

文章编号: 1007-4619 (2001) 05-0327-07

# 遗传算法及其在 GOMS 模型反演中的应用效果分析

唐世浩, 朱启疆, 李小文, 王锦地, 闫广建

(北京师范大学 遥感与地理信息系统研究中心, 北京 100875)

**摘要:** 几何光学交互遮蔽模型(GOMS)是一种重要的遥感前向模型,它较好解释了“热点”现象,具有较强的前向模拟能力。但由于其固有的非线性性,给反演带来困难。本文尝试采用近年来兴起的并行随机全局寻优算法-遗传算法对 GOMS 进行反演,并针对传统遗传算法的不足进行了改进。在使用相同先验知识的条件下,将该算法与目前最有效的约束非线性最优化确定性搜索算法-逐步二次规划法对 GOMS 模型的反演效果进行了比较,结果表明,逐步二次规划法搜索效率较高,但结果受初值的影响很大,初值选择不当,易收敛于局部最优解,而遗传算法具有全局最优的收敛效果,但局部搜索效率较差。在某些对精度要求不高,而对搜索效率要求较高的场合,可以采用遗传算法与确定性搜索算法相结合的混合遗传算法,以提高算法的搜索效率,获得较为满意的效果。

**关键词:** 遗传算法; GOMS 模型; 反演; 逐步二次规划

**中图分类号:** TP701 **文献标识码:** A

## 1 引言

从卫星遥感数据通过模型反演地表特性是由 Goel 等提出的<sup>[1]</sup>。这种方法具有反演多种独立地表参量的潜力,在定量遥感中得到越来越广泛的重视。目前已经建立的遥感前向模型多达几十种,按其理论基础可以归纳为 4 类<sup>[2]</sup>: 以 SAIL 模型、Hapke 模型等为代表的辐射传输模型,以 Li-Strahler 模型为代表的几何光学模型,以 GO-RT 模型为代表的混合模型,和以 DIANA 模型为代表的数值模拟模型。几何光学交互遮蔽(GOMS)模型是一种较为重要的几何光学模型<sup>[3]</sup>,它考虑树冠之间相互遮蔽对 BRDF 的影响,提出了交互阴影张角的概念,一定程度上克服了早期几何光学模型不太适用于高密度、大观测天顶角的缺陷。实践证明, GOMS 模型较好地解释了“热点”现象,具有较强的前向模拟能力。然而 GOMS 模型属于非线性模型,形式比较复杂,不能求出其反函数的解析表达式,这给模型的反演带来困难,一般只能将其转化为约束最优化问题通过计算机迭代的方法进行反演。

非线性约束最优化问题有许多解法,其解法可以分为两类:确定性搜索方法和随机搜索方法。确定性搜索方法有可行方向法、梯度投影法、逐步二次规划法<sup>[4]</sup>等,其中逐步二次规划法被认为是约束非线性最优化的有效解法。一般来说,确定性搜索方法依赖于目标函数导数的信息,即在一个假设的初始模型附近寻求最优解,其优点是求解速度快,但由于它依靠目标函数的导数求解,因而最优解的好坏和初始模型的选择有很大关系,即所求极值解很可能不是全局最优解<sup>[5]</sup>。

近年来,以遗传算法为代表的随机搜索算法得到越来越广泛的应用。与传统优化算法相比,遗传算法具有以下特点<sup>[6]</sup>:

(1) 遗传算法采用群体搜索代替传统优化方法中的个体搜索。因此,遗传算法在搜索过程中不容易陷入局部最优。

(2) 遗传算法利用适应值信息,无需导数或其它辅助信息,即使在所定义的适应函数是不连续、多峰或不可微的情况下,也能以很大的概率求得全局最优解。

收稿日期: 2000-10-07; 修订日期: 2001-02-08

基金项目: 国家“九五”攀登预选项目(95-预-38)。

作者简介: 唐世浩, 1967-11-11, 男, 辽宁大连人, 1993年毕业于南京气象学院应用气象专业, 获学士学位, 现为北京师范大学资源环境系博士研究生, 主要从事遥感二向性反射模型及反演的研究工作。

(3) 遗传算法利用概率转移规则,而非确定性规则。

遗传算法由于不受搜索空间限制性假设的约束,不要求诸如连续性、导数存在和单峰的假设,并且由于其固有的并行性,在最优化设计、机器学习和并行处理等方面得到广泛应用。

## 2 遗传算法的基本原理及计算步骤

常用的遗传算法包含 4 个主要操作:编码、选择、交叉和变异。应用遗传算法寻求最优解的基本思想是:首先将问题的候选解进行编码,即一个候选解对应一个编码,经过编码后的候选解称为个体,许多候选解的个体组成了候选解群,称之为群体。对这样的群体像生物进化那样进行选择、交叉和变异的操作,产生新一代群体。经过上述多代操作,即可最终获得问题的最优解。

Holland 教授最初提出的简单遗传算法存在着收敛速度慢、易陷入局部极小等缺陷。针对传统遗传算法的不足并参考有关文献[7-10],从编码,初始种群的数量和产生办法,遗传算子的选择,交叉、变异率的确定等几方面对传统遗传算法进行优化,提出一种改进的遗传算法。

### 2.1 算法的计算步骤及流程

#### 对问题进行编码

研究表明,二进制编码很容易因编码/解码过程中的信息损失削弱可行解搜索过程中的全局有效信息的传递。本文采用实形编码,这种编码方式在对优化问题进行寻优求解时,能够真实地反映变量的原始信息。

#### 子空间分割(可选)

若可行解空间较大,为避免收敛于局部最优解,可先进行空间分割。即对  $m$  维变量在其可行解空间进行均匀分割得到  $n$  个变量子空间( $n$  值的大小可以根据可行解空间的大小和计算的精度要求确定,考虑到计算效率,一般不宜过大)。对这  $m \times n$  个变量子空间进行组合得到  $n^m$  个可行解子空间,再在可行解子空间内分别进行遗传计算。值得指出的是,子空间分割得越细,收敛于全局最优解的概率越大,但同时计算量也大大增加,一般可行解空间较小时,可不进行分割。

#### 产生初始种群

大多数遗传算法采用随机产生初始种群的方法,

研究表明,这种方法在同样的遗传算子下,可导致搜索效率低,易收敛于局部最优解的缺陷。这里提出一种均匀空间分割确定初始种群和种群数量的办法。

在可行解子空间内对  $m$  维变量进行均匀分割产生  $k$  个子区间,设某一变量子区间的边界为  $[b_1, b_2]$ ,则以  $b_1 + (b_2 - b_1)/2$  作为该子区间的均值。采用变量子区间均值的组合作为初始种群,初始种群数为  $k^m$ 。这种办法产生初始种群的优势在于不仅使初始种群中包含最优解组合的概率增强,而且可以避免性能接近的个体入选,以减小种群大小。该方法与后面的遗传算子相结合,可提高搜索效率和收敛于全局最优解的概率。

若不进行子空间分割(跳过步骤 2),可直接依上述思路在可行解空间产生初始种群。

#### 选择优秀个体,淘汰劣质个体

选择方法有适应度比例法、最优个体保留法、期望值法、排序选择法、联赛选择法、排挤选择法和适合度自适应变化法等许多种<sup>[7]</sup>。

本文采用标准化几何排序的方法<sup>[8]</sup>,排序方法首先根据适应度函数计算个体的适应度值,然后按适应度值对个体进行排序,并根据个体的位置分配选择概率。标准化几何排序定义个体的选择概率公式如下:

$$P_i = \frac{q}{1 - (1 - q)^n} (1 - q)^{r-1} \quad (1)$$

其中  $q$  为最佳个体的选择概率, $r$  为个体的序列号, $n$  为种群大小。该方法可不受目标函数必须最大化和非负的限制,图 1 为该选择方法的简单示意图。

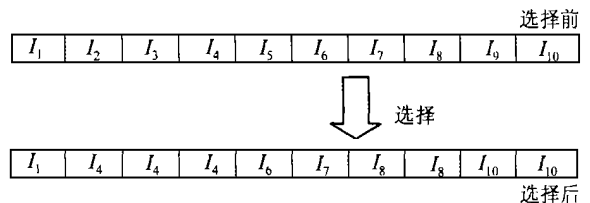


图 1 选择的简单示意图

Fig. 1 Effect of selection

#### 利用遗传算子进行随机搜索

选择操作提高了群体的平均适值,但没有产生新的个体。新个体的产生是通过交叉和变异操作实现的。交叉操作产生的新一代的个体,既保留了双亲的部分基因,又引入新的基因。交叉可以有多种方式,针对实型编码这里采用数学交叉和启发式交叉两种方式<sup>[8-10]</sup>。

数学交叉产生两个互补的父本的线性组合:

$$\begin{aligned} x' &= rx + (1-r)y \\ y' &= (1-r)x + ry \end{aligned} \quad (2)$$

其中  $r$  为  $(0,1)$  之间的随机数。

启发式交叉根据个体的适应度信息产生父本的线性外推, 假设  $x$  的适应度大于  $y$ , 则启发式交叉可按式(3)进行:

$$\begin{aligned} x' &= x + r(x - y) \\ y' &= x \end{aligned} \quad (3)$$

其中  $r$  为  $(0,1)$  之间的随机数, 若  $x', y'$  不在解空间内, 则重新产生随机数进行交叉。

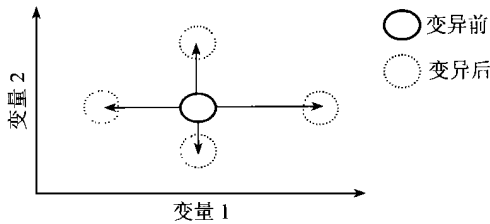


图 2 实编码变异示意图

Fig. 2 Effect of mutation

当父本性状趋于一致时, 交叉操作的探测能力有限, 易产生“早熟”现象。变异算子的引入一定程度上可以解决这一问题。简单二维实编码变异原理可以用图 2 表示, 其中变异步长很难确定, 小变异步长虽然有助于收敛到全局最优解却增加了计算时间。大变异步长计算加快, 却无法保证收敛于全局最优解。这里采用 Michalewicz<sup>[8]</sup>提出的针对实编码的标准的多元非均匀变异算子(式(4)), 即分别对自变量在其解空间进行非均匀变异后, 再随机取一组合作为变异结果。在该算子中, 变异步长随世代数增加自适应减小<sup>[9-11]</sup>, 即在迭代初期以大变异步长提高搜索效率, 在迭代后期种群趋于稳定时以小变异步长在全局最优解附近搜索, 保证解的最优性。在基于空间均匀分割产生的初始种群的基础上, 该算子与交叉算子共同作用, 基本可以保证解的全局最优性。

$$x'_i = \begin{cases} x_i + (b_i - x_i)f(g) & \text{当 } i = j, r_1 < 0.5 \text{ 时} \\ x_i - (a_i - x_i)f(g) & \text{当 } i = j, r_1 \geq 0.5 \text{ 时} \\ x_i, & \text{其他情况} \end{cases} \quad (4)$$

$$f(g) = \left[ r_2 \left( 1 - \frac{g}{g_{\max}} \right) \right]^b \quad (5)$$

其中  $a_i, b_i$  为参数的边界,  $r_1, r_2$  为  $(0,1)$  间均匀随机变量,  $j$  为随机选取的变量,  $g$  为当前世代,  $g_{\max}$  为最大世代数,  $b$  为表征变异步长随世代下降的曲线

形状因子。

### 自适应交叉、变异次数的确定

在一般遗传算法中, 交叉、变异率是常数。通常, 对于交叉、变异率是一常量的情况, 当群体的素质趋于一致, 可能导致进化停滞, 过早收敛于非最优解。参考借鉴文献[7]和[12]的思想, 提出一种交叉变异次数与种群个体之间的拟合度差别成反比、随迭代率(迭代次数与最大迭代次数的比值)指数下降的自适应变化的方式。具体公式设计如下:

$$N = \begin{cases} \text{int} \left[ N_{\max} e^{(-t/t_{\max})} \left( \frac{F_{\max} - F}{F_{\max}} \right) \right] & N > N_{\min} \\ N_{\min} & N \leq N_{\min} \end{cases} \quad (6)$$

式中:  $N$  为每代中交叉(变异)次数,  $\text{int}$  表示取整运算,  $N_{\max}, N_{\min}$  分别为最大和最小交叉(变异)次数;  $t, t_{\max}$  分别为迭代次数和最大迭代次数;  $F_{\max}, F$  分别代表某一代种群中最优个体的拟合度和此代种群的平均拟合度。这种方法在群体中各个个体过分趋于一致时, 会使交叉变异的可能性增加, 从而提高群体的多样性, 增强算法维持搜索的能力; 而在群体的多样性已经很强时, 则减小交叉、变异率, 以免破坏优良个体。这种方法同样能够保证在迭代初期赋予较大的交叉、变异率, 以造成足够的扰动, 扩大解空间, 而随着迭代次数的增加, 交叉、变异率逐步减小至一常量, 从而保证平滑收敛。

### 停止准则

算法的停止判定按下述两条准则处理:

- (1) 根据所研究处理问题的具体情况规定迭代次数。
- (2) 若几代最优个体没有明显差异则停止迭代。

### 算法流程

算法流程见图 3, 虚线框内步骤可选。

## 2.2 混合遗传算法

一般来说, 遗传算法可以很快定位最优解所在的区间, 但却需要花较长时间找到最优解。而确定性搜索算法的问题在于难以定位最优解所在的区间, 一旦定义到最优解所在的凸区间内, 则可以很快收敛到最优解。因此在有些对精度要求不高, 对收敛速度要求较高的场合, 可以采用将遗传算法与确定性搜索算法相结合的混合遗传算法进行模型反演, 即以遗传算法反演结果作为初值, 以确定性算法提高局部搜索效率。这样既可以防止收敛于局部最

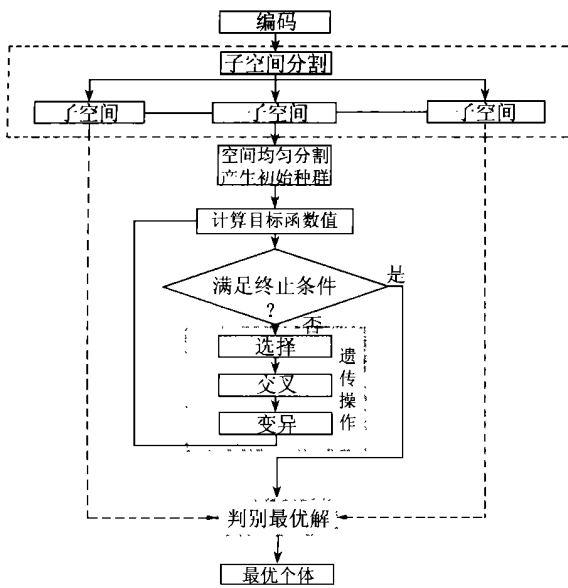


图 3 算法流程

Fig. 3 Flow chart of the algorithm

优解, 又可以提高算法的收敛速度, 是一种较好的反演策略。

### 3 遗传算法与混合遗传算法在反演 GOMS 模型结构参数时的应用效果分析

下面利用遗传算法对几何光学相互遮蔽 (GOMS) 模型<sup>[3]</sup>进行反演, 并将反演结果与确定性搜索算法——逐步二次规划法的应用效果进行比较以验证所采用算法的有效性。逐步二次规划法目前被认为是求解约束非线性最优化问题的比较有效的方法<sup>[13]</sup>, 其基本原理是首先构造拉格朗日函数, 用二次函数近似拉格朗日函数后化为二次规划问题, 然后通过求解一系列二次规划子问题最终获得问题的解。

#### 3.1 几何光学相互遮蔽 (GOMS) 模型

GOMS 从宏观的角度出发, 把树冠当作椭球体, 基于“景合成模型”和 Bollean 原理从统计角度计算像元内各组分所占的比例和二向反射分布函数<sup>[14]</sup>。该模型的反演, 有望使我们获得像元组分结构、光谱等有关信息。GOMS 模型形式比较复杂, 为便于描述, 这里使用如下的简单关系式表示:

$$Y(nr^2, \frac{b}{r}, \frac{h}{b}, \frac{\Delta h}{b}, G, C, Z, \theta_i, \phi_i, \theta_v, \phi_v) = K_g G + K_c C + K_z Z \quad (7)$$

其中  $Y$  为方向反射率,  $G, C, Z$  为光谱参数,

分别表示光照地面、光照树冠及阴影的相对亮度分量,  $K_g, K_c, K_z$  是由结构参数、入射角度及观测角度所决定的各组分的面积比, 可以用  $nr^2, b/r, h/b, \Delta h/b, \theta_i, \phi_i, \theta_v, \phi_v$  的非线性函数描述, 其中  $\theta_i, \phi_i, \theta_v, \phi_v$  分别为太阳天顶角、太阳方位角、观测天顶角和观测方位角,  $n$  表示单位面积内树冠的数目,  $r$  为椭球的水平半径,  $b$  为垂直半径,  $h$  为球心离地表的距离,  $\Delta h$  为树冠中心高度均匀分布时最高值与最低值之差 (图 4)。 $nr^2$  描述了天顶观测时树冠的覆盖度,  $b/r$  表示了树冠的基本形状, 主要影响非天顶方向的覆盖度;  $h/b$  主要影响热点宽度,  $\Delta h/b$  影响 BRDF 碗边效应的形状。

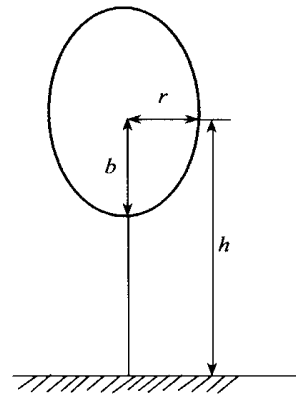


图 4 GOMS 模型树冠结构

Fig. 4 Canopy structure defined in GOMS model

#### 3.2 遗传算法的反演效果分析

分别采用遗传算法和逐步二次规划法对 GOMS 模型进行反演, 以获取组分结构参量信息。反演数据来自 BOREAS (Boreal Ecosystem-Atmosphere Study), SSA (Southern Study Area), OBS (Old Black Spruce) 试验点机载 ASAS 观测数据及相应的地面观测数据。反演中采用 ASAS 近红外波段 (波长  $0.856 \mu\text{m}$ ) 主平面和垂直主平面 14 个角度的反射率数据。OBS 试验区实测的结构参数见表 1。根据 TE13 实测的冠层反射率和 USGS 光谱库有关信息及地面实际情况 (地面目标为云杉, 地表覆盖为枯枝落叶), 反演中的光谱参数分别取为  $G = 0.3328, C = 0.3974, Z = 0.04$ 。

表 1 OBS 试验区实测的结构参数

Table 1 Observed structural Parameters at Boreal OBS site

结构参数	$nr^2$	$b/r$	$h/b$	$\Delta h/b$
均值	0.222	4.175	1.065	2.706

反演中的适应度函数定义为：

$$f(nr^2, b/r, h/b, \Delta h/b) = - \left[ \sum_{i=1}^m (Y_i(nr^2, b/r, h/b, \Delta h/b) - Y_i)^2 \right] \quad (8)$$

其中,  $Y_i$ ,  $Y_i$  分别为模拟值和实际值,  $m$  为反演中所采用的角度数, 其它参数同公式(7)。根据参数的实际意义及有关树结构的先验知识, 参数的取值范围分别定义为  $nr^2 \in [0, 1]$ ,  $b/r \in [0, 10]$ ,  $h/b \in [0, 10]$ ,  $\Delta h/b \in [0, 10]$ 。由于反演时两种算法采用相同的先验知识和代价函数形式, 因此使用的光谱参数和待反演参数的取值范围对本文的结论影响不大。

图 5 反映遗传算法的收敛情况, 表 2 分别列出在不同初值下(接近于真实值和以参数区间中间值作为初值)逐步二次规划法和遗传算法的反演效果比较。从表 2 中数据可以看出, 由于逐步二次规划法采用确定性搜索算法, 其反演结果受初值的影响很大, 当初值与实际值有较大偏差时, 易收敛于局部最优解, 导致反演结果误差很大。而遗传算法采用并行随机搜索算法, 基本不受初值影响。另外, 实际计算时, 遗传算法所需的运行时间远远高于逐步二次规划法, 这主要是由于遗传算法局部搜索效率差、收敛速度慢造成的。

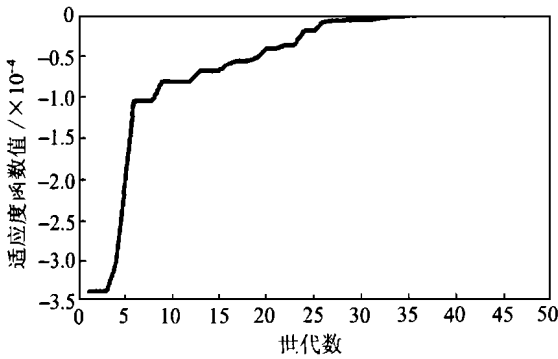


图 5 遗传算法最佳拟合度随世代数变化情况

Fig. 5 Best fitness varied with generations

### 3.3 混合遗传算法的反演效果

采用将遗传算法与逐步二次规划相结合的混合遗传算法对 GOMS 模型进行反演, 即以遗传算法的初步反演结果作为逐步二次规划法的初值作进一步反演。表 3 列出了反演结果。从表 3 中数据可以看出, 将 50 代遗传计算后获得的值作为逐步二次规划法初值进行反演, 最终结果与经 250 代遗传计算获得的结果相当, 而实际计算时间也可大大缩短。需要指出的是, 在本例中, 经过 50 代遗传计算, 遗传算法的计算结果已经收敛到最优值附近。否则, 混合遗传算法并不能保证结果的全局收敛性, 其效果将十分有限。因此, 混合遗传算法往往只适用于那些对初值情况不太了解, 对反演精度要求不高, 而又对速度要求较高的场合。

## 4 结论与讨论

通过遥感模型反演提取地表参量信息是定量遥感的重要手段之一。但遥感前向模型一般比较复杂, 难于求出其反函数的解析表达式, 只能依赖计算机迭代反演。这不仅需要定义合适的代价函数, 使得待反演参数在接近真实值处具有最优的代价函数值, 同时还要保证反演算法能够收敛于全局最优解。而一般的确定性寻优算法往往不能保证这一点, 以遗传算法为代表的全局随机搜索算法理论上具有更好的全局收敛性。本文针对传统遗传算法的不足提出改进, 通过 GOMS 模型的反演验证了该算法在遥感模型反演中的有效性。该算法与逐步二次规划法的比较表明, 逐步二次规划法虽然收敛速度快, 但结果受初值的影响很大, 易收敛于局部最优解; 而遗传算法收敛于全局最优解的概率大大增强, 但搜索效率一般低于确定性搜索算法。为此, 本文进一步采用将二者结合的方法, 充分发挥二者的优势, 获得较为理想的效果。

表 2 不同初值下遗传算法与逐步二次规划法反演结果比较

Table 2 Comparison of inverted parameters between GA and SQP under different initial values

结构参数	$nr^2$	$b/r$	$h/b$	$\Delta h/b$	$nr^2$	$b/r$	$H/b$	$\Delta h/b$
初值	0.200	4.000	1.000	2.000	0.500	5.000	5.000	5.000
逐步二次规划法	0.222	4.175	1.065	2.706	1.000	7.105	5.000	5.092
遗传算法(50代)	0.208	4.278	1.035	2.584	0.208	4.278	1.035	2.584

表 3 混合遗传算法反演结果

Table 3 Inverted results of mixed Genetic Algorithm

结构参数	$m^2$	$b/r$	$h/b$	$\Delta h/b$
遗传算法(50代)	0.208	4.278	1.055	2.584
遗传算法(50代) + 逐步二次规划法	0.222	4.175	1.065	2.706
遗传算法(250代)	0.222	4.176	1.065	2.705

本文的目的在于找出一种更好的具有全局寻优能力的算法,对代价函数的构造,先验知识的获取及引用等没有涉猎,欲使反演真正达到实用化,除了保证算法的全局寻优能力外,还需强化这些方面的研究。

### 参 考 文 献 (References)

- [1] Goel N S, Strebel D E. Inversion of Vegetation Canopy Reflectance Models for Estimating Agronomic Variables I: Problem Definition and Initial Results Using Suits Model [J]. *Remote Sens. Environ.*, 1983, **13**, 487—507.
- [2] Goel N S. Models of Vegetation Canopy Reflectance and Their Use in Estimation of Biophysical Parameters from Reflectance Data [J]. *Remote Sensing Rev.*, 1988, **4**: 1—213.
- [3] Li X, Strahler A H. Geometric Optical Bidirectional Reflectance Modeling of Mutual Shadowing Effects of Crowns in a Forest Canopy [J]. *IEEE Trans Geosci Remote Sens.*, 1992, **30**: 276—292.
- [4] Yuan Y X, Sun W Y. Optimization Theory and Method. [M]. Beijing: Science Press, 1997. [袁亚湘, 孙文瑜. 最优化理论与方法[M]. 北京: 科学出版社, 1997.]
- [5] Dang Y M, Chen J Y, Cao D B. Nonlinear Random Inversion Algorithm in Earth Mapping [J]. *Bulletin of Surveying and Mapping*, 1999, **3**: 15—20. [党亚民, 陈俊勇, 晁定波. 大地测量非线性随机反演算法 [J]. 测绘通报, 1999, **3**: 15—20.]
- [6] Zhou Yufeng, Wang Yaojun. Application of genetic algorithms in material parameter inversion in ultrasonic measurement [J]. *Applied Acoustics*, 1999, **18**(6): 10—15. 周宇峰, 王耀俊. 遗传算法在超声检测反演参数中的应用 [J]. *应用声学*, 1999, **18**(6): 10—15.]
- [7] Yuan Huimei, Guo Xiqing. Improvement of Genetic Algorithms [J]. *Journal of China Agricultural University*, 1999, **2**: 99—103. [袁慧梅, 郭喜庆. 遗传算法的改进[J]. 中国农业大学学报, 1999, **2**: 99—103.]
- [8] Michalwicz Z. Genetic Algorithms + Data Structure = Evolution Program [R]. AI Series. Springer-Verlag, New York. 1994.
- [9] Houck C, Joines J, Kay M. A comparison of genetic algorithms, random restart, and two-opt switching for solving large location-allocation problems [R]. *Computers & Operations Research* forthcoming in special issue on evolution computation. 1995.
- [10] Houck C, Joines J, Kay M. The effective use of local improvement procedures in conjunction with genetic algorithms [R]. Technical Report NCSU-IE Technical Report 95, North Carolina State University. 1995.
- [11] Joines J, Houck C. On the use of non-stationary penalty functions to solve constrained optimization problems with genetic algorithms [R]. In 1994 IEEE International Symposium Evolutionary Computation, Orlando, FL. 1994.
- [12] Zhou Yuanhui, Lu Yuchang, Shi Chunyi. Adaptive and parallel genetic algorithm based on solving premature convergence [J]. *Journal of Tsinghua University*, 1998, **3**: 93—95. [周远晖, 陆玉昌, 石纯一. 基于克服过早收敛的自适应并行遗传算法 [J]. 清华大学学报(自然科学版), 1998, **3**: 93—95.]
- [13] Xiao T S. Mathematical Experiment [M]. Beijing: Higher Educational Publishing House, 1999. [萧铁树. 数学实验[M]. 北京: 高等教育出版社, 1999.]
- [14] Li X W, Wang J D. Optical Remote Sensing Model and Parameterization for Vegetation [M]. Beijing: Science Press, 1995. [李小文, 王锦地. 植被光学遥感模型与植被结构参数化[M]. 北京: 科学出版社, 1995.]

## A Modified Genetic Algorithm and Its Capacity to Invert GOMS Model

TANG Shi-hao, ZHU Qi-jiang, LI Xiao-wen, WANG Jin-di, YAN Guang-jian

(*Research Center for Remote Sensing and GIS, Beijing Normal University, Beijing, 100875, China*)

**Abstract:** The Li-Strahler Geometry Optical Mutual Shadow (GOMS) model is a simple, yet efficient mechanism for modeling forest canopies as arrays of three-dimensional objects. In GOMS model, the signal received by the sensor is modeled as consisting of reflected light from tree crowns, their shadows and the background within the field of view of the sensor. The model is intrinsically bound to the influence of variation in viewing and illumination geometry, and may be inverted to recover biophysical parameters. However, because the GOMS model is a nonlinear model, difficulties exist to invert it. In this paper, a Modified Genetic Algorithm (MGA) are introduced for the inversion. Compared with the deterministic search method-Sequential Quadratic Programming (SQP), MGA can quickly find promising regions of the search space, but may take a relatively long time to reach the optimal solution. In contrary, SQP can converge to an extreme value quickly, but whether the result is optimal or not depends greatly on the initial value. For this reason, a mixed method is used to invert GOMS model in some cases. The result obtained by MGA is inputted to SQP as initial value. This method significantly increases the power of MGA in terms of solution quality and speed of convergence to the optimal.

**Key words:** genetic algorithm; GOMS model; retrieval; sequential quadratic programming