

Genetic Linear Averaging Algorithm for Zooming Digital Images

Baydaa Sulaiman Bahnam

baydaa_sulaiman@uomosul.edu.iq

College of Computer Science and Mathematics

University of Mosul, Mosul, Iraq

Received on: 12/12/2011

Accepted on: 19/04/2012

ABSTRACT

In this paper, the hypernation of linear averaging algorithm for zooming images is achieved with genetic algorithm. It's applied on a number of samples of images that lack the indistinction of the outline and providing accurate images. The equation of linear averaging is utilized as an objective function in genetic algorithm using several types of crossovers and mutations. A compression among these types is accomplished using two measures (RMSE & PSNR) for evaluating the proposed algorithm. The ratio for zooming is twice as the original images. The accuracy and the efficiency of those images are RMSE = 6.6541 and PSNR = 31.6470 db. A MATLAB 7.10.0(R2010a) environment is used for the programming of proposed algorithm will all applied types of crossovers and mutations.

Keywords: Genetic Algorithm, Linear Averaging Algorithm, Zooming Images, Digital Images.

خوارزمية المعدل الخطي الجينية لتكبير الصور الرقمية

بيداء سليمان بهنام

كلية علوم الحاسوب والرياضيات، جامعة الموصل

تاريخ قبول البحث: 2012/04/19

تاريخ استلام البحث: 2011/12/12

المخلص

تم في هذا البحث تهيئ خوارزمية المعدل الخطي لتكبير الصور مع الخوارزمية الجينية وتطبيقها على عدد من النماذج الصورية التي تعاني من عدم الوضوح في المعالم وتهيئة الصور بشكل أفضل وأدق. وتم اعتماد معادلة المعدل الخطي بوصفها دالة هدف في الخوارزمية الجينية واستخدام عدة أنواع من التداخلات والطفرات وإجراء مقارنة بين هذه الأنواع واستخدام مقياسي (PSNR & RMSE) لتقييم كفاءة الخوارزمية المقترحة وكانت نسبة التكبير ضعف الصورة الأصلية كما أن نسبة دقة وكفاءة الخوارزمية هي $RMSE = 6.6541$ و $PSNR = 31.6470$ db لصورة Cameraman.tif. وتم برمجة الخوارزمية المقترحة مع جميع أنواع التداخلات والطفرات المستخدمة بلغة MATLAB 7.10.0(R2010a).

الكلمات المفتاحية: الخوارزمية الجينية، خوارزمية المعدل الخطي، تكبير الصور، الصور الرقمية.

1. المقدمة

تعد عملية تكبير الصورة zooming من أكثر العمليات المستخدمة على الصورة ، إذ تكاد لا تخلو أي عملية تصفح لصورة من تقريب لناظر الشخص المتصفح. وتشكل الدراسات السابقة أهمية بالغة عند إعداد هذا البحث ومن هذه الدراسات:

1. قدمت دراسة Raheema طريقة لتكبير الصور وذلك بنشر قيمة كل نقطة ضوئية في الصورة الداخلة إلى كل النقاط الضوئية المجاورة له بمربع $3*3$ في مواقع الصورة الخارجة مع عمل ترشيح للصورة باستخدام طريقة المتوسط [12].

2. وتناولت دراسة Valizadeh وآخرين طريقة لتكبير الصور الملونة والرمادية بالاعتماد على Moving Least Square (MLS) وتم التوصل بان التكبير بطريقة (spline) MLS هو أفضل من التكبير بـ bilinear interpolation ومشابهة لـ bicubic interpolation [17].
3. في حين قدمت دراسة Battiato وآخرون تقنية جديدة لتكبير الصور الرقمية في نطاق التدرج الرمادي والملون RGB و Bayer data. وتبين أن نتائج التقنية الجديدة أفضل من نتائج خوارزمية bicubic interpolation و pixel replication [3].
4. أما دراسة Almira و Romero اقترحت طريقتين لتكبير الصور الرمادية اعتمدت على sampling theory [2].

وفي هذا البحث تم استخدام إحدى الحلول الذكائية إلا وهي الخوارزمية الجينية وتهجينها مع إحدى الخوارزميات التقليدية في تكبير الصور وهي خوارزمية المعدل الخطي. وعليه تم بناء خوارزمية جينية دالة هدفها خوارزمية المعدل الخطي وتطبيقها على صور ذات تدرج رمادي. وتم تطبيق عدة أنواع من التداخلات والطفرات وإجراء المقارنة فيما بينهم لبيان الأفضل.

وسيتم عرض في المقطع 2 أهداف البحث ، ويتضمن المقطع 3 تعريف واستخدامات الخوارزمية الجينية ، في حين أن اغلب مجالات تكبير الصور سيتم عرضها في المقطع 4 فضلا عن خطوات خوارزمية المعدل الخطي، أما المقطع 5 فتناول خطوات خوارزمية المعدل الخطي الجينية المقترحة والتي تم اختبارها في 6 ، وأخيرا الاستنتاجات والبحوث المستقبلية في المقطع 7 والمصادر في 8.

2. أهداف البحث:

1. صياغة خوارزمية المعدل الخطي الجينية المقترحة لتكبير الصور الرقمية.
2. اختبار الخوارزمية المقترحة للتحقق من مدى ملائمة الخوارزمية المصممة لتكبير الصور الرمادية.
3. مقارنة بين خوارزمية المعدل الخطي الجينية المقترحة وخوارزمية المعدل الخطي التقليدية باستخدام مقياسين RMSE و PSNR.
4. تطبيق عدة أنواع من الطفرات mutation والتداخلات crossover على الخوارزمية المقترحة وإجراء المقارنة فيما بينهم.

3. الخوارزمية الجينية (Genetic Algorithm)

تعرف الخوارزمية الجينية بأنها خوارزمية ذكية يمكن استخدامها لحل المسائل المعقدة. وتعد من طرائق البحث الكفوءة المعتمدة على مبادئ الاختيار الطبيعي وعلم الوراثة ، ابتكرها العالم جون هولاند عام 1975 في جامعة ميشيگان [9][10].

وقد استخدمت الخوارزمية الجينية بشكل واسع في العديد من المجالات منها: معالجة الصور (Image Processing)، تعليم الحاسبة (Machine Learning) ، التحليل العددي (Numerical Analysis) ، بحوث العمليات (Operations Research) ، وحل مسائل التشفير وكسر الشفرة (Cipher & Decipher) وغيرها من المجالات التي لاقت بها نجاحا كبيرا [1] [15].

4. تكبير الصور (Image Zooming)

تعرف الصور الرقمية بأنها عينات منفصلة منظمة في فضاء معين وتضم بيانات رقمية تمثل كل قيمة منها إضاءة الوحدة في الصورة وتعد عرضاً بصرياً لمصفوفة من الأعداد الصحيحة والتي تحدد قيمها الظل للترج الرمادي في حالة الصور ذات التدرج الرمادي أو لون محدد في حالة الصور الملونة [2][4].

لاقت عملية تكبير الصور اهتماماً واسعاً في أغلب المجالات التي تحتاج إلى الدقة لتوضيح وإبراز المعالم الغامضة في الصورة وخاصة في المجالات العسكرية، الصور الطبية، في أنظمة مراقبة الطرق، المحلات التجارية، رصد المخالفات المرورية، النشر الإلكتروني electronic publishing وقواعد بيانات الصور image database [5] [6] [11].

ومن الطرائق المستخدمة في عملية تكبير الصور طريقة المعدل الخطي linear averaging التي تعمل على تكبير الصور ذات حجم $r*c$ إلى صور بحجم $2r-1*2c-1$ أي بقدر ضعف حجمها الأصلي تقريباً (مثلاً حجم الصور $128*128$ سيتم تكبيرها إلى $255*255$). وفيما يلي خطوات خوارزمية المعدل الخطي التقليدية [7][16]:

a. نقل قيم نقاط الصورة الأصلية $a1$ إلى الصورة الموسعة $a2$ (التي تمثل تكبيراً للصورة الأصلية $a1$) مع ترك نقطة فارغة بين كل نقطتين من نقاط الصورة الموسعة بالاتجاهين الأفقي والعمودي.

b. ملء كل نقطة من النقاط الفارغة في $a2$ بمعدل النقطتين المحيطتين بها وبكلا الاتجاهين:

$$a2(r,c) = (a1(r,c-1) + a1(r,c+1)) / 2 \quad \text{أفقياً:}$$

$$a2(r,c) = (a1(r-1,c) + a1(r+1,c)) / 2 \quad \text{عمودياً:}$$

حيث ان r يمثل عدد الصفوف و c عدد الأعمدة في الصورة الأصلية.

c. عرض الصورة الموسعة $a2$.

5. خوارزمية المعدل الخطي الجينية المقترحة

لقد تم استخدام خوارزمية المعدل الخطي بوصفها دالة هدف للخوارزمية الجينية المقترحة بهدف تكبير الصور. وان الخوارزمية المقترحة تعمل على تكبير الصورة بنسبة ضعف حجمها الأصلي تقريباً (أي تكبير صور ذات حجم $r*c$ إلى صور بحجم $2r-1*2c-1$) أو أكثر وحسب رغبة المستخدم، كذلك بإمكانها تكبير جزء مقتطع من الصورة. وتم تطبيق عدة أنواع من التداخلات والطفرات في الخوارزمية المقترحة. أيضاً تم برمجة هذه الخوارزمية المقترحة مع جميع أنواع التداخلات والطفرات المستخدمة بلغة (MATLAB 7.10.0(R2010a)). وفيما يلي خطوات الخوارزمية المقترحة:

1. قراءة الصورة الأصلية ($a1$) المراد تكبيرها وإيجاد حجمها $r*c$.

2. تهيئة وتحديد حجم الصورة الموسعة ($a2$) التي ستمثل تكبيراً بنسبة ضعف الصورة الأصلية تقريباً بحيث ان حجمها يكون $2r-1*2c-1$ ، وان r و c يمثلان عدد الصفوف والأعمدة في الصورة الأصلية.

3. نقل قيم نقاط الصورة الأصلية إلى الصورة الموسعة مع ترك نقطة فارغة بين كل نقطتين من نقاط الصورة الموسعة بالاتجاهين الأفقي والعمودي.

4. تحديد المعاملات المستخدمة في الخوارزمية الجينية:

يتم تحديد المعاملات المستخدمة في الخوارزمية الجينية وهي كالآتي:

- a. عدد أفراد الجيل الابتدائي : عدد أفراد الجيل يساوي كروموسومين وهما النقطتان المحيطتان بالنقطة الفارغة وبكلا الاتجاهين في كل مرة , بحيث أن:
- أفراد الجيل الابتدائي الأفقي هما الكروموسومان اللذان يمثلان النقطتين المحيطتين بالنقطة الفارغة وبشكل أفقي: $a1(r,c-1), a1(r,c+1)$.
 - أفراد الجيل الابتدائي العمودي هما الكروموسومان اللذان يمثلان النقطتين المحيطتين بالنقطة الفارغة وبشكل عمودي: $a1(r-1,c), a1(r+1,c)$.
- b. طول الكروموسوم : تم اختيار كروموسوم يتألف من 8 جينات لان الصور المستخدمة رمادية وبإمكانها عرض 256 تدرجا رماديا (أي 0 - 255 ظل من التدرج الرمادي) وهذا يعني أنها تمثل بـ 8bit/pixel لذا فان قيمة الجين الواحد تأخذ قيمة الـ bit فمثلا كانت قيمة الكروموسوم 122 فهذه تساوي 01111010 أي 8 جينات وان قيمة كل bit هي قيمة الجين في هذا الكروموسوم.
- c. تحديد نوع الانتقاء وتطبيق التداخل والطفرة.

وفيما يلي مثال مبسط لتوضيح الجيل الابتدائي. لنكن لدينا المصفوفة التالية التي تمثل $a2$:

128	0	133	0	127
0	0	0	0	0
127	0	80	0	81
0	0	0	0	0
111	0	24	0	60

إن النقطتين 128 و 133 هما نقطتان محيطتان بالنقطة الفارغة ويمثلان كروموسومين في الجيل الابتدائي الأفقي ، فبعد إيجاد النقطة الفارغة بينهم 135 حسب خطوات الخوارزمية المقترحة (بينما في الخوارزمية التقليدية سيتم إيجاد المعدل للنقطتين المحيطتين وهو 130 لتعويضها محل النقطة الفارغة) سوف يتم إيجاد قيمة النقطة الفارغة التالية للجيل الابتدائي الأفقي التالي (133 و 127) وهكذا نستمر إلى أن يتم إيجاد جميع النقاط الفارغة للأجيال الأفقية وعليه تصبح $a2$ بالصيغة التالية:

128	135	133	138	127	
0		0	0	0	0
127	100	80	83	81	
0	0	0	0	0	
111	73	24	47	60	

يليهما يتم تحديد كروموسومات الجيل العمودي الابتدائي ولتكن 128 و 127 المحيطتين بالنقطة الفارغة والتي بعد إيجاد قيمتها ولتكن 125 حسب خطوات الخوارزمية المقترحة (بينما في الخوارزمية التقليدية سيتم إيجاد المعدل للنقطتين المحيطتين وهو 127 لتعويضها محل النقطة الفارغة) سيتم تحديد عناصر الجيل العمودي التالي (127 و 111) لإيجاد قيمة النقطة الفارغة بينهم وهكذا تصبح $a2$ بالصيغة التالية:

128	135	133	138	127	
125	118	90	106	114	
127	100	80	83	81	
117	88	61	62	78	
111	73	24	47	60	

5. دالة الهدف :

في هذه الخطوة تم حساب دالة الهدف بالاعتماد على المعدل لكل من النقطتين المحيطيتين بالنقطة الفارغة وبكلا الاتجاهين في كل مرة وكالاتي:

$$Fr=(a1(r,c-1)+a1(r,c+1))/2 \quad \dots(1)$$

حساب دالة الهدف عموديا حسب المعادلة التالية:

$$Fc=(a1(r-1,c)+a1(r+1,c))/2 \quad \dots(2)$$

6. حساب دالة اللياقة لأفراد المجتمعين:

أولا: حساب er أفقيا:

$$er=abs(Fr-x) \quad \dots(3)$$

حيث x احدى النقاط المجتمع الأفقي.

ثانيا: حساب ec عموديا:

$$ec=abs(Fc-y) \quad \dots(4)$$

حيث y إحدى النقاط المجتمع العمودي.

7. انتقاء الآباء : حيث يتم انتقاء أبوين جيدين اللذين يمتلكان اقل قيمة ل er و ec .

8. التداخل الإبدالي: في هذه الخطوة يتم إجراء عملية التداخل الإبدالي على الآباء لإنتاج نوعين جديدين من الأبناء. وتم تطبيق التداخل على جميع كروموسومات الجيل. وقد تم استخدام عدة أنواع من التداخل: التداخل الحسابي Arithmetic Crossover ، التداخل ذو النقطتين Two Point Crossover ، التداخل الحدسي Heuristic Crossover والتداخل ذو النقطة الواحدة.

9. الطفرة : يتم تطبيق الطفرة على الجيل الجديد. وتم استخدام عدة أنواع من الطفرات : طفرة تغيير الرتب Order Change mutation ، عكس قيمة الجين Bit Inverse ، الإزاحة Placement وطفرة الإضافة والطرح Add or Sub Mutation. ومقدار احتمالية أداء الطفرة المستخدمة في البحث هي 0.5 أي على كروموسوم واحد في الجيل المتكون من كروموسومين.

في البدء تكون مقاطع الجيل الأفقي هما النقطتان المحيطتان بالنقطة الفارغة $(a1(r,c-1),a1(r,c+1))$ ثم يتم حساب دالة الهدف لهما حسب المعادلة (1) وتطبيق التداخل (بالأنواع المذكورة) ما بين المعدل المحسوب بالمعادلة (1) والنقطة المحيطية الأولى لينتج نقطتين والمعدل مع النقطة المحيطية الثانية لينتج نقطتين أيضا. يليها نحسب اللياقة للنقاط الأربعة حسب المعادلة (3) لكي ننتقي اقرب نقطتين إلى المعدل (النقطتين الأقل لياقة) من بين النقاط الأربعة لتكوين الجيل الأفقي الجديد. كما انه يتم الاحتفاظ بالنقطة الأقرب إلى المعدل (النقطة الأقل لياقة من بين النقطتين المختارتين) في مصفوفة z لكي نحسب الخطأ ما بين هذه النقطة الأقل لياقة والنقطة بنفس الموقع في الصورة b (تمثل الصورة b صورة مثالية كبيرة حجمها تقريبا بقدر ضعف حجم الصورة الأصلية $a1$ أي حجمها $2r-1*2c-1$ كما أن لها نفس دقتها) ويتم الاحتفاظ بالخطأ المحسوب في مصفوفة r . يليها نطبق الطفرة على إحدى النقطتين المختارتين (أي نسبة أداء الطفرة 0.5). ثم نكرر العملية السابقة ويتم التوقف عند الوصول إلى 20 جيل (اعتمادا على نتائج البحث). يليها يتم اختيار النقطة الأقل خطأ محسوبها في مصفوفة r من بين عشرين جيل ووضعها في مصفوفة $a2$ بموقع النقطة الفارغة. ثم يتم اخذ النقطتين المحيطيتين التاليتين ونعيد عليهم نفس العملية أعلاه لينتج نقطة بأقل خطأ ووضعها أيضا في مصفوفة $a2$ وهكذا إلى أن يتم إيجاد جميع النقاط الفارغة في الاتجاه الأفقي بالمصفوفة $a2$. وبالطريقة أعلاه نفسها يتم تكوين مقاطع الجيل العمودي وإيجاد

جميع النقاط الفارغة فيه. وبعد الانتهاء من تكوين الصورة الموسعة a2 سوف يتم حساب RMSE و PSNR لها حسب المعادلتين (5) و (6) على التوالي ما بين a2 و b وكالاتي [8][13][14]:

$$RMSE = \sqrt{\frac{1}{M * N} \sum_{r=0}^{M-1} \sum_{c=0}^{N-1} [Im_{new}(r,c) - Im_{old}(r,c)]^2} \quad \dots(5)$$

حيث أن :

M,N : تمثل أبعاد الصورة

$Im_{old}(r,c)$: تمثل الصورة القديمة (الصورة الأصلية الكبيرة والمثالية b)

$Im_{new}(r,c)$: تمثل الصورة الجديدة (المكبرة a2)

$$PSNR = 10 \log_{10} \frac{(L-1)^2}{\frac{1}{M * N} \sum_{r=0}^{M-1} \sum_{c=0}^{N-1} [Im_{new}(r,c) - Im_{old}(r,c)]^2} \quad \dots(6)$$

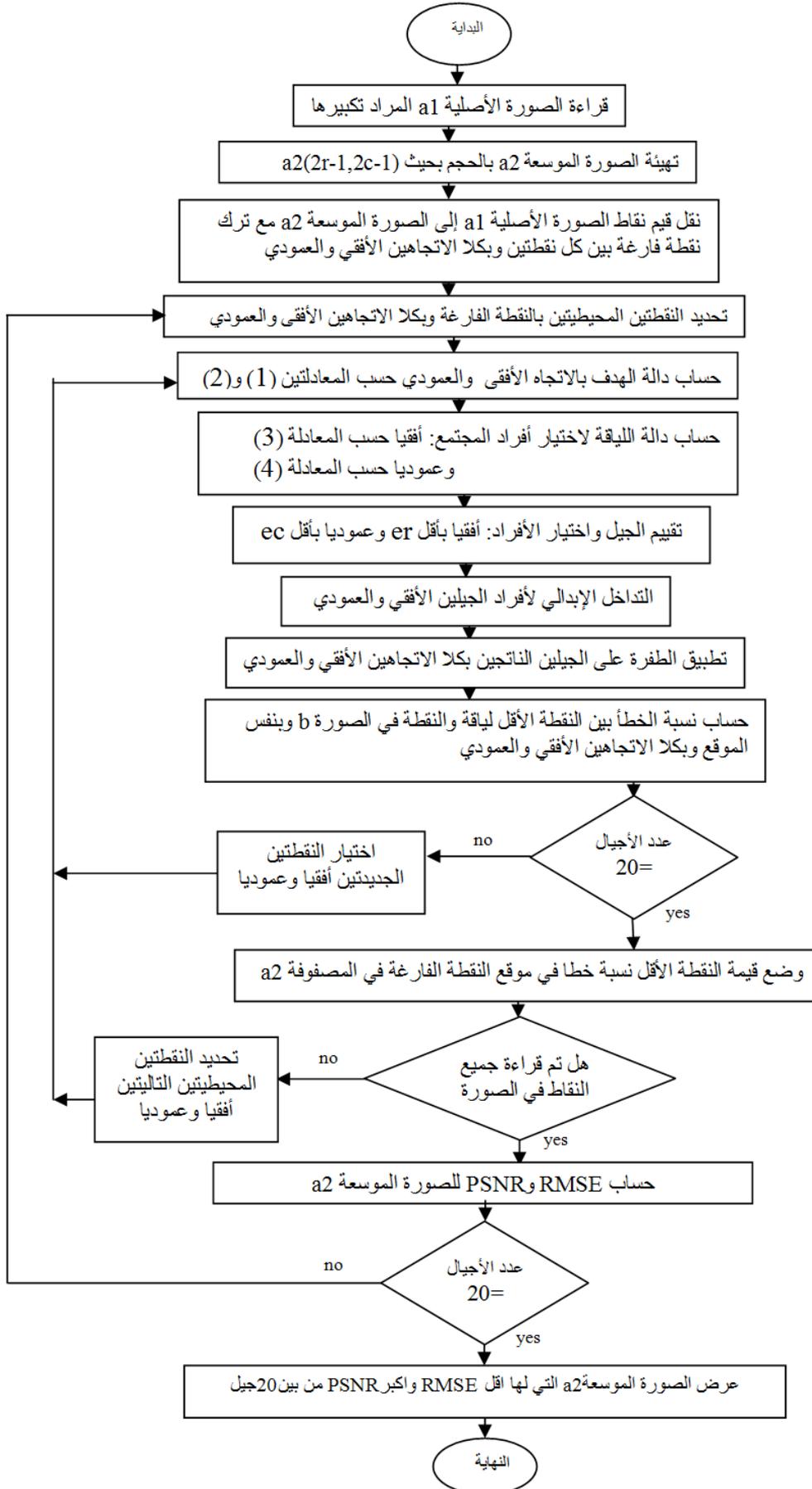
حيث أن L أكبر تدرج رمادي في الصورة المعالجة.

بعد إيجاد RMSE و PSNR للصورة المكبرة الناتجة a2 سيتم إعادة تنفيذ خطوات الخوارزمية من جديد والحصول على صورة مكبرة أخرى a2 ليتم إيجاد RMSE و PSNR لها وهكذا نستمر إلى 20 جيل ، ثم يتم الاحتفاظ وعرض أفضل نتيجة من بين 20 جيلا (عرض الصورة التي تمتلك اقل RMSE واكبر PSNR من بين 20 جيل).

ويوضح الشكل (1) المخطط الانسيابي للخوارزمية المصممة.

6. اختبار الخوارزمية المقترحة

يجسد اختبار الخوارزمية الهدف الثاني للبحث ، ويعد تحليل النتائج في الوقت نفسه أداة لاختبار فرضية البحث والتي مفادها : أن المعالجة باستخدام الخوارزمية الجينية يلائم وبشكل كبير تكبير الصور. لقد طبقت الخوارزمية المقترحة على صور رمادية مختلفة. ولزيادة التوسع في الحصول على نتائج أدق تم تطبيق عدة أنواع من الطفرات والتداخلات على الخوارزمية المقترحة وإجراء المقارنة فيما بينهم ، فضلا عن مقارنتها مع خوارزمية المعدل الخطي التقليدية. واعتمدت جميع المقارنات على مقياسين RMSE و PSNR. وان الجدول (1) يمثل أنواع التداخلات والطفرات المستخدمة في الخوارزمية المقترحة إذ تم تثبيت الطفرة وتطبيقها على كل أنواع التداخلات المستخدمة وتسمية كل طريقة تبعا للتداخل والطفرة المستخدم فيها وبشكل مختصر ، فمثلا طفرة تغيير الرتب Order Change تم تطبيقها على أنواع التداخلات: الحسابي Arithmetic ، ذي النقطتين Two Point ، الحديسي Heuristic وذي النقطة الواحدة Single Point. وان الطريقة الأولى Method1 هي مختصر للأحرف Carthmoc فالحرف C يدل على Crossover أما الأحرف arth تدل على نوع التداخل Arithmetic في حين m تدل على mutation و oc فهي اختصار لنوع الطفرة المستخدمة في هذه الطريقة Order Change وهكذا بالنسبة لبقية الطرائق (والتي أسماؤها المختصرة تدل على نوع التداخل والطفرة المستخدمة في تلك الطريقة).



الشكل (1): المخطط الانسيابي لخوارزمية المعدل الخطي الجينية المقترحة

الجدول (1): أنواع التداخل والطفرات المستخدمة في الخوارزمية المقترحة

No. of Method	Method	Crossover	Mutation
Method1	Carthmoc	Arithmetic Crossover	Order Change Mutation
Method2	Ctwmoc	Two Point Crossover	Order Change Mutation
Method3	Churnoc	Heuristic Crossover	Order Change Mutation
Method4	Cspmoc	Single Point Crossover	Order Change Mutation
Method5	Cathmbi	Arithmetic Crossover	Bit Inverse Mutation
Method6	Ctwpmbi	Two Point Crossover	Bit Inverse Mutation
Method7	Churmbi	Heuristic Crossover	Bit Inverse Mutation
Method8	Cspmbi	Single Point Crossover	Bit Inverse Mutation
Method9	Cathmpl	Arithmetic Crossover	Placement Mutation
Method10	Ctwpmpl	Two Point Crossover	Placement Mutation
Method11	Churmpl	Heuristic Crossover	Placement Mutation
Method12	Cspmpl	Single Point Crossover	Placement Mutation
Method13	Cathmadsu	Arithmetic Crossover	Add or Sub Mutation
Method14	Ctwpmadsu	Two Point Crossover	Add or Sub Mutation
Method15	Churmadsu	Heuristic Crossover	Add or Sub Mutation
Method16	Cspmadsu	Single Point Crossover	Add or Sub Mutation

ولتحديد الـ parameters التي تحتاجها كل طريقة من التداخل والمستخدم في البرنامج فهي كالآتي:

1. التداخل الحسابي : تم تثبيت قيمة العدد العشوائي (وليكن a) مساويا 0.9 لأنها حققت النتائج بعد عدة محاولات من اختيار قيم عشوائية أخرى محصورة بين 0 و 1 وكذلك لغرض إجراء المقارنات بين هذه الطرائق المتنوعة من التداخلات والطفرات.

2. التداخل ذو النقطتين : تم اختيار نقطتين (موقعين) الذين عندهما يتم التبديل بين قيم الـ bits (أي الجينات الواقعة بين الموقعين المحددين) ضمن مقطعي الآباء.

3. التداخل الحدسي : في هذا النوع أفضل أب best parent هو الأب الذي يمتلك أقل لياقة بينما أسوأ أب worst parent يمتلك أعلى لياقة. وتم اختيار ratio=0.9 .

4. التداخل ذو النقطة الواحدة : تم تحديد نقطة (موقع) الذي عنده يتم التبديل بين قيم الـ bits (أي الجينات المتقابلة) ضمن مقطعي الآباء.

أما بالنسبة للـ parameters التي تم اعتمادها في الطفرات فهي كالآتي:

1. طفرة تغيير الرتب : تم اختيار موقعين في الكروموسوم الواحد ثم مبادلة قيم الـ bits ببعضهما.

2. طفرة عكس قيمة الجين : تم اختيار موقع معين وعكس قيمة الـ bit فيها أي إذا كانت 0 تصبح 1 وبالعكس.

3. طفرة الإزاحة : تم اختيار مثلا bit1,2 ضمن الكروموسوم الواحد ثم حشره في موقع الـ bit4 والآتية:

0101 0011	قيم الـ bits مثلا	8 7 6 5 4 3 (2 1)	مواقع الـ bits في الكروموسوم
0101 1100	بعد تطبيق الطفرة عند موقع bit4 تصبح	8 7 6 5 (2 1)4 3	بعد تطبيق الطفرة عند موقع bit4

4. طفرة الإضافة والطرح : تم إضافة وطرح عدد صغير (إضافة 0.5 وطرح 0.6) لقيم bit two ضمن الكروموسوم الواحد وتقريبها إلى الصفر والواحد.

لقد تم تطبيق خوارزمية المعدل الخطي الجينية المقترحة وخوارزمية المعدل الخطي التقليدية على صورة Cameraman.tif و Flower.png بحجم 128×128 وتكبيرها بنسبة الضعف تقريبا أي تصبح بحجم 255×255 . وان الجدول (2) يوضح نتائج تطبيق الخوارزمية المقترحة عند تطبيق التداخل مابين المعدل والنقطتين المحيطيتين (الأولى والثانية). وان نتائج الـ RMSE و PSNR الموضحة في الجدول هي الأفضل من بين 20 جيلا ، والعمود No. of generation يمثل رقم الجيل الذي عنده تم الحصول على هذه النتائج .

الجدول (2): نتائج تطبيق الخوارزمية الجينية المقترحة عند تطبيق التداخل مابين المعدل وكلتا النقطتين المحيطيتين.

Cameraman.tif				Flower.png		
Method	PSNR (db)	RMSE	No. of generation	PSNR (db)	RMSE	No. of generation
Method1:Carthmoc	29.2955	8.7452	4	29.6628	8.5277	3
Method2:Ctwmoc	29.1847	8.8574	5	29.5423	8.6789	4
Method3:Churnoc	27.7011	10.5071	16	29.5911	8.5965	13
Method4:Cspmoc	29.2091	8.8326	1	29.5777	8.6170	2
Method5:Cathmbi	29.1742	8.8571	6	29.6422	8.5422	4
Method6:Ctwpmmbi	29.1653	8.7732	2	29.5561	8.6591	6
Method7:Churmbi	27.7921	10.3931	3	29.2324	8.7200	6
Method8:Cspmbi	29.2291	8.6270	1	29.5666	8.6270	2
Method9:Cathmpl	29.1158	8.9279	1	29.6216	8.5513	3
Method10:Ctwpmpl	29.1340	8.9093	1	29.5443	8.6732	1
Method11:Churmpl	27.7958	10.3932	14	29.2413	8.7043	6
Method12:Cspmpl	29.2091	8.8326	1	29.6167	8.5744	4
Method13:Cathmadsu	29.2381	8.9379	4	29.5352	8.6950	1
Method14:Ctwpmadsu	29.1489	8.8321	1	29.5565	8.6511	2
Method15:Churmadsu	27.8701	10.3091	2	29.1184	8.9654	6
Method16:Cspmadsu	29.1891	8.8779	6	29.5657	8.6278	2

وعند تطبيق التداخل مابين المعدل واحدى النقاط المحيطية (النقطة المحيطية الأولى) لينتج نقطتين واعتبارهم عناصر الجيل (بدلا من اربع نقاط واختيار نقطتين تمتلكان اقل لياقة) ، ظهرت النتائج المبينة في الجدول (3). وتوضح الاشكال (3،2) نتائج تطبيق الخوارزمية المقترحة.

الجدول (3): نتائج تطبيق الخوارزمية الجينية المقترحة عند تطبيق التداخل مابين المعدل والنقطة المحيطية الاولى

Cameraman.tif				Flower.png		
Method	PSNR (db)	RMSE	No. of generation	PSNR (db)	RMSE	No. of generation
Method1:Carthmoc	31.6099	6.6996	4	31.1203	7.0800	4
Method2:Ctwmoc	31.2840	6.9557	6	30.6150	7.5126	4
Method3:Churnoc	29.2719	8.7629	1	29.6518	8.4031	2
Method4:Cspmoc	31.6470	6.6541	4	31.1541	7.0605	4
Method5:Cathmbi	31.5874	6.7169	4	31.1325	7.0781	4
Method6:Ctwpmmbi	31.3215	6.9257	5	30.3494	7.7459	4
Method7:Churmbi	29.2671	8.7609	1	29.6213	8.5031	3
Method8:Cspmbi	31.5933	6.7123	4	31.1362	7.0751	4
Method9:Cathmpl	30.6042	7.5219	8	29.6318	8.4130	1
Method10:Ctwpmpl	29.2714	8.7599	1	29.6513	8.3130	2
Method11:Churmpl	29.2699	8.7599	1	30.5555	7.9013	2
Method12:Cspmpl	31.0116	7.1773	6	29.6518	8.4013	3
Method13:Cathmadsu	30.6765	7.4596	5	30.0374	8.0291	5

Method14:Ctwpmadsu	31.0592	7.1381	5	30.4198	7.6833	4
Method15:Churmadsu	29.2711	8.7499	1	29.6318	8.4030	1
Method16:Cspmdsu	31.3483	6.9044	4	29.5657	8.6278	2

اما الجدول (4) يبين نتائج خوارزمية المعدل الخطي التقليدية.

الجدول (4): نتائج تطبيق خوارزمية المعدل الخطي التقليدية

PSNR	RMSE	image
29.2642	8.7767	Cameraman.tif
29.6370	8.4080	Flower.png

وبإمكان الخوارزمية المقترحة ان تكبر الصورة اكثر وحسب رغبة المستخدم وذلك باعادة تنفيذها على أفضل صورة ناتجة. كما انه بإمكانها تكبير جزء مقتطع من الصور الأصلية وبأي حجم وتكبيره بقدر اضعاف حجمه الأصلي تقريبا وبحسب رغبة المستخدم والشكل (4) يوضح تكبير جزء مقتطع من صورة Cameraman.tif بحجم 45*48 وتكبيره بقدر الاحجام التالية: 89*95 ، 177*189 و 353*377 . وتم تكبيره باستخدام طريقة Method4(Cspmoc) بالتداخل الثاني (تداخل المعدل مع احدى النقاط المحيطة) .

7. الاستنتاجات والبحوث المستقبلية (Conclusions & Future Research)

استناداً إلى ما تم عرضه في الجانب النظري والجانب التطبيقي وكما في الجداول (4،3،2) والاشكال(4،3،2) يمكن تأشير أهم الاستنتاجات :

1. عند المقارنة بين الجدولين (2) مع (3) تبين ان التداخل بالطريقة الثانية(تداخل المعدل مع احدى النقاط المحيطة) والموضحة في الجدول (3) أفضل من التداخل بالطريقة الأولى (تداخل المعدل مع النقطتين المحيبتين في كل مرة ثم اختيار اقل لياقة بينهم) وذلك لان RMSE في الجدول (3) اقل من RMSE في الجدول (2) ، كما ان PSNR اكبر في الجدول (3) من PSNR في الجدول (2) ولجميع الطرائق.

2. عند تطبيق الخوارزمية الجينية المقترحة على عدة أنواع من التداخل والطفرات تبين ان هنالك فروقات طفيفة بينهم بشكل عام.

3. تبين من الجدول (2) ان أفضل طريقة هي Method1(Carthmoc) (التداخل الحسابي وطفرة تغيير الرتب) حيث كان RMSE=8.7452 و PSNR=29.2955 لصورة Cameraman.tif و RMSE = 8.5277 و PSNR = 29.6628 لصورة Flower.png. اما في الجدول (3) تبين ان Method4 (Cspmoc) (تداخل ذا النقطة الواحدة وطفرة تغيير الرتب) هي الأفضل حيث كان RMSE = 6.6541 و PSNR = 31.6470 لصورة Cameraman.tif و RMSE = 7.0605 و PSNR = 31.1541 لصورة Flower.png. وعند المقارنة بين الطريقتين (Method1,4) في الجدولين 2 و(3) يتبين ان Method4 (Cspmoc) (تداخل ذا النقطة الواحدة وطفرة تغيير الرتب) الأكثر ملائمة من الأنواع الأخرى. وعند المقارنة بين نتائج RMSE و PSNR للصورتين تبين ان صورة Cameraman.tif ملائمة اكثر من صورة Flower.png للتطبيق في مجال بحثنا. اما من ناحية الاسوء فقد كانت الطرائق Method3,7,11,15 (تدخلا حدسيا مع جميع أنواع الطفرات) الاسوء مقارنة بباقي الطرائق في كلا الجدولين وبشكل عام .

4. مما سبق نستنتج إن الخوارزمية الجينية المقترحة بكافة طرائقها وبالاخص Method4(Cspmoc) (تداخل ذا النقطة الواحدة وطفرة تغيير الرتب) اعطت نتائج أفضل من خوارزمية المعدل الخطي التقليدية لان

PSNR=31.617 و RMSE=6.6941 لهذه الطريقة في حين خوارزمية المعدل الخطي التقليدية كان
PSNR=29.2642 و RMSE=8.7767 لصورة Cameraman.tif. كذلك الحال مع صورة Flower.png
التي ظهرت نتائجها في الخوارزمية الجينية أفضل من التقليدية بالنسبة للمقياسين.

5. إن الخوارزمية الجينية المقترحة تكبر الصورة الأصلية ذات حجم $r*c$ بقدر ضعف حجمها الأصلي تقريبا أي
 $2c-1$ كما انه بإمكانها تكبير الصورة أكثر حسب رغبة المستخدم وذلك بإعادة تنفيذها على أفضل
صورة ناتجة منها. أيضا بإمكانها تكبير أي جزء مقتطع من الصورة الأصلية وحسب رغبة المستخدم.

اما البحوث المستقبلية فهي:

- تهجين طرائق اخرى لتكبير الصور مع الخوارزمية الجينية.
- تكبير الصور الملونة.
- تحسين الصورة بعد تكبيرها.
- استخدام طرائق نكائية اخرى في تكبير الصور.



Small original image (a1)



Big original image (b)



Method1: Carthmoc



Method2: Ctwmoc



Method3: Churnoc



Method4: Cspmoc



Method5: Cathmbi



Method6: Ctwpmbi



Method7: Churmbi



Method8: Cspmbi



Method9: Cathmpl



Method10: Ctwpmpl



Method11: Churmpl



Method12: Cspmpl



Method13: Cathmadsu



Method14: Ctwpmadsu

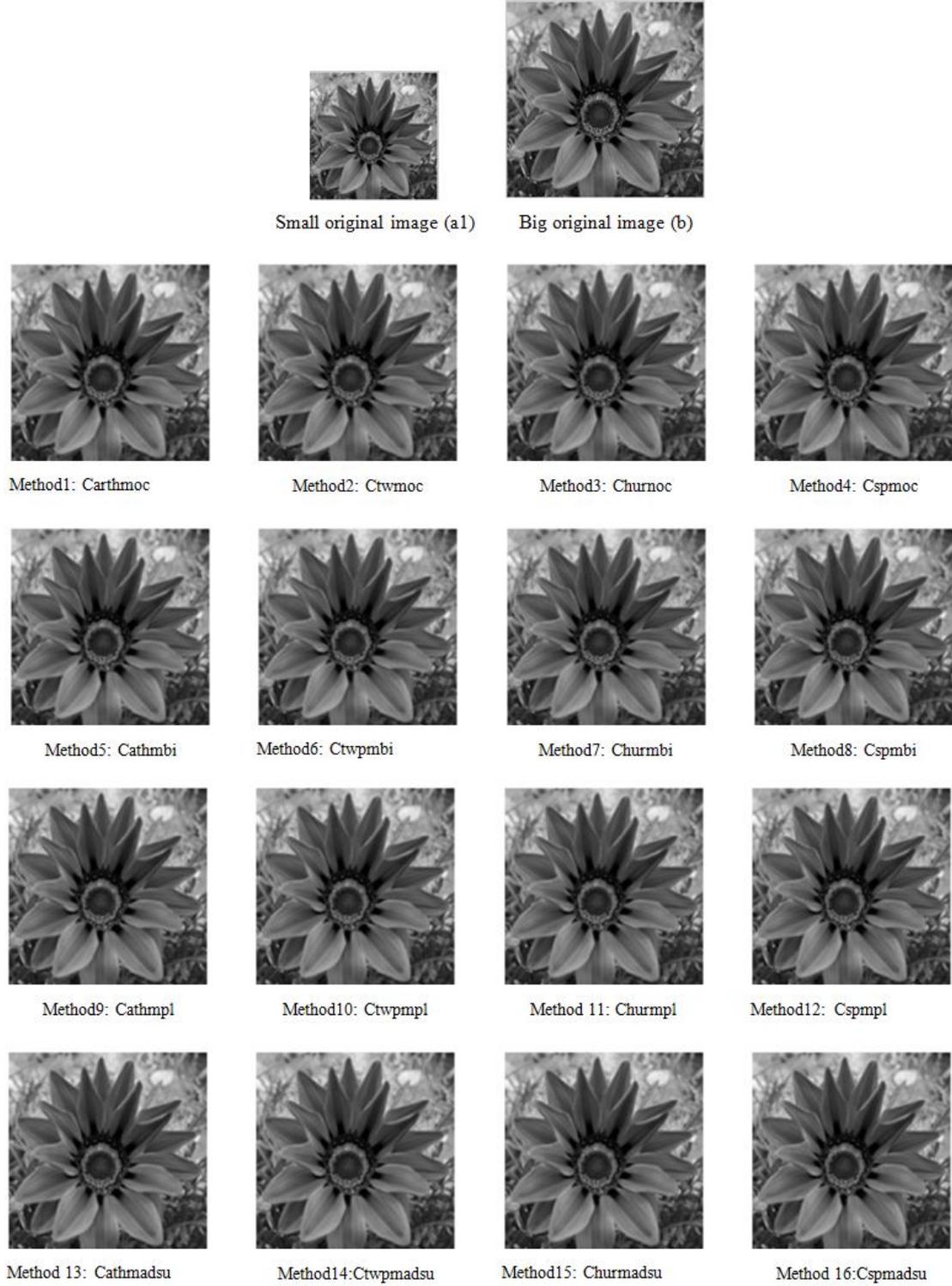


Method15: Churmadsu



Method16: Cspmadsu

الشكل (2): نتائج تطبيق الخوارزمية الجينية المقترحة على صورة Cameraman.tif



الشكل (3): نتائج تطبيق الخوارزمية الجينية المقترحة على صورة Flower.png



original image



الشكل(4): نتائج تطبيق الخوارزمية الجينية المقترحة بطريقة Cspmoc Method4: على جزء مقتطع من صورة Cameraman.tif

المصادر

- [1] Al-Mamun ,H.A., Jahangir ,N., Islam M.S and Islam ,M.A.,(2009),"Eye Detection in Facial Image by Genetic Algorithm Driven Deformable Template Matching" IJCSNS International Journal of Computer Science and Network Security, Vol.9 No.8,pp287-294.
- [2] Almira, J. M and Romero,,A. E., (2011) ,"Image Zooming based on sampling theorems" MAT2,ISSN: 1887-1097, Publicaci_o electr_onica de divulgaci_o del Departament de Matem_atiques de la Universitat Aut_onoma de Barcelona sampling theorems,Vol 2011, pp. 1- 22 .
- [3] Battiato,S,Gallo,G. and Stanco,F. ,(2002)" A locally adaptive zooming algorithm for digital images", Published by Elsevier Science B.V., Image and Vision Computing20,pp. 805-812.
- [4] Furtado,J.,J. , Cai1,Z. and Xiaobo,L.,(2010)," Digital Image Processing: Supervised Classification Using Genetic Algorithm In Matlab Toolbox", ISSN:1553-9873, Report and Opinion2(6)pp.53-61.
- [5] Gao, R., Ping Song, Jin, And Cheng Tai, X., ,(2009),"Image Zooming Algorithm Based On Partial Differential Equations Technique", International Journal Of Numerical Analysis And Modeling . Institute for Scientific Computing and Information, Vol. 6, No. 2, pp. 284–292.
- [6] Getreuer ,P.,(2009),"Image zooming with contour stencils",University of California Los Angeles, Mathematics Department, U.S.A. Computational Imaging VII, SPIE-IS&T/ Vol. 7246, 72460,pp.1-12.
- [7] Gonzales, R. C. and Woods, R E., (2002), "Digital Image processing", Second Edition, Prentice Hall, New Jersey 07458.
- [8] Horé,A and Ziou,D., (2010)," Image quality metrics: PSNR vs. SSIM ", International Conference on Pattern Recognition ,IEEE Computer Society,pp. 2358-2369.
- [9] Karkavitsas,G. and and Rangoussi,M.,(2005),"Object localization in medical images using genetic algorithms",World Academy of Science, Engineering and Technology Vol.2,pp.6-9.
- [10] Kussener,F.,(2011)," Active contour: a parallel genetic algorithm approach", ICSI: International conference on swarm intelligence,pp.1-9.
- [11] Pal ,S.and Hazra, L. N., (2009)," Optically Compensated Zoom Lenses: GA Based Structural Design", ICOP- International Conference on Optics and Photonics, CSIO,Chandigarh, India,pp 1-4.
- [12] Raheema,M.N.,(2011)," Advanced Neighborhood Operation Based Image Zooming In", Eng.&Tech.Journal,Vol.29,No.4,pp.791-804.
- [13] Santa-Cruza, D., Ebrahimia, T., Askelöfb J., Larssonb, M.and Christopoulosb C. A., (2000),"JPEG 2000 still image coding versus other standards", In Proc. of the SPIE's 45th annual meeting, Applications of Digital Image Processing XXIII, volume 4115, pages 446-454.

- [14] Sharma,R., Walia,E and Sharma, D.,(2011)," Analysis Of Non-Adaptive And Adaptive Edge Based Lsb Steganography For Colored Images", International Journal of Computing and Business Research (IJCBR) ISSN (Online) : 2229-6166,Vol. 2, Issue 1.
- [15] Srikanth,V., Asati,U., Natarajan,V.,Kumar,P.T, Mullapudi,T and Iyengar, N.Ch.S.N.,(2010)," Bit-Level Encryption of Images using Genetic Algorithm", TECHNIA International Journal of Computing Science and Communication Technologies, Vol. 3, No. 1, (ISSN 0974-3375),pp. 546- 550.
- [16] Umbangh,Scott E., 1998,"Computer Vision and Image Processing",Prentice Hall PTR.
- [17] Valizadeh, R., Mahmoodabadi, M. J., Ketabchi, S. and Kianpour,M.,(2012)," An Image Zooming Technique Based Moving Least Squares Using Spline and Exponential Weights", Research Article,Academic Editors: S. Gong and J. Kou.