



شناسایی جعل کپی - انتقال در تصاویر دیجیتال با استفاده از الگوریتم ژنتیک و شبیه‌سازی تبرید

فاطمه زارع مهرجردی^۱، علی محمد لطیف^{۲*}

^۱ دانشجوی دکترا دانشکده مهندسی کامپیوتر، دانشگاه یزد، یزد، ایران

^۲ دانشیار دانشکده مهندسی کامپیوتر، دانشگاه یزد، یزد، ایران

چکیده

مقاله پژوهشی

تاریخ دریافت:

۱۴۰۰/۱۱/۱۸

تاریخ پذیرش:

۱۴۰۱/۰۱/۱۱

کلیدواژه‌ها:

جعل کپی - انتقال، الگوریتم ژنتیک، الگوریتم شبیه‌سازی تبرید

نویسنده مسئول:

alatif@yazd.ac.ir

در جعل کپی - انتقال بخشی از تصویر کپی و در مکان دیگری در همان تصویر منتقل می‌شود. این عمل باهدف پنهان‌سازی جزئیات خاصی از تصویر یا تکثیر جلوه‌های ویژه در تصویر صورت می‌پذیرد. هدف از تشخیص جعل کپی - انتقال یافتن ناحیه‌هایی شبیه به هم در تصویر است. در این مقاله کشف جعل کپی - انتقال در تصاویر دیجیتالی با کمک ترکیب الگوریتم ژنتیک و شبیه‌سازی تبرید پیشنهاد می‌گردد. در این روش طول کروموزوم ۶ ژن است که ۴ ژن مربوط به مختصات طول و عرض نقطه بالا سمت چپ دو بلوک مستطیلی تصادفی از تصویر و ۲ ژن باقی‌مانده پهنا و ارتفاع بلوک‌ها می‌باشند. تابع برازندگی میانگین قدرمطلق اختلاف شدت روشنایی دو بلوک است. در این روش ابتدا با استفاده از الگوریتم ژنتیک مناطق مشکوک به جعل کشف‌شده، سپس با الگوریتم شبیه‌سازی تبرید مناطق جعل به‌صورت دقیق‌تر تعیین می‌شوند. نمودارهای همگرایی نتایج نشان می‌دهد که روش پیشنهادی، جعل کپی - انتقال را به‌درستی کشف می‌کند.



: 10.22034/ ABMIR.2025.18026.1006

E-ISSN: [2821-2037](https://doi.org/10.22034/ABMIR.2025.18026.1006)

/The Author 2024. Published by Yazd University This is an open

access article under the CC BY 4.0 License (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).



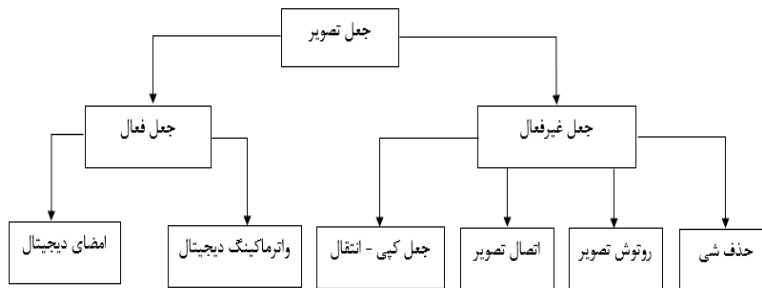
۱- مقدمه



الف: تصویر اصلی ب: تصویر جعل شده

شکل (۱): نمونه‌ای از حمله کپی - انتقال

در جعل با روش کپی - انتقال قسمتی از یک تصویر در بخشی دیگر از همان تصویر انتقال داده می‌شود. در این مقاله به بررسی این حالت پرداخته شده است. در تحقیق‌های موجود انواع روش‌های تشخیص جعل تصویر به صورت شکل ۲ گروه‌بندی شده است [۳].



شکل (۲): طبقه‌بندی تصاویر جعل [۴]

بردارهای ویژگی مشابه هم انطباق می‌یابند و حمله کپی - انتقال تشخیص داده می‌شود. عیب این روش پیچیدگی محاسباتی بالا است [۶].

در روش‌های مبتنی بر نقاط کلیدی ابتدا ویژگی‌های نواحی با آنتروپی بالا به دست می‌آیند و سپس ویژگی‌های مشابه تطبیق می‌یابند. در روش مبتنی بر نقاط کلیدی، ویژگی با استفاده از روش‌های مختلف مانند SIFT، SURF بدون تقسیم‌بندی تصویر استخراج می‌شود. نقاط ویژگی با استفاده از رویکردهای مختلف مانند خوشه‌بندی، فاصله اقلیدسی با یکدیگر تطابق داده شده و جعل مشخص می‌شود. این روش دارای محاسبات کم و مقاومت مناسب در برابر تبدیل‌های هندسی است [۷].

در این گروه‌بندی تشخیص جعل به دو گروه فعال و غیرفعال تقسیم شده است. دسته فعال شامل روش‌های واترمارکینگ دیجیتال و امضای دیجیتال است. دسته غیرفعال شامل روش‌های کپی - انتقال، اتصال تصویر، روتوش تصویر است. گروه فعال به تصویر اصلی برای درج امضای دیجیتال یا واترمارکینگ دیجیتال نیاز دارد، در حالی که در گروه غیرفعال به دانش قبلی در مورد تصویر احتیاج نیست و به همین دلیل مورد توجه محققان قرار گرفته است [۳، ۵].

الگوریتم‌های تشخیص سنتی جعل کپی - انتقال به دو روش بر پایه بلوک‌بندی و یافتن نقاط کلیدی در تصویر تقسیم می‌شوند. در روش بر پایه بلوک‌بندی ابتدا تصویر به نواحی مستطیل یا دایره‌ای شکل هم‌پوشان و غیرهم‌پوشان تقسیم شده و برای هر کدام از این نواحی یک بردار ویژگی محاسبه می‌شود. در مرحله بعد



هم‌پوشان تقسیم و سپس نقاط کلیدی هر بلوک به‌عنوان ویژگی‌های بلوک استخراج و از الگوریتم‌های تطبیق برای مطابقت ویژگی‌های بلوک استفاده شده است. این روش مناطق مشکوک به جعل را مشخص می‌کند. برای تعیین مناطق دقیق جعل، از عملیات مورفولوژی گسترش و فرسایش استفاده شده است تا مناطق به‌صورت یکپارچه مشخص شوند [۱۰].

در مقاله [۱۲، ۱۱] روشی با استفاده از شبکه عصبی پیچشی برای تشخیص جعل کپی - انتقال پیشنهاد شده است. در این روش به دلیل کمبود داده در حوزه جعل از شبکه‌های از پیش آموزش‌دیده شده با پایگاه داده بزرگ imagenet استفاده شده و شبکه با داده‌های کم موجود تنظیم می‌شود. در نهایت تصاویر در دو دسته تصاویر اصلی و تصاویر جعل دسته‌بندی می‌شوند.

Agarwal و همکاران از یادگیری عمیق برای شناسایی جعل استفاده کردند. در این روش ابتدا تصاویر جعلی با استفاده از روش خوشه‌بندی خطی بخش‌بندی می‌شوند و سپس با استفاده از شبکه vggnet ویژگی‌های این بخش‌ها استخراج شده است. پس از استخراج ویژگی، عمق هر پیکسل موجود در بخش‌ها برای مقایسه بلوک‌ها بازسازی می‌شود. با استفاده از الگوریتم تطابق، بخش‌های مشکوک پیدا شده و در پایان بخش‌هایی که بیش‌ترین تطابق بر اساس ویژگی کلیدی را دارند به عنوان بخش‌های جعل شناسایی می‌شوند [۱۳].

در مقاله [۱۴] دو معماری با روش یادگیری عمیق برای تشخیص جعل پیشنهاد شده است. در معماری اول، شبکه عصبی پیچشی طراحی شده و با تعداد لایه‌های پیچشی و لایه‌های کاملاً متصل و اندازه فیلترهای متفاوت مورد ارزیابی قرار گرفته‌اند. در معماری دوم از مفهوم انتقال یادگیری استفاده شده است، به طوری که از شبکه vggnet از پیش آموزش‌دیده شده با پایگاه داده بزرگ imagenet استفاده شده است. نتایج ارزیابی‌ها نشان داده است که معماری دوم عملکرد بهتری داشته است.

Goel و همکاران از شبکه عصبی پیچشی دوشاخه‌ای برای تشخیص جعل استفاده کرده‌اند. در هر شاخه فیلترها با اندازه متفاوت استفاده شده‌اند تا ویژگی‌ها با ابعاد مختلف استخراج شوند و ویژگی‌های استخراج شده از دو شاخه با هم ترکیب شده و در

در این مقاله از گروه غیرفعال و روش جعل کپی - انتقال برای دست‌کاری تصویر استفاده شده است. ابتدا از الگوریتم ژنتیک برای کشف ناحیه جعل استفاده شده است به صورتی که تعدادی جفت بلوک تصادفی به عنوان جواب اولیه تولید شده و طی تکرارهای مختلف با استفاده از عملگرهای تقاطع و جهش به سمت مناطق مشکوک به جعل هدایت می‌شوند. سپس بهترین جواب الگوریتم ژنتیک به عنوان جواب اولیه به الگوریتم شبیه‌سازی تبرید داده می‌شود. در الگوریتم شبیه‌سازی تبرید با تعریف عمل مناسب و طی تکرارهای متوالی مناطق جعل دقیق‌تر به دست می‌آیند.

۲- مروری بر کارهای گذشته

در سال‌های اخیر روش‌های مختلفی برای تشخیص جعل در تصویر ارائه شده است. این بخش به بررسی چند تحقیق در این زمینه پرداخته است.

هویدا و همکاران روش تشخیص جعل کپی - انتقال را بر اساس ویژگی‌های ترکیبی ارائه کردند. آن‌ها از ترکیب توصیف‌گرهای HOG, KAZE, SIFT و Zernike در جهت آشکارسازی جعل‌های کپی - انتقال استفاده کردند. در این روش برای کاهش حجم محاسبات از الگوریتم ژنتیک در جهت بهینه‌سازی توصیف‌گرها و از الگوریتم تحلیل مؤلفه اصلی برای کاهش ابعاد ویژگی استفاده شده است [۱].

Sreelakshmy و همکاران از ترکیب دو روش مبتنی بر بلوک‌بندی و نقاط کلیدی استفاده کردند. به این صورت که ابتدا تصویر اصلی به بلوک‌هایی تقسیم شده و از هر بلوک تصویر نقاط کلیدی استخراج می‌شود. اگر نقاط کلیدی مشابه مشخص شده دو بلوک از حد آستانه فراتر باشد آن دو بلوک به‌عنوان نواحی جعل در نظر گرفته می‌شوند [۸].

در مقاله [۹] تصویر به بلوک‌های مربعی تقسیم‌بندی می‌شود و با استفاده از روش تبدیل موجک ویژگی‌هایی از هر بلوک استخراج می‌شود. نویسندگان برای کاهش ابعاد ویژگی از تبدیل گسسته کسینوسی استفاده کردند. در پایان بعد از تطبیق بردارهای ویژگی، نواحی جعل با استفاده از عملیات مورفولوژی گزارش می‌شود.

Koshy و همکاران از هر دو روش تقسیم‌بندی بلوکی و تطبیق نقاط کلیدی استفاده کردند. ابتدا تصویر به بلوک‌های نامنظم و غیر

- ۲- تعدادی از این جمعیت با استفاده از اپراتورهای ژنتیکی تقاطع و جهش برای تولید فرزندان جدید استفاده می‌شوند.
- ۳- در هر تکرار از بین جمعیت فعلی و فرزندان تولید شده با دو عملگر تقاطع و جهش، بهترین جواب‌ها برای تکرار بعد انتخاب می‌شوند.
- ۴- مراحل فوق تا رسیدن به یک پاسخ مناسب ادامه می‌یابد [۱۷، ۱۶].

۳-۲ الگوریتم شبیه‌سازی تبرید

الگوریتم شبیه‌سازی تبرید توسط کریک پاتریک و وکی برای حل مسائل بهینه‌سازی ترکیبی ارائه شد. این الگوریتم از نحوه سرد شدن فلزات الهام گرفته است. مراحل الگوریتم شبیه‌سازی تبرید در زیر آورده شده است:

- ۱- ابر پارامترهای الگوریتم مانند دمای اولیه، تابع سرمایش، شرط خاتمه و تابع احتمال پذیرش جواب‌های نامناسب تعیین می‌شوند.
- ۲- جواب نامزد اولیه تولید می‌شود.
- ۳- با استفاده از عمل مناسب، اطراف جواب نامزد تعدادی همسایه تولید می‌شود.
- ۴- اگر مقدار برازندگی بهترین همسایگی به دست آمده از جواب فعلی بهتر باشد، آن جایگزین جواب فعلی خواهد شد؛ در غیر این صورت یک عدد تصادفی بین صفر و یک ایجاد می‌شود. اگر این عدد از مقدار تابع بولتزمان کم‌تر باشد بهترین همسایگی جایگزین جواب فعلی می‌شود؛ در غیر این صورت آن جواب رد خواهد شد. (تابع بولتزمان به صورت $\exp(\frac{-\Delta E}{T})$ است، که در آن ΔE تفاوت تابع هدف بهترین همسایگی ایجاد شده و جواب فعلی است و پارامتر T دما در هر مرحله است).
- ۵- با تابع سرمایش دما کاهش می‌یابد.
- ۶- اگر معیار خاتمه محقق شود الگوریتم پایان می‌یابد، در غیر این صورت به گام ۳ برگشت داده می‌شود [۱۸].

نهایت تصاویر در دو دسته تصاویر اصلی و جعلی شناسایی می‌شوند [۱۵]. برخلاف اکثر مقاله‌های بررسی شده که هدف آن‌ها کلاسه‌بندی تصاویر در دو دسته سالم و جعل است، این مقاله به تعیین محل بلوک‌های جعل با استفاده از ترکیب دو الگوریتم ژنتیک و شبیه‌سازی تبرید می‌پردازد.

۳- مفاهیم پایه

در این مقاله برای تشخیص بلوک‌های جعل از دو الگوریتم فراابتکاری استفاده می‌شود. الگوریتم اول برای تعیین محدوده مشکوک به جعل و الگوریتم دوم برای تعیین دقیق محل جعل پیشنهاد شده است. بنابراین در ابتدا مقدمه مختصری از الگوریتم ژنتیک و شبیه‌سازی تبرید بیان می‌شود.

۳-۱ الگوریتم ژنتیک

ایده اصلی الگوریتم ژنتیک از نظریه تکاملی داروین گرفته شده است. در نظریه داروین آن دسته از صفات طبیعی که با قوانین طبیعی سازگاری بیش‌تری دارند، از شانس بقای بیش‌تری برخوردار هستند. شایان‌ذکر است که نظریه تکاملی داروین اثبات تحلیلی و قطعی ندارد؛ اما از نظر تجربی و آماری تأیید شده است [۱۷، ۱۶].

در الگوریتم ژنتیک افراد جدید جامعه از طریق زاد و ولد تولید می‌شوند. شانس بقای یک فرد در نسل یا تکرار جدید به ترکیب خاص کروموزوم‌ها وابسته است. در مراحل زاد و ولد ممکن است جهش‌هایی در خصوصیت‌های نسل جدید رخ دهد که موجودی با سازگاری بالا تولید شود. در روند زاد و ولد به گونه‌های برتر در هر نسل اجازه تولید مثل داده می‌شود و گونه‌های نامطلوب به تدریج از بین خواهند رفت و جمعیت نسل‌های جدید با گذشت زمان تکامل می‌یابند.

الگوریتم ژنتیک در سال ۱۹۷۰ میلادی توسط جان هلند ارائه شد. این الگوریتم در گروه الگوریتم‌های بهینه‌سازی تصادفی قرار دارد و برای بهینه‌سازی مسائل پیچیده با فضای جست‌وجوی ناشناخته مناسب است. مراحل اجرای الگوریتم ژنتیک به صورت خلاصه بیان شده است:

- ۱- با توجه به مساله، مجموعه‌ای از نامزدهای جواب به عنوان جمعیت اولیه تولید شده و جمعیت توسط تابع برازندگی ارزیابی می‌شود.

۴- روش پیشنهادی

الگوریتم ژنتیک به عنوان جواب اولیه الگوریتم شبیه‌سازی تبرید خواهند بود. به عبارتی دیگر الگوریتم ژنتیک جستجوی اولیه را انجام داده و بلوک‌های مشکوک به جعل را می‌یابد. در نهایت الگوریتم شبیه‌سازی تبرید جستجوی نرم در اطراف جواب یافته شده را انجام می‌دهد.

شبه کد روش پیشنهادی را می‌توان در شکل ۳ خلاصه کرد. در ابتدا در مرحله پیش‌پردازش، تصاویر هم‌اندازه و به تصاویر سطوح خاکستری تبدیل می‌شوند. سپس از الگوریتم ژنتیک برای یافتن بلوک‌های بزرگ مشابه استفاده می‌شود. بلوک‌های به‌دست آمده از

GA algorithm	SA algorithm
<pre> Img=imread() Img=imresize(Img,[200,200]) PopGA=createpop(Img) Fitness(PopGA) For i=1:iterationGA Newpop1=Crossover(PopGA) Newpop2=Mutation(PopGA) Fitness(Newpop1,Newpop2) PopGA=Select(PopGA,Newpop1,0.8,Newpop2,0.05) End genetic algorithm [value,index]=sort(PopGA) </pre>	<pre> Candidate_Answer=PopGA(index(1)) %best pop in genetic algorithm T=1000 NN=24 for j=1:iterationSA Pops=createNN(Candidate_Answer,NN) Fitness(Pops) Best_Answer=select(Pops, Candidate_Answer,Boltzman factor) Candidate_Answer =Best_Answer decrease T end SA algorithm answer= Candidate_Answer </pre>

شکل (۳): شبه کد روش پیشنهادی

X-block1	Y-block1	X-block2	Y-block2	Height	Width
----------	----------	----------	----------	--------	-------

شکل (۴): یک نمونه کروموزوم

برای تولید جمعیت اولیه مقادیر X و Y های کروموزوم‌ها به صورت تصادفی به گونه‌ای تولید می‌شوند که بلوک‌ها با توجه به مقدار ارتفاع و پهنای تعیین شده، در محدوده سطر و ستون تصویر باشند و هم‌چنین بلوک‌ها تکراری نباشند یعنی هر دو نقطه به یک مکان اشاره نکنند.

۴-۲ تابع برازندگی الگوریتم ژنتیک و الگوریتم

شبیه‌سازی تبرید

تابع برازندگی یکی از مهم‌ترین قسمت‌های الگوریتم فراابتکاری است که سهم عمده‌ای از زمان اجرای الگوریتم را به خود اختصاص می‌دهد. وظیفه این تابع یافتن میزان برازندگی هر یک از جواب‌ها است. در هر تکرار از الگوریتم‌های فراابتکاری، جمعیت توسط تابع برازندگی ارزیابی می‌شود تا بهترین جواب‌ها برای تکرار بعد انتخاب شوند و جمعیت جدید را تشکیل دهند. در روش پیشنهادی تابع برازندگی برابر میانگین قدرمطلق اختلاف دو بلوک در نظر گرفته شده است.

۴-۱ تولید جمعیت اولیه الگوریتم ژنتیک

در الگوریتم ژنتیک ابتدا جمعیت اولیه تصادفی تولید می‌شود. هر یک از جواب‌ها یک کروموزوم و عناصر تشکیل‌دهنده آن ژن نام دارد. در روش پیشنهادی برای تشخیص جعل از روش بلوک‌بندی استفاده شده است، با این تفاوت که به جای مقایسه تمام بلوک‌ها و به دنبال آن انجام محاسبات بالا، به تعداد معین که همان تعداد جمعیت اولیه الگوریتم ژنتیک است، بلوک‌ها باهم مقایسه می‌شوند. کروموزوم‌های الگوریتم ژنتیک شامل ۶ ژن هستند که ۴ ژن ابتدای کروموزوم متناظر با مختصات X و Y نقاط گوشه سمت چپ و بالای بلوک‌ها هستند و ۲ ژن باقی‌مانده ارتفاع و پهنای بلوک‌ها است. برای افزایش سرعت کار در الگوریتم ژنتیک دو ژن آخر کروموزوم برابر نصف ابعاد تصویر در نظر گرفته شده است. لازم به ذکر است این دو ژن در الگوریتم شبیه‌سازی تبرید متغیر خواهند بود تا بتوانند به صورت نرم اندازه بلوک‌ها را کم و زیاد کنند. دلیل انتخاب مقدار ارتفاع و پهنای برابر نصف ارتفاع و پهنای تصویر در الگوریتم ژنتیک این است که از کشف مناطق کوچک و پس‌زمینه جلوگیری شود. برای مثال اگر یک تصویر منظره شامل پس‌زمینه آسمان باشد الگوریتم دو بلوک را در محدوده آسمان کشف می‌کند که هدف جعل کپی - انتقال نیست. شکل ۴ یک نمونه کروموزوم را نشان می‌دهد.

۳-۴ عملگر تقاطع یک نقطه‌ای در الگوریتم ژنتیک

در عمل تقاطع یک نقطه‌ای، ابتدا دو کروموزوم انتخابی از یک محل به دو قسمت تقسیم می‌شوند. سپس قسمت سمت راست کروموزوم اول با قسمت سمت چپ کروموزوم دوم با یکدیگر

پیوند داده شده و فرزند جدید متولد می‌گردد. برای تولید فرزند دوم نیمه دیگر کروموزوم‌ها به هم پیوند داده می‌شوند. با این عمل مختصات گوشه‌های بلوک‌ها با هم جابه‌جا می‌شوند. شکل ۵ یک نمونه تقاطع یک نقطه‌ای در نقطه سوم را نمایش می‌دهد.

ch1	X- block1	Y- block1	X- block2	Y- block2	Height	Width
ch2	X'- block1	Y'- block1	X'- block2	Y'- block2	Height	Width
off1	X- block1	Y- block1	X'- block2	Y'- block2	Height	Width
off2	X'- block1	Y'- block1	X- block2	Y- block2	Height	Width

شکل (۵): نمونه‌ای از تقاطع یک نقطه‌ای

۴-۴ عملگر جهش یکنواخت در الگوریتم ژنتیک

در الگوریتم ژنتیک اگر تنها از عملگر تقاطع برای ایجاد فرزندان تکرار بعد استفاده شود؛ در صورتی که همه کروموزوم‌ها در جمعیت اولیه در یک موقعیت مکانی خاص دارای مقادیر مشابه باشند فرزندان مشابه ایجاد خواهند شد. برای رفع این مشکل در الگوریتم ژنتیک سعی شده است از عملگر جهش استفاده شود.

تغییر می‌یابند را کنترل می‌کند. اگر مقدار نرخ جهش کاهش یابد تعداد زیادی از ژن‌هایی که می‌توانند مفید باشند، هرگز قدرت نمی‌یابند تا خوب آزموده شوند. در صورتی که این نرخ افزایش یابد، آشفتگی تصادفی را به همراه دارد و فرزندان به مرور شباهت خود با والدین را از دست می‌دهند.

در روش پیشنهادی از عملگر جهش یکنواخت استفاده شده است. در این روش مختصات یکی از بلوک‌ها به صورت تصادفی انتخاب شده و مقدار X و Y آن بلوک به صورت تصادفی در محدوده سطر و ستون تصویر انتخاب می‌شود. در شکل ۶ یک نمونه از عمل جهش نمایش داده شده است. بلوک اول به طور تصادفی انتخاب شده و مختصات X و Y آن به صورت تصادفی تولید می‌شود.

عملگر جهش امکان تغییر تصادفی ژن‌ها را فراهم می‌سازد. جهش یک قاعده سودمند است؛ زیرا ژن‌های حذف شده بر اثر فرایند انتخاب دوباره برگزیده می‌شوند و در نتیجه آن‌ها می‌توانند در یک حالت جدیدی بهبود یابند. هم‌چنین عمل جهش ژن‌هایی را که در جمعیت اولیه حضور نداشته‌اند را می‌تواند به جمعیت اضافه نماید. نرخ جهش به‌عنوان درصدی از کل ژن‌های موجود در جمعیت تعریف شده و تعداد ژن‌های جدیدی که در جمعیت برای ادامه کار

ch1	X- block1	Y- block1	X- block2	Y- block2	Height	Width
off1	X'- block1	Y'- block1	X- block2	Y- block2	Height	Width

شکل (۶): یک نمونه جهش یکنواخت

در روش پیشنهادی تعداد ۲۴ همسایه تولید می‌شود و این همسایه‌ها به گونه‌ای هستند که هر بار یک مقدار ثابت به مختصات x و y بلوک‌ها اضافه یا کم شده و یا یک مقدار ثابت به پهنا و ارتفاع بلوک‌ها افزوده یا کاسته می‌شود. هر چه این مقدار ثابت کوچک‌تر باشد الگوریتم زمان‌برتر و دقیق‌تر خواهد بود. در روش پیشنهادی افزایش و کاهش صفر، یک و دو واحدی در نظر گرفته شده است.

۷-۴ شرط خاتمه الگوریتم ژنتیک و شبیه‌سازی تبرید

شرط خاتمه الگوریتم فراابتکاری مهم و اساسی است. شرط خاتمه را می‌توان با استفاده از یکی از روش‌های زیر انتخاب کرد.

- ۱- الگوریتم بعد از تعداد مشخصی تکرار خاتمه یابد.
- ۲- زمان معینی برای خاتمه الگوریتم در نظر گرفته شود.
- ۳- جواب‌ها بعد از چند تکرار متوالی تغییر نکنند.
- ۴- الگوریتم به برازندگی از قبل تعیین شده دست یابد.

در روش پیشنهادی از روش تعداد تکرار معین استفاده شده است. برای الگوریتم ژنتیک تعداد تکرار ۵۰۰ و برای شبیه‌سازی تبرید تعداد تکرار ۱۵۰ در نظر گرفته شده است.

پارامترهای الگوریتم ژنتیک و شبیه‌سازی تبرید در جدول ۱ و ۲ آورده شده است. در این تحقیق پارامترها با استفاده از اعتبارسنجی متقابل انتخاب شده‌اند.

جدول (۱): پارامترهای الگوریتم ژنتیک

پارامتر	جمعیت اولیه	معیار خاتمه	نرخ تقاطع	نرخ جهش
مقدار	۵۰	۵۰۰ تکرار	۰/۸۰	۰/۰۵

جدول (۲): پارامترهای الگوریتم شبیه‌سازی تبرید

پارامتر	معیار خاتمه	تعداد همسایه	دمای اولیه
مقدار	۱۵۰ تکرار	۲۴	۱۰۰۰

برای درک بهتر روش پیشنهادی در این قسمت سعی شده است یک مثال عددی مطرح گردد و تمام مراحل کار با استفاده از این مثال توضیح داده شود. فرض کنید تصویر مورد بررسی با ابعاد 9×9 به صورت شکل ۷ باشد که مناطق جعل به صورت یک ماتریس با ابعاد 3×3 در تصویر مشخص شده است.

۴-۵ عملگر انتخاب در الگوریتم ژنتیک

انتخاب در الگوریتم ژنتیک بر پایه میزان تابع برازندگی انجام می‌شود. انتخاب از جمعیت جاری کروموزوم‌ها به منظور تکثیر برای تکرار آینده صورت می‌گیرد. هر چه تابع برازندگی یک کروموزوم بهتر باشد، احتمال انتخاب آن کروموزوم بیش‌تر خواهد بود (نخبه‌گزینی). پس از چند تکرار، الگوریتم به سمت بهترین کروموزوم همگرا می‌شود و جواب بهینه یا نزدیک بهینه به وجود می‌آید.

در روش پیشنهادی در هر تکرار بر روی ۸۰ درصد جمعیت فعلی عملگر تقاطع و بر روی ۵ درصد جمعیت فعلی عملگر جهش انجام می‌شود و فرزندان جدیدی به وجود می‌آیند. تابع برازندگی فرزندان جدید محاسبه می‌شود، فرزندان ممکن است از والدین خود بهتر یا بدتر باشند. جمعیت تکرار بعدی با توجه به تابع برازندگی از بین بهترین‌های جمعیت فعلی و فرزندان به وجود آمده با دو عملگر تقاطع و جهش انتخاب می‌شود. این مراحل تا پیدا شدن جواب بهینه یا نزدیک به بهینه ادامه پیدا می‌کند.

۴-۶ انتخاب عمل برای تولید همسایه‌ها در الگوریتم

شبیه‌سازی تبرید

در این پژوهش بهترین جواب حاصل از الگوریتم ژنتیک به عنوان جواب اولیه الگوریتم شبیه‌سازی تبرید در نظر گرفته شده و با اعمال مناسب بر روی آن تعدادی جواب در اطراف آن ساخته می‌شود. اگر جواب همسایه بهتر از جواب فعلی باشد، الگوریتم آن را به عنوان جواب فعلی قرار می‌دهد و به سمت آن حرکت می‌کند. در غیر این صورت، الگوریتم آن جواب را با احتمالی به عنوان جواب فعلی می‌پذیرد.

بعد از بررسی همه جواب‌های همسایه در تکرار اول، دما کاهش داده می‌شود. در گام‌های اولیه دما بالا انتخاب می‌شود تا احتمال بیش‌تری برای پذیرش جواب‌ها وجود داشته باشد. با کاهش تدریجی دما، در گام‌های پایانی احتمال کم‌تری برای پذیرش جواب‌ها وجود خواهد داشت و الگوریتم به سمت جواب بهینه همگرا می‌شود.

105	119	217	127	225	196	151	169	171
67	120	30	140	98	90	119	211	81
90	12	156	215	19	2	35	254	11
201	87	98	220	50	199	112	37	93
131	90	170	67	120	114	63	47	206
180	148	174	97	45	120	30	140	100
70	43	24	127	105	12	156	215	19
163	41	131	244	99	87	98	220	59
91	248	60	177	24	90	170	67	220

شکل (۷): تصویر ماتریس

مقدار برازندگی کروموزوم اول به صورت زیر محاسبه می‌شود.

$$\frac{1}{16} \times (|98 - 90| + |220 - 119| + |50 - 211| + |199 - 81| + \dots)$$

با استفاده از رابطه ۱ میزان برازندگی چهار کروموزوم شکل ۸

به صورت جدول ۳ محاسبه می‌شود.

105	119	217	127	225	196	151	169	171
67	120	30	140	98	90	119	211	81
90	12	156	215	19	2	35	254	11
201	87	98	220	50	199	112	37	93
131	90	170	67	120	114	63	47	206
180	148	174	97	45	120	30	140	100
70	43	24	127	105	12	156	215	19
163	41	131	244	99	87	98	220	59
91	248	60	177	24	90	170	67	220

شکل (۹): نمایش کروموزوم اول در ماتریس تصویر

مطابق با روش پیشنهادی ابتدا جمعیت اولیه برای الگوریتم ژنتیک که شامل مختصات جفت بلوک‌ها و پهنا و ارتفاع بلوک‌ها است، ایجاد می‌شود. شکل ۸ چهار نمونه کروموزوم تصادفی را نشان می‌دهد.

Ch1	4	3	2	6	4	4
Ch2	4	2	4	6	4	4
Ch3	1	1	4	3	4	4
Ch4	2	2	5	5	4	4

شکل (۸): چهار نمونه کروموزوم تصادفی

مختصات جفت بلوک‌ها به صورت تصادفی در محدوده سطر و ستون تصویر و اندازه پهنا و ارتفاع برابر نصف پهنا و ارتفاع تصویر انتخاب شده است. شکل ۹ جفت بلوک مربوط به کروموزوم اول را بر روی ماتریس تصویر نشان می‌دهد.

در مرحله بعد میزان تابع برازندگی هر کروموزوم باید تعیین شود. برای محاسبه تابع برازندگی از رابطه ۱ استفاده شده است.

$$fitness = Mean(ABS(Block1 - Block2)) \quad (1)$$

همان‌طور که از جدول ۴ مشاهده می‌شود یکی از کروموزوم‌های ایجاد شده تابع هزینه بهتری نسبت به کروموزوم‌های موجود دارد. در پایان هر تکرار از الگوریتم ژنتیک، از بین بهترین کروموزوم‌های تکرار فعلی و کروموزوم‌های به وجود آمده از دو عملگر تقاطع و جهش، جمعیت تکرار بعدی انتخاب می‌شود.

الگوریتم به تعداد تکرار از پیش تعیین شده انجام می‌شود و بهترین کروموزوم تکرار آخر به عنوان جواب کاندید برای تعیین جفت بلوک مشکوک به جعل گزارش می‌شود.

شکل ۱۲ جفت بلوک مشکوک به جعل کشف شده توسط الگوریتم ژنتیک برای تصویر ماتریس بعد از تعداد تکرار تعیین شده را نمایش می‌دهد که دارای مقدار تابع هزینه ۱۶/۸۱۲۵ است.

در ادامه بهترین کروموزوم تکرار آخر الگوریتم ژنتیک به عنوان جواب اولیه برای الگوریتم شبیه‌سازی تبرید در نظر گرفته می‌شود. الگوریتم شبیه‌سازی تبرید سعی می‌کند با انتخاب اعمال مناسبی بر روی جواب اولیه از قبیل افزایش و کاهش مقداری به مختصات جفت بلوک‌ها، ارتفاع و پهنای کروموزوم‌ها به صورت نرم به سمت جواب بهینه یا نزدیک به بهینه حرکت کند.

105	119	217	127	225	196	151	169	171
67	120	30	140	98	90	119	211	81
90	12	156	215	19	2	35	254	11
201	87	98	220	50	199	112	37	93
131	90	170	67	120	114	63	47	206
180	148	174	97	45	120	30	140	100
70	43	24	127	105	12	156	215	19
163	41	131	244	99	87	98	220	59
91	248	60	177	24	90	170	67	220

شکل (۱۲): نمایش جفت بلوک مشکوک به جعل

بعد از انجام تعداد تکرار تعیین شده برای الگوریتم شبیه‌سازی تبرید بر روی ماتریس تصویر دو بلوک که منطقه جعل را نشان می‌دهند کشف می‌شود.

جدول (۳): محاسبه مقدار تابع برازندگی

شماره کروموزوم	مقدار تابع برازندگی
Ch1	۸۱/۶۲۵۰
Ch2	۷۴/۷۵۰۰
Ch3	۸۹/۱۲۵۰
Ch4	۷۱/۴۳۷۵

در ادامه در هر تکرار بر روی بخشی از کروموزوم‌ها عملگرهای تقاطع و جهش برای تولید کروموزوم‌های جدید انجام می‌شوند. شکل ۱۰ یک نمونه تقاطع بر روی کروموزوم سوم و چهارم در محل نقطه سوم و شکل ۱۱ یک نمونه جهش بر روی کروموزوم اول را نمایش می‌دهد.

Ch3	1	1	4	3	4	4
Ch4	2	2	5	5	4	4
Off1	1	1	5	5	4	4
Off2	2	2	4	3	4	4

شکل (۱۰): تقاطع بر روی کروموزوم سوم و چهارم

Ch3	4	3	2	6	4	4
Off3	1	4	2	6	4	4

شکل (۱۱): جهش بر روی کروموزوم اول

مطابق شکل ۱۱ در عمل جهش به صورت تصادفی بلوک اول انتخاب شده و مختصات این بلوک مجدد به صورت تصادفی در محدوده سطر و ستون تصویر مقادری می‌شود. حال برای کروموزوم‌های ایجاد شده بر اثر دو عملگر مذکور تابع برازندگی طبق رابطه ۱ محاسبه می‌شود. جدول ۴ مقدار تابع برازندگی سه فرزند ایجاد شده را نشان می‌دهد.

جدول (۴): محاسبه مقدار تابع برازندگی برای کروموزوم‌های تولید شده

شماره کروموزوم	مقدار تابع برازندگی
Off1	۲۴/۵۶۲۵
Off2	۸۹/۲۵۰۰
Off3	۷۹/۲۵۰۰

۵- ارزیابی نتایج

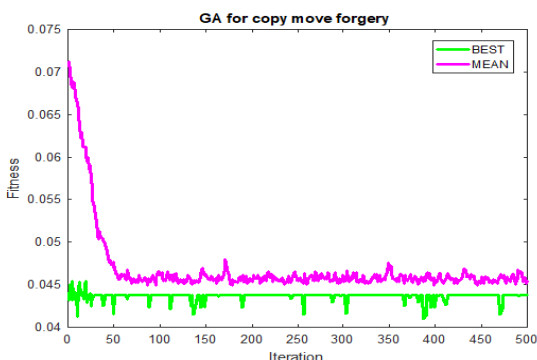
برای ارزیابی روش پیشنهادی از مجموعه‌ای از تصاویر پایگاه داده CoMoFod [۱۹]، [۲] تصاویر مورد استفاده در مقاله‌های [۲۰-۲۲] که دارای جعل از نوع کپی - انتقال هستند، استفاده شده است. پایگاه داده COVERAGE دارای ۱۰۰ تصویر کپی - انتقال با اشیا مشابه و اصلی است که باعث شده جعل واقعی‌تر به نظر برسد. تصاویر این پایگاه داده از نوع رنگی و از نوع TIF و با اندازه‌های متفاوت می‌باشند. پایگاه داده CoMoFod دارای ۲۰۰ تصویر اصلی و جعل با ابعاد ۵۱۲×۵۱۲ و از نوع PNG است.

آزمایش‌های انجام شده در محیط MATLAB پیاده‌سازی شده است. در ابتدا تصاویر در ابعاد ۲۰۰×۲۰۰ هم‌اندازه شده‌اند. سپس با پهنا و ارتفاع تعیین شده برای اندازه بلوک‌ها و مقادیر تصادفی برای مختصات بلوک‌ها جمعیت اولیه ساخته شده است. با اجرای

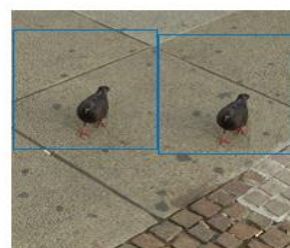
الگوریتم ژنتیک بهترین جواب بیان کننده مناطق مشکوک به جعل مشخص می‌شود.

جواب خروجی الگوریتم ژنتیک به عنوان نقطه شروع به الگوریتم شبیه‌سازی تبرید داده می‌شود تا با تعریف همسایه به صورت نرم در اطراف جواب حرکت کنند و جواب بهینه یا نزدیک به بهینه به دست آید.

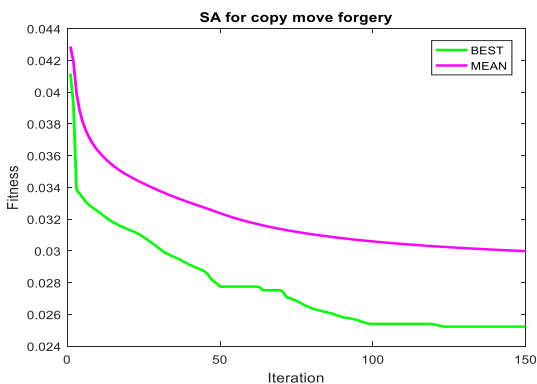
شکل‌های ۱۳ و ۱۴ نتایج الگوریتم بر روی دو تصویر مختلف را نشان می‌دهند. لازم به ذکر است در برخی از نمونه تصاویر مانند شکل ۱۳ به خاطر سادگی تصویر، نمودار همگرایی الگوریتم ژنتیک بعد از تکرار ۱۰۰ ام تغییر زیادی ندارد، اما به دلیل وجود تصاویر متنوع‌تر در پایگاه داده و با توجه به نتایج ارزیابی متقابل تعداد تکرار الگوریتم ژنتیک ۵۰۰ در نظر گرفته شده است. نکته دیگر در برخی موارد با تعداد تکرار بیش‌تر در الگوریتم شبیه‌سازی تبرید مناطق با شباهت بیش‌تر و به طبع بلوک‌های کوچک‌تر یافت می‌شوند. شکل ۱۵ این نتیجه را نشان می‌دهد.



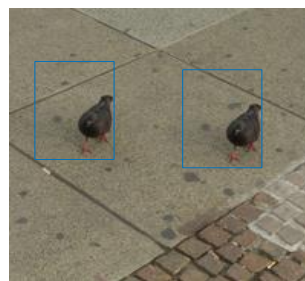
ب) نمودار همگرایی الگوریتم ژنتیک



الف) خروجی الگوریتم ژنتیک

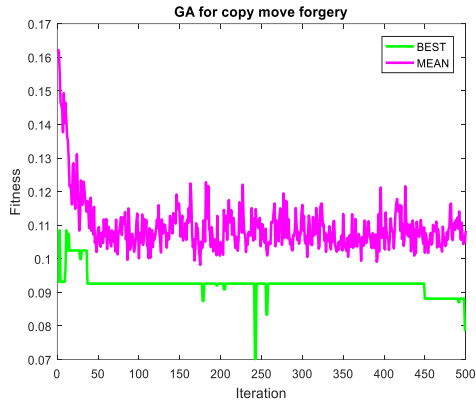


د) نمودار همگرایی الگوریتم شبیه‌سازی تبرید



ج) خروجی الگوریتم شبیه‌سازی تبرید

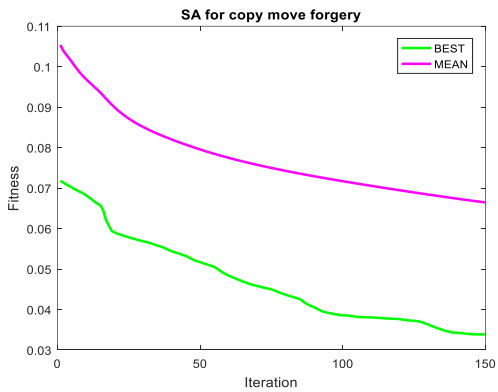
شکل (۱۳): اعمال روش پیشنهادی بر روی تصویر از پایگاه داده CoMoFod



ب) نمودار همگرایی الگوریتم ژنتیک



الف) خروجی الگوریتم ژنتیک

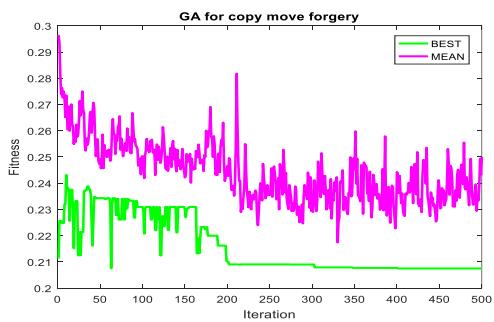


د) نمودار همگرایی الگوریتم شبیه‌سازی تبرید



ج) خروجی الگوریتم شبیه‌سازی تبرید

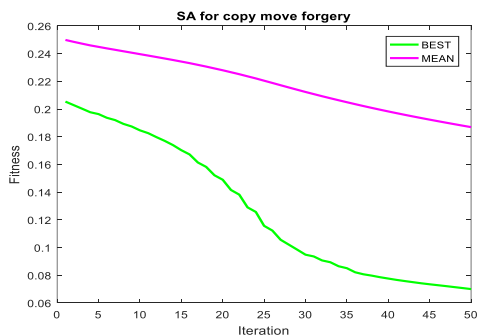
شکل (۱۴): اعمال روش پیشنهادی بر روی تصویر از مقاله [۲۰]



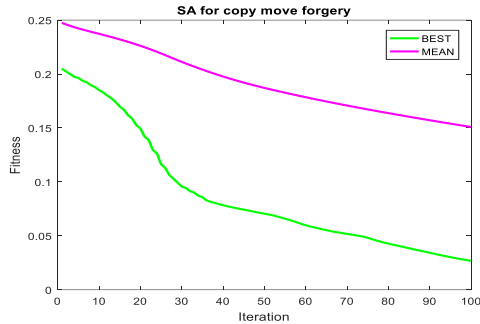
ب) نمودار همگرایی الگوریتم ژنتیک



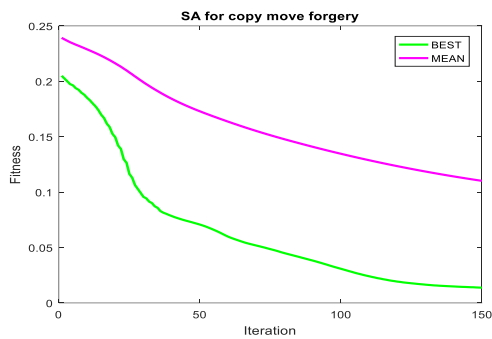
الف) خروجی الگوریتم ژنتیک



د) نمودار همگرایی الگوریتم شبیه‌سازی تبرید برای ۵۰ بار تکرار

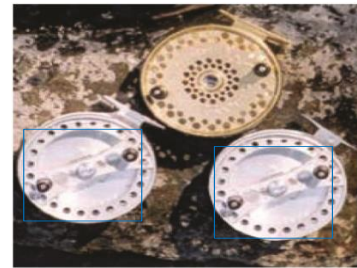


ی) نمودار همگرایی الگوریتم شبیه‌سازی تبرید برای ۱۰۰ بار تکرار

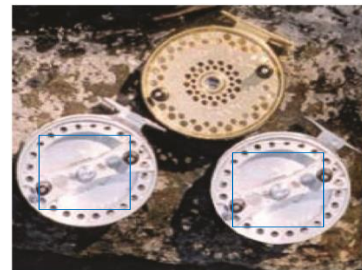


ک) نمودار همگرایی الگوریتم شبیه‌سازی تبرید برای ۱۵۰ بار تکرار

ج) خروجی الگوریتم شبیه‌سازی تبرید برای ۵۰ بار تکرار



ه) خروجی الگوریتم شبیه‌سازی تبرید برای ۱۰۰ بار تکرار



ط) خروجی الگوریتم شبیه‌سازی تبرید برای ۱۵۰ بار تکرار

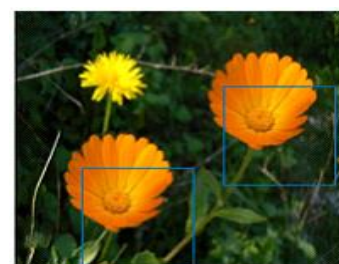
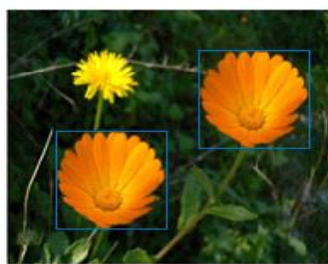
شکل (۱۵): اعمال روش پیشنهادی بر روی تصویر مقاله [۲۲]

برای ارزیابی روش پیشنهادی و محاسبه معیارها در ابتدا ابعاد بلوک‌های جعل تصاویر موجود در پایگاه داده محاسبه می‌شود. سپس روش پیشنهادی سعی در پیدا کردن این بلوک‌ها با ابعاد مشخص شده می‌کند.

شکل ۱۶ و ۱۷ دو نمونه از این آزمایش را نشان می‌دهد. در این پژوهش علاوه بر میانگین اختلاف بلوک‌ها به‌عنوان تابع هزینه دو الگوریتم مورد استفاده، از میانگین اختلاف الگوی باینری محلی هم استفاده شده است. جدول ۵ و ۶ نتایج ارزیابی روش پیشنهادی و مقایسه با کارهای دیگران را نشان می‌دهد.



نواحی جعل



خروجی الگوریتم ژنتیک بعد از ۵۰۰ بار تکرار

ارزیابی روش‌های جعل بر دو پایه تشخیص تصویر جعل و تشخیص پیکسل جعل صورت می‌گیرد [۲۳]. در روش اول باید بر چسب تصاویر در دو دسته جعل و سالم و در روش دوم برچسب پیکسل‌ها در دو دسته جعل و سالم مشخص باشد.

در این پژوهش از روش تشخیص پیکسل‌های جعل برای ارزیابی روش پیشنهادی استفاده می‌شود. با استفاده از ماتریس آشفتگی می‌توان معیارهایی نظیر دقت، صحت، نرخ مثبت نادرست (نسبت تعداد پیکسل‌هایی که به نادرستی به‌عنوان جعل شناسایی شده‌اند به تعداد پیکسل‌هایی که جعل هستند) را محاسبه کرد.

خروجی الگوریتم شبیه‌سازی تبرید بعد از ۱۵۰ بار تکرار

شکل (۱۶): اعمال روش پیشنهادی بر روی تصویری از مقاله [۲۱] برای یافتن جفت بلوک جعل به اندازه ۷۶×۶۶



نواحی جعل



خروجی الگوریتم شبیه‌سازی تبرید بعد از ۱۵۰ بار تکرار



خروجی الگوریتم ژنتیک بعد از ۵۰۰ بار تکرار

شکل (۱۷): اعمال روش پیشنهادی بر روی تصویری از پایگاه داده CoMoFod برای یافتن جفت بلوک جعل به اندازه ۵۲×۷۲

جدول (۵): معیارهای ارزیابی روش پیشنهادی

FPR	Accuracy	Precision	تابع هزینه	نوع تصویر مورد استفاده
۹/۷۹	۹۵/۲۶	۹۰/۵۷	Mean(ABS(Block1 – Block2))	تصاویر خاکستری
۱۰/۷	۹۴/۶۶	۸۹/۳۵	Mean(ABS(Block1 – Block2))	تصاویر رنگی
۹/۸۳	۹۵/۰۵	۹۰/۱۵	Mean(ABS(LBP(Block1) – LBP(Block2)))	تصاویر خاکستری

بلوک‌ها بررسی شود، محاسبات زیادی دارد. در حالی که روش بر پایه نقاط کلیدی محاسبات کم‌تری دارد و در برابر تغییراتی مثل دوران و مقیاس مقاوم‌تر است. در این مقاله از روش بر پایه بلوک‌بندی استفاده شده است؛ ولی به جای در نظر گرفتن تمام بلوک‌ها و مقایسه بلوک‌ها با هم و محاسبات زیاد، تنها تعدادی جفت بلوک به صورت تصادفی با ارتفاع و پهنایی برابر نصف پهنای و ارتفاع تصویر اصلی ایجاد می‌شود و با الگوریتم ژنتیک به سمت جواب‌های مشکوک به جعل حرکت داده می‌شوند. سپس جواب به‌دست‌آمده از الگوریتم ژنتیک به‌عنوان جواب اولیه به الگوریتم شبیه‌سازی تبرید داده‌شده تا مناطق جعل دقیق‌تر کشف شوند. برای ارزیابی روش پیشنهادی از تصاویر شامل جعل کپی - انتقال ثابت دو پایگاه داده CoMoFod و COVERAGE استفاده شده است. نتایج نشان‌دهنده عملکرد رضایت‌بخش روش پیشنهادی بر روی این تصاویر است.

جدول (۶): مقایسه روش پیشنهادی با کارهای دیگران بر روی پایگاه

داده CoMoFod

FPR	Precision	Accuracy	روش
۱۱/۸	۸۵/۲	۸۵/۷۴	مقاله [۲۴]
۹/۸	۹۳/۲۳	۹۴/۲۲	مقاله [۲۵]
۷/۵۴	۹۲/۶۱	۹۶/۵۶	روش پیشنهادی

۶- نتیجه‌گیری

جعل کپی - انتقال تصویر که بخش یا بخش‌هایی از یک تصویر در همان تصویر کپی می‌شوند، یکی از روش‌های مرسوم در جعل تصاویر است. دو روش سنتی برای تشخیص جعل کپی - انتقال وجود دارد که بر پایه بلوک‌بندی و نقاط کلیدی است. روش بلوک‌بندی به دلیل این که باید تمام بلوک‌ها و تمام نقاط درون

References

- [1] N. B. Abd Warif, A. W. A. Wahab, M. Y. I. Idris, R. Ramli, R. Salleh, S. Shamshirband and K. K. R. Choo, "Copy-move forgery detection: survey, challenges and future directions," *Journal of Network and Computer Applications*, vol. 75, pp. 259-278, 2016, doi: 10.1016/j.jnca.2016.09.008.
- [2] R. Agarwal and O. P. Verma, "An efficient copy move forgery detection using deep learning feature extraction and matching algorithm," *Multimedia Tools and Applications*, vol. 79, no. 11, pp. 7355-7376, 2020, doi: 10.1007/s11042-019-08495-z.
- [3] O. M. Al-Qershi and B. E. Khoo, "Evaluation of copy-move forgery detection: datasets and evaluation metrics," *Multimedia Tools and Applications*, vol. 77, pp. 31807-31833, 2018, doi: 10.1007/s11042-018-6201-4.
- [4] E. Ardizzone, A. Bruno, and G. Mazzola, "Copy-move forgery detection by matching triangles of keypoints," *IEEE Transactions on Information Forensics and Security*, vol. 10, no. 10, pp. 2084-2094, 2015, doi: 10.1109/TIFS.2015.2445742.
- [5] M. A. Beheshtinia, A. Borumand, M. R. Taheri and H. Babaei, "Vehicle Routing in a Multi-product Supply Chain using Populated Simulated Annealing Algorithm," *Research in Production and Operations Management*, vol. 9, no. 1, pp. 1-27, 2018, doi: 10.22108/JPOM.2018.92451.0.
- [6] D. Chauhan, D. Kasat, S. Jain and V. Thakare, "Survey on keypoint based copy-move forgery detection methods on image," *Procedia Computer Science*, vol. 85, pp. 206-212, 2016, doi: 10.1016/j.procs.2016.05.213.
- [7] D. Cozzolino, G. Poggi and L. Verdoliva, "Copy-move forgery detection based on patchmatch," In *2014 IEEE international conference on image processing (ICIP)*, IEEE, Paris, France, October. 2014, pp. 5312-5316, doi: 10.1109/ICIP.2014.7026075.
- [8] M. A. Elaskily, H. A. Elnemr, A. Sedik, M. M. Dessouky, G. M. El Banby, O. A. Elshakankiry and F. E. Abd El-Samie, "A novel deep learning framework for copy-move forgery detection in images," *Multimedia Tools and Applications*, vol. 79, pp. 19167-19192, 2020, doi: 10.1007/s11042-020-08751-7.
- [9] N. Goel, S. Kaur and R. Bala, "Dual branch convolutional neural network for copy move forgery detection," *IET Image Processing*, vol. 15, no. 3, pp. 656-665, 2021, doi: 10.1049/ipr2.12051.
- [10] M. F. Hashmi, A. R. Hambarde and A. G. Keskar, "Copy move forgery detection using DWT and SIFT features," In *2013 13th International conference on intelligent systems design and applications*, IEEE, Salangor, Malaysia, December. 2013, pp. 188-193, doi: 10.1109/ISDA.2013.6920733.
- [11] J. H. Holland, "Adaptation in natural and artificial systems: an introductory analysis with applications to biology, control, and artificial intelligence," *MIT press*, 1992, [Online]. Available.
- [12] L. Koshy and S. PraylaShyry, "Copy-move forgery detection and performance analysis of feature detectors," In *2020 International Conference on Communication and Signal Processing (ICCSP)*, IEEE, Chennai, India, July. 2020, pp. 41-45, doi: 10.1109/ICCSP48568.2020.9182066.
- [13] T. Mahmood, Z. Mehmood, M. Shah and T. Saba, "A robust technique for copy-move forgery detection and localization in digital images via stationary wavelet and discrete cosine transform," *Journal of Visual Communication and Image Representation*, vol. 53, pp. 202-214, 2018, doi: 10.1016/j.jvcir.2018.03.015.
- [14] T. Mahmood, T. Nawaz, R. Ashraf, M. Shah, Z. Khan, A. Irtaza and Z. Mehmood, "A survey on block based copy move image forgery detection techniques," In *2015 International Conference on Emerging Technologies (ICET)*, IEEE, Peshawar, Pakistan, December. 2015, pp. 1-6, doi: 10.1109/ICET.2015.7389169.
- [15] T. Mahmood, T. Nawaz, A. Irtaza, R. Ashraf, M. Shah and M. T. Mahmood, "Copy-move forgery detection technique for forensic analysis in digital images," *Mathematical Problems in Engineering*, 2016, doi: 10.1155/2016/8713202.
- [16] T. Mahmood, T. Nawaz, A. Irtaza, R. Ashraf, M. Shah and M. T. Mahmood, "Copy-move forgery detection technique for forensic analysis in digital images," *Mathematical Problems in Engineering*, pp. 1-13, 2016, doi: 10.1155/2016/8713202.
- [17] Z. Mohamadian and A. A. Pouyan, "Detection of duplication forgery in digital images in uniform



- and non-uniform regions,” In *2013 UKSim 15th International Conference on Computer Modelling and Simulation*, IEEE, Cambridge, UK, April. 2013, pp. 455-460, doi: 10.1109/UKSim.2013.94.
- [18] J. Ouyang, Y. Liu and M. Liao, “Copy-move forgery detection based on deep learning,” In *2017 10th international congress on image and signal processing, biomedical engineering and informatics (CISP-BMEI)*, IEEE, Shanghai, China, October. 2017, pp. 1-5, doi: 10.1109/CISP-BMEI.2017.8301940.
- [19] Y. Rodriguez-Ortega, D. M. Ballesteros and D. Renza, “Copy-move forgery detection (CMFD) using deep learning for image and video forensics,” *Journal of imaging*, vol. 7, no. 3, pp. 1-16, 2021, doi: 10.3390/jimaging7030059.
- [20] I. J. Sreelakshmy and B. C. Kooor, “Hybrid method for copy-move forgery detection in digital images,” In *International Conference on ISMAC in Computational Vision and Bio-Engineering*, Cham: Springer International Publishing, May. 2018, pp. 119-127, doi: 10.1007/978-3-030-00665-5_13.
- [21] D. Tralic, I. Zupancic, S. Grgic and M. Grgic, “CoMoFoD—New database for copy-move forgery detection,” In *Proceedings ELMAR-2013*, IEEE, Zadar, Croatia, September. 2013, pp. 49-54.
- [22] B. Wen, Y. Zhu, R. Subramanian, T. T. Ng, X. Shen and S. Winkler, “COVERAGE—A novel database for copy-move forgery detection,” In *2016 IEEE international conference on image processing (ICIP)*, IEEE, Phoenix, AZ, USA, September. 2016, pp. 161-165, doi: 10.1109/ICIP.2016.7532339.
- [23] F. Zare mehrjardi, M. Zare mehrjardi, A. M. Latif and M. Ghasemzadeh, “Enhancing E-Security by Inserting a Watermark Using the Combination of Genetic Algorithm and Tabu Search,” *Journal of Electronic and Cyber Defense*, vol. 8, no. 3, pp. 25-37, 2020, doi: 20.1001.1.23224347.1399.8.3.3.7 [In Persian].
- [24] Z. Mohamadian, “Proposing an efficient method to detect forged digital images,” Faculty Computer Engineering & Information Technology, Shahrood University of Technology, Shahrood, Semnan, 2013 [In Persian].
- [25] F. Hoveyda and A. Shahbahrami, “Performance evaluation of block-based copy- move image forgery detection algorithms,” *Journal of Soft Computing*, vol. 7, no. 13, pp. 62-79, 2018, doi: 10.22052/7.1.62 [In Persian].

Detection of copy-move forgery in digital images using genetic algorithm and simulating annealing algorithm

Fatemeh Zare Mehrjardi¹, AliMohammad Latif^{2*}

¹PhD Student Computer Engineering Department, Yazd University, Yazd, Iran

²Associate Professor Computer Engineering Department, Yazd University, Yazd, Iran

Article Information

Original Research Paper

Received:

2022 February 7

Accepted:

2022 March 31

Keywords:

Copy Move Forgery, Genetic Algorithm, Simulating Annealing Algorithm

Corresponding Author*:

alatif@yazd.ac.ir

Abstract

In copy-move forgery a part of the image is copied and transferred to another location in the same image. This is done with the aim of hiding certain details from the image or duplicating special effects in the image. The purpose of copy-move forgery is to find the similar area in the image. In this paper, the discovery of copy-move forgery in digital images with the help of a combination of genetic algorithm and simulating annealing is proposed. In this method, there is a chromosome length of 6 genes, of which 4 genes related to the points in upper left of the two rectangular blocks and 2 remained genes related to length and width of blocks. The fitness function is the absolute value of the difference in brightness between the two blocks. In this method, using the genetic algorithm, the suspected of forgery blocks was detected, then with the simulating annealing algorithm, the accurate of the forgery blocks was determined. According to the convergence diagrams, the results show that the proposed copy-move image detects correctly.

 : 10.22034/ ABMIR.2025.18026.1006

E-ISSN: [2821-2037](https://doi.org/10.22034/ABMIR.2025.18026.1006)

/The Author 2024. Published by Yazd University This is an open

access article under the CC BY 4.0 License (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

