



СУМІЩЕННЯ ЗОБРАЖЕНЬ ОБ'ЄКТІВ З ВИКОРИСТАННЯМ ГЕНЕТИЧНИХ ТА ГРАДІЄНТНИХ АЛГОРИТМІВ

Сергій Баловсяк, Ігор Фодчук

Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича
вул. Коцюбинського, 2, 58012, м. Чернівці, Україна
e-mail: s.balovsyak@chnu.edu.ua, ifodchuk@ukr.net

Резюме: у даній роботі для порівняння цифрових зображень об'єктів використано гібридний метод, який є поєднанням генетичних та градієнтних алгоритмів. При суміщенні зображень враховано їх основні трансформації: зсув і масштабування за шириною та висотою, поворот, зміну інтенсивності й контрасту. Суміщення зображень об'єктів програмно реалізовано в середовищі Delphi. У програмі використано модифіковані генетичні алгоритми, в яких хромосоми є векторами дійсних чисел. Як методи селекції хромосом використано метод рулетки, рангову та турнірну селекцію. Після застосування генетичних алгоритмів зображення об'єктів порівнювалися методом координатного спуску, що підвищує точність суміщення зображень. Досліджено ефективність різних методів селекції хромосом в генетичних алгоритмах, призначених для суміщення зображень. Оптимізовано розмір популяції хромосом та інші параметри генетичних алгоритмів.

Ключові слова: цифрові зображення, суміщення зображень, генетичні алгоритми, хромосома, мутація, градієнтні алгоритми.

OBJECTS IMAGES ALIGNMENT WITH THE USE OF GENETIC AND GRADIENT ALGORITHMS

Sergiy Balovsyak, Igor Fodchuk

Yury Fedkovych Chernivtsi National University,
Kotsyubynsky St., 2, 58032, Chernivtsi, Ukraine
e-mail: s.balovsyak@chnu.edu.ua, ifodchuk@ukr.net

Abstract: The given paper presents a hybrid method which is a combination of genetic and gradient algorithms used for the comparison of digital images of an object. Aligning the images, their basic transformations are taken into account, namely shift and scale in a width and height, angle, changes in intensity and contrast. The software for image alignment of objects has been created using Delphi environment. The program utilizes modified genetic algorithms where the chromosomes are the vectors of real numbers. The methods of roulette, rank and tournament selection are used for chromosome selection. After the use of the genetic algorithm the object images were compared by the method of coordinate descent that provides an accuracy improvement of image alignment. The efficiency of different methods of chromosome selection in the genetic algorithm for images alignment is researched. The size of chromosome population as well as other parameters of genetic algorithm have been optimized.

Keywords: digital images, images alignment, genetic algorithms, chromosome, mutation, gradient algorithms.

ВСТУП

Проблема суміщення цифрових зображень об'єктів полягає у встановленні відповідності між точками двох і більше зображень. Суміщення зображень необхідне при вирішенні таких важливих задач комп'ютерного зору, як вияв-

лення змін в серії зображень, аналіз руху, поєднання інформації від різних сенсорів, стереоскопічний зір і текстурний аналіз [1-3]. Подібні проблеми часто виникають в медичній і технічній діагностиці при обробці серій зображень. Суміщення зображень також використовується

при розпізнаванні образів методами порівняння з еталоном (шаблонними методами).

Незважаючи на постійно виникаючу потребу в комп'ютерному суміщенні зображень, ця проблема вирішена тільки для деяких часткових випадків [4-5]. З однієї сторони, зусилля дослідників направлені на побудову стійких автоматичних систем, які на даний час створені тільки для вузького класу задач. З іншої сторони є спроби побудови загальних проблемно-незалежних систем, які в перспективі могли б вирішувати широке коло завдань, подібно до системи зору людини. Основна проблема полягає в тому, що зображення залежить не тільки від стану об'єкту, але й від умов його отримання: відстані від об'єкту до пристрою реєстрації зображень (сенсора), положення і кута повороту об'єкту, освітлення та ін. Різні умови отримання зображень призводять до таких основних перетворень (трансформацій): зсуву і масштабування за шириною і висотою, повороту, зміни яскравості і контрасту. Тому для оптимального суміщення зображень потрібно визначити такі їх трансформації, які забезпечують мінімальну різницю зображень. Повний перебір всіх можливих трансформацій зображень дає оптимальне рішення, але має експоненційну складність і потребує надто багато часу. Градієнтні методи мають високу швидкодію (поліноміальна складність), але для них існує проблема локальних максимумів. Тому метою даної роботи є розробка таких методів суміщення зображень, які б забезпечували квазіоптимальний результат при поліноміальній складності обчислень, а саме методів з використанням генетичних та градієнтних алгоритмів [6]. Мета роботи також полягає у програмній реалізації і дослідженні розроблених методів суміщення зображень.

1. МЕТОДИ СУМІЩЕННЯ ЗОБРАЖЕНЬ

Задача порівняння зображень полягає в наступному [3]. Дано зображення зразка S_0 , яке потрібно сумістити із зображенням еталону E . Зображення еталону і зразка відрізняються між собою через різницю самих об'єктів (еталону і зразка), а також за рахунок інструментальних факторів, які залежать від умов отримання зображень (поворот фотокамери або рух самого об'єкту, зміна освітлення та ін.). Зображення зразка та еталону можуть ще відрізнятися за рахунок того, що вони отримані різними сенсорами. При цьому над зображенням зразка програмно виконуються просторові перетворення (зсув за шириною і висотою, масштабування за шириною і висотою, поворот) та перетворення

інтенсивності (зміна яскравості і контрасту). У роботі використано глобальні перетворення зображень, проте у перспективі можливе використання і локальних перетворень.

Завдання полягає у визначенні таких перетворень (трансформацій), які компенсують на зображенні зразка вплив інструментальних факторів і при яких середньоарифметична різниця зображень Δ буде мінімальною:

$$\Delta = \frac{1}{qX \cdot qY} \sum_{x=1}^{qX} \sum_{y=1}^{qY} (|S_{xy} - E_{xy}|), \quad (1)$$

де S_{xy} – нормована яскравість пікселя трансформованого зображення зразка; E_{xy} – нормована яскравість пікселя зображення еталону; qX, qY – розміри зображень.

Різниця зображень, яка є критерієм якості суміщення, може також обчислюватися як середньоквадратична різниця:

$$\Delta_K = \frac{1}{qX \cdot qY} \sum_{x=1}^{qX} \sum_{y=1}^{qY} (S_{xy} - E_{xy})^2. \quad (2)$$

Іншим підходом до суміщення зображень є виділення на них опорних точок, які повинні співпадати на зображеннях еталону і зразка. На основі координат опорних точок можливо визначити перетворення, яке суміщає зображення. У даній роботі не використовуються опорні точки, оскільки існує проблема їх автоматичного вибору [5].

Водночас цільова функція перетворення зображення зразка $F = 1 - \Delta$ має багато локальних екстремумів, тому потрібний оптимізаційний алгоритм для ефективного пошуку глобального екстремуму цієї функції. Одним з алгоритмів оптимізації є градієнтний метод. Проте градієнтний метод забезпечує оптимальний результат тільки при виборі початкової точки, близької до глобального екстремуму. Іншим методом, що використовується при суміщенні зображень, є метод повного перебору значень всіх параметрів трансформацій зображення. Метод повного перебору гарантує оптимальний результат, а його недоліком є експоненційна складність обчислень. Тому для знаходження екстремуму цільової функції перспективним є використання генетичних алгоритмів, які поєднують кращі властивості градієнтних методів та методів повного перебору [6]. В генетичних алгоритмах виконується відсікання неперспективних гілок в дереві перебору, що суттєво підвищує швидкодію, але може привести до вибору

неоптимального перетворення. Оскільки генетичні алгоритми часто дають квазіоптимальний результат, тому для кращого суміщення зображень в роботі використано гібридний метод [7]. Даний метод є поєднанням генетичного алгоритму з одним із градієнтних методів, а саме методом координатного спуску.

2. ГЕНЕТИЧНІ АЛГОРИТМИ

Генетичні алгоритми (*Genetic Algorithms*) є складовою еволюційних методів [6, 8]. Суть генетичних алгоритмів (ГА) полягає у створенні комп'ютерної програми, яка б вирішувала задачі шляхом еволюції. Відповідно у ГА використовують поняття, запозичені з генетики.

Згідно із генетичним алгоритмом суміщення зображень виконується так. На основі початкового зображення зразка створюється популяція хромосом $\{X_1, X_2, \dots, X_N\}$, які описують трансформації зображення зразка. Кращою вважається та хромосома X_i , яка забезпечує меншу різницю Δ зображень зразка і еталону. Для даної задачі вибрано наступний формат хромосоми: $X_i (G_1, G_2, \dots, G_M)$, де кожний з семи генів G_j описує одну з трансформацій. У роботі використано модифіковані ГА, які в якості значень генів використовують дійсні числа.

Послідовність кроків ГА наступна (рис. 1):

1. Ініціалізація або вибір початкової популяції з N хромосом (методом дробовика).
2. Розрахунок функції пристосованості (фітнес-функції) хромосом $F(X_i) = 1 - \Delta$.
3. Перевірка умови закінчення алгоритму (за результатом або за часом).
4. Селекція хромосом на основі функції пристосованості $F(X_i)$.
5. Формування нового покоління хромосом при використанні генетичних операторів схрещування (*crossover*) і мутації (*mutation*) до відібраних батьківських хромосом.
6. Якщо умови закінчення ітерацій не виконуються, то відбувається перехід до кроку 2.
7. Вибір найкращої хромосоми з максимальним значенням $F(X_i)$.

В якості методів селекції хромосом використано метод рулетки, рангову селекцію та турнірний метод. Схрещування хромосом відбувається за однокривою схемою.

Після суміщення зображень генетичними алгоритмами вони додатково порівнювалися методом координатного спуску, що підвищує точність суміщення.

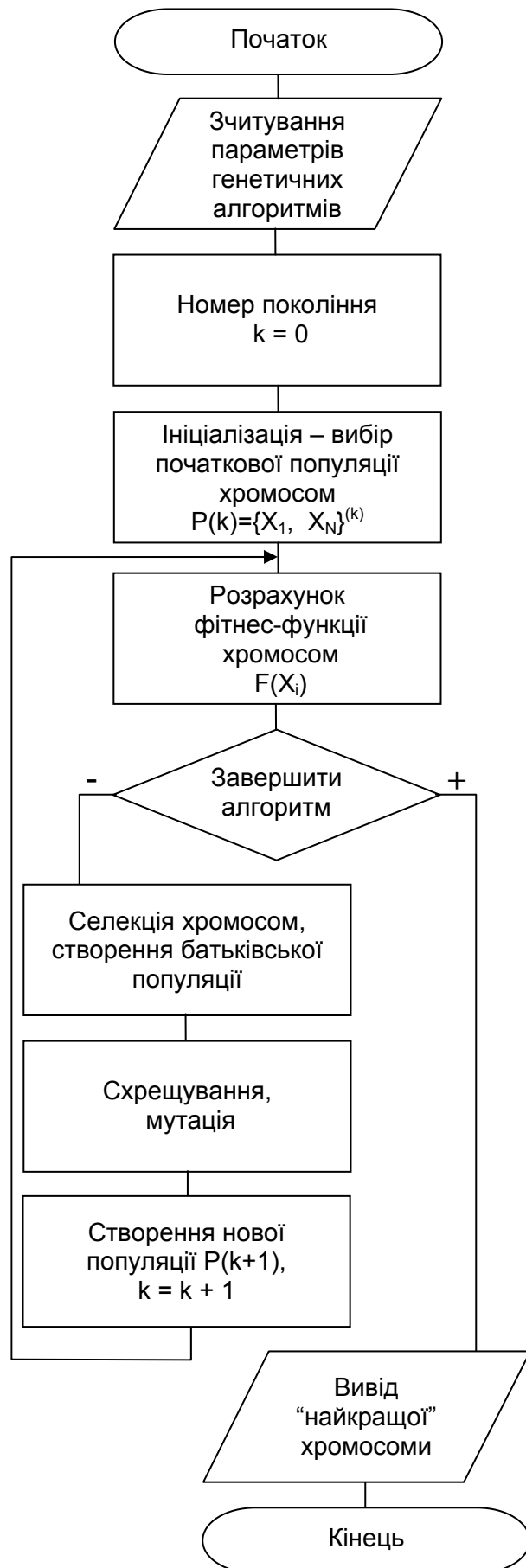


Рис. 1 – Схема генетичного алгоритму

3. ПРОГРАМНА РЕАЛІЗАЦІЯ СУМІЩЕННЯ ЗОБРАЖЕНЬ

На основі аналізу алгоритмів та методів суміщення зображень об'єктів розроблено програму "Image_Fit_Gen" (рис. 2) в середовищі *Borland Delphi*. Згідно з алгоритмом спочатку здійснюється зчитування зображення еталону E (*Image_E*), а потім зчитується початкове зображення зразка S_0 (*Image_S0*). Зображення зчитуються у відтінках сірого і записуються відповідно у масиви E і S_0 . Далі зчитуються параметри, які визначають перетворення зображення зразка (кожному параметру відповідає ген G_j хромосоми):

G_1 : Зсув вздовж осі X (*Shift_X*).

G_2 : Зсув вздовж осі Y (*Shift_Y*).

G_3 : Масштаб вздовж осі X (*Scale_X*).

G_4 : Масштаб вздовж осі Y (*Scale_Y*).

G_5 : Поворот (*Rotate*).

G_6 : Інтенсивність (*Intensity*).

G_7 : Контраст (*Contrast*).

Для всіх параметрів перетворення зображення зразка також зчитуються їх мінімальні та максимальні допустимі значення. При виконанні суміщення зображень можна виконувати згортку (конволюцію) зображень еталону та зразка з метою усунення високочастотних просторових шумів.

Наступні кроки полягають у зчитуванні параметрів генетичних алгоритмів (рис. 3). В результаті суміщення зображень E і S_0 на форму виводиться трансформоване зображення зразка S_1 (*Image_S*) та параметри перетворення, які забезпечують мінімальну різницю Δ_{ES} зображень E та S_1 . Різниця еталону та зразка відображається на зображенні *Image_D* (рис. 4).

Після суміщення зображень за допомогою генетичних алгоритмів виконується їх остаточне суміщення методом координатного спуску (рис. 4). При цьому "грубе" суміщення виконується ГА, а "точне" суміщення – методом координатного спуску (рис. 5).

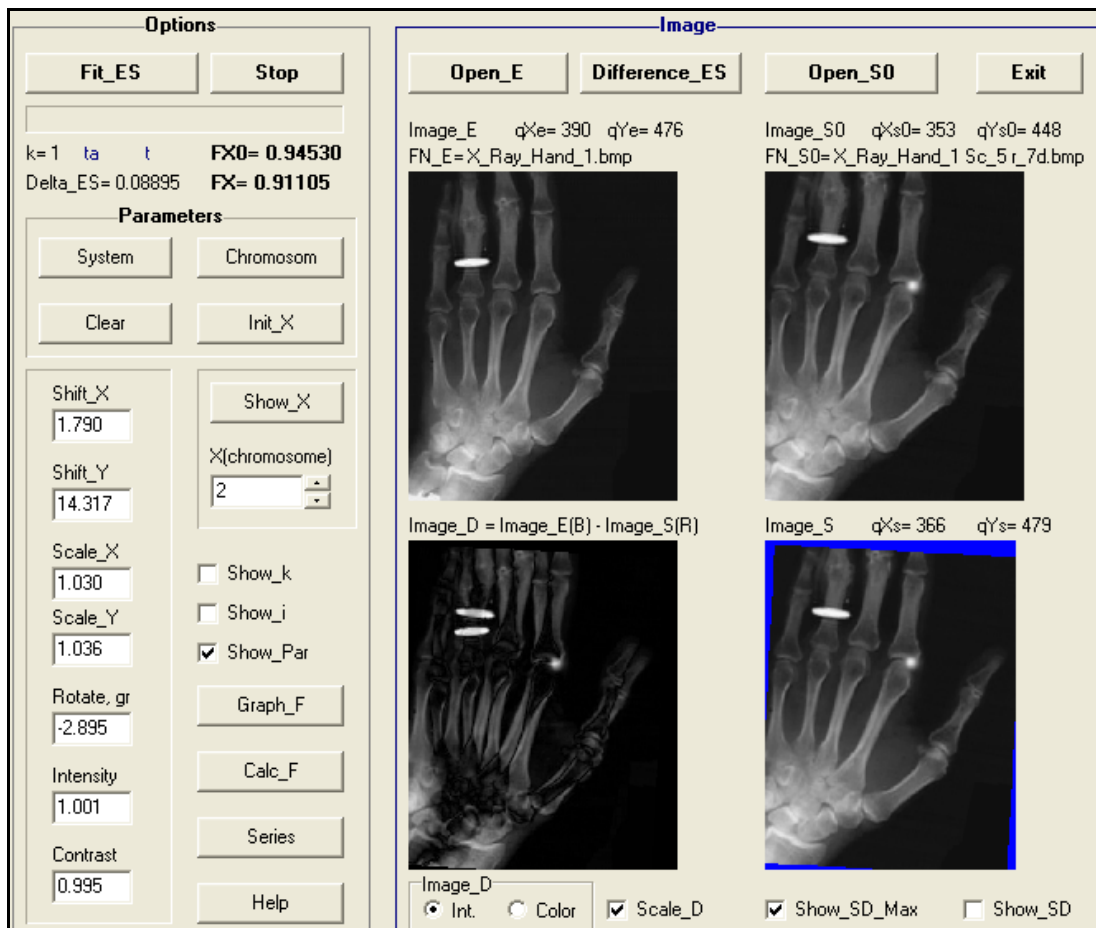


Рис. 2 – Фрагмент головної форми програми суміщення зображень після ініціалізації хромосом; трансформоване зображення зразка *Image_S* відповідає початковому значенню хромосоми X_2 і відрізняється від початкового зображення зразка *Image_S0* за рахунок зсуву, масштабування, повороту, зміни яскравості та контрасту

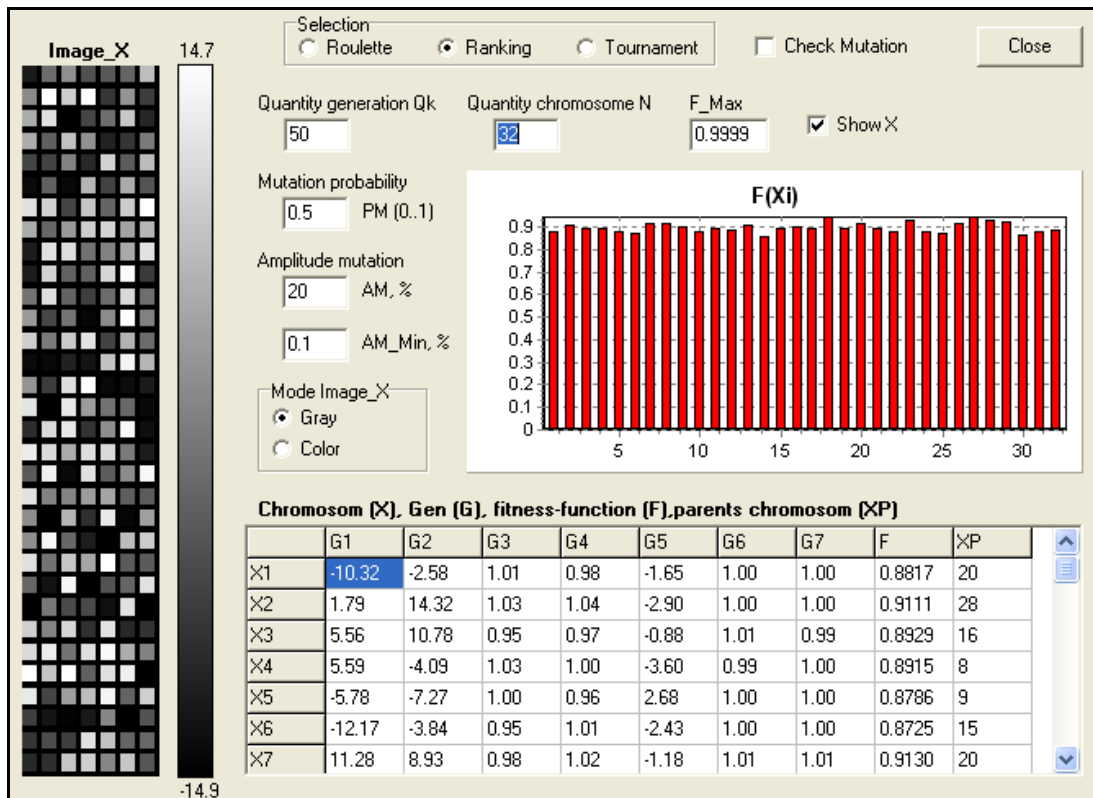


Рис. 3 – Фрагмент форми програми з параметрами хромосом

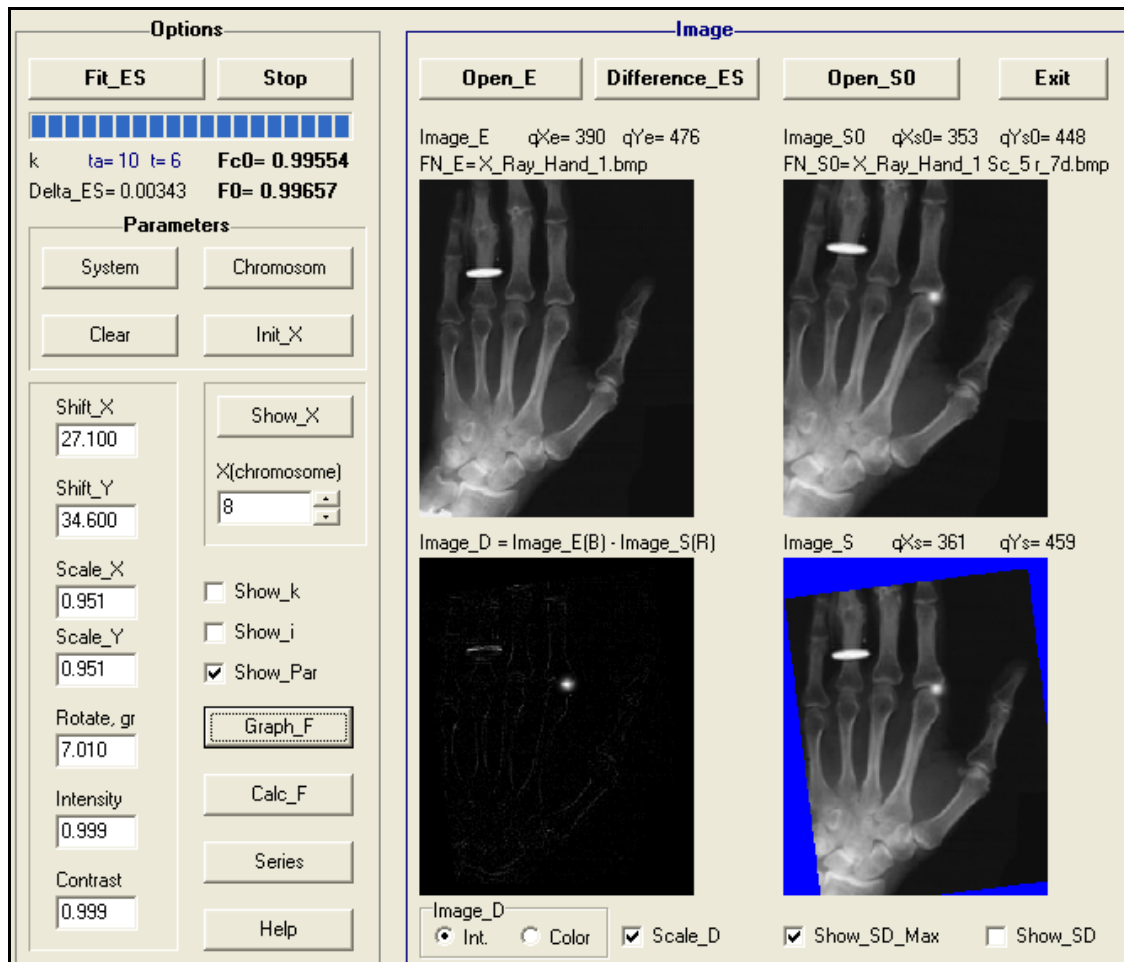


Рис. 4 – Фрагмент головної форми програми після суміщення зображень при кількості хромосом $N = 32$; різниця зображень зразка *Image_S* та еталону *Image_E* мінімізована з допомогою генетичних алгоритмів; час суміщення – 70 с (при використанні ПК з частотою процесора 2 ГГц)

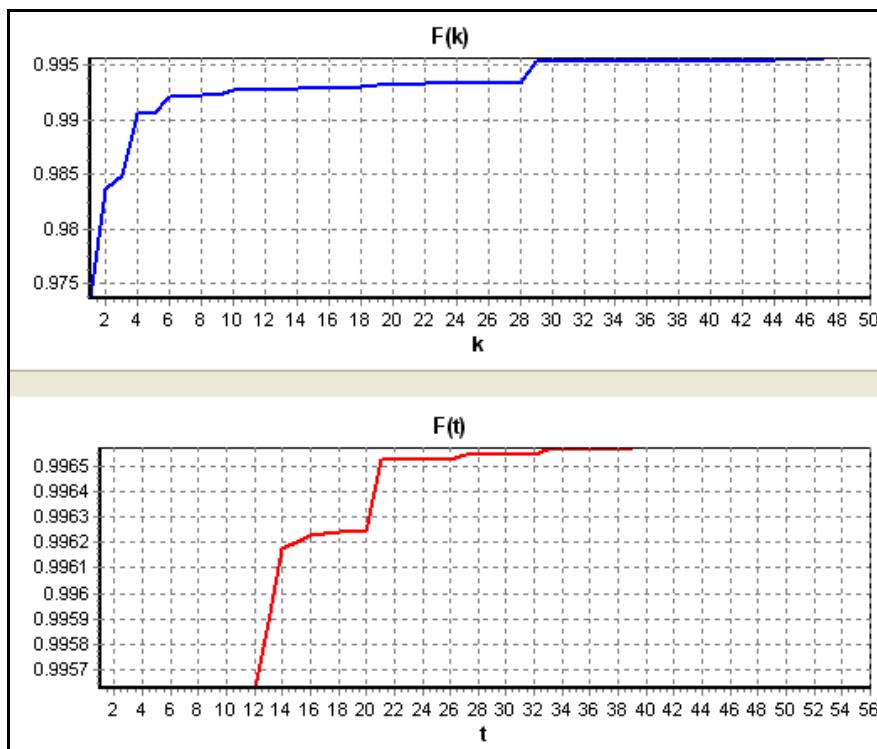


Рис. 5 – Графіки залежності функції пристосованості кращої хромосоми $F(k)$ від номеру покоління k (генетичні алгоритми) та цільової функції $F(t)$ від номеру ітерації t (метод координатного спуску)

До основних параметрів генетичних алгоритмів відносяться: кількість поколінь Q_k , кількість хромосом N , максимальне значення фітнес-функції F_{Max} , ймовірність мутації P_M , амплітуда мутації A_M , мінімальне значення амплітуди мутації A_{M_Min} (рис. 3). Амплітуда мутації A_M визначається як відсоток від допустимого діапазону значень кожного параметру перетворення. Значення фітнес-функції $F(X_i)$ відображаються у вигляді графіка та таблиці. Значення генів хромосом відображаються у табличному вигляді, а також у вигляді зображення *Image_X*. Закінчення алгоритму відбувається, якщо кількість поколінь $k > Q_k$ або максимальне значення функції пристосованості $F > F_{Max}$.

У наведених прикладах (рис. 2 – рис. 5) розмір популяції хромосом $N = 32$, тому ГА не забезпечує повного суміщення зображень. При збільшенні кількості хромосом ($N \approx 96..128$) точність суміщення значно покращується: на різниці зображень *Image_D* будуть показані тільки такі їх деталі, які неможливо сумістити шляхом використаних геометричних перетворень та перетворень яскравості. В нашому випадку на різниці зображень *Image_D* буде видно тільки розмиту пляму в центрі (рис. 4), оскільки вона відсутня на зображенні еталона *Image_E*.

Працездатність програми “*Image_Fit_Gen*” перевірено при суміщенні медичних X-променевих зображень (рис. 2 – рис. 5) [3], зображень символів та зображень, отриманих в результаті дифракції електронів [9]. Шляхом зміни параметрів перетворення отримано задовільну точність суміщення зображень об’єктів при допустимих значеннях часу розрахунків. При цьому зокрема встановлено, що оптимальна кількість хромосом $N \approx 0.25..0.5$ від максимального розміру зображень (в пікселях), але $N > 64$.

4. ДОСЛІДЖЕННЯ ЕФЕКТИВНОСТІ РІЗНИХ ВИДІВ СЕЛЕКЦІЇ ТА ПАРАМЕТРІВ МУТАЦІЇ ХРОМОСОМ

В генетичних алгоритмах використовують різні види селекції хромосом, зокрема в розробленій програмі використовується селекція методом рулетки, ранговий і турнірний метод. Для дослідження ефективності цих видів селекції хромосом проведено серію суміщень зображень букв українського алфавіту, які відрізнялися за рахунок зміщення, масштабування та повороту. У результаті повторних суміщень зображень при однакових параметрах (кількість випробувань $V=30$) отримані наступні результати (рис. 6).

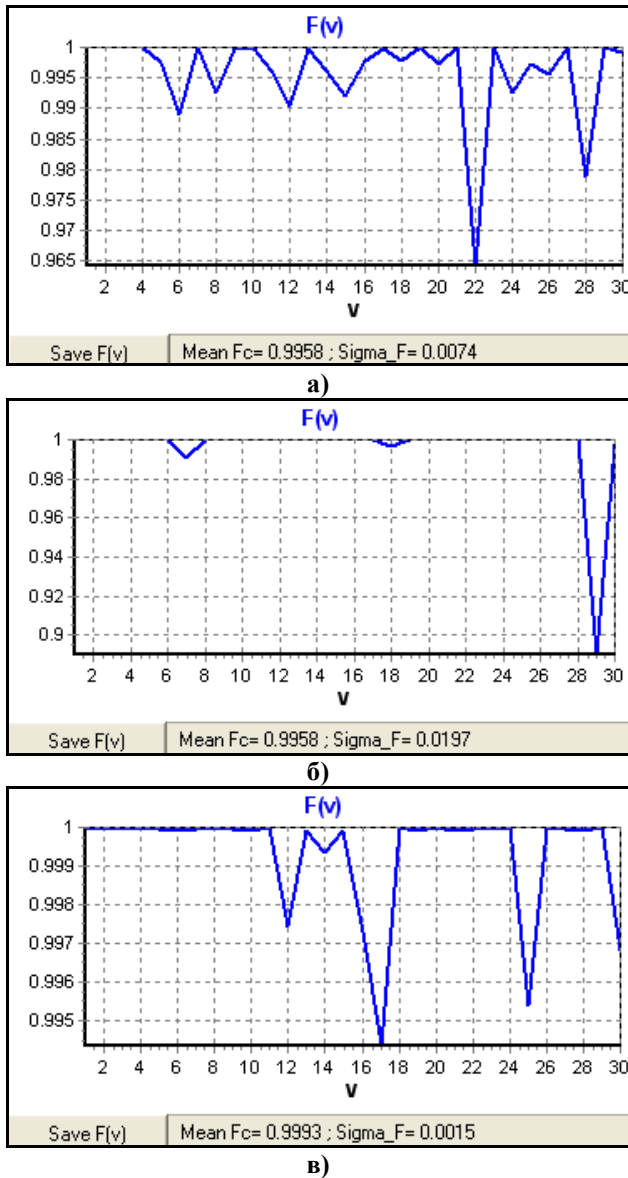


Рис. 6 – Графіки залежності фітнес-функції F від номеру випробування V : а) метод рулетки; б) ранговий метод; в) турнірний метод

Найкращий результат отримано для турнірного методу селекції (середнє значення функції пристосованості $F_c = 0.9993$) (рис. 6в). Для методу рулетки і рангового методу отримано приблизно однакову точність суміщення зображень ($F_c = 0.9958$) (рис. 6а, рис. 6б), проте результати методу рулетки більш стабільні (менше значення середнього квадратичного відхилення Sigma_F для вибірки $F(V)$).

Ефективність генетичного алгоритму залежить від амплітуди та ймовірності мутації генів, тому для дослідження такої залежності проведено серію суміщень зображень букв українського алфавіту за допомогою створеної програми. Селекція хромосом виконувалася турнірним методом, кількість хромосом $N = 64$. В результаті найкраще суміщення зображень отримано при відносно високій ймовірності

мутації $P_M \approx 0.5$. При такій ймовірності мутації проведено суміщення зображень для різних значень амплітуди мутації A_M (табл. 1). Таким чином, найкращі результати отримано при амплітуді мутації $A_M \approx 20\%$.

Таблиця 1. Залежність значень функції пристосованості F від амплітуди мутації A_M

$A_M, \%$	F
1	0.9963
2	0.9978
5	0.9981
10	0.9980
20	0.9993
50	0.9992

5. ВИСНОВКИ

1. Розроблено гібридний метод для суміщення цифрових зображень об'єктів, який є поєднанням генетичних та градієнтних алгоритмів. Для генетичних алгоритмів вибрано структуру хромосом, яка описує основні просторові перетворення зображень та зміни яскравості. Розроблений метод програмно реалізовано в середовищі *Borland Delphi*.

2. При дослідженні різних видів селекції хромосом при суміщенні зображень зроблено висновок про більшу ефективність турнірного методу порівняно з селекцією методом рулетки та ранговим методом. Для досліджуваних зображень найкраще суміщення отримано при амплітуді мутації $\sim 20\%$.

3. Результати досліджень показали, що для суміщення зображень оптимальна кількість хромосом $N \approx 0.25..0.5$ від максимального розміру зображень (в пікселях), але $N > 64$.

4. З метою підвищення точності суміщення зображень застосовано метод координатного спуску після попереднього порівняння зображень за допомогою генетичних алгоритмів.

Перспективним є наступний напрям майбутніх досліджень, який полягає в суміщенні зображень з врахуванням не тільки глобальних, але й локальних геометричних перетворень.

6. СПИСОК ЛІТЕРАТУРИ

- [1] V.Y. Kutkovetsky, *Pattern Recognition: Training Manual*, Mykolaiv, Publ. MSHU of P. Mohyla, 2003, 196 p. (in Ukrainian)
- [2] D. Forsyth, J. Ponce, *Computer Vision: A Modern Approach*, Moscow, Williams, 2004, 928 p. (in Russian)
- [3] R. Gonzalez, R. Woods, *Digital Image Processing*, Prentice Hall, 2002, 813 p.

- [4] S.G. Hoggar, *Mathematics of Digital Images. Creation, Compression, Restoration, Recognition*, Cambridge University Press, 2006, 853 p.
- [5] Image Superposition: <http://aicommunity.narod.ru.Reports/Inex/ImageSuperposition.htm>. (in Russian)
- [6] D. Rutkovskaya, M. Pylynsky, L. Rutkovskyy, *Neural Network, Genetic Algorithms and Fuzzy Logic Systems*, Moscow, Hotline – Telecom, 2004, 452 p. (in Russian)
- [7] N.B. Paklyn, M.A. Senylov, V.A. Tenenev, Intellectual models based hybrid genetic algorithm with gradient leaders education, *Artificial Intelligence, Donetsk: Science and Education*, (4) (2004), pp. 159-168. (in Ukrainian)
- [8] S.N. Sivanandam, S.N. Deepa, *Introduction to Genetic Algorithms*, Berlin, Springer-Verlag, 2008, 442 p.
- [9] I.Fodchuk, S.Balovsyak, M.Borcha, Ya.Garabazhiv, V.Tkach, Determination of structural inhomogeneity of synthesized diamonds by back scattering electron diffraction, *Phys. Status Solidi A*, (208) 11 (2011), pp. 2591-2596.



Сергій Васильович Баловсяк, кандидат фізико-математичних наук, доцент кафедри комп'ютерних систем та мереж Чернівецького національного університету ім. Ю. Федьковича.

Наукові інтереси: штучний інтелект, цифрова обробка зображень, штучні нейронні мережі, генетичні алгоритми.



Ігор Михайлович Фодчук, доктор фізико-математичних наук, професор кафедри фізики твердого тіла Чернівецького національного університету ім. Ю. Федьковича.

Наукові інтереси: цифрова обробка зображень, комп'ютерне моделювання процесів розсіяння X-променів кристалічними та біологічними об'єктами.



OBJECTS IMAGES ALIGNMENT WITH THE USE OF GENETIC AND GRADIENT ALGORITHMS

Sergiy Balovsyak, Igor Fodchuk

Yury Fedkovych Chernivtsi National University,
 Kotsyubynsky St., 2, 58032, Chernivtsi, Ukraine
 e-mail: s.balovsyak@chnu.edu.ua, ifodchuk@ukr.net

Abstract: *The given paper presents a hybrid method which is a combination of genetic and gradient algorithms used for the comparison of digital images of an object. Aligning the images, their basic transformations are taken into account, namely shift and scale in a width and height, angle, changes in intensity and contrast. The software for image alignment of objects has been created using Delphi environment. The program utilizes modified genetic algorithms where the chromosomes are the vectors of real numbers. The methods of roulette, rank and tournament selection are used for chromosome selection. After the use of the genetic algorithm the object images were compared by the method of coordinate descent that provides an accuracy improvement of image alignment. The efficiency of different methods of chromosome selection in the genetic algorithm for images alignment is researched. The size of chromosome population as well as other parameters of genetic algorithm have been optimized.*

Keywords: *digital images, images alignment, genetic algorithms, chromosome, mutation, gradient algorithms.*

1. INTRODUCTION

The problem of alignment of the digital images of objects consists in determination of accordance between points of two and more patterns [1]. Comparison of images is needed in solving such important problems as computer vision, detection of changes in the series of images, motion analysis, stereoscopic vision and texture analysis. Despite the permanent demand for computer alignment of images, this problem has been solved only for some particular cases. The problem is that image depends not only on the state of object but also on the conditions it is made (instrumental factors), i.e. distance from object to sensor, position and angle of object, illumination etc. Different external conditions of images result in the following basic transformations: shift and scaling the width and height, angle, brightness and contrast variations. Therefore optimum alignment of images demands establishment of such transformations which provide the minimum difference in images.

2. METHODS OF IMAGES ALIGNMENT

The full search of all possible transformations of images gives the optimum solution, but is exponentially complicated and time consuming. Gradient methods are characterized by high performance (polynomial complication), but encounter the problem of local extremums. Therefore the given paper aims at the development

of such image alignment methods which would provide a quasi optimal result at polynomial complication of calculations, namely methods with the use of genetic and gradient algorithms [2, 3].

The problem of image comparison is as follows. The image of the sample S_0 needs to be aligned with the image to the etalon E . The reference image and that of the samples differ due to the difference of objects, and to instrumental factors. Thus the patterns undergo software spatial transformations and transformations of intensity [1]. The task is to obtain such transformations which would compensate the influence of instrumental factors on the image of samples and provide minimal value of the average arithmetic difference of images Δ :

$$\Delta = \frac{1}{qX \cdot qY} \sum_{x=1}^{qX} \sum_{y=1}^{qY} (|S_{xy} - E_{xy}|), \quad (1)$$

where S_{xy} is the normalized brightness of pixel of the transformed image of sample; E_{xy} is the normalized brightness of pixel of the reference image; qX , qY are image sizes.

The objective function of the sample image transformation $F = 1 - \Delta$ has many local extremums, thus optimization algorithm for the effective search of its global extremum is required. For the effective alignment of images a hybrid method, as a combination of genetic algorithm and the gradient method of the coordinate descent is used.

3. GENETIC ALGORITHMS

Nature of genetic algorithms (GA) is to create the software which would solve the problems by means of evolution [2, 3]. According to the genetic algorithm the alignment of images is executed as follows. On the basis of initial image of a sample a population of chromosomes $\{X_1, X_2, \dots, X_N\}$ is created, which describe transformations of the image. The best X_i chromosome is considered the one which ensures smaller difference Δ between images of the sample and the etalon. For this problem the following format of chromosome is chosen: $X_i (G_1, G_2, \dots, G_M)$, where each of seven genes G_j describes one of transformations: shift along the X axis, shift along the Y axis, scale along the X axis, scale along the Y axis, angle, intensity, contrast.

The work deploys the modified GA, which use the real numbers as gene values.

The sequence of the GA steps is following:

1. Initialization or choice of initial population of N chromosomes (by the method of shot-gun).
2. Calculation of fitness function of the chromosomes $F(X_i) = 1 - \Delta$.
3. Verification of the algorithm termination condition (by result or in time).
4. Selection of chromosomes on the basis of the fitness function $F(X_i)$.
5. Forming of a new generation of chromosomes applying genetic operators of crossover and mutation to the selected paternal chromosomes.
6. If the condition of iteration termination is not met, the transition to the step 2 occurs.
7. Choice of the best chromosome with the maximal value $F(X_i)$.

As the methods of selection of chromosomes the ones of roulette, rank and tournament selection are used. After the application of genetic algorithms for image alignment they were additionally compared by the method of the coordinate descent that promotes accuracy of the alignment.

4. SOFTWARE

A hybrid algorithm is implemented in the program, called "Image_Fit_Gen", which is created in the Borland Delphi environment. The basic parameters of genetic algorithms are number of the generations Q_k , amount of the chromosomes N , maximal value of the fitness-function F_{Max} , probability of the mutation P_M , amplitude of the mutation A_M , minimum value of amplitude of the mutation A_{M_Min} . The alignment accuracy is shown to improve considerably at the increase of the number of chromosomes up to $N \approx 100$.

The efficiency of the "Image_Fit_Gen" program is tested at alignment of medical X-ray images, images of characters and resulting patterns of electron diffraction. In particular it has been established, that the optimum number of chromosomes is $N \approx 0.25..0.5$ from the maximal size of images (in pixels), but $N > 64$.

5. ANALYSIS OF IMAGES ALIGNMENT

To investigate the efficiency of the different types of chromosome selection a series of alignment of the images of the Ukrainian alphabet characters is performed. The best result is obtained for the tournament method of selection (mean value of fitness function $F_c = 0.9993$). The method of roulette and rank selection yield approximately identical accuracy of images alignment ($F_c = 0.9958$), however the results of the roulette method turn out to be more stable.

Efficiency of genetic algorithm depends on amplitude and probability of gene mutation. In order to study such dependence the created program performs a number of alignments of the images of Ukrainian alphabet letters. The selection of chromosomes was executed by a tournament method. The number of the chromosomes is $N = 64$. As a result the best alignment of images is achieved at relatively high probability of the mutation $P_M \approx 0.5$. At such probability of mutation the alignment of images is executed for different values of amplitude of the mutation A_M . Thus the best results are obtained at the $A_M \approx 20\%$.

6. CONCLUSIONS

1. A hybrid method, which is a combination of genetic and gradient algorithms, is developed for alignment of digital images of objects. For genetic algorithms the structure of chromosomes is chosen, which describes basic spatial transformations of images and brightness variations. The developed method is implemented in the software created in the Borland Delphi environment.

2. Investigations of different types of chromosome selection at alignment of images revealed greater efficiency of tournament method, comparing to the selection made by the method of roulette and the rank method.

3. The results of research showed that for image alignment optimum amount of the N chromosomes is $N \approx 0.25..0.5$ from the maximal size of images.

4. For the purpose of accuracy increase of image alignment the method of the coordinate descent is applied after previous comparison of images by genetic algorithms.

Promising direction of future research is the alignment of images which accounts for not only global but also local geometrical transformations.

7. REFERENCES

- [1] R. Gonzalez, R. Woods, *Digital Image Processing*, Prentice Hall, 2002, 813 p.
- [2] D. Rutkovskaya, M. Pylynsky, L. Rutkovskyy, *Neural Network, Genetic Algorithms and Fuzzy Logic Systems*, Moscow, Hotline – Telecom, 2004, 452 p. (in Russian)
- [3] S.N. Sivanandam, S.N. Deepa, *Introduction to Genetic Algorithms*, Berlin, Springer-Verlag, 2008, 442 p.