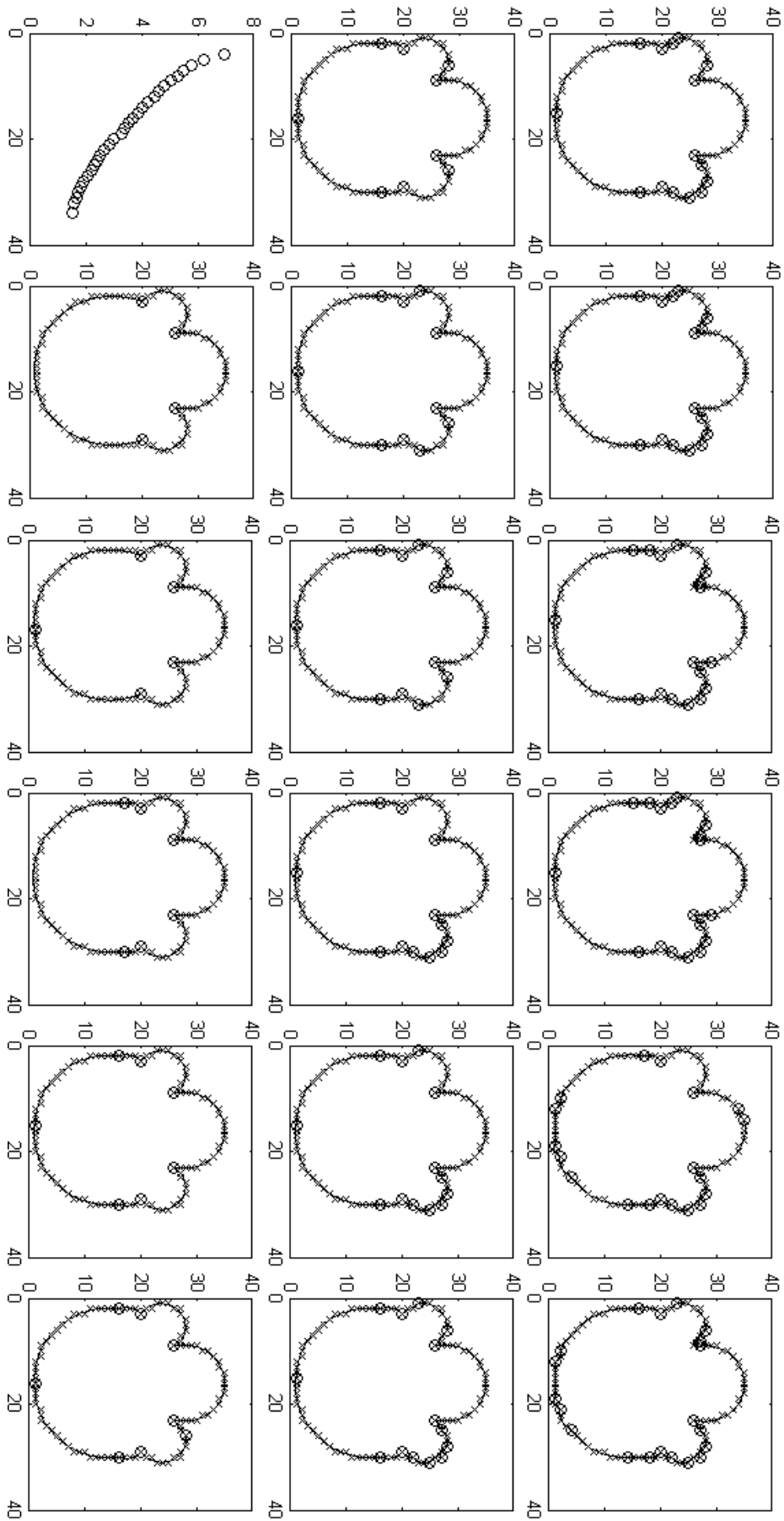


FIG. 3 – Illustration du front de Pareto obtenu sur l'image 4(a)

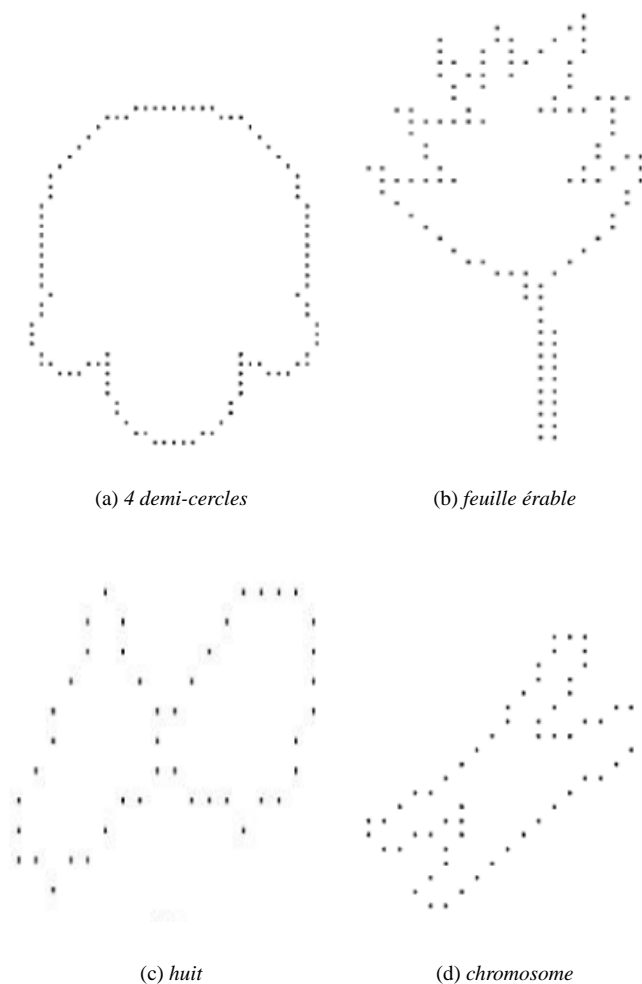


FIG. 4 – Les 4 courbes de test

chaque courbe. Les résultats obtenus peuvent être comparés avec ceux du tableau 2 recensant ceux d'une étude comparative existante [SAR 03]. Il apparaît à lecture des tableaux 1 et 2 que les résultats proposés par un algorithme génétique, tel que nous le présentons dans ce papier, sont compétitifs. De plus, en dépit de la remarque précédente, nos expérimentations indiquent la stabilité des solutions retenues dans l'approximation du front de Pareto au regard des meilleures et moins bonnes solutions pour 5 exécutions indépendantes. Nous avons par ailleurs comparé les résultats d'exécutions multiples d'un algorithme mono-objectif en faisant varier le nombre de points avec ceux d'une exécution de l'algorithme multi-objectif. Il apparaît clairement que notre approche nécessite moins d'appels à la fonction d'évaluation.

5 Conclusions et perspectives

Dans cet article, nous avons proposé une nouvelle approche pour traiter l'approximation de courbes. Ce travail s'inspire de travaux existant au sens où nous considérons l'approximation polygonale sous la forme d'un processus d'optimisation. L'étude se distingue toutefois dans la mesure où nous utilisons un processus d'optimisation multi-objectif tandis que les travaux analogues ne permettent que l'opti-

misation d'un unique critère, l'erreur quadratique. En proposant un ensemble de solutions potentielles, l'utilisateur ou le système peut alors en sélectionner une au regard de son exploitation. Un intérêt supplémentaire concerne l'introduction d'objectifs additionnels puisque l'algorithme principal a été conçu indépendamment de tous cas d'usage. Citons à titre d'exemple la mise en place d'une application de vectorisation des contours de formes pour laquelle une contrainte de parallélisme peut alors être introduite.

Références

- [CHA 03] CHAFEKAR D., XUAN J., , RASHEED K., Constrained Multi-objective Optimization Using Steady State Genetic Algorithms, *Genetic and Evolutionary Computation Conference*, 2003, pp. 813–824.
- [COE 01] COELLO COELLO C. A., A short tutorial on evolutionary multiobjective optimization, ZITZLER E., DEB K., THIELE L., COELLO COELLO C. A., , CORNE D., Eds., *First International Conference on Evolutionary Multi-Criterion Optimization*, pp. 21–40, Springer-Verlag. Lecture Notes in Computer Science No. 1993, 2001.

FIG4(a)			FIG4(b)		
N	M	m	N	M	m
4	6,9	6,9	12	43,5	43,9
5	6,1	6,1	14	22,1	22,7
6	5,7	5,8	16	10,7	10,7
7	5,4	5,7	18	7,3	7,4
8	5,2	5,2	25	3,2	3,3
12	4,2	4,4	27	2,9	3
14	3,8	4	29	2,7	2,8
22	2,3	2,4	31	2,6	2,8

FIG4(c)			FIG4(d)		
N	M	m	N	M	m
5	5,2	5,9	9	4,6	4,6
6	3	3,4	10	2,4	2,4
7	2,6	2,8	11	1,9	2
8	2,3	2,3	12	1,6	1,7
9	1,9	1,9	13	1,4	1,4
10	1,5	1,5	14	1,2	1,2
11	1,2	1,3	15	1	1,1
13	0,7	0,8	16	0,9	1

TAB. 1 – Résultats obtenus avec notre algorithme génétique multi-objectif pour l'approximation des courbes de la figure 4 (M : meilleure, m : moins bonne)

FIG4(a)		FIG4(b)		FIG4(c)		FIG4(d)	
N	erreur	N	erreur	N	erreur	N	erreur
4	6.9	16	10.9	6	3.0	10	2.6
6	6.4	18	7.4	8	2.3	11	2.1
12	10.9	27	8.8	9	2.0	15	1.2
14	17.7	29	14.9	13	5.9		
22	20.6	31	1.6				

TAB. 2 – Meilleurs résultats reportés dans la littérature pour l'approximation des courbes de la figure 4

- [DEB 00] DEB K., AGRAWAL S., PRATAP A., MEYARIVAN T., A Fast Elitist Non-dominated Sorting Genetic Algorithm for Multi-objective Optimisation : NSGA-II, *Parallel Problem Solving from Nature*, 2000, pp. 849-858.
- [DEB 01] DEB K., *Multi-Objective Optimization Using Evolutionary Algorithms*, Wiley, New York, NY, USA, 2001.
- [FON 93] FONSECA C. M., FLEMING P. J., Genetic Algorithms for Multiobjective Optimization : Formulation-Discussion and Generalization, *Proceedings of the 5th International Conference on Genetic Algorithms*, 1993, pp. 416-423.
- [HOR 01] HORNG J.-H., LI J. T., A dynamic programming approach for fitting digital planar curves with line segments and circular arcs, *Pattern Recognition Letter*, , 2001, pp. 183-197.
- [ICH 96] ICHOKU C., DEFFONTAINES B., CHOROWICZ J., Segmentation of digital plane curve : a dynamic focusing approach, *Pattern Recognition Letter*, vol. 17, 1996, pp. 741-750.

- [KNO 00] KNOWLES J. D., CORNE D., Approximating the Nondominated Front Using the Pareto Archived Evolution Strategy, *Evolutionary Computation*, vol. 8, n° 2, 2000, pp. 149-172.
- [ROS 95] ROSIN P. L., WEST G. A. W., Nonparametric segmentation of curves into various representations, *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 17, 1995, pp. 1140-1153.
- [SAR 03] SARKAR B., SINGH L. K., SARKAR D., Approximation of digital curves with line segments and circular arcs using genetic algorithms, *Pattern Recognition Letter*, , 2003, pp. 2585-2595.
- [SCH 85] SCHAFFER J. D., GREFFENSTETTE J. J., Multi-Objective Learning via Genetic Algorithms, *International Joint Conference on Artificial Intelligence*, 1985, pp. 593-595.
- [SRI 94] SRINIVAS N., DEB K., Multiobjective Optimization Using Nondominated Sorting in Genetic Algorithms, *Evolutionary Computation*, vol. 2, n° 3, 1994, pp. 221-248.
- [TEH 89] TEH C. H., CHIN R. T., On the Detection of Dominant Points on Digital Curves, *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 11, n° 8, 1989, pp. 859-872.
- [ZIT 99] ZITZLER E., THIELE L., Multiobjective evolutionary algorithms : A comparative case study and the strength pareto approach, *Evolutionary Computation*, vol. 3, 1999, pp. 257-271.