



HAL
open science

Evaluation subjective de profils évolutifs de voiture

François Cluzel, Bernard Yannou

► **To cite this version:**

François Cluzel, Bernard Yannou. Evaluation subjective de profils évolutifs de voiture. 15ème colloque des sciences de la conception et de l'innovation - CONFERE 08, Jul 2008, Angers, France. pp.ID40. hal-00797007

HAL Id: hal-00797007

<https://hal.science/hal-00797007>

Submitted on 5 Mar 2013

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Evaluation subjective de profils évolutifs de voiture

François Cluzel^{1*} et Bernard Yannou¹

¹ Ecole Centrale Paris, Laboratoire Genie Industriel, Chatenay-Malabry, France

Abstract: Face au manque d'outils CAO permettant de prendre en compte le ressenti émotionnel des designers dans les premières phases du processus de conception, nous proposons dans cet article un modèle de conception de profils de voiture par la technique des Algorithmes Génétiques Interactifs. Ce modèle permet notamment d'encoder des solutions de conception (profils de voiture en 2D) par transformation de Fourier, et de manipuler des générations d'individus, dans le but de converger vers une solution de conception remplissant les objectifs fixés. Afin de valider ce modèle, un séminaire d'évaluation subjective a été mené ; dans ce cadre, deux tests ont été réalisés sur un panel d'utilisateurs, et avec deux attributs sémantiques (sympathique et sportif). Ces deux tests montrent un comportement satisfaisant du modèle. Une analyse plus fines des résultats par un indice de similarité (mesurant la différence perçue entre deux profils) confirme ces résultats et fournit un grand nombre de données sur la perception des utilisateurs. De fortes corrélations existent ainsi dans le cadre de profils sportifs, tandis que l'attribut sympathique est très différemment perçu par les utilisateurs.

Keywords: Algorithme Génétique Interactif, Conception Evolutive, Design émotionnel, conception de formes, profil de voiture, évaluation subjective, test utilisateur, test de validation.

1. Introduction

Un constat récurrent dans le domaine de la Conception est le manque d'outils CAO pour les premières phases du processus de conception [3][4]. A ce niveau, la majeure partie du travail consiste en effet à rechercher des concepts et des produits innovants en dressant des esquisses en 2D. Une telle recherche de formes peut être vue comme un processus humain complexe et itératif de raffinement, le designer utilisant son intuition et sa perception pour faire évoluer sa création. Dès lors, il est légitime de se demander s'il est possible de créer un outil informatique d'aide à la conception permettant de prendre en compte ces paramètres émotionnels pour converger facilement et systématiquement vers la cible mentale du concepteur.

Dans cette optique, le domaine de la Conception Evolutive (*Evolutionary Design*) semble très intéressant, notamment grâce à la technique des Algorithmes Génétiques (*Genetic Algorithm, GA*) [2][9]. Ces algorithmes fonctionnent à partir d'une population initiale de solutions de conception (*individus*), dont la structure et les caractéristiques (*phénotype*) sont encodées dans un *génome*. En combinant ces génomes dans une opération appelée *crossing-over*, les individus se reproduisent et génèrent une nouvelle population. Le processus est ainsi réitéré jusqu'à l'obtention de solutions de conception remplissant les objectifs fixés.

Le choix des génomes participant au *crossing-over* conditionne la qualité des générations ultérieures. Classiquement basé sur une fonction de *fitness* mesurant l'aptitude d'un individu à remplir les objectifs, il peut également faire intervenir l'utilisateur ; on parle alors d'Algorithme Génétique Interactif (*Interactive Genetic Algorithm, IGA*) [5]. La fonction de *fitness* est remplacée par une note de *fitness* accordée par l'utilisateur, elle-même reliée à la probabilité de sélection d'un individu pour le *crossing-*

* Contact author

E-mail: francois.cluzel@ecp.fr

Phone: +33 1 41 13 13 28

over. Ce type de technique se révèle particulièrement adaptée à des domaines où la qualification des propriétés attendues est difficile à exprimer, comme la mesure de l'esthétisme ou de l'émotion ressentie.

Nous avons donc bâti notre modèle sur un tel algorithme. Son objectif est de permettre d'explorer rapidement et facilement l'espace des solutions de conception pour des formes simples (courbes fermées en 2 dimensions). Nous appliquons ce modèle au design automobile en travaillant sur des profils de voiture. Deux articles de conférence internationale ont déjà été publiés pour décrire le principe de l'encodage par les harmoniques de Fourier et le fonctionnement de notre Algorithme Génétique Interactif [13][14]. Nous y revenons rapidement dans les premières parties de cet article pour permettre la compréhension des tests effectués par la suite.

Différentes méthodes existent pour permettre d'encoder le génome d'un individu, mais la plupart ont le désavantage d'être dépendantes du contexte d'utilisation, c'est-à-dire de n'être applicable qu'à l'objet pour lequel elles ont été conçues. La méthode proposée ici peut au contraire être utilisée pour encoder tous les objets représentés par une courbe 2D fermée. Elle est basée sur la décomposition de ces formes par les harmoniques de Fourier. Ainsi, une population initiale peut facilement être générée. Notre Algorithme Génétique Interactif permet alors de faire évoluer cette population initiale. Après chaque opération de *crossing-over*, l'utilisateur intervient directement pour donner une note de fitness à chaque individu, ce qui cautionnera la génération suivante. Ainsi, le modèle propose au designer des solutions de plus en plus pertinentes par rapport à ses besoins, dans le but de converger vers sa cible.

Ce modèle permet ainsi la création de formes innovantes à partir d'une collaboration entre la génération automatique des populations par l'outil logiciel et l'interactivité de l'utilisateur. Cependant une validation du modèle est désormais nécessaire. Nous avons créé un indice de similarité, permettant de mesurer la distance perçue entre deux profils de voiture par l'utilisateur. Cet indice nous a conduit à effectuer des tests en automatique, montrant une très bonne convergence du modèle. Mais ce type de test ne saurait valider à lui seul un modèle basé sur l'interactivité avec les utilisateurs. Il ne peut par exemple répondre à ces 4 questions essentielles :

- Les utilisateurs sont-ils satisfaits du modèle ?
- Les résultats obtenus sont-ils meilleurs que sans le modèle ?
- Notre modèle crée-t-il réellement de la nouveauté ?
- Dans quelle mesure les résultats sont-ils différents d'un utilisateur à l'autre ?

Nous proposons alors une série de tests utilisateurs, dont toutes les données ont été réunies lors d'un séminaire d'évaluation subjective. 2 tests sont directement issus de ces données. 4 tests sont issus de l'analyse en post-traitement de ces données par l'indice de similarité précédemment défini. Tous montrent un comportement très satisfaisant du modèle et fournissent des informations très intéressantes sur la perception des solutions de conception par les utilisateurs.

La section 2 du présent article est donc consacrée à la description du modèle. L'indice de similarité et les tests en automatique sont détaillés section 3. En section 4, nous nous intéressons au séminaire d'évaluation subjective et aux résultats directs des tests, tandis que la section 5 est consacrée aux tests en post-traitement. Enfin, nous concluons sur quelques perspectives de développement en section 6.

2. Description du modèle

Cette partie a été développée dans deux précédents articles. Il convient donc de s'y référer pour de plus amples détails (voir [13] et [14]).

2.1 Codage des individus

Lors de l'utilisation d'Algorithmes Génétiques, une des difficultés majeures est d'encoder les solutions de conception [7]. Différentes méthodes existent. On peut notamment citer l'encodage direct, qui consiste à utiliser les caractéristiques géométriques et la structure des objets pour créer le génome [1][11]. D'autres méthodes sont qualifiées d'indirectes, comme les *shape grammars* [3][8]. Kim utilise quant à lui un catalogue de composants prédéfinis [5]. Mais dans tous ces exemples, la méthode ne peut s'appliquer qu'à l'objet étudié et est donc dépendante du contexte. Le fait d'utiliser une de ces techniques d'encodage dans d'autres domaines nécessite alors un processus long et difficile.

Nous proposons ici une nouvelle méthode d'encodage basée sur les travaux de McGarva [6]. Il a proposé d'utiliser la décomposition en séries de Fourier pour coder des courbes fermées en 2D (i.e. le phénotype des individus). Cette théorie a déjà été reprise avec succès dans [10]. Cette méthode comporte de nombreux avantages :

- Quasiment toutes les courbes fermées en 2D peuvent être représentée avec un grand niveau de détail.
- Les génomes ainsi créés ont une longueur fixe, ce qui facilite grandement l'opération de *crossing-over*.
- Les harmoniques de Fourier sont directement reliées aux caractéristiques apparentes des profils, ce qui est très intéressant pour étudier la perception des utilisateurs.

Une présentation mathématique rigoureuse de cette méthode d'encodage est donnée en [13] et [14]. Nous nous contentons ici d'en expliciter les grandes lignes.

McGarva considère que la position de chaque point appartenant à la courbe fermée considérée peut être exprimée par une fonction dans le plan complexe :

$$z(t) = x(t) + i y(t) \quad (1)$$

Comme la courbe $z(t)$ est fermée, la fonction est périodique, et normalisée par $z(t+1) = z(t)$. En accord avec la formule 2, on peut alors développer cette fonction en une série de Fourier.

$$z(t) = \sum_{m=-\infty}^{\infty} a_m \exp(2\pi i m t) \quad (2)$$

où les coefficients de Fourier sont calculés suivant la formule 3 :

$$a_m = \int_0^1 z(t) \exp(-2\pi i m t) dt \quad (3)$$

Le coefficient a_0 est appelé fondamentale, et a_1 et a_{-1} représentent la première harmonique, a_2 et a_{-2} la seconde, et ainsi de suite.

Il convient maintenant de calculer les coefficients a_m . La fonction $z(t)$, nous le verrons plus tard, n'est pas explicite, c'est-à-dire que nous n'en connaissons qu'un nombre N de points. Une approximation numérique des a_m est donc nécessaire. Celle-ci est obtenue en divisant la courbe en N segments. La formule des trapèzes, non détaillée ici, permet alors d'approximer l'intégrale de la formule 3.

La construction des génomes s'effectue ensuite simplement en suivant les harmoniques. a_0 représente le gène 0, (a_1 , a_{-1}) le premier gène, et ainsi de suite.

Enfin, à partir d'un génome, la courbe initiale peut aisément être retrouvée par un simple calcul. La formule utilisée ici (non détaillée) dépend du nombre d'harmoniques de Fourier utilisée. Il est important de noter que la qualité du décodage augmente lorsque le nombre p d'harmoniques utilisées augmente. C'est pourquoi nous appelons p la « précision » du décodage.

2.2 Fonctionnement de l'Algorithme Génétique Interactif

Après avoir explicité la méthode retenue pour l'encodage des individus, nous détaillons ici le fonctionnement de l'IGA, suivant ses deux principales étapes détaillées en figure 2 : création d'une population initiale, et évolution de la population.

2.2.1 Création d'une population initiale

Cette étape correspond à la phase 1 de la figure 1. La population initiale est constituée de profils de voiture existants, encodés à partir de photographies (20 individus initiaux pour les tests des sections 4 et 5). Une interface en langage Java a été générée pour permettre une extraction aisée des profils à partir de photographies (voir figure 1). L'utilisateur peut découper la silhouette du véhicule en cliquant sur l'écran, puis obtenir le génome de l'individu par encodage des points. Nous avons montré qu'un nombre de points M compris entre 60 et 80 est satisfaisant pour représenter les détails de la voiture considérée.

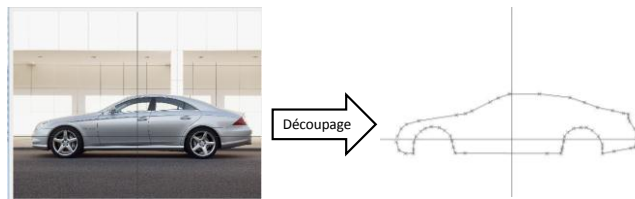


Figure 1. Illustration du découpage d'une silhouette. On obtient ainsi une courbe fermée représentant le profil du véhicule.

Cependant, ce nombre M n'est pas suffisant pour calculer un génome permettant de fournir, après décodage, un profil de haute qualité visuelle. C'est pourquoi il est nécessaire d'augmenter ce nombre de points par des interpolations. Des *splines* bicubiques (courbes permettant de relier trois points successifs) ont été choisies, car le résultat obtenu est proche de la courbe originale, et aucun phénomène d'oscillation n'est observé. Ainsi, au sein de chaque *spline*, un nombre N de points est interpolé, avec $N > M$. Ce nombre N est à mettre en relation avec le N de la section 2.1.

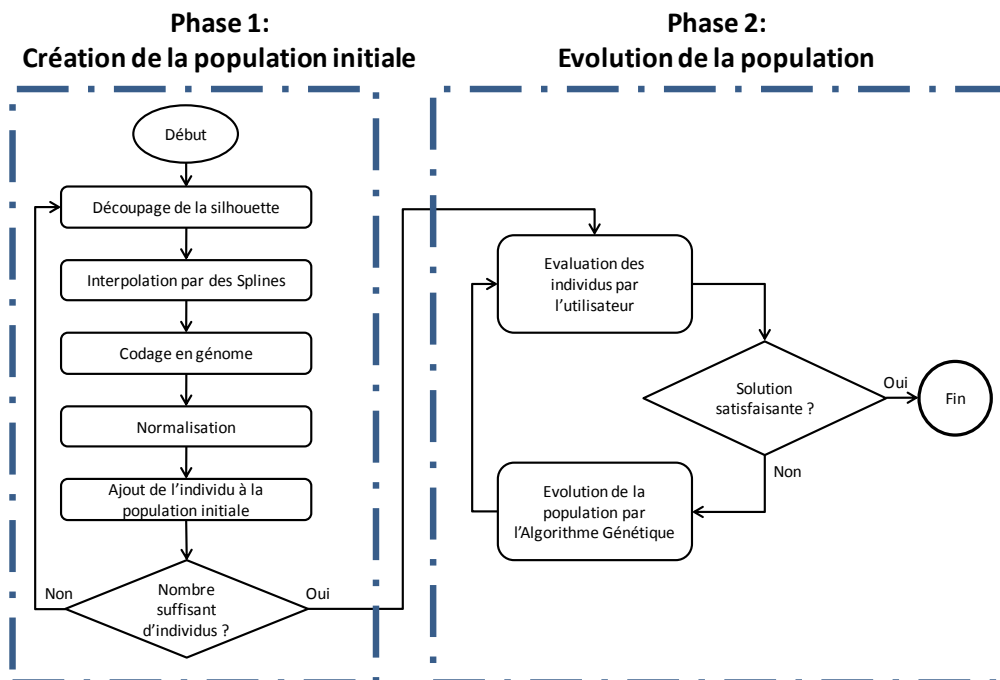


Figure 2. Fonctionnement du modèle

N a une grande influence sur la précision des coefficients de Fourier. Le nombre p d'harmoniques utilisées pour le décodage a quant à lui une grande influence sur la qualité du résultat final. Pour optimiser la qualité des profils, il convient donc de déterminer un équilibre satisfaisant entre N et p . Un série d'expériences qualitatives (non détaillées ici) nous ont permis d'atteindre un résultat satisfaisant avec une précision du génome p égal à 71, et un nombre de points interpolés N égal à 1500. Avec de telles valeurs, les profils initiaux (découpés) et finaux (après décodage) sont visuellement identiques.

Une dernière opération est cependant nécessaire. Il s'agit de normaliser les génomes de telle manière qu'ils soient invariants en termes de localisation et de taille. En fixant le coefficient a_0 à 0, le centre de gravité de tous les individus est fixé au point d'origine, résolvant ainsi le problème de localisation. Enfin, un critère d'invariance de la surface des profils permet de résoudre celui de la taille.

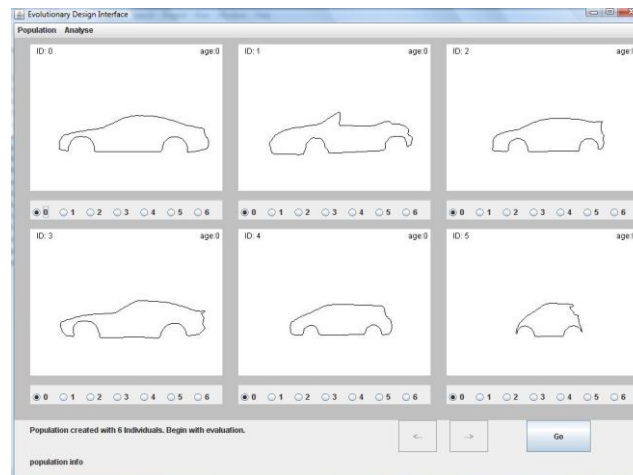


Figure 3. Interface utilisateur pour l'évaluation des populations.

2.2.2 Evolution de la population

Une fois la population initiale créée, le processus de l'Algorithme Génétique Interactif à proprement parler peut débuter. Il s'agit de faire évoluer la population initiale. C'est l'opération de *crossing-over*, durant laquelle les individus se reproduisent entre eux pour créer de nouvelles solutions de conception. Une nouvelle génération est ainsi créée après chaque *crossing-over*.

A chaque génération, l'utilisateur intervient pour donner une note de *fitness* à chaque individu, sur une échelle de 0 à 6 (6 étant la meilleure note). Il est important de préciser que la signification de l'échelle est laissée à l'appréciation de l'utilisateur. Cela permet de lui laisser une grande liberté, mais quelques effets indésirables peuvent néanmoins apparaître. En effet, l'utilisateur peut être amené à modifier, même inconsciemment, son échelle personnelle de notation (la signification qu'il donne à chaque note) pendant les évaluations.

Cette évaluation s'effectue à travers une interface en langage Java (voir figure 3). 6 individus apparaissent simultanément à l'écran, et l'utilisateur peut, en cliquant sur des boutons, naviguer à travers toute la population en cours, et ainsi affiner ses notations en revenant par exemple sur des profils déjà notés.

Durant l'évolution de la population (entre les évaluations de l'utilisateur), 4 opérateurs interviennent :

- **Opérateur de sélection** : il décide quels individus seront sélectionnés pour se reproduire et créer des enfants. La probabilité qu'un individu soit sélectionné pour l'opération de *crossing-over* est proportionnelle à la note de *fitness* qu'il a reçu.
- **Opérateur de *crossing-over*** : il construit de nouveaux génomes à partir des individus sélectionnés. Différentes possibilités ont été envisagées, mais celle qui a été retenue est de créer le génome du nouvel individu par une moyenne aléatoirement pondérée des gènes des

deux parents. Le poids W est choisi aléatoirement entre 0 et 100, et un nouveau gène g_m^* est généré à partir des gènes $g_{m,1}$ et $g_{m,2}$ des deux parents suivant la formule 4.

$$g_m^* = \frac{Wg_{m,1} + (100-W)g_{m,2}}{100} \quad (4)$$

- De cette manière, les enfants obtenus possède des caractéristiques visuelles de deux parents, et très peu de profils inutiles sont générés (la forme de voiture est conservée). Par contre, seul un petit espace des solutions possibles est exploré.
- **Opérateur de *mutation*** : il change aléatoirement un certain nombre de génomes après le crossing-over. Cet opérateur n'est pas détaillé ici. Il peut être un levier pour augmenter l'espace des solutions possibles (objet de tests futurs).
- **Opérateur de *mort*** : certains individus survivent d'une génération à l'autre. Cet opérateur choisit ces individus, et « tue » donc les autres. Pratiquement, un taux de *mort* est choisi, généralement 0,7. Cela signifie que 70% des individus seront « tués » pour la génération suivante, et que 30% des individus survivront. Il y aura donc 70% de nouveaux individus dans la génération suivante.

3. Indice de similarité

De la nécessité de valider notre modèle est venue celle de créer un indice de similarité. En effet, les premiers tests menés ont été réalisés en automatique. Aussi, dans ce contexte, il nous a été nécessaire de définir un critère de convergence qui puisse être calculé par le modèle lui-même, et donc dépourvu d'aspect cognitif ou esthétique. Nous verrons par la suite que cet indice permet également d'appuyer certains résultats perceptuels.

3.1 Description de l'indice

La première question à laquelle nous aimerions répondre pour valider ce modèle est la suivante : notre modèle est-il capable de produire des solutions de conception nouvelles et innovantes ? En d'autres termes, est-il possible de créer un individu qui n'est pas inclus dans la population initiale ?

Un test très simple peut-être réalisé pour répondre à ce problème : un designer dessine sur une feuille de papier un profil de voiture qui lui vient à l'esprit (et non inclus dans la population initiale) et essaye de le retrouver en utilisant le modèle. Son évaluation porte alors sur la similarité des individus présentés à l'écran avec son profil sur papier. Mais cela reste très subjectif, et nous avons préféré, pour ce premier test, raisonner en automatique. Ainsi, un individu est prélevé de la population initiale. Le rôle de l'utilisateur est alors joué par un algorithme qui calcule une valeur de *fitness* reliée à la similarité entre le profil cible et la population courante.

La nécessité de concevoir un indice de similarité, directement relié à la différence perçue entre deux solutions de conception, est donc apparue. Il est défini comme suit.

La différence $D(k,l)$ entre deux génomes G_k et G_l est donnée formule 5 :

$$D(k,l) = \sum_{m=1}^{70} \alpha(m) \| g_{k,m} - g_{l,m} \|^2 \quad (5)$$

$$\text{avec } \| g_{k,m} - g_{l,m} \|^2 = (u_{k,m} - u_{l,m})^2 + (u_{k,-m} - u_{l,-m})^2 + (v_{k,m} - v_{l,m})^2 + (v_{k,-m} - v_{l,-m})^2$$

où $a_m = u_m + i v_m$, et $\alpha(m)$ un facteur de poids qui devrait donner plus d'importance aux premier gènes qu'au dernier. En effet, les premiers gènes donnent la forme générale du profil, les derniers fournissent quant à eux les petits détails et sont donc moins faciles à percevoir.

Après quelques expérimentations, une approximation de $\alpha(m)$ peut être trouvée :

$$\alpha(m) = 0,111 e^{-0,1m} \quad (6)$$

Nous définissons finalement l'indice de similarité par la formule suivante :

$$SimInd(k,l) = \frac{100}{1 + \frac{1}{N} D(k,l)} \% \quad (7)$$

où N est un facteur de normalisation.

Pour comprendre le lien entre cet indice de similarité et la réalité, le tableau 1 propose des intervalles de valeurs et leur signification visuelle.

Tableau 1. Signification visuelle de l'indice de similarité.

< 10%	<i>Aucun rapport</i>
20% to 30%	<i>Très faibles similarités</i>
30% to 50%	<i>Similarités</i>
50% to 80%	<i>Très fortes similarités</i>
80% to 100%	<i>Différences imperceptibles</i>

3.2 Test de convergence en automatique

Le test en automatique décrit en section 3.1 peut alors être réalisé. Le profil de voiture (a) (voir figure 4) est retiré de la population initiale et choisi comme cible. L'Algorithme Génétique est configurée avec des populations de 100 individus, pour une probabilité de mutation de 0,3.

Après 10 générations, la silhouette (b) de la figure 4 est atteinte. Les profils (a) et (b) ont une similarité de 92%, ce qui est très satisfaisant.

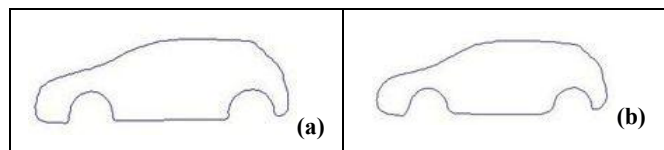


Figure 4. Comparaison entre l'individu cible (a) et le plus proche profil obtenu (b).

Le *fitness* moyen des populations converge au fil des générations à plus de 95% de similarité, tandis que la valeur maximale passe rapidement de 44% (première génération) à 92% (dernière génération). Ainsi, de très bons résultats sont obtenus. Le modèle est capable de converger automatiquement et rapidement vers un profil de voiture donné. L'espace des solutions semble donc assez grand, ce qui est nécessaire pour produire des solutions de conception innovantes, mais pas suffisant. En effet, une notation automatique ne saurait remplacer la perception d'un être humain, et des tests utilisateurs sont nécessaires pour conforter les premiers résultats. Ces tests ont pour objectifs de répondre aux questions suivantes (voir la section 1 – introduction) :

- Les utilisateurs sont-ils satisfaits du modèle ?
- Les résultats obtenus sont-ils meilleurs que sans le modèle ?
- Notre modèle crée-t-il réellement de la nouveauté ?
- Dans quelle mesure les résultats sont-ils différents d'un utilisateur à l'autre ?

Nous proposons donc dans les sections 4 et 5 des nouveaux tests basés sur un séminaire d'évaluation subjective.

4. Séminaire d'évaluation subjective

4.1 Construction des tests

4.1.1 Tests de Kim

Nous avons bâti nos tests à partir des travaux de Kim [5], qui a proposé un modèle de conception d'articles de mode basé sur un Algorithme Génétique.

Son modèle fonctionne à partir d'un catalogue de composants prédéfinis, dont un échantillon est présenté en figure 5. Par exemple, une robe est constituée d'un certain type de manche, de col et de jupon. Chacun de ses éléments reçoit un codage binaire, et l'assemblage des ces codages constitue le génome de la robe.

Il est ici important de noter que ce modèle est donc basé sur un ensemble fini de solutions, chaque élément devant être choisi dans un espace discret. C'est donc une différence majeure avec notre modèle, basé sur un domaine continu.

Ce sont particulièrement les 2 tests de validation proposés par Kim qui ont retenu notre attention.

Le premier est nommé *convergence test*. Son but est d'étudier la satisfaction de l'utilisateur vis-à-vis des solutions de conception proposées au fil des générations. Le modèle est ainsi jugé satisfaisant si la moyenne sur chaque génération des notes de *fitness* accordée à chaque individu augmente avec les générations. Pratiquement, il demande à 10 utilisateurs de noter les robes en accord avec un attribut sémantique (*splendid* puis *cool-looking*, le test étant réalisé deux fois avec un attribut sémantique différent), sur 10 générations composées de 8 individus chacune. Il observe finalement une augmentation significative du *fitness*, sans pour autant atteindre une courbe asymptotique.

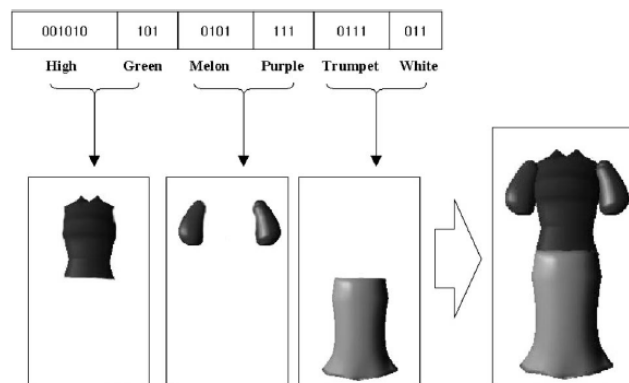


Figure 5. Décodage d'un génome d'une robe avec le modèle de Kim. Chaque partie est tirée d'un catalogue d'éléments prédéfinis (tiré de [5]).

Le second test est nommé *subjective test*. Le but de Kim est ici de montrer que de meilleurs résultats sont obtenus avec son modèle plutôt que sans. Ainsi, il demande à 3 utilisateurs de déterminer, parmi un ensemble de 500 robes aléatoirement créées (sans son Algorithme Génétique), les 10 meilleurs individus (appelés « individus de référence ») selon les deux attributs sémantique précédents (comme précédemment, le test est donc itéré deux fois avec un attribut différent). Ensuite, les 10 utilisateurs du *convergence test* déterminent la meilleure robe de la dixième génération de l'Algorithme Génétique, toujours en accord avec les attributs sémantiques. La dernière étape consiste alors à comparer, pour chaque utilisateur, la meilleure robe qu'il vient d'extraire de l'IGA avec les 10 individus de référence, par comparaisons par paires sur une échelle à 7 degrés (de -3 à 3). L'analyse des données montre que les résultats du modèle de Kim sont sensiblement supérieurs aux résultats obtenus sans.

Cependant, nous formulons quelques critiques à l'égard de ces tests :

- Les évaluations sont-elles hédonistes ? Une évaluation hédoniste inclue la préférence de l'utilisateur. Par exemple, la question posée serait : « Notez ces individus en fonction de vos préférences en terme de sportivité » ; ainsi, si l'utilisateur aime les voitures « un peu » sportives, mais pas les voitures « très » sportives, il est libre de le signifier dans ses notations. *A contrario*, une évaluation non hédoniste exclue ces préférences, et la question serait du type : « Notez ces individus selon leur degré apparent de sportivité » ; on demande à l'utilisateur de déterminer si les voitures sont sportives ou non, même s'il ne les aime pas.
- Quel est le sens des comparaisons par paires ? Kim demande à chaque utilisateur de comparer un individu qu'il a lui-même déterminé avec 10 individus déterminés par d'autres personnes. Il semble donc logique qu'en général, l'utilisateur préfère son individu aux autres.

Nous avons donc bâti nos tests en accord avec ces critiques.

4.1.2 Description des nouveaux tests

Nous définissons deux tests. Le premier est nommé *test de « satisfaction des designers »*. C'est le même que le *convergence test* de Kim [5]. Les paramètres de l'IGA sont les suivants : 10 générations de 20 individus, une probabilité de mutation de 0,05 et un taux de sélection de 0,7.

Le second test, issu du *subjective test* de Kim [5], est appelé *test de « supériorité de la satisfaction du modèle IGA »*. Le processus est le suivant : 400 silhouettes sont créées aléatoirement à partir d'une population initiale de 20 individus. Nous appelons par la suite ces individus les *individus papier*. Chaque utilisateur doit alors déterminer les 3 meilleurs de ces 400 profils de voiture, en fonction de son attribut sémantique. Pratiquement, ces individus sont imprimés sur papier et numérotés, et l'utilisateur enregistre la note de *fitness* qu'il leur attribue dans un fichier Excel, en suivant ces étapes :

- Chaque utilisateur note l'ensemble des 400 individus en utilisant la même échelle que l'IGA (de 0 à 6). Les individus qu'il trouve les meilleurs doivent recevoir un 6.
- Seuls les individus ayant reçu un 6 sont sélectionnés pour l'évaluation suivante. Une macro Excel permet de trier ces individus et de proposer une nouvelle grille d'évaluation à l'utilisateur.
- Les deux étapes précédentes sont répétées jusqu'à ce qu'il ne reste que 3 individus. Cela signifie que l'utilisateur doit être de plus en plus sélectif à chaque évaluation (il doit redistribuer les individus de 0 à 6).







		Meilleurs individus papiers		
				
Meilleurs individus de l'IGA		>>	>>>	>
		>	>>>	=
		>	>>>	=

Figure 6. Exemple de matrice de comparaison par paires pour le *test de supériorité de la satisfaction du modèle IGA* ».

Après avoir déterminé les 3 meilleurs individus papier, l'utilisateur détermine les 3 meilleurs individus de la 10^{ème} génération du *test de « satisfaction des designers »*. Enfin, une matrice de comparaison par paire, semblable à la figure 7, lui permet de comparer entre eux les meilleurs individus de l'IGA avec les meilleurs individus papier, suivant l'échelle à 7 degré du tableau 2. Les individus de ligne sont comparés aux individus de colonne. L'utilisateur travaille avec les symboles de comparaison mathématique (>, <=, =...) qui seront ensuite remplacé par leur équivalent numérique (1, -2, 0...) pour analyser les données, en accord avec le tableau 2.

Tableau 2. Echelle de notation des comparaisons par paires.

-3	<<<	très inférieur
-2	<<	inférieur
-1	<	légèrement inférieur
0	=	égal
1	>	légèrement supérieur
2	>>	supérieur
3	>>>	très supérieur

Ces deux tests ont été réalisés au cours d'un séminaire d'évaluation subjective. 8 utilisateurs étaient présents (7 étudiants et un professeur, soit 7 hommes et une femme). Les attributs sémantiques étaient « *sympathique* » et « *sportif* » ; 4 utilisateurs ont travaillé avec le premier, les 4 autres avec le second. Il leur a été demandé d'effectuer des notations non hédonistes en leur posant la question suivante : « *Notez ces individus selon leur degré apparent de sportivité/sympathie* ». Deux heures ont été nécessaires à la réalisation du séminaire.

4.2 Résultats

4.2.1 Tests de "satisfaction des designers"

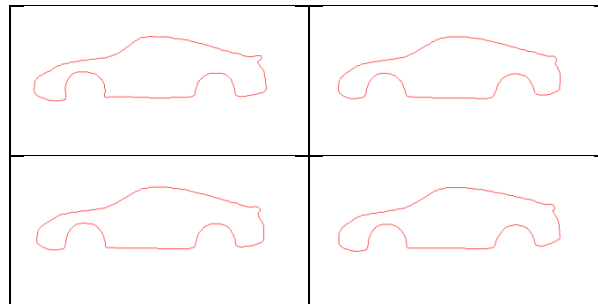


Figure 7. Exemples de meilleurs profils sportifs (un de chaque utilisateur).

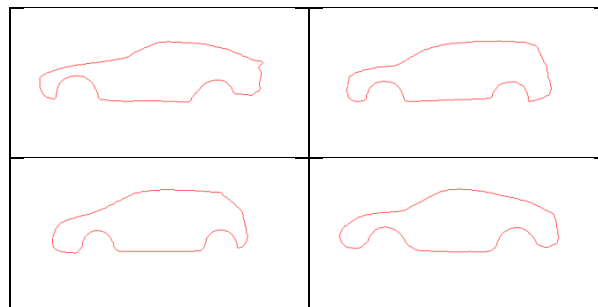


Figure 8. Exemples de meilleurs profils sympathiques (un de chaque utilisateur).

Quelques résultats visuels sont présentés en figures 7 et 8. Après 10 générations, il est très intéressant de noter que les individus de chaque utilisateur sont quasiment identiques, c'est-à-dire que la dernière population converge pour chaque utilisateur vers une même famille d'individus très proches. Ce phénomène est de plus observable dès la 5^{ème} ou 6^{ème} génération ; il y a donc une perte de diversité très rapide, ou, en d'autres termes, le modèle semble converger très rapidement. Bien que cette hypothèse ne soit pas étudiée dans cet article, un levier sur la vitesse de convergence peut être le taux de mutation. En effet, un taux très bas a été choisi ici. En l'augmentant, la convergence serait probablement plus lente, puisque de nombreuses nouveautés apparaîtraient à chaque génération.

En outre, une grande cohérence semble apparaître pour l'attribut sémantique *sportif* : tous les utilisateurs convergent vers la même famille d'individus, comme le montre la figure 7. Au contraire, les profils obtenus pour l'attribut sémantique *sympathique* diffèrent d'un individu à l'autre, comme le montre la figure 8.

Il semble donc y avoir une réelle différence de perception entre les deux attributs, l'un étant compris de la même manière par tous (*sportif*), l'autre menant à des résultats totalement différents d'un utilisateur à l'autre (*sympathique*). Les résultats de la section 5 appuieront ces remarques.

En s'intéressant maintenant aux notes de fitness, on peut tracer les deux courbes de la figure 9. Elles représentent l'évolution du fitness pour chaque attribut sémantique ; il s'agit donc ici de la moyenne sur chaque génération des 4 utilisateurs *sportifs*, et des 4 utilisateurs *sympathiques*. Malgré quelques variations locales, le fitness moyen, donc la satisfaction des utilisateurs, augmente dans les deux cas, passant de 3,0 à 5,0 pour l'attribut *sympathique*, et de 2,3 à 3,9 pour l'attribut *sportif*, soit une augmentation d'environ 70%. Le modèle semble donc satisfaisant de ce point de vue, même si aucun caractère asymptotique n'est observé.

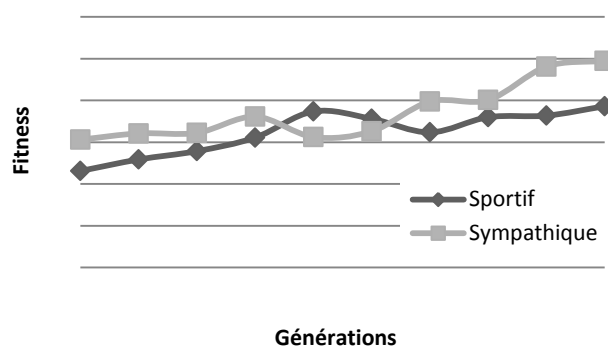


Figure 9. Evolution du *fitness* moyen pour chaque attribut sémantique.

4.2.2 Test de "supériorité de la satisfaction du modèle IGA"

Tableau 3. Valeurs moyennes des résultats des comparaisons par paires.

Sportif	Utilisateur 1	+1,78
	Utilisateur 2	+1,67
	Utilisateur 3	+1,56
	Utilisateur 4	+1,00
	Moyenne	+1,50
Sympathique	Utilisateur 5	-0,33
	Utilisateur 6	+0,67
	Utilisateur 7	+0,78
	Utilisateur 8	+1,22
	Moyenne	+0,58
Moyenne totale		+1,04

Le tableau 3 montre les résultats des comparaisons par paires pour chaque utilisateur et chaque attribut. Pour la compréhension de ces résultats, il convient de donner un exemple. Ici, les meilleurs individus de l'IGA sont comparés aux meilleurs individus papier. Par exemple, l'utilisateur 4 obtient une moyenne de +1,00. Cela signifie, d'après le tableau 2, que l'utilisateur 4 a trouvé les individus de l'IGA légèrement supérieurs aux individus papier. Ainsi, des nombres positifs vont dans le sens d'une validation du modèle.

Les résultats sont satisfaisants : une moyenne de +1,50 est obtenue pour l'attribut *sportif*. Les résultats de l'IGA sont donc entre *légèrement supérieurs* et *supérieurs* aux résultats sur papier.

Une note positive est également obtenue par l'attribut *sympathique*, mais la conclusion est plus mitigée (+0,58). Un des 4 utilisateurs préfère même les résultats obtenus sans l'IGA. Pour cet attribut, les moyennes ne sont pas homogènes, ce qui peut être expliquée par la différence de perception établie dans le test précédent.

4.3 Synthèse

Ces deux tests montrent donc un comportement globalement satisfaisant de notre modèle. La satisfaction des utilisateurs augmente au fil des générations, et ceux-ci préfèrent dans leur grande majorité les résultats issus de l'IGA plutôt que ceux obtenus sans.

Cependant, si les résultats de l'attribut sémantique *sportif* sont toujours très homogènes, ceux de l'attribut *sympathique* le sont beaucoup moins. La perception de ce mot est très différente d'un individu à l'autre. Pour confirmer ces observations, nous proposons dans la section suivante d'analyser les données relevées par l'indice de similarité.

5. Analyse des données par l'indice de similarité

5.1 Construction des tests

Tous les tests décrits dans cette section font appel à l'indice de similarité décrit en section 3.

5.1.1 Tests de "perte de diversité"

Ce test a pour but d'étudier l'évolution de l'indice de similarité pour chaque utilisateur, au fil des générations, ainsi que les similarités qui pourraient apparaître entre les individus de la dernière génération pour chaque designer.

Sur le principe, il se rapproche donc du *test de « satisfaction des designers »* de la section 4, mis à part qu'il s'intéresse aux données de similarité plutôt qu'aux notes de *fitness*.

L'idée consiste simplement à calculer les valeurs de similarité entre tous les individus de tous les utilisateurs, et de regrouper les données intéressantes. Une valeur importante de similarité pour la dernière génération signifierait que l'IGA converge vers un unique famille de profils de voiture, et qu'il y a donc une perte de diversité.

5.1.2 Test de "convergence inter-designer"

Cette deuxième analyse en post-traitement des données a pour but d'étudier les similarités qui pourraient exister entre les individus de la dernière génération de tous les utilisateurs. Il s'agit donc ici de comparer les résultats d'un utilisateur à l'autre.

Il suffit alors simplement de regrouper, comme pour le test précédent, les données de similarités intéressantes et d'observer les corrélations potentielles.

5.1.3 Tests de "supériorité du modèle IGA"

Ce troisième test a été conçu pour montrer que les résultats obtenus avec notre modèle sont meilleurs que sans, notamment en termes de temps et de nombre d'individus traités.

Il s'agit donc de comparer entre eux les 3 meilleurs individus de l'IGA avec les 3 meilleurs individus papier pour chaque utilisateur, en termes de similarité. Ce test se rapproche du *test de « supériorité de la satisfaction du modèle IGA »* réalisé en section 4.

5.1.4 Test “d’attraction au voisinage des individus initiaux”

Enfin, ce dernier test se propose de répondre à la question suivante : l'utilisateur peut-il réellement converger vers un individu qui lui soit propre ? En d'autres termes, les individus vers lesquels les utilisateurs convergent sont-ils influencés par la population initiale, et proche de leur génome ?

Nous proposons alors de comparer les meilleurs individus obtenus par chaque utilisateur avec les 20 profils de la population initiale.

5.2 Résultats

5.2.1 Tests de “perte de diversité”

Les premiers résultats concernent l'évolution de l'indice de similarité pour chaque utilisateur. La figure 10 montre les courbes pour les deux attributs sémantiques. La population initiale à une similarité moyenne de 6,5%. On observe une rapide croissance de la similarité, et, à partir de la 5^{ème} génération (génération n°4), elle dépasse 30%, ce qui correspond selon le tableau 1 au niveau *similarités*. Il existe donc déjà à ce stade une corrélation entre les individus d'une même génération pour chaque utilisateur. Pour la dernière génération, les valeurs des utilisateurs (en italiques dans les tableaux 4 et 5) s'échelonnent entre 60 et 90% de similarités, c'est-à-dire entre le niveau *très fortes similarités* et le niveau *différences imperceptibles*.

Le modèle converge donc dans tous les cas. Cette convergence s'effectue vers une unique famille de profils (très proches en termes de génome), aucun cas avec une convergence vers deux familles différentes n'étant par exemple observé. Une grande perte de diversité existe donc.

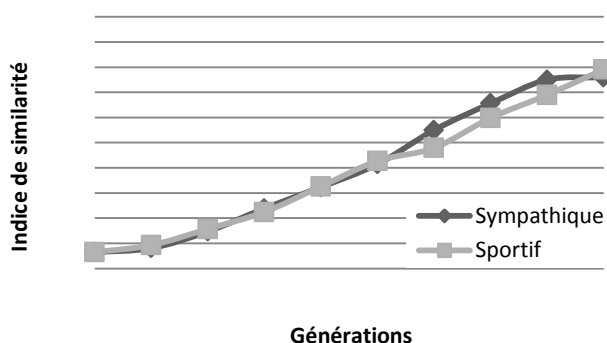


Figure 10. Evolution de l'indice de similarité pour les deux attributs sémantiques (en %).

5.2.2 Test de “convergence inter-designer”

Les résultats figurent dans les tableaux 4 et 5. On peut distinguer en italique les résultats propres à un utilisateur donné, et en gras les résultats obtenus en comparant un utilisateur à un autre. Ce sont ces derniers qui nous intéressent ici.

Les résultats de similarité sont tout à fait cohérents avec l'aspect visuel des populations. Ainsi, pour l'attribut sémantique *sympathique*, la moyenne inter-designer n'est que de 9,21% de similarité, puisque chaque utilisateur converge vers une famille de profils différente.

En revanche, pour l'attribut *sportif*, cette valeur est de 50,83%, ce qui correspond à un niveau de *très fortes similarités*. Les utilisateurs convergent effectivement vers une même famille de profils.

Ainsi, les observations de la section 4 sont rigoureusement confirmées : la perception de l'attribut *sportif* est commune à tous les utilisateurs, tandis que celle de l'attribut *sympathique* varie très fortement d'un designer à l'autre.

Tableau 4. Valeurs de similarité entre les utilisateurs pour l'attribut sémantique *sympathique* (en %).

	Utilisateur 5	Utilisateur 6	Utilisateur 7	Utilisateur 8
Utilisateur 5	79,07	6,91	4,02	2,89
Utilisateur 6		89,65	20,65	8,81
Utilisateur 7			61,02	11,97
Utilisateur 8				74,16
Moyenne totale	9,21			

Tableau 5. Valeurs de similarité entre les utilisateurs pour l'attribut sémantique *sportif* (en %).

	Utilisateur 1	Utilisateur 2	Utilisateur 3	Utilisateur 4
Utilisateur 1	79,95	47,87	63,09	36,20
Utilisateur 2		72,34	74,14	42,62
Utilisateur 3			89,61	41,04
Utilisateur 4				74,74
Moyenne totale	50,83			

5.2.3 Tests de "supériorité du modèle IGA"

Tableau 6. Maxima de similarité entre les meilleurs individus issus de l'IGA et les meilleurs individus papier (en %).

Sportif	Utilisateur 1	84,49
	Utilisateur 2	21,26
	Utilisateur 3	80,92
	Utilisateur 4	97,93
	Moyenne	71,15
Sympathique	Utilisateur 5	2,67
	Utilisateur 6	98,09
	Utilisateur 7	71,32
	Utilisateur 8	26,94
	Moyenne	49,75
Moyenne totale		60,45

Pour ce test, il est intéressant de s'attacher non pas aux moyennes des valeurs de similarités entre les individus de l'IGA et les individus papier, mais plutôt au maximum. En effet, un maximum de similarité élevé signifie qu'il existe au moins un des meilleurs individus de l'IGA qui est très proche de l'un des meilleurs individus papier. Le tableau 6 présente donc les maxima pour tous les utilisateurs.

Pour 5 utilisateurs sur 8, le maximum dépasse les 70% de similarités. Pour 2 des trois utilisateurs restants, le maximum est compris entre 20 et 30%. Enfin, pour le dernier, il n'est que de 2,67%.

Dans la majorité des cas, il existe donc de très fortes similarités entre au moins un individu papier et un individu de l'IGA, ce qui montre qu'il est possible d'obtenir les mêmes profils de voiture par les deux méthodes, même si tous les utilisateurs n'y sont pas parvenus. Il faudrait alors savoir s'ils ont consciemment changé leur objectif d'une méthode à l'autre, ou s'ils n'y sont effectivement pas parvenus.

Par ailleurs, 400 individus étaient proposés sur papier. Le temps d'évaluation était d'environ 45 minutes. Avec l'IGA, moins de 200 individus ont été utilisés (10 générations de 20 individus, moins ceux qui ont survécus sur plusieurs générations), pour environ 20 minutes d'évaluation. Nous pouvons donc conclure que notre système peut mener aux mêmes résultats que sur papier, plus rapidement et avec moins d'individus.

5.2.4 Test “d’attraction au voisinage des individus initiaux”

Les résultats de ce test sont trop volumineux pour être affichés entièrement dans cet article. C’est pourquoi nous ne présentons ici que le cas d’un utilisateur dans le tableau 7. Ce tableau montre l’indice de similarité entre les trois meilleurs individus de l’utilisateur 2 issus de l’Algorithme Génétique et les 20 profils de la population initiale. Une jauge permet de visualiser directement dans chaque case le niveau de similarité relatif, afin de repérer facilement l’apport de chaque individu initial.

Ainsi, il est flagrant que l’individu n°13 de la population a une énorme influence sur les 3 meilleurs individus de l’utilisateur 2. Il existe en effet un niveau de *très fortes similarités* entre ces génomes (entre 50 et 70% de similarité). Quelques autres influences mineures apparaissent, mais toujours en-dessous de 15% de similarité, ce qui n’est pas significatif.

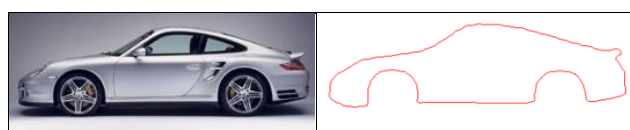


Figure 11 La Porsche 911 et son profil.

L’attribut sémantique de l’individu 2 est *sportif*. Or, avec les trois autres utilisateurs *sportifs*, le même schéma est strictement identique, l’influence de l’individu n°13 est prédominante. Cela confirme donc la convergence des tous les individus des utilisateurs *sportifs* vers une même famille de voiture. L’individu n°13 correspond au profil d’une Porsche 911, comme le montre la figure 11. Tous les utilisateurs semblent donc voir dans la Porsche 911 le véhicule sportif idéal.

		Utilisateur 2		
		Meilleur individu 1	Meilleur individu 2	Meilleur individu 3
Population initiale	Ind 0	2,04	1,93	1,84
	Ind 1	2,95	2,77	2,65
	Ind 2	10,02	9,02	8,80
	Ind 3	0,91	0,88	0,90
	Ind 4	3,45	3,24	3,35
	Ind 5	2,04	1,94	1,91
	Ind 6	1,42	1,36	1,36
	Ind 7	1,78	1,74	1,52
	Ind 8	13,90	13,73	10,75
	Ind 9	6,62	6,17	6,53
	Ind 10	2,76	2,60	2,47
	Ind 11	3,28	3,41	2,91
	Ind 12	2,08	1,97	1,97
	Ind 13	69,65	69,89	53,21
	Ind 14	3,50	3,30	3,46
	Ind 15	7,15	7,23	10,83
	Ind 16	2,07	1,97	1,93
	Ind 17	3,05	2,88	2,87
	Ind 18	1,65	1,58	1,47
	Ind 19	1,99	1,93	1,69

Tableau 7. Exemple de valeurs de similarité entre les meilleurs individus de l’IGA et la population initiale pour l’utilisateur 2 (en %).

Cependant il est alors légitime de se demander si la créativité des utilisateurs n’est pas « bridée » par la population initiale. Y a-t-il convergence vers la Porsche parce qu’il s’agit effectivement du véhicule sportif idéal, ou bien parce qu’elle exerce une trop forte attraction en limitant inconsciemment la créativité des utilisateurs ?

L'étude des résultats de l'attribut sémantique *sympathique* permet de répondre en partie à cette question. En effet, les résultats sont radicalement différents. Aucune influence commune à tous les utilisateurs n'est observée. 2 utilisateurs sur 4 sont influencés par un individu initial (>40% de similarité), mais le profil initial qui exerce cette influence est différent (Porsche 911 pour l'un, Chevrolet Corvette C4 pour l'autre). Pour les deux autres utilisateurs, aucune influence n'est observée.

Ainsi, ces derniers résultats montrent qu'il est néanmoins possible de se démarquer de la population initiale pour créer des profils réellement nouveaux (ou du moins n'étant pas inclus dans la population initiale).

5.3 Synthèse

Ces 4 tests basés sur l'indice de similarité ont donc permis d'appuyer certains résultats de la section 4, mais également d'observer le comportement du modèle et la perception des utilisateurs.

Le modèle converge dans tous les cas très rapidement vers une unique famille de profils de voiture. Pour l'attribut sémantique *sportif*, les utilisateurs s'approchent systématiquement d'une Porsche 911, tandis que les résultats varient d'un utilisateur à l'autre pour l'attribut *sympathique*. Ainsi, la perception des deux attributs est totalement différente.

Cependant, il serait intéressant d'éclaircir les points suivants :

Est-il possible de converger vers au moins deux familles de profils ?

Que se passe-t-il si la Porsche 911 ou les individus initiaux influençant les résultats finaux sont retirés de la population initiale ? Y a-t-il toujours convergence vers ces individus ?

Enfin, comment expliquer les différences de perception des attributs sémantiques ? L'introduction de concept du Design Emotionnel peut-elle permettre d'améliorer le modèle dans ce sens ?

6. Conclusions et perspectives

Nous avons présenté dans cet article un modèle de conception de profils de voiture innovants. A partir d'une méthode d'encodage des silhouettes basée sur la décomposition en séries de Fourier, ce modèle permet au designer de faire évoluer des générations de profils à partir d'une population initiale, dans le but de converger vers une solution de conception répondant à leurs besoins.

Nous avons alors mis en place un séminaire d'évaluation subjective dans le but de valider notre modèle. Différents tests ont été réalisés pour étudier la satisfaction de l'utilisateur. Ceux-ci ont montré un comportement du modèle tout à fait satisfaisant, conforté de plus par des tests en post-traitement utilisant un indice de similarité (qui permet de mesurer la distance perçue entre deux individus).

Il est alors possible de répondre aux quatre questions posées dans l'introduction de cet article :

- *Les utilisateurs sont-ils satisfaits du modèle ?* Oui, la satisfaction augmente au cours des générations.
- *Les résultats obtenus sont-ils meilleurs que sans le modèle ?* Oui, les utilisateurs préfèrent travailler avec le modèle plutôt que sans. De plus, les mêmes résultats peuvent être obtenus plus rapidement et avec moins d'individus.
- *Notre modèle crée-t-il réellement de la nouveauté ?* Les utilisateurs peuvent créer des profils de voiture ne faisant pas partie de la population initiale. Cependant, ce problème mérite d'être approfondi, notamment sur la perception des attributs sémantiques.

- Dans quelle mesure les résultats sont-ils différents d'un utilisateur à l'autre ? Les différences entre les résultats des utilisateurs dépendent de l'attribut sémantique. Des résultats très différents peuvent être obtenus, mais encore une fois, ce problème mérite d'être approfondi.

De nombreuses voies d'amélioration et d'optimisation du modèle peuvent alors être envisagées. Une des plus prometteuses est l'introduction de comparaison par paires et de notations multicritères pour la notation des individus (voir [12]). Au lieu de noter chaque individu suivant une échelle absolue et unique, l'utilisateur pourrait choisir lui-même les comparaisons à effectuer et comparer les individus 2 à 2 suivant plusieurs attributs. L'agrégation des notations permettrait une sélection plus précise des individus participant au *crossing-over*, et permettrait probablement d'affiner les résultats finaux.

Enfin, le modèle pourrait être appliqué à un autre cas d'étude, puisque la méthode d'encodage peut être étendue à n'importe quelle courbe fermée en deux dimensions. Ainsi, des objets particulièrement adaptés seraient des formes cylindriques de révolution (profil très simple, une seule vue nécessaire pour appréhender le produit entier), comme des verres à pied ou des vases.

Références

- [1] Ang M.C., Chau H.H., McKay A., de Pennington A., "Combining evolutionary algorithms and shape grammars to generate branded product design", in *Design Computing and Cognition '06*, Gero J.S. Editor, Springer Netherlands, 2006, pp. 521-539.
- [2] Bentley P.J., Corne D.W., "An introduction to creative evolutionary systems", pp. 1-75.
- [3] Cheutet V., "2D semantic sketcher for a car aesthetic design", *Proc. CPI'2007: Conception et Production Intégrées*, Rabat, Maroc, October 22-24, 2007.
- [4] Dagher A., Petiot J.-F., "Study of the correlations between user preferences and design factors: application to cars front-end design", *Proc. International Conference on Engineering Design: ICED'07*, Paris, France, August 28-31, 2007.
- [5] Kim H.S., Cho S.B., "Application of interactive genetic algorithm to fashion design", *Engineering Applications of Artificial Intelligence* vol. 13, 2000, pp. 635-644.
- [6] Liu H., Tang M., Frazer J.H., "Supporting evolution in a multi-agent cooperative design environment", *Advances in Engineering Software* vol. 33, n° 6, 2002, pp. 319 - 328.
- [7] McGarva J., Mullineux G., "Harmonic representation of closed curves", *Applied Mathematical Modelling* vol. 17, 1993, pp. 213-218.
- [8] Nicaise F., Antonsson E.K., "Indirect encoding of structures for evolutionary design", *Proc. International Conference on Engineering Design: ICED'07*, Paris, France, August 28-31, 2007.
- [9] Osborn S., Cagan J., Pawlicki R., Smith R., "Creating cross-over vehicles: Defining and combining classes using shape grammars", *Artificial Intelligence for Engineering Design, Analysis and Manufacturing* vol. 20, 2006, pp. 217-246.
- [10] Renner G., Ekart A., "Genetic Algorithms in Computer Aided Design", *Computer Aided Design* vol. 35, 2003, pp. 709-726.
- [11] Vasiliu A., Yannou B., "Dimensional Synthesis of Planar Mechanisms Using Neural Networks: Application to Path Generator Linkages", *Mechanism and Machine Theory* vol. 36, n° 2, 2001, pp. 299-310.
- [12] Yanagisawa H., Fukuda S., "Interactive Reduct Evolutional Computation for Aesthetic Design", *Journal of Computing and Information Science in Engineering* vol. March, 2005, pp.
- [13] Yannou B., Coatanéa E., "Easy and flexible specifications and product evaluations by expert and customer comparisons with existing products" *Proc. International Conference on Engineering Design: ICED'07*, Paris, France, August 28-31, 2007.
- [14] Yannou B., Dihlmann M., Cluzel F., "Indirect encoding of the genes of a closed curve for interactively create innovative car silhouettes", in *International Design Conference - Design 2008*, Dubrovnik, Croatia, May 19 - 22, 2008.
- [15] Yannou B., Dihlmann M., Awedikian R., "Evolutive design of car silhouettes", in submitted to *IDETC/DAC: ASME International Design Engineering Technical Conferences & Computers and Information in Engineering Conferences / Design Automation Conference*, New-York, NY, USA, August 3-6, 2008.