نشریه علمی- ترویجی محاسبات نرم
شمارهٔ دوم/ پاییز و زمستان ۱۳۹۱/ صفحه ۴۶- ۵۹

مروری بر استفاده از محاسبات تکاملی در تجزیهٔ طیفی تصاویر ابرطیفی

حسین فیاضی*[۱]، حمید دهقانی[۲]، سید مجتبی حسینی[۳]

[۱] دانشجوی کارشناسی ارشد، مجتمع فناوری اطلاعات و ارتباطات، دانشگاه صنعتی مالک اشتر، تهران، ایران

fayyazi_hossein@yahoo.com

[۲] استادیار، مجتمع مهندسی برق و الکترونیک، دانشگاه صنعتی مالک اشتر، تهران، ایران

hamid_deh@yahoo.com

[۳] دانشجوی دکتری، دانشکدهٔ مهندسی کامپیوتر، دانشگاه صنعتی امیرکبیر، تهران، ایران

mojtabahoseini@aut.ac.ir

چکیده: در سال‌های اخیر، تجزیهٔ طیفی به یکی از مهم‌ترین زمینه‌های تحقیقاتی در سنجش از دور مبدل شده و روش‌های سنتی مختلفی برای حل آن ارائه گردیده است. در اکثر روش‌های ارائه شده، بایستی شرایط خاصی برقرار باشد تا الگوریتم به درستی کار کند. از طرفی، این روش‌ها با مشکلاتی همچون گرفتار شدن در بهینهٔ محلی و حساسیت نسبت به مقداردهی اولیهٔ پارامترها روبه‌رو هستند. اگرچه ممکن است تکنیک‌های محاسبات تکاملی نیز در بهینه‌های محلی گرفتار شده و یا نسبت به تنظیم پارامترها حساس باشند، اخیراً استفاده از ترکیب محاسبات تکاملی و روش‌های سنتی موجود، با هدف فائق آمدن بر مشکلات فوق افزایش یافته است. برخی از روش‌ها نیز تنها از محاسبات تکاملی برای حل مسئلهٔ تجزیهٔ طیفی استفاده کرده‌اند. در رویکرد جدید، مسئلهٔ تجزیهٔ طیفی به عنوان یک مسئلهٔ بهینه‌سازی مدل شده و نشان داده شده است که استفاده از محاسبات تکاملی می‌تواند منجر به دستیابی به پاسخ‌های بهینه‌ای گردد. در این مقاله، روش‌های مختلفی که از محاسبات تکاملی برای حل مسئلهٔ تجزیهٔ طیفی بهره برده‌اند، بررسی شده‌اند. در هر بخش، پس از معرفی الگوریتم تکاملی، روش‌های ارائه شده بر اساس آن الگوریتم، معرفی و روند کلی آن شرح داده شده است. برای هر روش، در مورد فرضیات در نظر گرفته شده و محدودیت‌های آن بحث شده و به دلیل اهمیت اجزای مختلف روش تکاملی مورد استفاده، مواردی از قبیل بازنمایی افراد جمعیت، عملگرهای تکاملی و تابع شایستگی نیز مورد بررسی قرار گرفته‌اند.

واژه‌های کلیدی: سنجش از دور، تصاویر ابرطیفی، تجزیهٔ طیفی، مسائل بهینه‌سازی، محاسبات تکاملی.

۱. مقدمه

به فرآیند به دست آوردن اطلاعات در مورد یک شیء با استفاده از حسگری که از شیء جداست، سنجش از دور[1] گویند. در این فرآیند، حسگر، انرژی تابشی و بازتابشی حاصل از شیء را اندازه‌گیری می‌کند [۱]. امروزه تصویرپردازی ابرطیفی[2]، مفهوم آشنایی در سنجش از دور است. تصاویر ابرطیفی، این قدرت را دارند که اطلاعات دقیق‌تر و با جزئیات بیشتری را در مقایسه با سایر انواع داده‌های سنجش از دور مانند تصاویر چندطیفی، رادار و لیدار فراهم آورند. این تصاویر حاصل تصویربرداری حسگرهایی با صدها باند طیفی هستند که در آن، هر کانال بخش پیوسته و باریکی از طیف مرئی و مادون قرمز نزدیک را پوشش می‌دهد. حسگرهای ابرطیفی، داده‌های تصویری را به طور هم‌زمان در صدها باند طیفی همسایه و باریک جمع‌آوری می‌کنند. با این قابلیت، برای هر پیکسل از تصویر، یک طیف پیوسته حاصل می‌شود [۲].

هر ماده، در طیف الکترومغناطیس اثر[3] منحصربه‌فردی از خود بر جای می‌گذارد که به آن اصطلاحاً اثر طیفی[4] گویند. به بیان دیگر، طیف حاصل از هر ماده با مادهٔ دیگر متفاوت است؛ بنابراین، از این اثر می‌توان برای استخراج جزئیات اطلاعات مربوط به خصوصیات مواد موجود در هر پیکسل از تصویر ابرطیفی بهره برد و در کاربردهای نظامی و غیر نظامی مختلفی همچون نظارت بر محیط و یا نواحی شهری، ردیابی آتش، تشخیص تهدیدهای بیولوژیکی و نظارت بر نشت مواد نفتی و سایر انواع آلودگی‌های شیمیایی از آن استفاده کرد [۲]. در این کاربردها، اطلاعات اضافی که توسط تصاویر ابرطیفی فراهم می‌شوند، اغلب نتایجی به همراه دارد که توسط تصاویر چندطیفی و یا سایر انواع فناوری‌های دیگر سنجش از دور قابل ارائه نیست.

بسیاری از حسگرهای تصویربرداری ابرطیفی، رزولوشن پایینی داشته (بیشتر از ۵ متر بر پیکسل) و این مسئله باعث می‌شود که هر پیکسل تصویر، شامل چند مادهٔ مختلف باشد. در این حالت، طیفی که از یک پیکسل خاص اندازه‌گیری می‌شود، ترکیبی از چند مادهٔ مختلف است که بین سطحی که مادهٔ پیکسل را اشغال کرده و نسبت انعکاس آن، یک رابطهٔ خطی برقرار است. به این مدل ترکیب، مدل ترکیب خطی[5] گویند. از سوی دیگر، در برخی از موارد، ترکیب چند ماده به صورت همگن در یک پیکسل جای می‌گیرند که به ترکیب غیرخطی[6] موسوم است. به چنین پیکسل‌هایی، پیکسل ترکیبی[7] گویند [۲].

در یک صحنه، معمولاً سطح تصویربرداری شده با تعدادی مادهٔ مستقل از هم پوشش یافته است که به آن‌ها مواد پایه[8] و به نسبتی که هر یک از آن‌ها در هر پیکسل یافت می‌شوند، میزان فراوانی[9] گفته می‌شود. به فرآیند تجزیهٔ طیف اندازه‌گیری شده از پیکسل ترکیبی به مواد پایهٔ آن و تعیین میزان فراوانی هر یک از آن‌ها، اصطلاحاً تجزیهٔ طیفی[10] گویند [۲].

فرآیند تجزیهٔ طیفی را می‌توان به سه مرحلهٔ کاهش ابعاد، استخراج مواد پایه[11] و وارون‌سازی[12] تقسیم کرد. الگوریتم‌های تجزیهٔ طیفی از روش‌های ریاضی مختلفی برای تشخیص مواد پایه و تخمین میزان فراوانی‌شان استفاده می‌کنند، اما از آنجا که این تصاویر حجم بسیار بالایی از اطلاعات را فراهم می‌آورند، برخی از آن‌ها ابتدا ابعاد داده‌ها را کاهش می‌دهند. این مرحله اختیاری بوده و پیچیدگی محاسباتی الگوریتم را کمتر می‌کند. در مرحلهٔ دوم، مواد پایه تعیین می‌شوند؛ این مرحله را می‌توان به عنوان یک روش داده‌کاوی و تجزیه و تحلیل مکانی تصویر در نظر گرفت، زیرا در آن، اطلاعات معناداری (طیف مواد پایه) از پیکسل‌های تصویر استخراج می‌شود. مرحلهٔ سوم نیز مقادیر فراوانی هر یک از مواد پایه در پیکسل‌های ترکیبی را تخمین می‌زند که آن را می‌توان یک مرحلهٔ تجزیه و تحلیل طیفی دانست [۳]. با توجه به نمادهای به کار رفته در جدول (۱)، در مدل ترکیب خطی، هر پیکسل را می‌توان با این عبارات بیان کرد:

1. Remote Sensing
2. Hyperspectral Imaging
3. fingerprint
4. spectral signatures
5. Linear Mixture Model (LMM)
6. Non-Linear Mixture Model (NLMM)
7. Mixed Pixel
8. Endmembers (EMs)
9. Fractional Abundances (FAs)
10. Spectral Unmixing
11. Endmember Extraction
12. Inversion

$$X(i, j)= \sum_{k=1}^{p} \alpha_k(i, j) \times E_k + n(i, j) \quad (۱)$$

$$S = A E + N \quad (۲)$$

جدول (۱): فهرست نمادهای به کار رفته

نماد	توضیح
S	تصویر اصلی (M×N×L)
S’	تصویر ساخته شده حاصل از مقادیر فراوانی تخمین‌زده شده
L	تعداد باندهای تصویر
p	تعداد مواد پایهٔ موجود در تصویر
X(i, j)	پیکسل مختصات (i, j) در S
X'(i, j)	پیکسل مختصات (i, j) در S’
$\alpha_k(i, j)$	میزان فراوانی k امین مادهٔ پایه در X(i, j)
$\alpha_k'(i, j)$	میزان فراوانی k امین مادهٔ پایه در X’(i, j)
A	ماتریس مقادیر فراوانی تخمین‌زده شده
E_k	k امین مادهٔ پایه
E	ماتریس مواد پایه
n(i, j)	نویز X(i, j)
N	ماتریس نویز
Er	‖S – S’‖

در این مدل، بایستی مواد پایهٔ موجود در صحنه از قبل شناخته شده باشند که البته معمولاً امکان‌پذیر نیست. در این شرایط، انتخاب درست مجموعه مواد پایهٔ تصویر برای انجام عمل تجزیهٔ طیفی، امری مهم است. مدل ترکیب خطی دارای دو محدودیت فیزیکی است: محدودیت اول آن است که مقادیر فراوانی بایستی نامنفی باشند[1] و محدودیت دوم اینکه مجموع فراوانی‌های مواد پایه در هر پیکسل بایستی یک شود[2] [٤].

برآورده کردن محدودیت دوم، کار چندان مشکلی نیست، اما در عمل پیاده‌سازی، محدودیت اول منجر به نامعادلاتی می‌شود که حل آن‌ها آسان نیست و بایستی برای رسیدن به جواب‌های بهینه از روش‌های عددی استفاده کرد. برآورده کردن هر دوی این محدودیت‌ها نیز نیاز به روش‌های عددی پیچیده و سنگینی دارد. روش‌های سنتی که تاکنون برای تجزیهٔ طیفی ارائه شده‌اند، به دلیل وجود چنین پیچیدگی‌های محاسباتی، معمولاً جواب‌های نیمه‌بهینه‌ای تولید می‌کنند. علاوه بر این، بسیاری از این روش‌ها نسبت به مقداردهی اولیهٔ پارامترهایشان حساس بوده و ممکن است در بهینه‌های محلی گرفتار شوند. همچنین، اکثر آن‌ها پیش‌فرض‌های محدودکننده‌ای در مورد داده‌ها دارند. در نتیجه می‌توان گفت تاکنون از حجم عظیم داده‌های سنجش از دوری که در دسترس‌اند، به طور کامل و مؤثر استفاده نشده است.

از سویی، مسئلهٔ تجزیهٔ طیفی را می‌توان به عنوان یک مسئلهٔ بهینه‌سازی مدل‌سازی کرد. این عوامل سبب شده‌اند که اخیراً استفاده از محاسبات تکاملی[3] که می‌توان از آن برای حل مسائل بهینه‌سازی بهره برد، برای انجام تجزیهٔ طیفی مورد توجه قرار گیرند. از آنجا که استفاده از محاسبات تکاملی برای حل این مسئله، زمینهٔ تقریباً جدیدی است، تاکنون تنها از روش‌های الگوریتم ژنتیک[4]، الگوریتم بهینه‌سازی ذرات[5]، استراتژی تکاملی[6] و الگوریتم بهینه‌سازی کلونی مورچه‌ها[7] برای حل آن بهره گرفته شده است.

در این مقاله، روش‌های مختلفی که برای حل مسئلهٔ تجزیهٔ طیفی از محاسبات تکاملی استفاده کرده‌اند، مورد بررسی قرار گرفته و بر اساس نوع الگوریتم تکاملی مورد استفاده، دسته‌بندی شده‌اند. با هدف جامعیت مقاله، ناگزیر روش‌هایی که چندان مطرح نبوده ولی از محاسبات تکاملی در ترکیب با سایر الگوریتم‌ها استفاده کرده‌اند، نیز در کنار روش‌های قوی سخن به میان آمده است. در هر بخش، پس از معرفی الگوریتم تکاملی مورد استفاده، روش‌های تجزیهٔ طیفی مبتنی بر آن روش توضیح داده شده‌اند. در معرفی هر روش، پس از بیان علت ارائهٔ روش و مزایای آن نسبت به روش سنتی بهبودیافته، روند کلی آن مورد بررسی قرار گرفته و در نهایت، معایب آن بیان می‌شود. از آنجا که بازنمایی مورد استفاده برای افراد جمعیت، عملگرهای بازترکیب و جهش و نیز تابع ارزیابی جزء کلیدی‌ترین عناصر یک الگوریتم تکاملی هستند، این موارد نیز مورد بررسی قرار می‌گیرند. در بخش پایانی نیز، پس از بیان چالش‌های روش‌های معرفی‌شده و مسائل باز برای مقایسه‌ای کلی بین الگوریتم‌های معرفی‌شده انجام

1. Abundance Non-negativity Constraint (ANC)
2. Abundance Sum-to-one Constraint (ASC)
3. Evolutionary Computations
4. Genetic Algorithm (GA)
5. Particle Swarm Optimization (PSO)
6. Evolutionary Strategy (ES)
7. Ant Colony Optimization (ACO)

گرفته و نتیجه‌گیری آمده است. با هدف جلوگیری از تکرار معرفی نمادهای به کار رفته در مقاله، تعریف کلیهٔ نمادها در جدول (۱) آمده است.

۲. استفاده از GA در تجزیهٔ طیفی

۲-۱. معرفی الگوریتم ژنتیک

الگوریتم ژنتیک، متداول‌ترین نوع الگوریتم‌های تکاملی است که رویهٔ واحدی برای آن وجود ندارد و بسته به کاربرد، بازنمایی‌ها، عملگرهای بازترکیب و جهش و مکانیزم‌های انتخاب مختلفی برای آن وجود دارد. این الگوریتم یک رویهٔ تکراری است که جمعیتی از جواب‌های کاندید مسئلهٔ مورد بررسی را تولید می‌کند. در طی هر بار تکرار الگوریتم (نسل)، افراد موجود در جمعیت فعلی بر اساس میزان شایستگی‌شان مرتب شده و بر اساس این مقادیر، با استفاده از عملگرهای ژنتیکی مانند بازتولید[1]، تقاطع[2] و جهش[3]، یک جمعیت جدید از راه‌حل‌ها تولید می‌گردد. این رویه تا زمان برقراری شرط خاتمهٔ الگوریتم ادامه می‌یابد [۵].

۲-۲. روش‌های مبتنی بر الگوریتم ژنتیک

۲-۲-۱. GA-MMM

با روش [٦] GA-MM[4] پیکسل‌های ترکیبی را می‌توان با مقادیر فراوانی مختلفی از مواد پایهٔ مختلف ساخت. به دست آوردن چند مدل ترکیب باعث می‌شود که بتوان تجزیه و تحلیل دقیق‌تری بر روی ترکیب پیکسل‌ها انجام داد. در این روش، از الگوریتم ژنتیک برای به دست آوردن چند مدل ترکیب خطی مختلف برای هر پیکسل استفاده می‌شود. مواد پایهٔ هر یک از این مدل‌ها برای هر پیکسل، می‌تواند متفاوت باشد و بر اساس مواد پایه و مقادیر فراوانی مختلفی که برای هر پیکسل به دست می‌آید، در مورد مدل ترکیب هر پیکسل قضاوت می‌گردد.

در GA-MM، مواد پایهٔ موجود در صحنه با استفاده از الگوریتم N-FINDR [۷] تعیین و سپس، الگوریتم ژنتیک زیرمجموعه‌ای از این مواد را به عنوان مواد موجود در هر پیکسل مشخص می‌کند. بازنمایی که برای کروموزوم‌های الگوریتم ژنتیک در نظر گرفته شده است، رشته‌ای از اعداد صحیح به طول حداکثر تعداد مواد پایهٔ مورد انتظار در پیکسل (n) است. هر عدد صحیح نشان‌دهندهٔ اندیس طیف مادهٔ پایه‌ای است که توسط الگوریتم N-FINDR تعیین شده است. برای هر یک از اعضای جمعیت، میزان فراوانی هر ماده با استفاده از روش حداقل مربعات خطای نامنفی[5] تعیین می‌گردد. میزان شایستگی هر کروموزوم بر اساس اختلاف طیف بازسازی می‌گردد و طیف پیکسل تعیین می‌شود. جمعیت مرحلهٔ بعد بر اساس روش نخبه‌سالاری[6] تعیین می‌گردد. افراد جمعیت بر اساس میزان شایستگی مرتب می‌شوند و نیمه‌ای از آن‌ها که شایستگی کمتری دارند، حذف و عملگر بازترکیب برای تولید تعداد اولیهٔ جمعیت بر روی نیمهٔ باقی‌مانده اعمال می‌شود. مکان نقاطی از کروموزوم‌ها که بایستی در فرآیند بازترکیب با هم جابجا شوند، بر اساس محل یک‌های یک رشتهٔ بیتی تصادفی به طول n که احتمال یک بودن هر یک از بیت‌های آن مشخص است، تعیین می‌شود. فرآیند جهش نیز با مکانیزمی مشابه فرآیند بازترکیب انجام می‌شود، با این تفاوت که محل‌هایی از رشتهٔ بیتی که یک می‌شوند، با یک عدد دیگر در بازهٔ 0 تا n - 1 جایگزین می‌شود. هنگام انجام عملیات ژنتیکی، برای جلوگیری از تولید کروموزوم‌های مشابه، عملگر انهدام[7]، این کروموزوم‌ها را از جمعیت جمع‌آوری می‌کند. همچنین، برای رساندن تعداد اعضای جمعیت به تعداد اولیه، عملگر مهاجرت[8] بر روی جمعیت حاضر اعمال می‌گردد. این روند تا زمان یافتن تعداد دلخواه مدل ترکیب با حداقل خطا ادامه می‌یابد.

در این روش، بر اساس مدل‌های ترکیب مختلفی که برای هر پیکسل به دست می‌آید، می‌توان در مورد مواد موجود در آن پیکسل قضاوت کرد. به نظر می‌رسد ترکیب اطلاعات مکانی تصویر، با این روش بتواند نتایج مطلوبی به دست دهد. عیب اصلی این روش آن است که ASC را برآورده نکرده و پاسخ آن به پاسخی که الگوریتم N-FINDR پیدا می‌کند، وابسته است.

1. reproduction
2. crossover
3. mutation
4. GA Multiple Mixture Model (GA-MMM)
5. Non-negative Least Square Error
6. elitist
7. extinction
8. immigration

۲-۲. GA-MI

با روش [۸] GA-MI[1] بسیاری از روش‌های سنتی از ایدهٔ مینیمم کردن حجم سیمپلکس داده‌ها برای استخراج مواد پایه استفاده می‌کنند. روش GA-MI نیز از این ایده استفاده می‌کند. در ابتدا یک نمایش باینری برای هر یک از پیکسل‌های تصویر به دست می‌آید. سپس از حافظه‌های خودانجمنی مورفولوژیکی[2] [۹] [۹] برای تعیین الگوهای مستقل مورفولوژیکی و سپس از الگوریتم ژنتیک و بر اساس شرط استقلال مورفولوژیک برای استخراج مواد پایه استفاده شده است. بازنمایی که برای هر کروموزوم در نظر گرفته شده است، یک رشتهٔ بیتی به طول تعداد مواد پایه است که صفر بودن آن نشان‌دهندهٔ عدم وجود آن ماده در مجموعه مواد پایهٔ نهایی، و یک بودن آن به معنی حضور آن است. در طی اجرای الگوریتم، هر بار که کروموزوم جدیدی ایجاد می‌شود، از نظر استقلال مورفولوژیکی چک شده و در صورت داشتن وابستگی کنار گذاشته شده و یک کروموزوم جدید تولید می‌گردد. تابع شایستگی مورد استفاده در این روش به صورت زیر است.

$$f= Er^2+ \left(1- \|A\|\right)^2+ \sum_{\text{for all elements of A}} abs(A) \qquad (۳)$$

این تابع علاوه براین‌که باعث می‌شود طیف تخمینی برای هر پیکسل به طیف واقعی آن نزدیک شود، دو محدودیت فیزیکی مدل ترکیب خطی را نیز اعمال می‌کند. مکانیزم انتخابی که در این روش مورد استفاده قرار گرفته‌است، چرخ رولت بوده و از جهش مرسوم که تغییر تصادفی یکی از بیت‌هاست، استفاده می‌شود. این روش تنها بر روی یک تصویر چندطیفی مورد آزمایش قرار گرفته است و نتایج آن با روشی دیگر که از ES استفاده می‌کند، مقایسه شده است.

۲-۲-۳. GA-LSEM

در روش [۱۰] GA-LSEM[3] از الگوریتم ژنتیک برای تخمین مقادیر فراوانی مواد پایه استفاده شده است. در این روش، عمل تجزیهٔ طیفی در سه مرحله انجام می‌گیرد. در مرحلهٔ اول تعداد مواد پایهٔ موجود در صحنه تخمین زده می‌شوند. در این مرحله با روشی مشابه روش HFC[4] [۱۱] (که قبلاً برای تعیین تعداد مواد پایه در تصویر ارائه شده است) و با در نظر گرفتن یک مقدار حد آستانه و بر اساس مقادیر ویژهٔ ماتریس کوریانس و همبستگی در تمامی کانال‌های طیفی، تعداد مواد پایه تعیین می‌شود. در مرحلهٔ دوم با استفاده از روشی مبتنی بر حداقل مربعات خطا[5]، مواد پایهٔ موجود در صحنه استخراج می‌شوند. در این مرحله، پیکسلی که بیشترین شدت را داراست، به عنوان اولین مادهٔ پایه انتخاب می‌شود. مادهٔ پایهٔ بعدی، پیکسلی است که بیشترین فاصلهٔ اقلیدسی را از مادهٔ پایهٔ اولی دارد. برای انتخاب سایر مواد پایه و هم‌زمان خنثی کردن اثر نویز، ابتدا به روش حداکثر آنتروپی، سطح نویز تصویر تخمین زده می‌شود. سپس اگر نسبت سیگنال به نویز از یک حد آستانه بیشتر باشد، پیکسلی که بیشترین LSE را دارد، به عنوان مادهٔ پایهٔ جدید معرفی می‌شود. در غیر این صورت، میانگین مجموعه‌ای از پیکسل‌ها با بالاترین LSE به عنوان مادهٔ پایهٔ جدید معرفی می‌گردد. در مرحلهٔ سوم، مقادیر فراوانی مواد پایه در هر پیکسل با استفادهٔ موازی از LSEM و الگوریتم ژنتیک تخمین زده می‌شود. مقادیر هر یک از کروموزوم‌های الگوریتم ژنتیک، مقادیری حقیقی هستند که نشان‌دهندهٔ میزان فراوانی هر یک از مواد پایه است. تابع شایستگی مورد استفاده در آن Er است که باعث می‌شود طیف تخمینی برای هر پیکسل به طیف واقعی نزدیک شود. همچنین از یک تابع محدودیت برای اعمال محدودیت ASC استفاده می‌شود. روش انتخاب مورد استفاده، انتخاب یکنواخت تصادفی بوده و جهش نیز با احتمالی پایین، به صورت یکنواخت انجام می‌شود. شرط خاتمهٔ الگوریتم، رسیدن به حداکثر تعداد نسل‌ها و یا رسیدن به خطایی پذیرفتنی می‌باشد. نتایج شبیه‌سازی این روش نشان می‌دهند که چنانچه داده‌ها نویزی باشند، روش پیشنهادی علی‌رغم زمان پردازشی بالا، می‌تواند نتایج خوبی به دست دهد.

۲-۲-۴. GA-MNMF

الگوریتم [۱۳] NMF با مشکلاتی نظیر سرعت همگرایی کُند،

1. GA Morphological Independence (GA-MI)
2. Morphological Associative Memories (MAM)
3. GA LSE-based EM Estimation (GA-LSEM)
4. Harsanyi–Farrand–Chang (HFC)
5. Least Square Error(LSE)

حساسیت آن نسبت به مقادیر اولیهٔ الگوریتم و نیز گرفتار شدن در بهینهٔ محلی، رنج می‌برد. روش [۱۲] GA-MNMF[1] برای حل مشکلات فوق، از ترکیب الگوریتم ژنتیک و MNMF (که گونهٔ تغییر یافته‌ای از NMF است) استفاده می‌کند. در GA-MNMF برای حل مشکل اول از MNMF و برای حل مشکل دوم و جلوگیری از گرفتار شدن الگوریتم در بهینهٔ محلی از GA استفاده شده است. روال کلی الگوریتم به این صورت است که پاسخ‌های MNMF به عنوان جمعیت اولیهٔ GA در نظر گرفته شده و الگوریتم ژنتیک با این جمعیت اجرا می‌شود. مقادیر فراوانی با استفاده از LSE و بر اساس پاسخ‌های GA به‌روز شده و تا زمان همگرایی الگوریتم این روند ادامه می‌یابد. از آنجا که خروجی الگوریتم MNMF، بردارهای حقیقی هستند، بنابراین بازنمایی که برای کروموزوم‌های الگوریتم ژنتیک در نظر گرفته می‌شود، نیز بردارهای حقیقی هستند. مکانیزم انتخاب مورد استفاده در این روش، چرخ رولت است. برای تقاطع، به صورت تصادفی، یکی از عملیات تقاطع یکنواخت و یا تقاطع چندنقطه‌ای مورد استفاده قرار گرفته و عملگر جهش قدرمطلق تفریق مقادیر کروموزوم از یک می‌باشد. تابع ارزیابی این الگوریتم Er است که باعث نزدیک شدن طیف تخمینی به طیف واقعی هر پیکسل می‌شود. مشابه تمامی روش‌های تکاملی، ایراد این روش را می‌توان سرعت پایین آن بیان کرد.

۲-۲-۵. WM-MOGA

پایهٔ اصلی روش [۱۴] WM-MOGA[2]، الگوریتم WM [۱۵] است که مواد پایه (E_{WM}) را از دوگان LAAMهایی که برای ذخیرهٔ طیف‌های تصویر ساخته‌شده‌اند، استخراج می‌کند، اما تعداد مواد پایه‌ای که با این روش به دست می‌آیند، بسیار زیاد بوده ($p = 2L + 1$) و وابستگی زیادی بین جواب‌های به دست آمده وجود دارد. برای حل این مشکل با استفاده ازMOGA(که گونه‌ای از الگوریتم ژنتیک است که چند تابع هدف را بهینه می‌کند) زیرمجموعهٔ بهینه‌ای از مواد پایه جدا می‌شود. توابع ارزیابی مورد استفاده در مرحلهٔ دوم، Er و میزان پیچیدگی پاسخ است که برابر $|E_{WM}| / p$ در نظر گرفته می‌شود. البته برای افزایش سرعت این مرحله، به جای تابع شایستگی اول از تابع شایستگی دیگری که هدف آن، مینیمم کردن حداکثر همبستگی بین مواد پایه هستو به جای تابع شایستگی دوم از معکوس آن استفاده شده است. بازنمایی مورد استفاده برای هر کروموزوم، یک رشتهٔ بیتی به طول کل تعداد مواد پایه است که یک بودن آن نشان‌دهندهٔ وجود، و صفر بودن آن نشان‌دهندهٔ عدم وجود آن ماده در مجموعهٔ بهینه است. مکانیزم انتخاب این روش، تورنمنت است و عملگرهایی که برای بازترکیب و جهش مورد استفاده قرار می‌گیرند، عملگرهای معمولی هستند که قابل اعمال به کروموزوم‌های باینری هستند. در مرحلهٔ سوم، پاسخ‌های مرحلهٔ قبل بر اساس تعداد مواد پایه‌ای که به دست داده‌اند، به ترتیب صعودی مرتب شده و سپس بر اساس یک شرط Occam razor مجموعه مواد پایهٔ به دست آمده از مرحلهٔ قبل بهینه می‌گردد. از آنجا که این روش تجزیهٔ خطی را بر اساس تک‌تک کروموزوم‌های جمعیت انجام نمی‌دهد، سرعت همگرایی خوبی دارد؛ اما گاهی اوقات تعداد مواد پایه را بیشتر از آنچه هست، تخمین می‌زند.

۲-۲-۶. GOP-EE

روش [۱۶] GOP_EE[3] بدون نظارت و بر اساس سیمپلکس با حجم حداقل و GA کار می‌کند. این روش نیز همانند VCA، بر این فرض استوار است که طیف مواد پایه در تصویر وجود داشته و گوشه‌های سیمپلکس حاوی داده‌ها را اشغال می‌کنند. روش کار الگوریتم را می‌توان در سه مرحلهٔ اصلی زیر خلاصه کرد، در مرحلهٔ اول، تعداد مواد پایهٔ موجود در صحنه با استفاده از خصوصیات جذبی مشاهده شده در هر پیکسل، تخمین زده می‌شود، سپس مواد پایهٔ اولیه با استفاده از الگوریتم فرآیند تولید هدف بهبودیافته[4] [۱۷] که بر اساس تصویر کردن[5] داده‌ها بر روی زیرفضای متعامد[6] کار می‌کند، تعیین می‌شوند. در مرحلهٔ آخر، تعداد و محل دقیق مواد پایهٔ تصویر با استفاده از GA حاصل می‌شود. در این مرحله، هر کروموزوم یک رشتهٔ بیتی به طول

1. GA Modified Non-negative Matrix Factorization (GA-MNMF)
2. WM-Multi Objective GA (WM-MOGA)
3. Genetic Orthogonal Projection-EE (GOP-EE)
4. Improved Automatic Target Generation Process (IATGP)
5. project
6. Orthogonal sub-space

تعداد مواد پایهٔ تخمین‌زده شده در مراحل قبل است که یک و صفر بودن ژن‌های آن به معنی وجود و یا عدم وجود مادهٔ متناظر در مواد پایهٔ نهایی است. تابع شایستگی مورد استفاده نیز حجم سیمپلکسی است که بر اساس مواد پایهٔ انتخابی توسط کروموزوم، حاوی داده‌هاست. مزیت اصلی این روش نسبت به سایر روش‌های مشابه، آن است که نیازی نیست تعداد مواد پایه به عنوان ورودی، به الگوریتم داده شود. نتایج پیاده‌سازی این الگوریتم نشان داده است که برای محیط‌هایی با نسبت سیگنال به نویز بالا نسبت به سایر روش‌های موجود، بهتر عمل می‌کند.

۳. استفاده از PSO در تجزیهٔ طیفی

۶-۱. معرفی الگوریتم بهینه‌سازی ذرات

الگوریتم PSO، از زمان پیدایش، در حل مسائل بهینه‌سازی پیوستهٔ غیرخطی مختلفی مورد استفاده قرار گرفته است. در PSO نیز مانند GA در ابتدا جمعیتی از پاسخ‌های تصادفی وجود دارد، اما برخلاف GA، هر پاسخ بالقوه که ذره[1] نامیده می‌شود، دارای یک سرعت تصادفی است و در فضای مسئله، اصطلاحاً پرواز[2] می‌کند. هر ذره بهترین راه حل و شایستگی را که به آن رسیده است، ذخیره می‌کند (p_{best}). همچنین بهترین راه حل و شایستگی که کل ذرات به آن رسیده‌اند، نگهداری می‌شود (g_{best}). در هر بار تکرار الگوریتم، سرعت هر ذرهٔ جمعیت به سمت p_{best} و g_{best} تغییر می‌کند. این سرعت دادن با یک مقدار تصادفی وزن‌دهی شده و اعداد تصادفی تولیدی برای حرکت به سمت p_{best} و g_{best} متفاوت است. روند فوق تا برقراری شرایط خاص ادامه پیدا می‌کند [۱۸].

۵-۲. روش‌های مبتنی بر الگوریتم بهینه‌سازی ذرات

۳-۲-۱. PSO-AE

روش تجزیهٔ خطی از اطلاعات مکانی تصویر برای به دست آوردن مقدار فراوانی هر یک از مواد پایه استفاده نکرده و ممکن است نتواند به جواب بهینه برسد. در روش [۱۹] PSO-AE[3] برای غلبه بر این مشکلات از PSO استفاده شده است. در هر مرحله از اجرای الگوریتم، مقادیر فراوانی یکی از مواد پایه تعیین، و سپس تصویری متشکل از سایر مواد پایه تشکیل می‌شود. این روند تا زمانی که میزان فراوانی تمام مواد پایه به دست آید، ادامه پیدا می‌کند.

در این روش، p نوع دستهٔ ذرات برای PSO در نظر گرفته می‌شود که در آن، هر دسته به دنبال به دست آوردن میزان فراوانی یکی از مواد پایه است؛ بنابراین، ساختار کلی ذرات، مشابه ساختار مکانی تصویر یک چهارضلعی با طول و عرضی برابر طول و عرض تصویر است. هر ذره در هر دسته تنها از اطلاعات ذرات هم‌دستهٔ خود، استفاده می‌کند. روش کار بدین صورت است که میزان فراوانی ماده‌ای که هر ذره در آن دسته قرار دارد، بر اساس پیکسل مربوط محاسبه می‌شود. سپس، ذره، اطلاعات جستجویی را که توسط سایر ذرات هم‌گروهش ذخیره شده و در ۸ همسایگی آن قرار دارد، بررسی می‌کند. اگر این پیکسل‌ها اطلاعات مشترکی داشته باشند، ذره بر اساس مکانیزمی مشخص به سمت آن پیکسل حرکت خواهد کرد، در غیر این صورت، به طور تصادفی به سمت یکی از ۸ همسایه‌اش حرکت می‌کند. با تکرار این روند برای تعداد دفعات مشخص، کلیهٔ ذرات، اطلاعات جستجو را در تمام پیکسل‌های ترکیبی ذخیره می‌کنند. در نهایت برای هر پیکسل ترکیبی، اطلاعات جستجویی که توسط تمامی دسته ذرات ذخیره شده است، نرمال شده و بدین ترتیب میزان فراوانی هر یک از مواد پایه به دست می‌آید.

اطلاعات جستجو در متغیری به نام مقدار گرانش برای هر دسته ذره ذخیره می‌شود، به این صورت که چنانچه پیکسل ترکیبی به آن دسته تعلق داشته باشد، این مقدار بر اساس فرمولی مشخص افزوده می‌شود و در غیر این صورت کاهش می‌یابد. تابع شایستگی که در این روش مینیمم می‌شود، برابر Er است که باعث نزدیک شدن طیف تخمینی هر پیکسل به طیف واقعی پیکسل می‌شود. این روش با روش دیگری مقایسه نشده و تنها نتایج بصری اجرای الگوریتم آورده شده است.

1. particle
2. flown
3. PSO Abundance Estimation (PSO-AE)

۳-۲-۲. APSO-GMM

پیکسل‌های ترکیبی تصاویر ابرطیفی را می‌توان با استفاده از مدل ترکیب گوسی توصیف کرد. در روش [۲۰] APSO-GMM[1] برای تخمین دقیق پارامترهای مدل ترکیب گوسی و افزایش سرعت همگرایی الگوریتم، از ترکیب الگوریتم EM[2] [۲۱] که متداول‌ترین روش تخمین پارامترهای ترکیب گوسی است و PSO استفاده شده است. هر ذرهٔ PSO، نشان‌دهندهٔ پارامترهای مدل ترکیب گوسی است؛ بنابراین، اگر مدل ترکیب گوسی شامل m ترکیب باشد، هر ذرهٔ PSO دارای m بخش به عنوان میانگین و m بخش به عنوان واریانس خواهد بود. از آنجا که تخمین پارامترهای GMM، به طور چشمگیری به مقداردهی اولیه‌شان بستگی دارند، در ابتدا، تصویر با استفاده از روش K-Means خوشه‌بندی شده و ذرات اولیهٔ PSO بر اساس مراکز خوشه تعیین می‌شوند. میزان شایستگی هر ذره با استفاده از فرمول زیر محاسبه می‌شود:

$$f= \sum_{i=1}^{L} \log\left(\sum_{k=1}^{p} \alpha_k N(X,m_k, \sigma_k)\right) \qquad (۴)$$

که در آن $N(X, m_k, \sigma_k)$ توزیع نرمال kامین مادهٔ پایه با میانگین m_k و ماتریس کواریانس σ_k است. مقادیر شایستگی بر اساس نزدیک‌ترین همسایهٔ بیزی مرتب می‌شوند و سپس الگوریتم EM به بهترین ذره و مکان آن اعمال می‌گردد و پارامترها با مقادیر جدیدشان به‌روز می‌شوند. این فرآیند تا زمان همگرایی الگوریتم ادامه می‌یابد. این روش ادعا کرده مصالحه‌ای بین دقت و زمان همگرایی الگوریتم برقرار کرده است، بنابراین دقت کافی را ندارد. علاوه بر این، مقایسهٔ عددی دقیقی بین نتایجی که حاصل شده صورت نپذیرفته و صرفاً نتایج تجزیهٔ طیفی به صورت تصویری آورده شده‌اند.

۳-۲-۳. PSO-CNMF

در روش [۲۲] PSO-CNMF[3] برای غلبه بر محدودیت‌های گرفتار شدن در مینیمم محلی و حساسیت نسبت به مقداردهی اولیهٔ روش CNMF از ترکیب این روش با PSO استفاده می‌شود.

1. Adaptive PSO Gaussian Mixture Model (APSO-GMM)
2. Expectation-Maximization
3. PSO Constrained NMF (PSO-CNMF)

در مرحلهٔ اول، مواد پایه با استفاده از VCA[4] [۲۳] و مقادیر فراوانی آن با استفاده از روش LSE تعیین می‌شوند. این مقادیر به عنوان مقادیر اولیهٔ الگوریتم CNMF در نظر گرفته می‌شوند. مواد پایه و نسبت فراوانی که از الگوریتم CNMF به دست می‌آیند، به عنوان مقادیر اولیه به PSO داده شده و توسط این الگوریتم بهینه می‌شوند. در مرحلهٔ بعد مقادیر حاصل از PSO به عنوان مقادیر اولیهٔ CNMF به کار می‌روند. این روند تا زمان رسیدن به بهینهٔ سراسری تکرار می‌گردد. در این روش، هم ماتریس مواد پایه و هم ماتریس مقادیر فراوانی به عنوان ذرات PSO در نظر گرفته می‌شوند. تابع شایستگی مورد استفاده در PSO به صورت زیر است:

$$f= Er^2+ \|A\|^2+ \|E\|^2 \qquad (۵)$$

که هم باعث می‌شود طیف تخمینی به طیف واقعی پیکسل نزدیک شود و هم محدودیت‌های مدل ترکیب خطی را اعمال می‌کند. مقایسه‌ای که ارائه‌دهندگان این روش انجام داده‌اند، تنها بر روی CNMF و VCA-CNMF است که البته معمولاً ترکیب یک روش تکاملی با یک روش معمولی نتایج بهتری از حالت عادی به دست می‌دهد. علاوه بر این، در این روش پارامترهای نسبتاً زیادی بایستی تعیین شوند که تغییر آن‌ها می‌تواند نتایج به دست آمده از آن را تغییر دهد.

۳-۲-۴. PSO-SV

در روش [۲۴] PSO-SV[5] از الگوریتم PSO برای مینیمم کردن حجم به دست آمده توسط الگوریتم VCA استفاده شده است. در مرحلهٔ اول اجرای این روش، الگوریتم VCAبه تصویر اعمال شده و پاسخ آن به عنوان یکی از ذرات جمعیت اولیهٔ PSO در نظر گرفته می‌شود؛ بنابراین، هر ذرهٔ الگوریتم PSO برابر مجموعه داده‌هایی است که به عنوان مواد پایهٔ تصویر در نظر گرفته شده‌اند. سایر ذرات با اضافه و یا کم کردن یک مقدار تصادفی به این ذره به دست می‌آیند. سپس، بهترین پاسخ (کمترین حجم سیمپلکس) با استفاده از PSO به دست می‌آید.

4. Vertex Component Analysis
5. PSO Simplex Volume (PSO-SV)

در حین اجرای PSO، تنها ذراتی پذیرفته می‌شوند که پاسخ قابل قبولی باشند. همچنین، حجم سیمپلکسی که توسط هر ذره ایجاد می‌شود، به عنوان تابع ارزیابی هر ذره در نظر گرفته شده است. این روند تا رسیدن حجم سیمپلکسی که تمام ذره‌ها تشکیل می‌دهند، به حجمی کمتر از حجم حاصل از VCA ادامه می‌یابد.

این روش تنها توانسته است در زمانی که تعداد مواد پایهٔ موجود در صحنه بالا بوده‌اند (مثلاً ۱۲ مادهٔ پایه)، نتایج بهتری از سایر الگوریتم‌هایی که با آن‌ها مقایسه شده است، به دست دهد. علاوه بر این، نتایج حاصل از این روش به شدت به نتیجهٔ اولیه‌ای که توسط الگوریتم VCA به دست می‌دهد، بستگی دارد.

۳-۲-۵. D-PSO-EE

روش [۲۵] D-PSO-EE[1] مسئلهٔ استخراج مواد پایه را به عنوان یک مسئلهٔ بهینه‌سازی ترکیبی مدل می‌کند و سپس الگوریتم PSO گسسته (D-PSO) را برای حل آن ارائه می‌دهد. اگر پیکسل‌های ترکیبی به شدت با یکدیگر ترکیب شده باشند، روش‌های استخراج مواد پایه‌ای که بر اساس حجم سیمپلکس حداقل کار می‌کنند، نمی‌توانند نتایج درستی به دست دهند. در این روش برای غلبه بر این مشکل از PSO گسسته که گونهٔ تغییر یافته‌ای از PSO است، استفاده شده است. اگر تعداد پیکسل‌های تصویر، n باشد، هر یک از ذرات یک بردار n بیتی است که به تعداد مواد پایهٔ موجود در صحنه، یک و بقیهٔ بیت‌های آن صفر است. تابع شایستگی که در اینجا مینیمم می‌شود، به صورت معادلهٔ ٦ است که باعث می‌شود طیف تخمینی هر پیکسل به طیف واقعی آن نزدیک شود.

$$f= \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\sqrt{\frac{1}{L}\left\|X_i- X'_i\right\|_2^2} \qquad (٦)$$

تمرکز اصلی این روش بر تغییر PSO به نحوی است که بتواند در فضای گسسته داده‌های ابرطیفی بهتر کار کند و دقت نتایج را بهتر کند. مزیت اصلی این روش، عدم استفاده از یک الگوریتم کمکی در کنار الگوریتم PSO است.

1. Discrete PSO Endmember Extraction (D-PSO-EE)

٤. استفاده از ES در تجزیهٔ طیفی

٦-١. معرفی استراتژی تکاملی

استراتژی تکاملی، یکی دیگر از الگوریتم‌های تکاملی است که در این بخش، توضیح مختصری در مورد آن آمده است. ویژگی مفیدی که اکثر این الگوریتم‌ها دارند، تطبیق خودکار پارامترهای آن است. به این معنی که برخی از پارامترهای الگوریتم تکاملی در طی اجرای الگوریتم تغییر می‌کنند [٢٦]. شکل کلی کروموزوم‌ها در این روش بردارهای حقیقی است و دو نوع مکانیزم بازترکیب گسسته و واسطه برای تولید یک فرزند از دو یا چند والد وجود دارد. در این الگوریتم، عملگر جهش نقش اصلی تکامل را ایفا می‌کند و مقادیر را با افزودن یک مقدار تصادفی که از توزیع نرمال پیروی می‌کند، تغییر می‌دهد. والدین در هر نسل با توزیع تصادفی یکنواخت انتخاب می‌شوند. پس از اعمال عملگرهای جهش و بازترکیب و تولید فرزندان جدید، بایستی نسل جدید انتخاب شوند. این نسل می‌تواند از بین فرزندان جدید تولیدی انتخاب شود و یا اینکه از بین فرزندان و والدین باشد. در ES معمولا تعداد فرزندان بسیار بیشتر از تعداد والدین است.

٥-٢. روش‌های مبتنی بر استراتژی تکاملی

٤-٢-١. SIE-EE

در روش [٢٧] SIE-EE[2] از صورت تغییریافته‌ای از استراتژی تکاملی برای تعیین مواد پایهٔ موجود در تصویر استفاده شده است به طوری که در آن، کل جمعیت به عنوان پاسخ مسئله در نظر گرفته شده است؛ بنابراین در این روش، کل جمعیت برابر مجموعه مواد پایهٔ صحنه و هر یک از افراد جمعیت برداری حقیقی است که نشان‌دهندهٔ یکی از مواد پایه است. برای این جمعیت، یک شایستگی سراسری و برای هر یک از افراد آن، یک شایستگی محلی محاسبه می‌شود. از این شایستگی محلی برای انتخاب افرادی از جمعیت که بایستی جهش یابند، استفاده می‌شود. در محاسبهٔ شایستگی محلی، تابع شایستگی تنها از روی تصویر فراوانی مادهٔ پایهٔ مفروض محاسبه می‌شود، ولی برای محاسبهٔ شایستگی سراسری از تصویر فراوانی کل مواد پایه

2. Single Individual ES-EE (SIE-EE)

استفاده می‌گردد. تابع شایستگی این روش مشابه معادلهٔ (۳) است. تفاوت دیگری که این روش با استراتژی تکاملی معمولی دارد، آن است که جهش در آن به صورت ترتیبی انجام می‌شود نه موازی. هر فرد جمعیت که جهش پیدا کرد، شایستگی سراسری جمعیت جهش‌یافته محاسبه می‌شود. اگر این شایستگی بیشتر از بهترین شایستگی سراسری که تا به حال به دست آمده، باشد، جمعیت جهش‌یافته به عنوان جمعیت جدید در نظر گرفته می‌شود. این مکانیزم انتخاب، مشابه حالتی است که انتخاب از بین فرزندان و والدین انجام شود.

علی‌رغم اینکه بار محاسباتی این روش نسبت به ES معمولی پایین‌تر است و نیز از الگوریتم کمکی دیگری استفاده نمی‌شود، اما در اینجا نیز بایستی تعداد مواد پایه از قبل معلوم باشند. علاوه بر این، مقایسه‌ای که انجام شده است، تنها با روش ES معمولی صورت پذیرفته است.

۵. استفاده از ACO در تجزیهٔ طیفی

۶-۱. معرفی الگوریتم بهینه‌سازی کلونی مورچه‌ها

کلونی مورچه‌ها رفتار بسیار جالبی از خود بروز می‌دهند. اگرچه مورچه‌ها به صورت انفرادی قابلیت‌های ساده‌ای دارند، اما رفتار جمعی‌شان به شدت ساختاریافته است [۲۸]. ایدهٔ اصلی ACO، از رفتار جستجوی غذا توسط مورچه‌ها الهام گرفته شده است. وقتی مورچه‌ها راه می‌روند، از خود مادهٔ شیمیایی فرّاری به نام فرمون بر جای می‌گذارند و از این طریق، مسیری را که طی کرده‌اند، علامت‌گذاری می‌کنند. وجود مقدار بیشتری فرمون در یک مسیر به این معنی است که آن مسیر، بیش از بقیهٔ مسیرها مورد استفاده قرار گرفته است. پس از مدتی، مقدار فرمون موجود در مسیر کوتاه بیشتر و بیشتر شده و مورچه‌ها کم‌کم کوتاه‌ترین مسیر به سمت غذایشان را پیدا می‌کنند. ACO از این رفتار الگو گرفته و برای حل بسیاری از مسائل بهینه‌سازی مورد استفاده قرار داده است.

۵-۲. روش‌های مبتنی بر الگوریتم بهینه‌سازی کلونی مورچه‌ها

۵-۲-۱. ACO-EE [۲۹]

در این روش برای غلبه بر مشکلات الگوریتم‌های استخراج مواد پایهٔ معمول مانند ترتیبی عمل کردن، کاهش بعد و در نتیجه از بین رفتن اطلاعات و معیارهای ارزیابی غیربهینه مانند فاصله و حجم، از ACO برای استخراج مادهٔ پایه استفاده شده است. با استفاده از گراف‌های وزن‌دار و جهت‌دار برای توصیف ارتباط بین پیکسل‌ها، مسئلهٔ استخراج مواد پایه را می‌توان به مسئلهٔ بهینه‌سازی کوتاه‌ترین مسیر تبدیل کرد و سپس از ACO برای حل آن استفاده نمود.

در این روش، در ابتدا کل پیکسل‌های موجود در تصویر با استفاده از گراف وزن‌دار جهت‌داری توصیف می‌شوند که در آن، هر گره متناظر یکی از پیکسل‌های تصویر است و وزن آن برابر فاصلهٔ اقلیدسی آن پیکسل تا میانگین کل پیکسل‌هاست. به این وزن، اصطلاحاً قابلیت رؤیت گفته می‌شود. مسیری که هر یک از مورچه‌ها طی می‌کند، مواد پایهٔ موجود در تصویر را تشکیل می‌دهد؛ بنابراین، هر یک از مورچه‌ها جدولی دارند که در آن گره‌هایی را که از آن عبور کرده‌اند، ذخیره کرده و سپس بر اساس یک احتمال مشخص که بر اساس وزن و فرمون موجود در یال منتهی به گره بعدی وجود دارد، گره بعدی خود را مشخص می‌کنند.

در مسائلی که با استفاده از ACO حل می‌شوند، معمولاً تابع هدف، طول مسیر است، اما در این روش از دو تابع ارزیابی دیگر که رابطهٔ بین مواد پایهٔ استخراج‌شده و تصویر را در نظر می‌گیرند، استفاده شده است. در تابع ارزیابی اول، مقادیر فراوانی هر یک از مواد پایهٔ به دست آمده، محاسبه می‌گردند و تعداد مقادیر منفی به عنوان میزان شایستگی در نظر گرفته می‌شوند. تابع ارزیابی دوم، Er است که مقادیر فراوانی آن با استفاده از روش FCLS[1] به دست آمده‌اند. در نهایت، دو معیار توقف تعداد تکرار مشخص و رسیدن تمام مورچه‌ها به مسیر یکسان (نه مقدار شایستگی یکسان) برای این روش در نظر گرفته شده است.

مزیت اصلی این روش، آن است که نیازی به روش کمکی در کنار الگوریتم اصلی ندارد و در نتیجه به خروجی آن‌ها وابسته

1. Fully Constrained LSE

نیست؛ اما از آنجا که ACO یک الگوریتم جستجوی تصادفی است، سرعت همگرایی آن پایین است. علاوه بر این، در این روش، باید تعدادی پارامتر تعیین شوند که انتخاب صحیح آن‌ها می‌تواند بر نتایج الگوریتم تأثیر به‌سزایی بگذارد.

۵-۲-۲. SGI-ACOEE&FGI-ACOEE

روش ACOEE که در بخش قبل معرفی شد، دارای معایبی مانند پیچیدگی محاسباتی بالا و امکان گرفتار شدن در بهینهٔ محلی است. در روش [۳۰] SGI-ACOEE[1]& FGI-ACOEE[2] برای بهبود روش فوق، راه‌حل‌هایی ارائه شده است. برای بالا بردن دقت الگوریتم، هیوریستیک مورد استفاده در آن بهینه‌سازی شده است. دلیل استفاده از پارامتر قابلیت رؤیت (وزن)، در روش ACOEE آن بود که هر چه داده‌ای از مرکز (میانگین) داده‌ها دورتر باشد، احتمال اینکه این داده مادهٔ پایه باشد، بیشتر است، اما این فرض در تمام موارد صحیح نیست؛ بنابراین در روش بهبودیافته تنها از اطلاعات فرمون‌ها استفاده شده، سپس برای کاهش تعداد تکرارها و زمان هر تکرار، بدون از دست دادن دقت، به ترتیب از یک استراتژی نخبه‌سالاری و پیاده‌سازی موازی آن بر روی واحدهای پردازشگر گرافیکی[3] بهره گرفته شده است. در استراتژی نخبه‌سالاری، در هر تکرار در بهترین مسیر یافته‌شده، مقدار فرمون بیشتری بر جای گذاشته می‌شود.

۵-۲-۳. EAS-EE

روش [۳۱] EAS-EE[4] مسئلهٔ استخراج ویژگی را به عنوان یک مسئلهٔ بهینه‌سازی ترکیبی مدل‌سازی می‌کند و سپس با استفاده از روشی کلاسیک از الگوریتم بهینه‌سازی کلونی مورچه‌ها به نام سیستم مورچهٔ نخبه (EAS) برای حل آن بهره می‌برد. تفاوت اصلی EAS و ACO در فرمول به‌روزآوری فرمون است. برای حل، انتخاب مواد پایه از بین مواد کاندید معادل با مسیرهایی که توسط مورچه جستجو می‌شوند، در نظر گرفته می‌شود. با این شرایط، طول مسیر برابر RMSE[5] بین تصویر اصلی و تصویر بازسازی‌شدهٔ حاصل از مواد پایهٔ انتخابی است. در مرحلهٔ بعد، فرمول‌های احتمال گذار EAS و به‌روزآوری فرمون‌ها طوری تغییر می‌کنند که بتواند مسئله را حل کند. در این روش نیز بایستی تعداد مواد پایه از قبل مشخص باشند.

۶. روش ترکیبی

۶-۱. PSO – GA

در این روش [۳۲] از ترکیب GA و PSO برای استخراج مواد پایهٔ موجود در صحنه استفاده شده است. ایدهٔ اصلی این روش، استفاده از ساختار محلی PSO برای بهبود عملگر انتخاب GA است. مختصات مواد پایه که اعداد صحیحی هستند، به عنوان ذرات در نظر گرفته شده و در نتیجه، طول هر بخش از ذرات برابر تعداد مواد پایه خواهد بود. هدف حداقل کردن حجم سیمپلکسی است که داده‌ها را در بر می‌گیرد و در نتیجه از همین معیار به عنوان شایستگی استفاده می‌شود. قبل از شروع الگوریتم، تعداد ابعاد دادهٔ ابرطیفی با استفاده از [۳۳] MNF[6] به $p-1$ کاهش می‌یابد. مقادیر اولیهٔ ذرات به صورت تصادفی تعیین می‌شوند، سپس در هر بار اجرای الگوریتم، بهترین بهینهٔ محلی هر ذره تعیین می‌شود. مکانیزم انتخاب مورد استفاده در این روش، رتبه‌بندی خطی است. چون تعداد مواد پایه کم است، بنابراین طول ذرات نیز کوتاه است و از عملگر تقاطع تک‌نقطه‌ای استفاده می‌شود. این عملگر با احتمالی مشخص بر روی هر ذره با بهینهٔ محلی و یا سراسری‌اش اعمال می‌شود. عملگر جهش با احتمالی پایین و با تغییر مقدار یکی از ژن‌های کروموزوم اعمال می‌گردد. پس از محاسبهٔ میزان شایستگی هر ذره، بهینهٔ سراسری به‌هنگام می‌شود و این روند تا همگرایی کامل الگوریتم ادامه می‌یابد.

این روش تنها با روشی که از الگوریتم ژنتیک استفاده می‌کند، مقایسه شده و نمی‌توان در مورد عملکرد آن به درستی قضاوت کرد. علاوه بر این، در این روش نیز تعداد مواد پایه قابل تخمین نیست و بایستی از قبل آن را مشخص کرد.

1. Sum-to-one constrained least square-ACOEE (SGI-ACOEE)
2. Fully constrained least square-ACOEE (FGI-ACOEE)
3. Graphics Processing Units (GPU)
4. Elitist Ant Systems-EE (EAS-EE)
5. Root Mean Square Error (RMSE)
6. Minimum Noise Fraction (MNF)

۷. چالش‌ها و مسائل باز

اکثر روش‌هایی که در این مقاله به معرفی آن پرداختیم، مسئلهٔ تجزیهٔ طیفی را برای مدل ترکیب خطی حل کرده و محدودیت‌های موجود در این مدل را پاسخ‌گو هستند. برای کارهای آینده می‌توان از محاسبات تکاملی برای حل مسئلهٔ تجزیهٔ طیفی در مدل خطی و با برآورده کردن هر دو محدودیت ANC و ASC و یا مدل غیرخطی بهره برد. همچنین می‌توان با استفاده از تکنیک‌هایی نظیر طبقه‌بندی تصویر ابرطیفی، از اطلاعات مکانی تصویر نیز بهره برد و از آن برای تولید جمعیت اولیهٔ مناسب برای پیکسل‌های همسایهٔ مشابه استفاده کرد. استفاده از محاسبات تکاملی برای حل مسئلهٔ تجزیهٔ طیفی، هنوز در مراحل اولیهٔ خود قرار دارد و از این رو، از بین تکنیک‌های محاسبات تکاملی موجود، تاکنون تنها از GA، PSO، ES و ACO برای حل این مسئله استفاده شده است. بررسی سایر روش‌های محاسبات تکاملی مانند برنامه‌نویسی تکاملی[1]، کلونی زنبورعسل[2]، جهت انجام تجزیهٔ طیفی نیز پیشنهاد می‌شود.

۸. نتیجه‌گیری

اکثر روش‌های سنتی که برای انجام عمل تجزیهٔ طیفی معرفی شده‌اند، معمولاً در بهینه‌های محلی گرفتار شده و یا به میزان زیادی به مقداردهی اولیهٔ پارامترها حساس‌اند. از سوی دیگر، بسیاری از این روش‌ها محاسبات عددی پیچیده و سنگینی داشته و برای رسیدن به جواب، بایستی شرایط خاصی مثل وجود پیکسل‌های خالص در تصویر (پیکسلی که تنها شامل یک مادهٔ پایه است)، برقرار باشند. این مشکلات باعث شده است که اخیراً روش‌های متنوعی برای حل این مسئله با استفاده از تکنیک‌های محاسبات تکاملی و یا با ترکیب با آن‌ها ارائه شوند.

جدول (۲)، روش‌های مختلفی را که تاکنون از محاسبات تکاملی برای حل مسئلهٔ تجزیهٔ طیفی استفاده کرده‌اند، به ترتیب زمان ارائه نشان می‌دهد. ستون اول، سال ارائهٔ الگوریتم و ستون دوم نام الگوریتم را نشان می‌دهد که در بخش‌های قبلی به تفصیل توضیح داده شدند. ستون سوم روش تکاملی را که در ترکیب با روش یاد شده، مورد استفاده قرار گرفته است، نشان می‌دهد. در برخی از روش‌ها، از یک روش کمکی در کنار الگوریتم تکاملی استفاده شده است که نام آن‌ها در ستون چهارم آمده است. اکثر روش‌های ارائه شده با یک روش سنتی و یا تکاملی دیگر مقایسه شده‌اند که در ستون پنجم به ذکر نام آن‌ها بسنده شده است. همان‌طور که قبلاً نیز بیان شد، الگوریتم‌های تکاملی در دو مرحلهٔ تعیین مواد پایه و تخمین میزان فراوانی آن‌ها مورد استفاده قرار گرفته‌اند. ستون بعدی این جدول، نشان می‌دهد که الگوریتم معرفی‌شده در کدام یک از مراحل تجزیهٔ طیفی مورد استفاده قرار گرفته است. از آنجا که یکی از پارامترهای مهم الگوریتم‌های تکاملی، تابع شایستگی مورد استفاده است، ستون انتهایی، تابع شایستگی مورد استفاده در الگوریتم یادشده را نشان می‌دهد.

همان‌طور که قبلاً بیان شد، تا به حال از خانوادهٔ الگوریتم‌های تکاملی از GA، PSO، ES و ACO استفاده شده است. الگوریتم‌های ژنتیک و بهینه‌سازی ذرات بیش از سایر گونه‌های الگوریتم‌های تکاملی مورد استفاده قرار گرفته‌اند که البته این استفاده در ترکیب با سایر الگوریتم‌های سنتی بوده است. این ترکیب به یکی از دو صورت زیر بوده است. در روش‌هایی مانند PSO-SV, GA-MMM, PSO-CNMF جمعیت اولیهٔ الگوریتم تکاملی با استفاده از روش سنتی تعیین شده و ادامهٔ مسئله با استفاده از تکامل حل می‌شود. در GA-MNMF, APSO-GMM, PSO-CNM الگوریتم تکاملی و الگوریتم کمکی به صورت ترتیبی در کنار یکدیگر کار می‌کنند، به این معنی که خروجی الگوریتم کمکی، ورودی الگوریتم تکاملی و برعکس بوده و این روند تا رسیدن به جواب بهینه ادامه می‌یابد. روش‌هایی همچون GA-MI, WM-MOGA, GOP-EE, PSO-AE, D-PSO-EE, SIE-EE, ACO-EE, FGI-ACOEE, SGI-ACOEE از الگوریتم کمکی دیگری در کنار روش تکاملی استفاده نمی‌کنند.

از سوی دیگر، تمامی روش‌هایی که در این مقاله معرفی شده‌اند، با فرض خطی بودن مدل ترکیب کار می‌کنند. علاوه بر این، برخی از آن‌ها قادر نیستند هر دو محدودیت ANC و ASC را در مدل خطی برآورده کنند. همچنین در روش‌هایی مانند GA-MMM, PSO-CNMF, PSO-SV, SIE-EE, EAS-EE,

1. Evolutionary Programming
2. Bee Colony

PSO-GA تعداد مواد پایه را بایستی در ابتدای اجرای الگوریتم تعیین کرد. همان‌طور که قبلاً بیان شد، در برخی از روش‌ها، مقادیر اولیه‌ای که برای روش تکاملی مورد استفاده قرار می‌گیرند، خروجی یک الگوریتم سنتی هستند. این امر سبب می‌شود که پاسخی که با اعمال این روش به دست می‌آید، به شدت به پاسخ الگوریتم اولیه وابسته باشد. از طرفی، این روش‌ها تنها از اطلاعات طیفی موجود در تصاویر ابرطیفی استفاده می‌کنند و از اطلاعات مکانی تصویر مانند موقعیت پیکسل‌ها بهره‌ای نمی‌برند.

جدول (۲): مقایسهٔ روش‌های مختلفی که از محاسبات تکاملی برای حل مسئلهٔ تجزیهٔ طیفی استفاده کرده‌اند.

سال ارائهٔ روش	نام الگوریتم	روش تکاملی مورد استفاده	روش کمکی	مقایسه شده با روش	مورد استفاده در		تابع شایستگی
					تخمین میزان فراوانی	استخراج مواد پایه	
2000	MMM-GA	GA	N-FINDER, NLSE	-	-	*	Er
2004	SIE-EE	SIE	LSE	ES	-	*	$Er^2 + (1 - \|\|A\|\|)^2 + \sum_{\text{for all elements of A}} abs(A)$
2005	GA-MI	GA	MAM	ES	-	*	"
2008	GA-LSEM	GA	LSE	-	*	-	Er
2009	GA-MNMF	GA	NMF, LSE	NMF, MNMF	*	-	$\frac{1}{2}Er^2$
2009	PSO-AE	PSO	-	-	*	-	$\max_{x \in X} \|\|x-x'\|\|$
2010	APSO-GMM	PSO	GMM	ICA	*	*	$\sum_{i=1}^{L} \log(\sum_{k=1}^{p} \alpha_k N(X, m_k, \sigma_k))$
2010	PSO-CNMF	PSO	NMF, LSE	CNMF, VCA-CNMF	*	-	$Er^2 + \|\|A\|\|^2 + \|\|E\|\|^2$
2010	PSO-SV	PSO	VCA	SISAL, MVSA, VCA	-	*	Minimum volume*
2010	PSO-GA	PSO – GA	MNF	GA	-	*	Minimum volume
2011	D-PSO-EE	D-PSO	-	N-FINDR, VCA	-	*	$\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\sqrt{\frac{1}{L}\|\|X_i - X'_i\|\|_2^2}$
2011	ACOEE	ACO	-	N-FINDR, VCA	-	*	$Er \; \#(\alpha_k(i, j) < 0) + 1$**
2012	SGI-ACOEE FGI-ACOEE	ACO	-	ACOEE, PPI, VCA, N-FINDR	-	*	$Er \; \#(\alpha_k(i, j) < 0) + 1$
2012	WM-MOGA	GA	WM	N-FINDR	-	*	$Er \; \max_{k=1, \ldots, p}(\text{Correlation}(E_k)) \; \frac{p_{WM}}{p}$
2012	EAS-EE	ACO	-	N-FINDR, VCA, ACO	-	*	Er
2012	GOP-EE	GA	IATGP	N-FINDR, VCA	-	*	Minimum volume

* حجمی که سیمپلکس حاوی داده‌ها را حداقل می‌کند.

** تعداد مقادیر فراوانی که مقداری منفی دارند.

مراجع

[1] Schowengerdt, Robert A, "Remote sensing: models and methods for image processing," 3rd ed. Academic Press. p. 2, 2007.

[2] Nirmal Keshava and John F. Mustard, "*Spectral Unmixing*", IEEE Signal Processing Magazine, vol. 19, pp. 44-57, Jan. 2002.

[3] Nirmal Keshava, "*A Survey of Spectral Unmixing Algorithms*", Lincoln Laboratory Journal, vol. 14, num. 1, pp. 55-78, 2003.

[4] D. Heinz and C.-I. Chang, "*Fully constrained least squares linear mixture analysis for material quantification in hyperspectral imagery,*" IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing, vol. 39, pp. 529–545, 2001.

[5] M. Mitchel, "*An introduction to genetic algorithms,*" MIT Press, 1996.

[6] Roberts, R.S., "*Characterization of hyperspectral data using a genetic algorithm*," Signals, Systems and Computers, Conference on Record of the Thirty-Fourth Asilomar, vol.1, pp.169-173, Nov. 2000.

[7] Winter ME, "*N-FINDR: an algorithm for fast autonomous spectral end-member determination in hyperspectral data*". In Proc. 1999 SPIE, pp. 3753:266–275.

[8] Graña, M, Hernandez, C, d'Anjou, A, "*An Evolutionary Algorithm Based on Morphological Associative Memories for Endmember Selection in HyperspectralImages,*" Springer London, P 45-59, 2005.

[9] Ritter G.X., P. Sussner, J.L. Diaz-de-Leon, "*Morphological associativememories*," IEEE Trans. on Neural Networks, pp. 281-292, 1998.

[10] Farzam, M,Beheshti, S, Raahemifar, K, "*Calculation of abundance factors in hyperspectral imaging using genetic algorithm,*" Electrical and Computer Engineering, CCECE, pp.837-842, May 2008.

[11] C J. C. Harsanyi,W. Farrand, and C.-I Chang, "*Detection of subpixel spectral signatures in hyperspectral image sequences*," in Proc. Amer. Soc. Photogrammetry Remote Sens. Annu. Meeting, 1994, pp. 236–247.

[12] Zhao Liaoying, LvYali, Zhang Kai, and Li Xiaorun, "*A New Scheme for Decomposition of Mixed Pixels Based on Modified Nonnegative Matrix Factorization and Genetic-Algorithm*," International Conference on Artificial Intelligence and Computational Intelligence, vol.3, pp.457-461, Nov. 2009.

[13] D. D. Lee and H. S. Seung, "*Algorithms for Non-negative Matrix Factorization*," Advances in Neural Information Processing Systems, vol. 13, pp. 556-562, 2001.

[14] Manuel Graña and Miguel A Veganzones, "*Endmember induction by lattice associativememories and multi-objective geneticalgorithms,*" EURASIP Journal on Advancesin Signal Processing, March. 2012.

[15] Gerhard X. Ritter, Gonzalo Urcid, "*A lattice matrix method for hyperspectral image unmixing*," Information Sciences, Vol. 181, pp. 1787-1803, May 2011.

[16] Y. Rezaei, M.R. Mobasheri, M.J. ValaddanZoej, and M.E. Shaepman, "*Endmember Extraction using a Combination of Orthogonal Projection and Genetic Algorithm*," IEEE GeoScience and Remote Sensing Letters, Vol. 9, Num. 2, March 2012.

[17] C. I. Chang, *Hyperspectral Imaging: Techniques for Spectral Detection and Classification*. New York: Kluwer, 2003.

[18] Eberhart, R, and Kennedy J, "*A new optimizer using particle swarm theory,*" Proceedings of the Sixth International Symposium on Micro Machine and Human Science, pp. 39-43, Oct 1995.

[19] Dong Wang, Xiangbin Wu, and Dongmei Lin, "*Particle swarm mixel decomposition for remote sensing images*," IEEE International Conference on Automation and Logistics, pp. 212-216, Aug. 2009.

[20] BaozhiCheng, Chunhui Zhao, and Yulei Wang, "*Algorithm to Unmixing Hyperspectral Images Based on APSO-GMM,*" First International Conference on Pervasive Computing Signal Processing and Applications, pp. 964-967, Sept. 2010.

[21] T.K. Moon, "*The expectation-maximization algorithm*," Signal Processing Mag-azine, IEEE, vol. 13, no. 6, pp. 47–60, Nov 1996.

[22] *JiantaoCui, and Xiaorun Li, "Unsupervised Hyperspectral Unmixing Based on Constrained Nonnegative Matrix Factorization and Particle Swarm Optimization*," Second WRI Global Congress on Intelligent Systems, pp.376-380, Dec. 2010.

[23] NascimentoJ.M.P,andDias J.M.B, "*Vertex component analysis: a fast algorithm to unmixhyperspectral data,*" IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing, vol.43, no.4, pp. 898- 910, April. 2005.

[24] Maneiro, M, andXuXiaojian, "*Particle Swarm Optimization algorithm for unmixing hyperspectral image,*" 10th International Conference on Signal Processing, pp.897-901, Oct. 2010.

[25] Bing Zhang, XunSun, LianruGao, and Yang, L, "*Endmember Extraction of Hyperspectral Remote Sensing Images Based on the Discrete Particle Swarm Optimization Algorithm,*" IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing, vol.49, no.11, pp.4173-4176, Nov. 2011.

[26] A.E. Eiben, and J.E. Smith, *Introduction to Evolutionary Computing*, Amsterdam: Springer, 2003.

[27] Manuel Graña, Carmen Hernandez, and Josune Gallego, "*A single individual evolutionary strategy for endmember search in hyperspectral images,*" Information Sciences, vol 161, Issues 3–4, pp. 181-197, April 2004.

[28] A. Colorni, M. Dorigo, and V. Maniezzo, F. Varela and P. Bourgine, "*Distributed optimization by ant colonies*", Proc. First Europ. Conf. Artificial Life, Elsevier, pp.134 -142, 1991.

[29] Bing Zhang, XunSun, LianruGao, andLina Yang, "*Endmember Extraction of Hyperspectral Remote Sensing Images Based on the Ant Colony Optimization (ACO) Algorithm,*" IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing, vol.49, no.7, pp.2635-2646, July 2011.

[30] ZhangB, GaoJ,Gao L, and Sun X, "*Improvements in the Ant Colony Optimization Algorithm for Endmember Extraction From Hyperspectral Images*," IEEE Journal of Selected Topics in Applied Earth Observations and Remote Sensing, no. 99, pp.1-9, Nov. 2012.

[31] Sun Xu, Zhang Bing, GaoLianro, and Yang Lina, "*An Innovative Method of Endmember Extraction of Hyperspectral Remote Sensing Image Using Elitist Ant Systems(EAS)*," International Conference on Industrial Control and Electronics Engineering, 2012.

[32] Chen Wei, Yu Xu-chu, Wang He, and Wen Bing-gong, "*PSO-GA on Endmember extraction for hyperspectral imagery*," International Conference on Computer Application and System Modeling, vol.7, pp.459-464,Oct. 2010.

[33] Green A.A, Berman M, Switzer P, and Craig M.D, "*A transformation for ordering multispectral data in terms of image quality with implications for noise removal,*" IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing, vol.26, no.1, pp. 65-74, Jan. 1988.