

---

# Algorithmes Génétiques et généralisation de MNT marins

David Brosset\* - Thomas Devogele\*\*

\* Université de Bretagne Sud, Centre de recherche Yves Coppens  
56 000 Vannes, France  
brosset.david@wanadoo.fr

\*\* Institut de Recherche de l'Ecole Navale (IRENav)  
Lanvéoc, Poulmic, BP 600 29 240 Brest Naval  
devogele@ecole-navale.fr

---

*RÉSUMÉ. La manipulation de données géographiques doit souvent satisfaire plusieurs objectifs contradictoires. Pour ce type de problème, Les algorithmes génétiques sont particulièrement adaptés. Cependant, ils doivent être modifiés afin de prendre en compte les spécificités de ces données. A travers, la généralisation de modèles numériques de terrain marin, cet article présente les avantages et les adaptations nécessaires de ces algorithmes. Les résultats obtenus seront comparés avec les résultats d'un algorithme classique.*

*ABSTRACT. Spatial data handling must often answer to conflicting objectives. For this kind of problem, genetic algorithms (GA) are very suited. Nevertheless, they must be custom to take into account the particularities of spatial data. Thru generalization of digital elevation models (DEM), this article shows the advantages and the needed adaptations for these algorithms. Generalized DEM obtained by GA are evaluated in regard of classical method's.*

*MOTS-CLÉS : Algorithmes génétiques, généralisation cartographique, non-dominance de Pareto, NSGA, Modèle Numérique de Terrain, géomorphologie*

*KEY WORDS Pareto genetic algorithm, cartographic generalization, NSGA, Digital elevation model, geomorphology*

---

## 1. Introduction

La manipulation de données géographiques (découpage de territoire, distribution d'un ensemble d'objets dans l'espace, généralisation cartographique ...) doit souvent répondre à plusieurs objectifs contradictoires. Pour certains de ces problèmes, des heuristiques permettent, par évaluations successives d'un ensemble limité de solutions candidates, de les résoudre dans un temps restreint. Pour les autres, aucune heuristique satisfaisante n'est connue. Cependant, il est souvent

possible, à l'aide d'un ensemble de critères fonctions de ces objectifs, de comparer des solutions candidates.

Dans des domaines ayant des problèmes similaires, les algorithmes génétiques sont fréquemment employés (Coello et *al.*, 2002). Ils ont aussi été parfois testés pour manipuler des données géographiques (Josselin et *al.*, 2000) (van Dijk et *al.*, 2002). Cet article va présenter dans un premier temps, les algorithmes génétiques classiques. Puis, le problème de la généralisation de MNT marins et plus particulièrement de la sélection de sondes, sera exposé. Il servira à démontrer l'intérêt de ces algorithmes pour les données géographiques. Néanmoins, ces algorithmes nécessitent au préalable des adaptations, pour qu'ils soient efficaces. Ainsi, les spécificités des données géographiques (voisinages, contraintes spatiales) doivent être prises en compte. Finalement, un MNT généralisé obtenu à l'aide d'un algorithme génétique multi objectifs, sera comparé à celui généralisé à l'aide d'une méthode classique.

## 2. Algorithme Génétique classique

Les principes des algorithmes génétiques ont été développés par Holland (Holland 1975). Ces algorithmes traitent des problèmes d'optimisation sans heuristique, pour lequel il existe une infinité de solutions. Dans ce cas, Holland suggère une **métaheuristique**. Il propose, au lieu d'essayer naïvement toutes les solutions une à une, de parcourir cet espace en se laissant guider par les principes d'évolution biologique des espèces, basés sur :

- la survie et la reproduction des individus les plus forts,
- la transmission des bons gènes des parents, à leurs enfants,
- L'ajout d'une part de hasard.

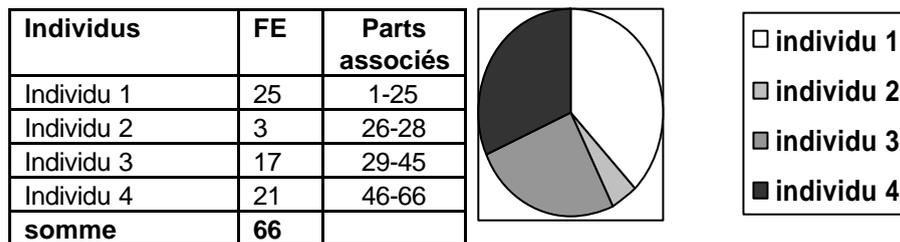
Le but des algorithmes génétiques n'est pas de trouver, le plus rapidement possible, la meilleure solution. Leur objectif est de transformer un ensemble de solutions éventuelles, appelées individus, formant une population, en une nouvelle population (génération) « meilleure ». Pour résoudre un problème, il est donc nécessaire de **coder** les individus sous la forme d'une « chaîne de symboles informatiques ». Cette dernière est similaire à un génome constitué d'une chaîne de gènes. Les algorithmes génétiques classiques se caractérisent par l'enchaînement des phases suivantes :

- Générer aléatoirement la population initiale
- Calculer la fonction d'évaluation pour chaque individu
- Répéter
  - Sélectionner des couples de parents
  - Croiser (reproduction des parents)
  - Réaliser quelques mutations
  - Calculer la fonction d'évaluation pour chaque enfant et mutant
  - Définir la nouvelle population
- Jusqu'à satisfaire un critère d'arrêt

Pour la première génération : la population initiale, les individus sont généralement créés au hasard. Une population compte entre quelques dizaines d'individus pour les exemples les plus simples à plusieurs milliers d'individus. Une fois les individus générés, il est nécessaire d'évaluer chaque individu, pour favoriser les «bons». Une **fonction d'évaluation (FE** ou fitness function) doit donc être définie. Ainsi, plus la valeur de la FE d'un individu est élevée, plus ses allèles (valeurs de ses gènes) sont pertinents. Cette évaluation se fait le plus souvent à l'aide de plusieurs critères. Dans ce cas, une moyenne pondérée ou une autre fonction d'agrégation peut être employée pour agréger les valeurs de chaque critère.

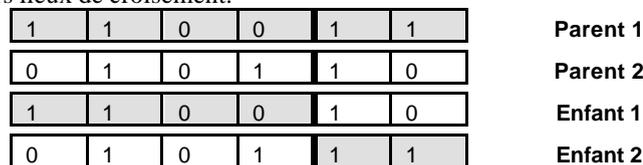
Dans un deuxième temps, les couples d'individus (parents) qui pourront se reproduire sont sélectionnés, à l'aide le plus souvent, de tournoi ou de roue biaisée. Le processus de tournoi consiste, pour chaque couple, à tirer au hasard  $x$  individus ( $x > 2$ ), et à garder comme parents les 2 meilleurs.

Le processus basé sur une roue biaisée, associe à chaque individu un nombre de parts de la roue proportionnel à sa FE. Pour déterminer un parent, un numéro de part est tiré au sort, et l'individu associé est sélectionné. Pour l'exemple de la figure 1, une roue de 66 parts est créée. Le nombre de parts est égal à la FE. Pour tirer au sort deux couples de parents, si les tirages ont donné les numéros 31 et 14 puis 44 et 53, alors les couples individu 3 et individu 1 puis individu 3 et individu 4 sont créés.



**Figure 1** : Evaluation de 4 individus et parts de la roue associés

L'étape suivante est le **croisement** des parents de chaque couple. Cette manipulation a pour but de générer deux enfants à partir des gènes de deux parents. Le gène  $j$  de l'enfant 1 sera le gène d'un des deux parents. Le gène  $j$  de l'enfant 2 sera le gène de l'autre parent. Le plus souvent, un lieu de croisement est défini aléatoirement. L'enfant 1 a pour gènes ceux du parent 1 avant le lieu de croisement et les gènes du parent 2 après ce lieu (cf. figure 2). Il est aussi possible de définir plusieurs lieux de croisement.



**Figure 2** : Exemple de croisement (lieu de croisement entre le 4<sup>ième</sup> et le 5<sup>ième</sup> gène)

La deuxième opération de manipulation des gènes est la **mutation**. Elle consiste à modifier aléatoirement une petite partie du génome de quelques individus à chaque génération afin de créer des opportunités et d'éviter les optima locaux.

Les nouveaux individus (enfants et mutants) sont alors évalués. A partir des N individus de l'ancienne population, des N enfants et des M mutants, il faut maintenant **définir la nouvelle population** de N individus et supprimer les autres individus. La population peut être 100% nouvelle. Seuls les enfants sont conservés. Cette méthode n'est pas assez **élitiste**. Des parents ayant une FE supérieure à celle d'enfants sont supprimés. A l'opposé, une méthode ne conservant que les N meilleurs individus, peut aussi être retenue. Cette alternative souffre d'un manque de **diversité**. Une solution ayant un capital génétique original, sera supprimée si sa FE est trop faible. Elle entraîne des risques en terme de convergence de la population vers un optimum local.

Ce cycle (sélection, croisement, mutation, évaluation de la FE, nouvelle génération) se reproduit tant qu'un critère d'arrêt n'est pas vérifié. Ce critère peut être un nombre de générations défini empiriquement ou un critère de stagnation. Dans ce deuxième cas, si la FE des meilleurs individus varie peu, durant un nombre de générations prédéterminé, alors l'algorithme est arrêté. La solution retenue est l'individu ayant la FE la plus élevée dans la dernière génération.

### 3. Généralisation de MNT marin et sélection de sondes

Comme toute carte, la carte marine (cf. figure 3) est une représentation plane d'une partie de la surface du globe. Elle doit permettre à l'utilisateur de se localiser dans son environnement naturel, par l'intermédiaire d'un graphisme et d'une symbolique adaptés aux besoins. La carte marine est avant tout un outil de navigation qui doit privilégier la sécurité de son utilisateur. Celui-ci étant rendu aveugle par la présence de l'eau, une des priorités est la mise en évidence du relief sous-marin et de ses dangers. Ce relief est défini à partir de **sondes** (relevés de profondeur identifiés sur la carte par leur valeur) et **d'isobathes** (lignes de profondeur constante). Cet article ne concerne que la généralisation des sondes.

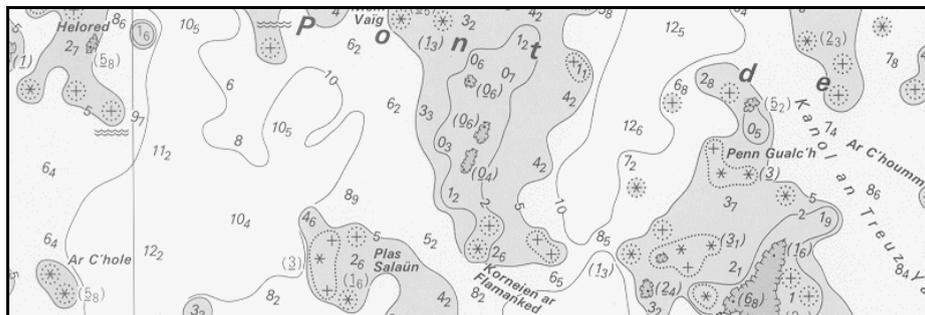


Figure 3 : Extrait de la carte Raz de Sein au 1/20 000 carte SHOM<sup>®</sup> n° 7142

La **généralisation** de représentation géographique consiste à modifier les données, afin d'obtenir une représentation plus simple et plus abstraite. Le but de la généralisation est donc de réduire le nombre de données transmises en conservant autant que possible l'essentiel de l'information qu'elles véhiculent. La carte marine devant assurer juridiquement la sécurité de l'utilisateur, sa généralisation est caractérisée par l'existence de contraintes imposées par des normes de l'Office Hydrographique International (OHI). En relation avec la classification des contraintes définies par K. Beard (Beard, 1991), on peut identifier :

– les **contraintes applicatives de sécurité** : la représentation issue du processus de généralisation doit fournir une « enveloppe haute » de la représentation initiale. En conséquence, les profondeurs sur la carte doivent être inférieures aux profondeurs réelles.

– les **contraintes graphiques de lisibilité** : la représentation généralisée doit respecter des règles cartographiques de lisibilité. Pour toute sonde, la sonde la plus proche doit être à une distance comprise entre 0,4 cm et 4 cm carte.

– les **contraintes structurales de maintien de la géomorphologie** : l'utilisation de la carte marine impose que le caractère géomorphologique des fonds (pente, rugosité) soit au mieux maintenu. Dans le même temps, les éléments caractéristiques du relief doivent être conservés et mis en évidence. On préserve entre autres les sommets et les cuvettes.

D'autres contraintes qui ne sont pas employées dans cet article, sont décrites dans (Saux *et al.*, 2002). Dans notre cas, les sondes ne pouvant pas être déplacées (contrainte défini par l'OHI), la généralisation du MNT marin consiste uniquement à sélectionner un ensemble de sondes, en respectant au mieux les contraintes.

L'heuristique la plus employée pour sélectionner les sondes, a été définie par **Oraas** (Oraas, 1975). Elle consiste à trier les sondes, de la moins profonde à la plus profonde, puis à sélectionner la moins profonde non encore traitée et supprimer celles qui sont à une distance  $R$  de cette sonde. Ce processus est répété jusqu'à ce que toutes les sondes soient traitées. Les résultats de cette méthode, seront présentés dans le chapitre 5. D'autres approches ont été proposées comme (Zoraster, 1992) et (Lysandros *et al.*, 1997), mais ne sont pas satisfaisantes. La première, nécessite au préalable la définition des isobathes, ce qui n'est pas envisageable. La deuxième, a une approche système expert. Elle ne permet de traiter qu'un millier de sondes, ce qui est trop peu. Il n'existe donc pas une heuristique acceptable pour obtenir un MNT généralisé répondant aux contraintes.

#### **4. Adaptation des algorithmes génétiques aux données géographiques**

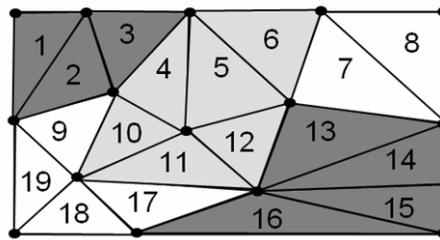
La manipulation de données géographiques par des algorithmes génétiques pose deux problèmes. Premièrement, il faut s'assurer que les parents transmettent leurs bonnes propriétés à leurs enfants, lors du croisement. Cette transmission implique la prise en compte des notions de voisinage. Deuxièmement, l'évaluation

globale d'objectifs contradictoires nécessite de pouvoir évaluer l'ensemble des critères sans en privilégier un.

#### 4.1. Transmissions des bonnes propriétés

Pour comprendre les problèmes liés à la transmission des bonnes propriétés aux enfants, il faut introduire la notion de **schèmes** ou « **buildings blocks** ». Un schème est un groupe d'allèles fortement interdépendant. Il est important que le codage puisse faire ressortir les schèmes et que les croisements favorisent leur conservation.

Pour les données géographiques, la notion de schème est souvent à rapprocher de celle de voisinage. Hélas, certains **codages** ne permettent pas de représenter les schèmes. Pour notre exemple, de sélection de sondes, un codage trivial convient : Un génome avec autant de gènes que de sondes. Chaque gène peut prendre pour valeur (allèles) 1 ou 0. Si le gène  $i$  a pour allèle 1, cela signifie que cette sonde est sélectionnée. Par contre, pour d'autres problèmes, le choix du codage est plus complexe. Par exemple, pour définir, à l'aide d'un algorithme génétique une partition de l'espace en groupes homogènes, plusieurs codages sont possibles. Un codage simple sous la forme : à chaque cellule, un gène est associé et sa valeur est un numéro de groupe, n'est pas adapté. En effet, lors des croisements, les parties des parents vont être scindées en de plus petites parties. Il est alors nécessaire d'ajouter à l'algorithme une phase d'agrégation de ces parties. Une telle phase a été proposée dans (Josselin et *al.*, 2000) pour un découpage territorial. Afin d'éviter de scinder dans des parties différentes, des cellules voisines homologues, il est préférable de coder les relations locales de voisinage (telle cellule fait partie du même groupe que telle voisine homologue) au détriment des relations globales (l'appartenance d'une cellule à un groupe). Les relations globales pouvant être reconstruites, cette solution permet de ne pas perdre les relations de voisinage, lors des croisements. La figure 4 illustre ce type de codage. La valeur 5 du 12<sup>ème</sup> gène signifie que le triangle 12 est dans le même groupe que le 5.



2	3	2	10	6	5	8	7	19	4	12	5	14	15	16	15	18	19	9
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19

**Figure 4 :** exemple de partition de l'espace et génome correspondant

De même, les **croisements** doivent favoriser la conservation des schèmes. Ainsi, pour notre application de sélection de sondes, pour les bonnes solutions, la

valeur 1 pour un gène est lié aux valeurs 0 pour les gènes représentant les sondes proches (au moins 0,4 cm et jusqu'à 4 cm). Des groupes d'allèles avec un 1 et plusieurs 0, forment des schèmes. Le processus de croisement doit donc les prendre en compte. Il est alors déconseillé d'employer des processus de croisement ne maintenant pas les schèmes, tel :

- Définition de lieux de croisement aléatoire sur le génome, ce qui détruit un très grand nombre de schèmes.

- Définition d'une ligne de cassure aléatoire coupant l'espace en deux. Les gènes associés aux sondes à droite de la ligne de cassure du parent 1 sont associés aux gènes « à gauche » du parent 2 pour former l'enfant 1 (et réciproquement pour l'enfant 2). Ce processus n'est pas optimum, dans le sens où, sur la ligne de cassure des schèmes peuvent être détruits.

Le processus de croisement retenu conservant les schèmes, consiste à retenir aléatoirement pour l'enfant 1, 50% des sondes sélectionnées (allèle égal à 1) dans le parent 1, et d'y ajouter les sondes voisines supprimées. Les autres allèles sont pris dans le parent 2. Une cassure contournant les schèmes du parent 1 aurait aussi pu être employée.

Finalement, cette notion de schème a aussi été employée pour définir la **population initiale**, de manière optimale. Un nombre (fonction de l'échelle) de sondes ont été sélectionnées de manière aléatoire et leurs voisines supprimées.

## **4.2. Evaluation des solutions**

Pour favoriser les bons individus, les critères d'évaluation doivent prendre en compte plusieurs contraintes souvent contradictoires. La définition puis la combinaison de ces critères vont être présentées à travers l'application de généralisation de MNT marin.

### **4.2.1 Définition des critères d'évaluation**

Pour évaluer les individus, **5 contraintes** ont été définies. Parmi ces contraintes, deux sont dites **fortes**, elles doivent être toujours vérifiées. Une solution ne respectant pas une contrainte forte étant inacceptable, il a été décidé de corriger tout individu ne les respectant pas. Toutes les solutions une fois corrigées, les vérifiant, il n'est pas nécessaire de les évaluer. Les trois autres sont dites **faibles**, elles doivent être respectées au mieux, l'ensemble des contraintes ne pouvant pas être vérifiées simultanément. Ces dernières sont évaluées par des critères.

Les critères de **sécurité** sont évalués par deux contraintes :

- La sonde la moins profonde dans un grand voisinage (de rayon R) doit être sélectionnée. Cette contrainte est forte, chaque sonde de ce type, est obligatoirement sélectionnée. En conséquence, toute solution violant cette contrainte sera corrigée.

- à l'emplacement d'une sonde supprimée, la profondeur obtenue par approximation, doit être inférieure à la profondeur de la sonde. Cette contrainte faible

donne lieu à la définition d'un critère d'évaluation  $C_{\text{séu}}$ . La méthode d'approximation utilisée est la méthode de l'inverse des distances, limitée aux voisins de distance R (Arnaud et al., 2000 p 68)

La **lisibilité** est évaluée par deux contraintes :

- Pour chaque sonde, la sonde la plus proche doit être à une distance entre 0,4 et 4 cm carte. Cette contrainte étant forte, tout individu ne la respectant pas, sera corrigé.

- la moyenne des distances entre une sonde et la sonde la plus proche, doit être d'environ 1,5 cm carte. Cette contrainte faible est évaluée par le critère d'évaluation  $C_{\text{lisi}}$ .

La **géomorphologie** est évaluée par un critère  $C_{\text{géo}}$  qui évalue la préservation des sondes les plus profondes (cuvettes) dans un voisinage de rayon  $R'$  et la traduction de la rugosité des fonds océaniques par une densité de sondes proportionnelle.

Les deux contraintes fortes entraînent des corrections des solutions. Ces corrections sont comparables à des mutations forcées. Cette approche hybride (algorithme génétique et corrections forcées) a aussi été retenue par (van Dijk et al., 2002) pour le placement des toponymes sur une carte.

#### 4.2.2 Optimisation Multicritère et non-Dominance de Pareto

Ces trois critères sont corrélés négativement, c'est-à-dire que l'amélioration d'un des critères entraîne la dégradation d'un des deux autres. La satisfaction simultanée de ces trois critères étant impossible, l'évaluation globale d'un individu par une fonction de type somme pondérée, pose les problèmes suivants. D'une part, en fonction des valeurs des coefficients de pondération un critère va être favorisé. D'autres part, cette approche risque d'entraîner une convergence de l'algorithme génétique vers un optimum local (Coello et al., 2002). Une approche ordre partiel est donc préférable, elle se base sur la notion de **non dominance de Pareto** (Coello et al., 2002) et de rang de solutions. Une solution S est non dominée, s'il n'existe pas de solution S' qui quelque soit le critère  $C_i$ ,  $S.C_i < S'.C_i$ . Les solutions non dominées sont classées de rang 1 et sont enlevées provisoirement de la population. Les solutions de rang 2 sont alors les nouvelles solutions non dominées et ainsi de suite. La figure 5 illustre l'attribution de rangs, pour un exemple avec deux critères.

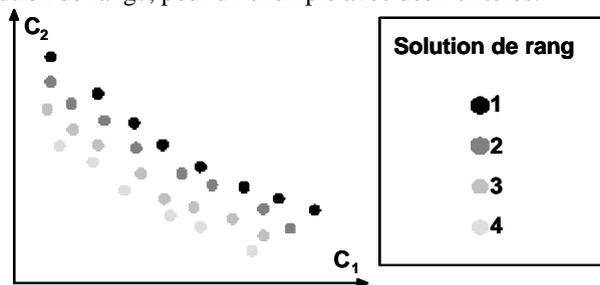
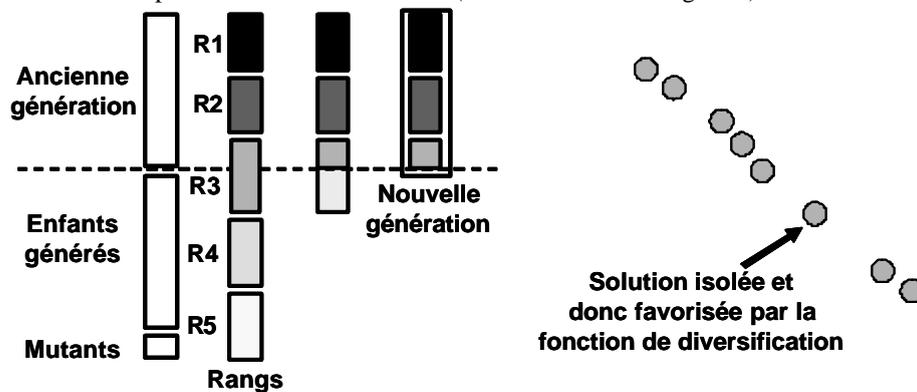


Figure 5 : Exemple de définition de rangs

Une fois la notion de rang définie, L'algorithme Non-dominated Sorting Genetic Algorithm 2<sup>ième</sup> version ou **NSGA II** (Deb et al., 2000) peut être présenté. NSGA II se caractérise par l'enchaînement des phases suivantes :

- Générer aléatoirement la population initiale
- Évaluer chaque critère
- Définir les rangs**
- Répéter
  - Sélectionner des couples (**roue définie à l'aide des rangs**)
  - Croiser (reproduction des parents)
  - Réaliser quelques mutations
  - Évaluer chaque critère
  - Définir les rangs pour l'ensemble parents + nouveaux**
  - Définir la nouvelle population de manière élitiste et diversifié**
- Jusqu'à satisfaire un critère d'arrêt

Par rapport à un algorithme classique, NSGA II se différencie par l'utilisation des rangs. Ainsi, lors de la définition de la roue, le nombre de parts de la roue de chaque solution n'est plus fonction de sa FE, mais de son rang. De même, les N individus de la nouvelle génération sont retenus en fonction de leur rang dans l'ensemble ancienne génération, enfants et mutants. Dans un premier temps, seuls les meilleurs rangs sont sélectionnés de manière élitiste (rang 1 et 2 de la figure 6). Puis, lorsque la cardinalité d'un rang est trop importante, pour qu'il puisse être ajouté en entier (rang 3 de la figure 6), seul les solutions les plus originales sont insérées pour des raisons de préservation de la diversité (solution isolée de la figure 6).



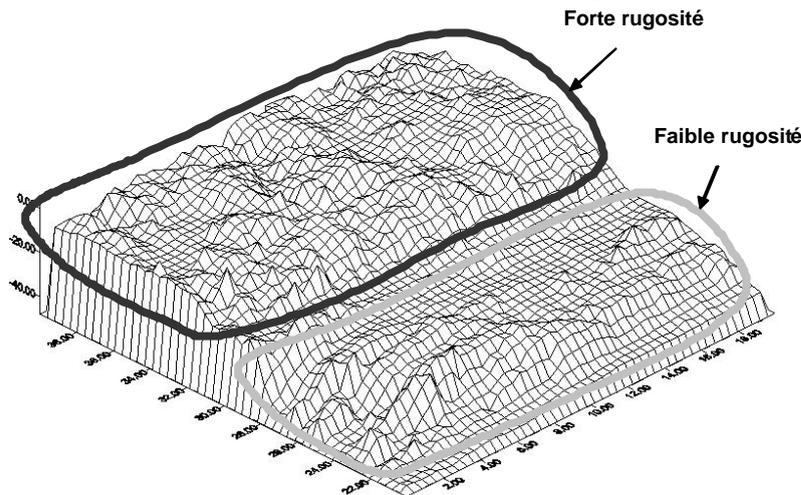
**Figure 6** : choix de la nouvelle génération : définition de rangs, sélection des meilleurs rangs puis des individus les plus originaux.

Parmi la dernière génération, la solution retenue est fonction des valeurs des 3 critères.

Le choix de cette approche ordre partiel, et de l'algorithme est justifié dans (Brosset, 2003). D'autres algorithmes multi objectifs y sont aussi présentés.

## 5. Résultats

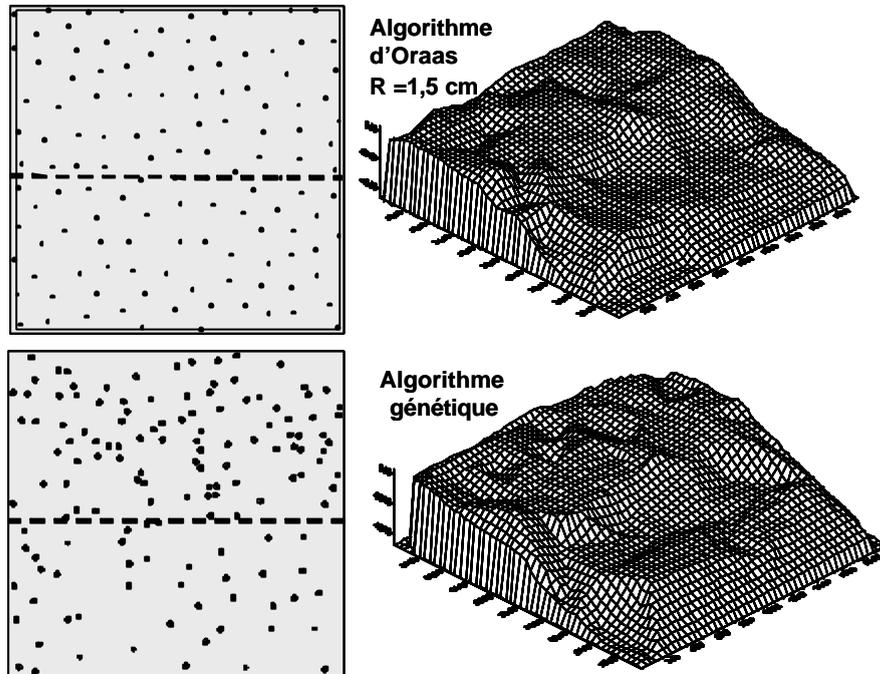
Afin d'illustrer les avantages de cet algorithme de sélection de sondes sur celui d'Oraas, les résultats obtenus sur une zone test vont être comparés. Cette zone contient à l'origine 3187 sondes. Elle a été choisie car elle comporte une zone de forte rugosité au nord et une zone plus plate au sud (cf. figure 7).



**Figure 7 :** MNT d'origine de la zone test avec les 3187 sondes.

Les représentations généralisées (cf. figure 8) ont un nombre final de sondes similaire. Leur comparaison montre l'intérêt de cette méthode tenant compte des trois contraintes. L'algorithme d'Oraas traite la zone de manière uniforme. Les critères géomorphologiques (rugosité...) n'étant pas intégrés, le MNT correspondant apparaît beaucoup plus lisse que le MNT d'origine. Au contraire, l'algorithme génétique permet de faire ressortir la rugosité et de préserver quelques sondes les plus profondes. Le MNT associé est donc moins lisse. D'un point de vue de la lisibilité, les deux algorithmes respectent les contraintes. Par contre l'algorithme génétique a tendance à placer les sondes, aux valeurs limites des distances (0,4 et 4 cm carte). Ce défaut peut être corrigé en rendant moins binaire l'évaluation du critère de lisibilité. Du point de vue de la sécurité, pour les sondes supprimées, l'écart entre la profondeur réel et la profondeur approximée, peut être employé pour comparer les résultats de ces deux algorithmes. En moyenne, cet écart est similaire (< 3 m en valeur absolue). Par contre, le fait d'augmenter le nombre de sondes dans les zones rugueuses, diminue les écarts maxima. En effet, dans ces zones dangereuses, une amélioration de plus de 30 % est constatée. Cependant, le défaut principal de l'algorithme génétique est le temps de calcul nécessaire. Pour cette zone test, quatre heures sont nécessaires, avec un Pentium 4 à 2 Ghz, alors que la sélection par l'algorithme d'Oraas ne met que quelques secondes. Cette différence est imputable, aux principes des algorithmes génétiques. Cette opération de généralisation étant réalisée uniquement à chaque mise à jour, ce défaut n'est pas dommageable.

Cependant, ces algorithmes sont facilement parallélisables, si le temps de calcul s'avère rédhibitoire.



**Figure 8** : résultats de la généralisation (cartes et MNT) avec les 2 algorithmes

## 6. Conclusion

Cette application a permis d'illustrer l'intérêt des algorithmes génétiques multi objectifs et non dominés tel NSGA II, pour la manipulation de données géographiques. Elle a aussi établi que ces algorithmes devaient être adaptés, pour être efficaces. Ils doivent en effet, prendre en compte les notions de voisinage et de contraintes spatiales. Pour cela, les phases de codage et de croisement doivent être définies avec précision. De même, certaines solutions peuvent être corrigées lors de la phase d'évaluation, pour améliorer la convergence de l'algorithme.

En ce qui concerne la sélection de sondes, ce travail donne de premiers résultats prometteurs. Il doit être intégré dans le cadre de la généralisation de cartes marines (Saux et *al.*, 2002). Premièrement, l'utilisation d'une partition de l'espace en zone homogène (pente et rugosité) va permettre de définir les zones où l'algorithme génétique doit être employé et celles où d'autres approches sont préférables (algorithme d'Oraas en zone plate, remplacement des sondes par des isobathes en zone de très forte pente). De même, les travaux en terme de généralisation d'isobathes devront être liés.

## Références :

- Arnaud M., Emery X., *Estimation et interpolation spatiale méthodes déterministes et géostatistiques, édition Hermès, 2000.*
- Beard, K., "Constraints on rule formation", *Map Generalization*, ed. B. Buttenfield, R. McMaster, Longman, 1991, p. 121-135.
- Brosset D. Sélection de sondes bathymétriques par algorithmes génétiques, rapport de DEA IHM, .2003, Université de Bretagne Sud, Vannes
- Coello, C.A., Romero C.E.M., "Evolutionary Algorithms and Multiple Objective Optimization" chapitre 6 de *Multiple Criteria Optimization, State of the Art Annotated Bibliographic Surveys*, éditer par Ehrgott M. et Gandibleux X, Kluwer Academic Publishers, 2002.
- Deb, K., Pratap, A., Agrawal, S. and Meyarivan, T., A fast and elitist multi-objective genetic algorithm: NSGA-II. Technical Report No. 2000001. Kanpur: Indian Institute of Technology Kanpur, India. 2000.
- van Dijk S., Thierens D and de Berg M., "Using genetic algorithms for solving hard problems in GIS" *GeoInformatica*, vol. 6 n° 4, p 381-413, 2002.
- Holland J., *Adaptation in Natural and Artificial Systems*, University of Michigan Press Ann Arbor, 1975.
- Josselin D., Bolot J., Chatonnay P., "Optimisation de découpages territoriaux, Proposition de méthodes d'agrégation spatiale dirigée", *Revue internationale de Géomatique*, vol. 10 N°3-4, 2000, p 383-410.
- Lysandros T., Konstantinos S., "Sounding Selection for Nautical Charts: an Expert System Approach", Actes du 18<sup>ième</sup> Int. Cartographic Conference, ICC'97, 1997.
- Oraas, S., "Sélection automatisée des sondes", *Revue Hydrographique Internationale, Monaco*, vol. LII(2), 1975.
- Saux E., Thibaud R., Devogele T., Bera R., Guilbert E. "Généralisation des cartes marines", chapitre 17 de *Généralisation et représentations multiples - traité IGAT : Information Géographique et Aménagement du Territoire*, sous la direction d'A. Ruas, 2002, Edition Hermès, pages 303-318.
- Zoraster S., "Automated Cartographic Sounding Selection", *International Hydrographic Review*, Monaco, LXIX(1), 1992.