

交互式遗传算法在基于内容的图像检索中的应用

齐岩 卢德唐

(中国科学技术大学工程科学软件研究所, 合肥 230027)

摘要 基于内容的图像检索方法是根据图像所包含的色彩、纹理、形状以及对象的空间关系等信息,通过建立图像的特征矢量,并将其作为图像的索引来进行图像检索的技术,其检索效果与图像特征矢量的编码方式以及具体的图像检索方法都有着很密切的关系。为了提高图像的检索效率,提出了一种基于交互式遗传算法的图像检索方法,该方法首先采用“变均分单元”法对图像进行分割,并对图像的特征信息加以汇总,形成图像的特征矢量;然后在此基础上,使用“螺旋式”的图像拆分方式通过对图像特征数据进行编码来生成图像染色体,并使它参与遗传算法中的各种遗传操作。在图像的检索过程中,该方法采用交互式遗传算法,首先对系统在每一步提供的候选图像集进行评价,然后利用非均匀遗传算子来从图像库中选出接近用户需求的图像。进一步的实验肯定了其在基于内容的图像检索过程中的有效性,与其他相关工作的比较结果说明,该方法具有简捷、高效的特点。

关键词 交互式遗传算法 图像内容检索 螺旋式染色体编码 非均匀遗传算子

中图分类号: TP391.3 文献标识码: A 文章编号: 1006-8961(2004)01-0046-10

The Application of IGA in the CBIR

QI Yan, LU De-tang

(The Institute of Engineering and Science Software of USTC, Hefei 230027)

Abstract CBIR(Content-based image retrieval) is an image retrieval method that exploits the feature vector of the image as the retrieval index, which is based upon the content, including colors, textures, shapes and distributions of objects in the image etc. The implementation of the image feature vector and the searching process take a great influence upon the efficiency and result of the CBIR. In the paper, a prospective retrieval method based upon the CBIR and the IGA (Interactive Genetic Algorithm) are proposed. Firstly, each image in the collection is segmented into a constant number of sub-images, and the content in each sub-image is computed to make up the feature vector of the image. Then the feature vector of every image is reshuffled in a helix way, to produce the image chromosome, which is used in the following genetic operations. The image chromosome not only characterizes the image, but makes a difference among different parts in the image. During the image retrieval process, the user can employ the IGA to find the image he/she needs for by means of the interaction with the system. In order to promote the efficiency of the IGA, 'Non-uniform Inheriting Operator' is adopted in the genetic operations. Finally, experiments are made and the simplicity and efficiency of the method are discussed.

Keywords IGA(Interactive Genetic Algorithm), CBIR(Content-Based Image Retrieval), Helix-way encoding, Non-uniform inheriting operator.

1 引言

随着互联网的极大普及和多媒体技术的快速发展,人们在日常生活工作中接触到大量的数字图像信息。为了能有效地对这些丰富的图像资源加以利

用,人们迫切要求一种有效的图像检索方法,以便能快速、准确地找到自己所需的图像。目前流行的图像检索系统大多是基于文本方式的,如 google.com 上的图像搜索引擎,这种基于文本的图像检索方法是通过对图像建立关键词索引,并采用相关数据库技术加以实现的。这种方法虽简单易行,但多数情况

下,由于图像文本信息的多义性,以及在图像关键词的建立过程中,存在很多人为因素的搀杂,使其检索效果并不尽如人意,因此,近年来,基于内容的图像检索方法已成为人们关注的热点,如 IBM 开发的 QBIC 系统, Berkeley 的 Chabot 系统等都采用了该方法。基于内容的图像检索方法 (CBIR, Content Based Image Retrieval) 是根据图像所包含的色彩、纹理、形状以及对象的空间关系等信息,通过建立图像的特征矢量,并将其作为图像索引来进行图像检索的过程^[1]。在对 CBIR 的进一步研究中,人们逐渐认识到,用户在图像检索的过程中发挥着不可替代的作用,这主要表现在以下几个方面:

(1) 在图像中可以被用户识别的一些特征很难用语言加以准确地描述;

(2) 对于同一幅图像,不同的用户可能会产生不同的描述,即使是相同用户,在不同的时间,这些描述也可能是不同的;

(3) 用户在搜索图像时,对目标图像的概念可能本身就是模糊的,或是随着检索过程不断变化的。

因而,在图像检索的研究中,很有必要将用户作为检索过程的一部分加以考虑。对此,文献[2]提出了用户与图像检索过程进行交互的形式,即要求用户对系统实时检索得到的图像进行评价,并将相关信息反馈给图像检索系统。此外,文献[3]对交互式图像检索也做了较为深入的研究,并提出用户对图像进行交互式检索的大体步骤:

(1) 图像检索系统首先根据用户的要求或采用某种策略从图像库中找出供用户评价的若干图像;

(2) 用户根据这些图像与检索目标的“相关性”,对其进行评价;

(3) 图像检索系统根据用户反馈,改进检索过程,并从图像库中重新找出若干图像;如果用户未找到满意的图像,则重新从第 1 步开始。

受这种思想的启发,本文提出一种图像检索方法,即借助交互式遗传算法,将用户与图像检索过程有效地结合起来。交互式遗传算法 (IGA, Interactive Genetic Algorithm) 是一种通过交互过程来获取用户对染色体的评价,并使用用户评价作为适应度值进行“选择”操作的遗传算法。由于交互式遗传算法具有可由用户确定适应度值的特点,即将人的偏好、直觉、感情等心理因素结合到目标系统中,因此在图形图像处理、图形艺术、工艺设计、面部图像产生、语音处理与合成等领域有着广泛的应用^[4]。这

种将交互式遗传算法应用到图像检索过程中的技术,不仅可以直接根据用户的评价,得到相关图像的适应度值,而且不需要定义复杂的适应度函数;即使在用户对目标图像的概念并不十分明确或完整的情况下,用户也能通过与系统的不断交互过程得到所需的图像^[5]。文献[1]虽也力图使用神经网络和遗传算法将人的主观情感因素融入到图像检索中,但在实践中发现,该方法有许多不足,比如图像染色体的编码与交互式检索过程之间的关联性并不十分紧密等,为此本文提出的算法在这些方面进行了改进。

2 交互式遗传算法的编码过程

在本文中,使用交互式遗传算法进行基于内容的图像检索过程步骤大致如下:

(1) 系统以随机方式从图像库中抽出 $S(S > 0)$ 幅图像作为交互式遗传算法的第 1 代样本群体,并将其呈现给用户;

(2) 依据每幅图像与用户所要搜索的对象的相关性,由用户对该代图像样本群体中的图像进行评价;

(3) 系统根据用户的评价得到与每幅图像对应的染色体的适应度值来对该代染色体群体进行一系列的遗传操作,如选择、交叉、变异等,以生成新一代染色体群体;

(4) 根据新一代群体中染色体的情况,首先从图像库中挑选出数目为 S 的图像,然后将其作为交互式遗传算法的新一代样本群体,呈现给用户;

(5) 如果在新一代样本群体中存在用户所需图像,则过程终止;否则,转到步骤 2。

由于在交互式遗传算法中,染色体的编码过程将问题可能的解从问题域空间转换到遗传算法空间,因而应用于图像检索的交互式遗传算法的编码过程,不仅要考虑到图像的物理特征的具体特点,并且要兼顾有关具体的遗传操作,必须加以重视。

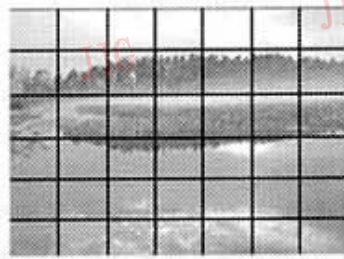
2.1 图像颜色特征的抽取

在图像检索应用中,颜色特征不仅是被广泛应用的视觉特征之一,而且它十分简单,不受复杂的背景情况的影响,并且独立于图像的尺寸和方向^[6]。鉴于颜色特征的简单、灵活,故本文使用图像的颜色值作为其物理特征的代表。假设图像 I 的分辨率为 $m \times n$,则对其中位置 (i, j) 处的像素 p 而言,有 $(0 \leq i < m, 0 \leq j < n)$,令 $C_{i \times n + j}$ 代表像素 p 的颜色特征向量 $(R_{i,j}, G_{i,j}, B_{i,j})^T$,其中, R, G, B 分别是描述图

像 I 中红、绿、蓝三原色的数值矩阵, $R_{i,j}, G_{i,j}, B_{i,j}$ 分别是描述矩阵中 (i, j) 处的元素值, 如果将图像 I 的颜色特征可表示为向量 $F = (C_0, C_1, \dots, C_{m \times n - 1})$, 那么对于每幅图像, 特征数据的个数至少为 $m \times n \times 3$ 。如果直接使用所有这些数据作为图像的特征表述, 并用于图像的检索过程, 则会产生以下一些困难: 一方面, 由于多数图像的分辨率不同, 因而图像的颜色特征向量长度也就有所不同, 而在遗传算法中, 图像染色体将由对应图像的特征向量的元素组成, 不同长度的特征向量将导致染色体的长度也不尽相同, 这将使遗传算法复杂化而难于控制; 另一方面, 由于图像的分辨率一般都比较大, 不管是在图像特征的分析、



(a) 分辨率为 $m \times n$ 的图像



(b) 划分为 N 个分辨率为 $l \times l$ 的图像块

图1 “变均分单元”法划分图像

其中, 每个正方形图像区域的边长 $l = \left\lceil \sqrt{\frac{m \times n}{N}} \right\rceil$, 但应当注意的是在每幅图像均分后, 可能存在数目为 $\left\lceil N - N \left\lceil \left\lceil \sqrt{\frac{m \times n}{N}} \right\rceil \right\rceil^2 \right\rceil$ 的像素“余量”。一般而言, 这些像素将分布于图像的边缘, 笔者认为, 忽略它们不会对检索结果有太大影响。

将图像按照上述方法进行分割之后, 即得到原图像的 N 个子图像, 然后对每个子图像所包含的所有像素的颜色特征值求算术平均, 于是, 与原图像对应的颜色特征矩阵 R, G, B 就变为 $\bar{R}, \bar{G}, \bar{B}$, 对位于 (i, j) 的子图像, 若满足 $(0 \leq i < l, 0 \leq j < l)$, 则其所包含像素的颜色特征向量的算术平均为 $\bar{C}_{i \times l + j} = (\bar{R}_{i,j}, \bar{G}_{i,j}, \bar{B}_{i,j})$, 因此, 图像 I 的颜色特征向量可以表示为 $\bar{F} = \{\bar{C}_0, \dots, \bar{C}_i, \dots, \bar{C}_{l \times l - 1}\}$ 。

2.2 图像染色体编码

在图像检索过程中, 由于每幅图像的不同部分对于用户而言, 其所具有的重要性往往是不同的, 比如, 在多数情况下, 用户对图像的中间区域的重视程度较大, 而对边缘部分几乎忽略, 因而, 在图像染色体编码的过程中, 应能对用户的这些趋向有所反映, 即与图像对应的染色体在遗传过程中最好能保留图

抽取过程中, 还是在遗传算法的具体实现过程中, 都将消耗系统大量的时空资源, 因而, 必须对原始特征数据进行一定的预处理。另外, 在实验中还发现, 如果将每个像素的特征值都加以考虑是没有必要的, 尤其是在“图像检索”领域中, 因为人们注重的往往是图像大体的特征, 或者是图像较为突出的特点。

于是, 本文采用“变单元均分”法对图像进行平均分割, 并对分割所得到的每一区域中所含的像素的颜色特征值进行综合平均, 即首先确定图像将被分割的数目, 令其为某一正整数 N , 如果仍以图像 I 为例, 应有 $N < m \times n$, 那么 I 将被均分为 N 个不重叠的正方形图像区域(见图1)。

像中那些用户所重视或感兴趣的部分, 以加速图像检索过程。

在使用“变均分单元”法均分图像后, 即得到数目为 N 的大小相同的正方形图像区域, 再通过对每个区域中所含像素的颜色值求算术平均来得到图像的特征向量 \bar{F} 。为了得到图像染色体向量的编码形式, 本文采用了一种“螺旋编码”的方法进行编码。对图像 I 而言, 其图像特征向量为 \bar{F} , 而染色体向量则是由 \bar{F} 中所有元素组成的向量, 两者的区别只是向量中相同元素的排列位置不同(见图2)。

这种编码方法主要的好处至少有如下两个: (1) 图像染色体的“螺旋编码”在图像中间区域与其边缘部分之间做了一个很好的“过渡”, 因而使对两部分进行不同的处理成为可能; (2) 这种图像染色体的“尾部”(由均分后图像中间区域的图像块组成)十分重要, 由于在图像中, 一方面用户感兴趣的部分一般都位于该部分, 另一方面, 该部分实际上是一幅完整的“子图”, 并具有语义上的合理性, 因而, 这样的染色体编码方式, 不仅能将图像的物理特征(如颜色等)表示出来, 并且融入了与之相关的空间分布信息。笔者认为这样的编码形式还具有良好的可扩展性, 即它不受图像具体特征的限制, 这不仅有利于相

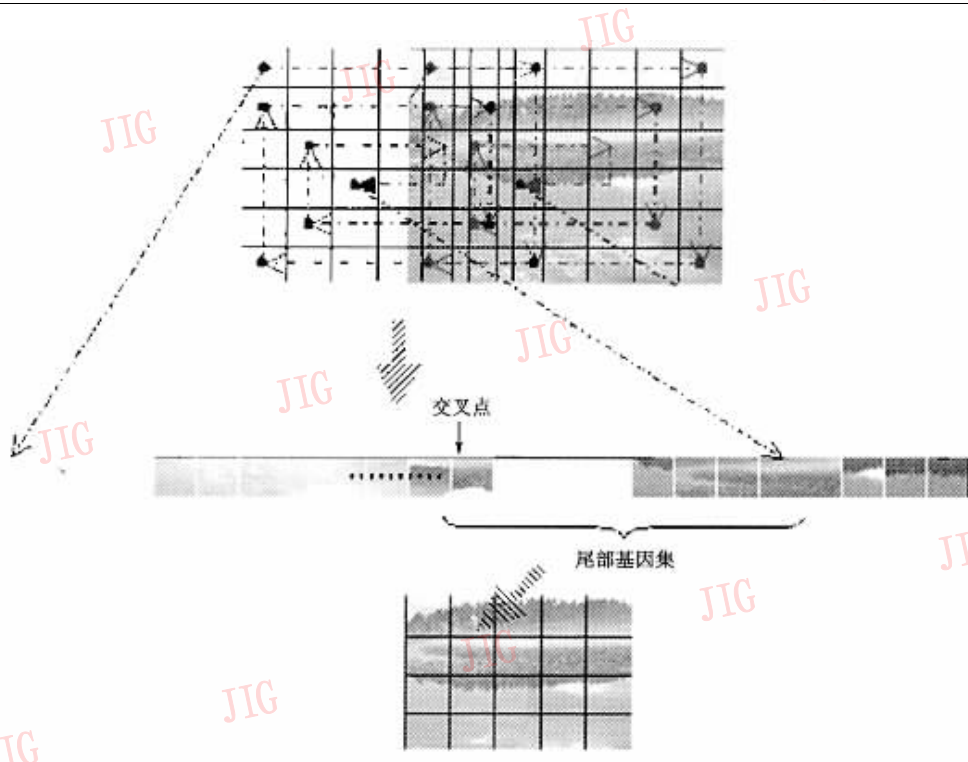


图 2 图像染色体的“螺旋编码”

关遗传操作的简化,也便于算法的并行化处理。

3 遗传操作

所谓遗传操作就是模拟生物基因遗传的操作^[7]。在遗传算法中,遗传操作发挥着极其重要的作用,它借助于相关的遗传算子(如选择、交叉和变异等)和按照对环境的适应程度来对群体中的个体实现优胜劣汰的进化过程。本文将使用 3 种不同的遗传算子来对染色体群体进行遗传操作。

在图像检索过程中,遗传算法是根据用户对每一代中图像的评价情况,并以该代中的图像染色体为对象进行一系列遗传操作来生成新一代群体的。由于新产生的一代图像可以更大的概率包含上一代图像中用户所感兴趣的特征,因而可在检索过程中更多地体现出用户的意愿。

3.1 选择算子

由于在群体的进化过程中,对环境有着较强适应能力的个体将有更大的机会生存下来,因此在遗传算法中,拥有较大适应度值的染色体应以较高的概率被选中,以用于之后的遗传操作,这个选择过程是由“选择算子”负责处理的。选择算子有许多种,其中以适应度比例方法为最为常用^[8],本文就使用该

方法,其选择过程如下:

首先,设定每代染色体群体规模为 S (也就是在图像检索过程中,每次用户所要评价的图像数目),对任一幅待评价的图像来说,评价等级分为“Perfect”,“Very Good”,“Good”,“So-so”和“Bad”等 5 级,分别与适应度值 1, 0.75, 0.5, 0.25 和 0 相对应。如其中第 p 个染色体满足 $p \in [1, S]$, 且适应度值为 f_p , 并有 $f_p \in [0, 1]$ 。那么就可得到该染色体被选中的概率^[9] P_p 为:

$$P_p = \frac{f_p}{\sum_{q=1}^S f_q}, p = 1, 2, \dots, S \quad (1)$$

因为 P_p 值的大小是染色体 p 的适应度值与群体中所有染色体的适应度值之和的比,所以在该代染色体群体中, P_p 越大,染色体就越有可能被遗传算子选中,以用于接下来的遗传操作。

3.2 非均匀交叉算子

交叉算子是遗传算法的重要组成部分,一般而言,交叉算子可通过对不同染色体中部分基因实施替换、重组等操作来生成新一代的染色体。本文即使用单点,非均匀交叉算子来对子代染色体进行操作。与一般的遗传交叉算子相比,非均匀交叉在选择交叉点时,是采用非等概率随机选择,即对染色体中不

同位置所具备的重要性加以区分,以便使染色体中较为重要的部分尽量在交叉操作后得以保持。这种算子的采用与前面所介绍的染色体编码方式相辅相成,在目标上也是一致的,其交叉过程见图3。在文献[10]中,对交互式遗传算法用于图像检索亦进行

了一定讨论,其在使用交叉算子时,是以图像之间的关联性来决定染色体中交叉点的选择,而本文方法在选择交叉点时,则主要是依据图像中在空间上分布不同的某些部分,对于用户而言,它们具有不同的重要性。

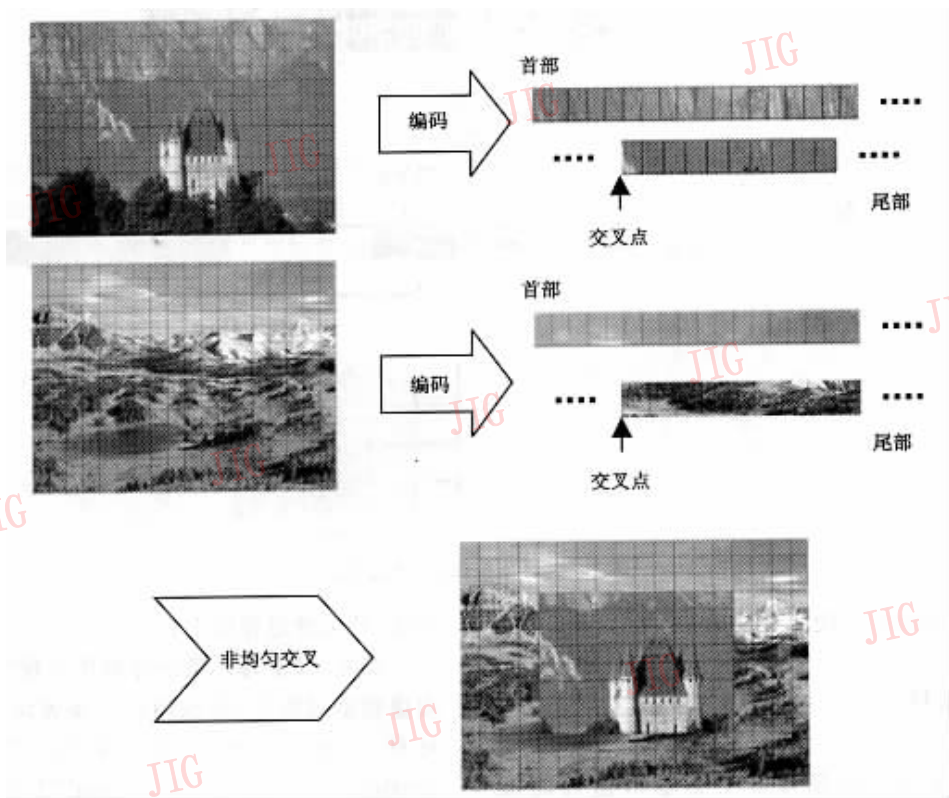


图3 图像染色体的单点“非均匀”交叉

该非均匀交叉遗传算子的特点如下:

- (1) 交叉操作在两条染色体之间进行,交叉点只有一个;
- (2) 交叉点的选择概率从染色体的首部到尾部,依次降低。

3.3 变异算子

在遗传算法中,变异算子的主要作用在于保持群体中个体的多样性。在图像检索的过程中,一定形式的变异操作可以在用户将要评价的每一代图像中,产生一定数目的“差异”图像,这些图像与用户的要求可能相去甚远,但这样做的好处至少有两个:一方面,由于在检索过程中,用户的目标往往并不十分明确,因而一定数目“差异”图像的存在可使他/她们在算法进行了若干步后,仍有机会改变“检索要求”;另一方面,变异算子的存在,使遗传算法不致于过早地陷入“局部最小”的窘境(在此,指算法只在若干幅与用户要求特征相近的图像中来回操作,可能将其

他的选择忽略掉)。本文采用的变异算子的详细步骤如下:

- (1) 从染色体中随机选取一个基因作为变异基因;
- (2) 将该染色体串中位于该变异基因之前的部分,与位于该变异基因之后的部分位置调换。

3.4 新一代群体的确定

经过一系列的遗传操作之后,群体中的染色体就发生了变化,可能有新型的染色体产生;从图像染色体的编码方式可以知道,图像库中的图像所具有的特征直接决定了与其对应的染色体的编码情况,而图像库的局限性就决定了新型的染色体未必在图像库中存在对应项。当这种情况发生时,要想产生新一代的样本图像群体时,就不得不采用一种折衷的方法——最近邻居法。

在由所有可能存在的图像染色体组成的空间 O 中,可用 T 代表由新近生成的一代染色体构成的集

合,而由所有与图像库中图像对应的染色体构成的集合用 V 来表示,从上文可知,可能存在情况 $T \not\subset V$ 。由于目标是要求一个集合 \tilde{T} 满足 $\tilde{T} \subset V$ 和 $|\tilde{T}| = |T|$,并且在空间 O 中和在最近邻居的意义下,集合 \tilde{T} 与集合 T 最为接近,因此使用 $s(i, j)$ 代表染色体 i 与染色体 j 之间的相似度,若其值越小,则两个染色体越为接近。该相似度公式表达如下

$$s(i, j) = \frac{1}{N} \sum_{k=1}^N \sqrt{(\tilde{R}_{i,k} - \tilde{R}_{j,k})^2 + (\tilde{G}_{i,k} - \tilde{G}_{j,k})^2 + (\tilde{B}_{i,k} - \tilde{B}_{j,k})^2} \quad (2)$$

其中,向量 $(\tilde{R}_{i,k}, \tilde{G}_{i,k}, \tilde{B}_{i,k})^T$ 代表第 i 条染色体中第 k 个基因的值,因而对于新一代群体中的某个染色体而言,必须从集合 V 中找到与之相似度最小的染色体,以代替该染色体,并将其作为下一代图像染色

体中的成员。

4 实验结果及相关讨论

在图像检索系统建设的过程中,使用了标准 C 语言,编译系统为 C 语言编译器 GCC3.2,系统平台为 Mandrake Linux 系统,其内核为 2.4.19-16。该引擎界面如图 4 所示。

实验所使用的图像库包含来源不同的多种图像,数量有 2300 余幅,图像内容涵盖风景,建筑,动植物以及人物等。另外,为了与其他的图像检索方法有个鉴别比较,现将文献[10]所使用的测试图像也包括进来,这些图像共有 52 对,分别是针对同一场景不同角度、不同布局的描述。

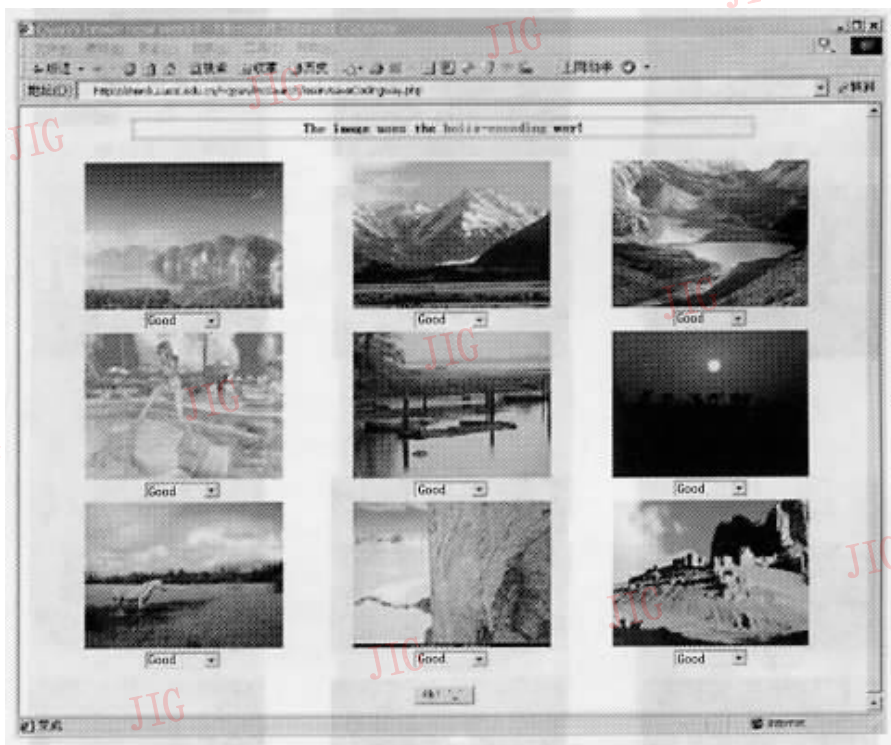


图 4 图像检索引擎之用户界面

本文实验分为如下两部分:(1)处理在用户检索目标不明确的情况下的图像检索过程;(2)处理在用户检索目标明确的情况下的图像检索过程。

实验中,每一代图像群体包含 9 幅图像,用户可根据每幅图像与自己所要搜索目标的相关程度来对其进行评价,评价等级分为“Perfect”,“Very Good”,“Good”,“So-so”和“Bad”5 级。

4.1 非精确图像检索

所谓非精确的图像检索是指用户在对搜索对象

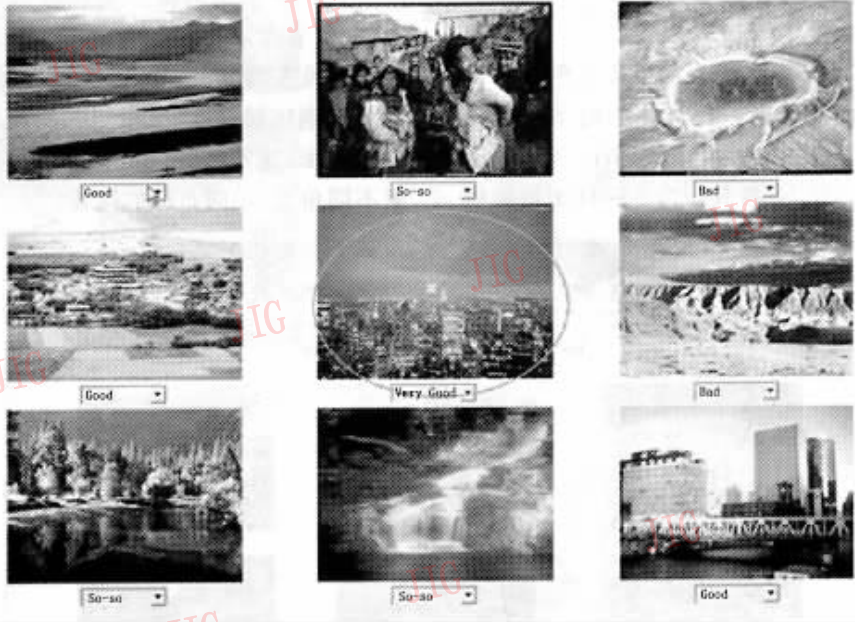
的概念并不十分明确的前提下,在与检索系统不断地交互过程中,通过逐步调整系统状态,最后检索得到所需图像的过程。在基于内容的图像检索过程中,应用交互式遗传算法将在很大程度上满足用户的这种检索要求。

由于本文方法只是抽取图像的 RGB 颜色特征组成图像的特征向量,因此在检索的过程中,应主要以图像的颜色及颜色的分布情况作为图像检索的依据。该实验设计了 3 个不同的检索目标,且每个目标

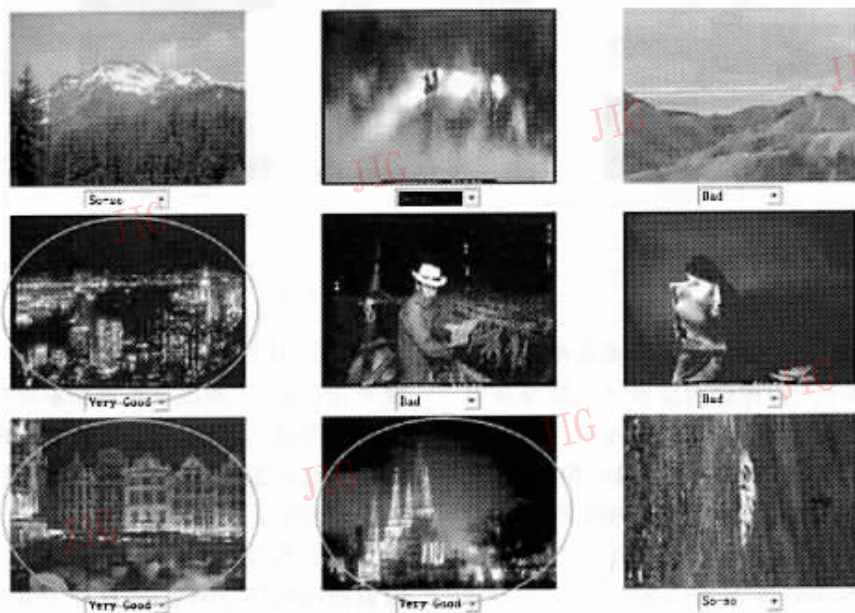
只是描述所要搜索的图像具有的“大概”特征,这些特征将主要与颜色及颜色在图像中的空间分布有关。实验结果见表 1。

表 1 中,每一代检索结果中满足用户要求特征的图像在该代图像中所占的比例被记录下来(在图像的检索过程中,图像不在连续的两代中重复出现,并且相同的图像不在同一代中重复出现),表中的命中率数据是 50 次检索过程的平均值。与文献[1]提

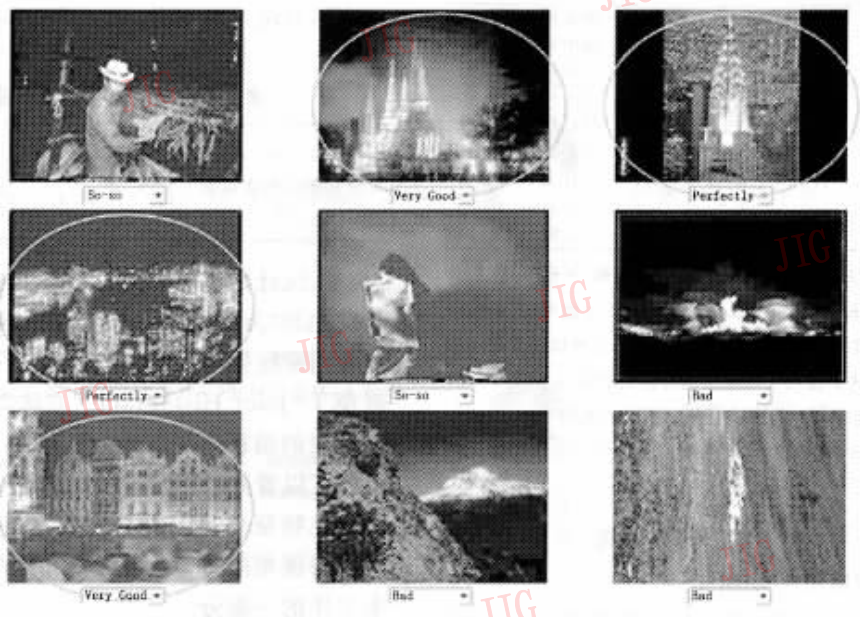
出的检索方法相比,本文的方法在编码形式和遗传操作等方面均有所不同。为了能对两种方法的检索性能做一对比,现将使用文献[1]方法进行检索的结果也列于表 1 中。另外,可用图 5 来大致描述“城市夜景”的检索过程,并将每代检索结果中满足用户要求的图像用圆圈标出,即用户评价值为 Very Good 或 Perfect 的图像。



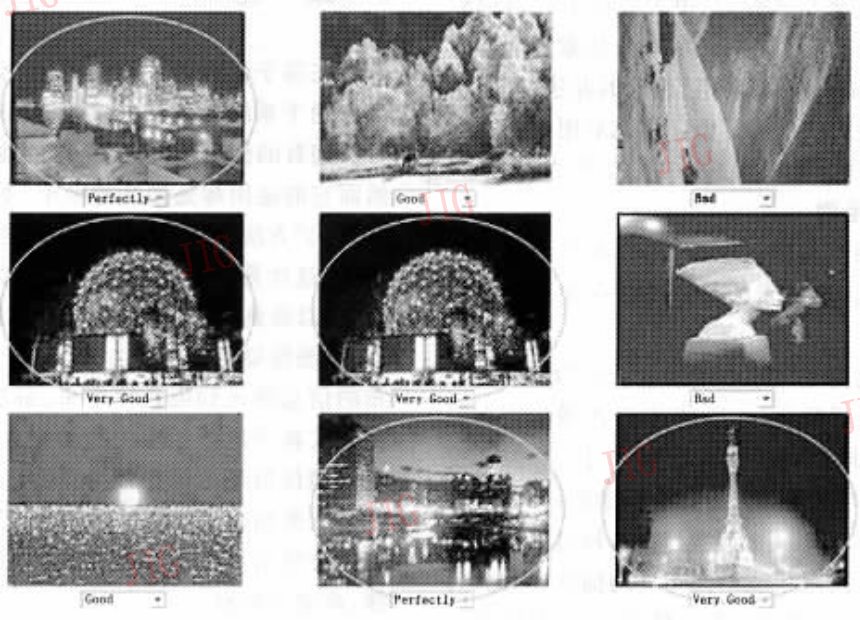
(a) 第 1 步的检索结果



(b) 第 8 步的检索结果



(c)第 10 步的检索结果



(d)第 13 步的检索结果

图 5 “城市夜景”图像检索过程

从表 1 中数据可以得到下面一些结论:

(1) 对于一般的检索过程,第 1 代图像的选取十分重要,由于它是以后一系列检索步骤的基础。在选取出的第 1 代的图像集中,如果包含的图像拥有与用户要求一致的某些特征时,将加速用户的检索过程。从实验数据可以看到,目标 2 的检索结果较好,其主要原因是:这一类图像在图像库中所占的比

例较高,所以在初始化群体中容易出现。

(2) 当拥有与用户要求图像类似特征的图像出现时,用户可以通过提高其评价值的方法来提提高拥有该特征的图像在下一代中出现的比例。从实验结果来看,用户通过交互过程,可以逐步提高符合目标特征的图像的比例。

(3) 针对相同检索目标,从两种方法所得到的

表1 非精确图像检索命中率

检索目标描述	第1步 命中率 (%)	第2步 命中率 (%)	第3步 命中率 (%)	第8步 命中率 (%)	第13步 命中率 (%)
日落中的群山	2.1 (1.9)	2.3 (2.0)	2.4 (2.0)	20.2 (11.3)	29.1 (17.1)
塔形建筑	5.2 (5.4)	8.6 (8.0)	10.4 (11.7)	36.7 (21.3)	52.3 (38.2)
城市夜景	1.9 (2.1)	2.2 (2.4)	2.3 (2.7)	26.3 (13.8)	43.1 (21.9)

注:(1)文献1在进行实验时,将检索目标定为:宁静,可爱等。但笔者认为,这种描述是极为主观的,以至于在评判检索结果时,难以形成较为统一的标准。在本次实验中,将不使用这种描述方法;(2)括号中的数据记述了使用文献1中的方法进行检索的结果;(3)表中的“命中率”是指每一步中满足用户要求的图像(即评价值为very good或perfect的图像)在该步中供用户评价的所有图像中所占的百分率。

图像检索结果来看,本文方法效率更高,并且这种优势随检索进程的推进将逐渐明显。

由表1的数据可见,本文提出的图像检索方法是有效的,即借助于遗传算法所具备的优化特性,用户通过与系统的交互过程,在很大程度上可以得到自己要求的图像。但也必须看到,对于检索过程初始图像集的选取,如果采用“随机”挑选的办法,则将给检索过程带来很大的不确定性。因此对图像检索过程初始状态的研究,将成为下一步的工作之一。

4.2 精确图像检索

在图像的精确检索过程中,用户有较为明确的目标,这里可以认为检索的目标是已存在于图像库中的某幅图像。

文献[11]提出了“Joint Histograms”方法,由于该方法结合运用了颜色、纹理、形状等图像的直方图特性,从而有效地简化了图像检索的过程。为了验证该文的观点,对该文方法进行了实验验证,由于该文献使用了52对图像作为实验对象,每对图像都是对同一场景的不同视角或不同布局的描述,为此,为与该方法作一比较,本文实验也使用该52对图像作为实验样本,即将每对图像中的一幅作为目标,而将另一幅作为图像检索的“线索”。实验结果见表2。表2中记述的是,首先以“线索”图像出现的一代图像为起点(即作为初始图像集)进行检查,直到找到与之匹配的目标图像为止,并记录该过程所需的步数,然后综合52幅“线索”图像的检索情况,以得到在每一步中所能完成的“精确图像检索”任务的数目(即已找到的目标图像数目)在总检索任务中(即52幅)所占的比例。这样设计实验,主要是为了在消除随机

初始化影响的基础上,对本文所建议的图像染色体的编码方法进行评估,也有利于对两种编码效果进行对比。

表2 精确图像检索到的图像比例 (%)

	第1步	第2步	第3步	第4步
$\frac{\text{已找到的图像对数}}{52} \times 100$	71.4	80.4	82.1	82.1

从统计数据来看,本文方法的检索结果在相当程度上与“Joint Histograms”检索结果一样。另外,考虑到系统构建过程,本文方法不仅十分简单,而且避免了“Joint Histograms”方法对系统“空间”大量不必要的损耗。受“Joint Histograms”方法的启发,由此可以看到,用于检索的图像特征包括很多种,除去颜色特征外,还有纹理、灰度等也很重要,如何将这些特征很好地融入到本文的方法中来,也将是未来工作的一部分。

5 结论

在基于内容的图像检索中,交互式遗传算法由于借助于系统与用户的交互过程,以及遗传算法自身所拥有的优化功能,因而有效地改进了检索效率,然而它的运用却是如此的简单。本文首先采用“变均分单元”方法,将图像分割成一定数目的图像块;然后,通过计算每个图像块中包含像素的颜色特征的均值,以得到该图像的特征向量;进一步,通过“螺旋式”的图像染色体组建方式,将有关图像特征空间分布的信息融入到染色体中来;最后利用“非均匀”遗传交叉算子进行相应的遗传操作,由于该方法更为有效地保留了图像中较为重要的部分(对于用户而言),从而加速了检索过程;实验结果表明,本文所提出的方法与其他相关工作的比较而言,具有更为快捷、高效的特点。

参考文献

- 1 王上飞,陈恩红,李金龙等.基于内容的交互式感性图象检索[J].中国图象图形学报,2001,5A(10):969~973.
- 2 Rui Yong, Huang T S, Michiael Ortega *et al.* Relevance feedback: A power tool for interactive content-Based image retrieval[J]. IEEE Transactions. Circuits and Systems for Video Technology, 1998,8(5):644~655.
- 3 Zhou Xiang Sean, Huang S. Exploring the nature and variants of relevance feedback[A]. In:Proceedings IEEE Computer Vision and Pattern Recognition'01 Workshop on Content-Based Access

of Image and Video Libraries [C], Hawaii, USA. 2001: 94~101.

- 4 Takagi. Interactive evolutionary computation: fusion of the capabilities of EC optimization and human evaluation [J]. Proceedings of the IEEE, 2001, **89**(9):1275~1296.
- 5 Lee J. -Y, Cho S. -B. Interactive genetic algorithm for content-based image retrieval [A]. In: Proceedings Of Asian Fussy Systems Symposium (AFSS'98) [C], Masan, Korea, June 1998: 479~484.
- 6 Rui Yong, Huang T S, Chang Shi-Fu. Image retrieval: Current techniques, promising directions, and open issues [J]. Visual Communication and Image Representation, 1999, **10**(1):39~62.
- 7 陈国良,王煦法,庄镇全等. 遗传算法及其应用[M]. 北京:人民邮电出版社,1996.
- 8 Goldberg D E. Genetic algorithms in search, optimization and machine learning [M]. Reading, MA, USA: Addison-Wesley Publishing, 1989.
- 9 阎平凡,张长水编著. 人工神经网络与模拟进化计算[M]. 北京:清华大学出版社,2000.
- 10 KATO Syuko. An image retrieval method based on a genetic algorithm controlled by user's mind [J]. Journal of the Communications Research Laboratory, 2001, **48**(2):71~86.

- 11 Pass G, Zabih R. Comparing images using joint histograms[J]. The ACM Journal of Multimedia Systems, 1999, **7**(3):234~240.



齐 岩 1978 年生,2001 年获中国科技大学计算机科学技术系学士学位,现在该系攻读硕士学位。主要的学习和研究方向为神经网络、遗传算法等及其在互联网信息的智能检索方面和工业领域中的应用。



卢德唐 1966 年生,1990 年获中国科技大学硕士学位,现为中国科技大学博导,工程科学软件研究所所长。目前主要从事工程科学软件的教学科研工作。曾多次荣获国家及省部级科学进步奖,并荣获中科院青年科学家奖。