

# 基于遗传算法的主动轮廓模型

刘志俭

(国防科技大学自动控制系, 长沙 410073)

**摘要** 由 Kass 等人提出的主动轮廓模型,本质上是一条能量最小化的轮廓曲线。它作为一种全新的采用自上而下机制的图象目标提取方法,由于它有效地利用了高级信息,从而提高了目标提取的速度和准确性,已经在数字图象处理和计算机视觉领域得到了广泛的应用。原始的主动轮廓模型算法可以分为构造能量函数、推导欧拉方程、离散化和迭代求解 4 步。但该算法存在许多问题,为此在分析原始主动轮廓模型算法和一些改进算法的基础上,提出了一种基于遗传算法的主动轮廓模型算法,并给出实验结果。实验结果证明,基于遗传算法的主动轮廓模型不仅成功地解决了原方法收敛易陷入局部最小值的问题,也提高了目标提取的成功率。

**关键词** 主动轮廓模型 遗传算法 目标提取

**中图分类号**: TP391.41 **文献标识码**: A **文章编号**: 1006-8961(2003)01-0041-06

## Active Contour Model Based on Genetic Algorithm

LIU Zhi-jian

(Department of Automatic Control, National University of Defence Technology, Chungsha 410073)

**Abstract** Active Contour Model introduced by Kass *et al* is a energy-minimizing curve in essential. It is a new method of image object extraction based on top-down mechanism, which makes use of high level information to improve the speed and veracity of object extraction. It has been used more and more widely in applications of image analysis and computer vision. The original algorithm of active contour model involves four steps: setting up a variational integral on the continuous, deriving a pair of Euler equations, discretizing them, and solving the discrete equations. This algorithm suffers a number of problems. In this paper, we will firstly discuss the original algorithm and some improved algorithms of active contour model, then propose a algorithm based on the genetic algorithm and present the experiment result. The result proves that genetic algorithm settles the problem of original model that run into the local least value end enhance the success ratio of the object extraction.

**Keywords** Active contour model, Genetic algorithm, Object extraction

## 0 引言

主动轮廓模型<sup>[1]</sup>(又称为蛇)是由 Kass 等人提出的一种全新图象目标提取方法。由于其本质上是一条能量最小化的轮廓曲线,因此它的能量函数可以通过一个积分方程来定义,而且它不同于经典的 Marr 视觉计算理论所描述的自下而上的处理过程,而是一种自上而下的充分利用高级信息的处理过程。用该方法进行目标提取时,首先将一个初始化的主动轮廓放置在图象中感兴趣目标的周围,然后在

图象作用力、轮廓曲线内部作用力以及外部约束的联合作用下,将该轮廓最终收敛到目标。使用这种模型进行目标提取有诸多好处:①由于融合了高级信息,即可在提取过程的开始就将注意力放在所希望提取的目标上,因此可大量地减少计算量;②由于使用这种模型可以消除所希望提取的目标上因纹理或噪声而造成的不连续,因此能得到完整的目标轮廓,而不会将目标分为几个小的区域;③与传统的模板方法不同,这种模型不受目标形状的约束,就可以提取任意形状的目标,并且能够及时适应目标形状发生的变化,在目标追踪中有着极大的应用价值。但是

由于原始的主动轮廓模型算法(简称原始算法)存在着许多问题,如解的最优性、计算的稳定性、陷入局部最小值以及无法加入外部强约束等,因此在一定程度上限制了模型的应用范围。

本文在讨论和分析原始主动轮廓模型及其算法的基础上,结合一些改进算法,提出一种基于遗传算法的主动轮廓模型算法,并且给出了实验结果。

## 1 原始主动轮廓模型及其算法

原始的主动轮廓模型为一条在图象空间域内移动的能量最小化的曲线  $v(s) = (x(s), y(s))$ , 其中,  $s$  为弧长, 其能量函数定义如下

$$E_{\text{snake}} = \int E_{\text{int}}(v(s)) + E_{\text{image}}(v(s)) + E_{\text{con}}(v(s)) ds \quad (1)$$

式中,  $E_{\text{int}}$ 、 $E_{\text{image}}$  和  $E_{\text{con}}$  分别代表主动轮廓模型内部作用力产生的能量项, 图象作用力产生的能量项和外部约束力产生的能量项。其中,  $E_{\text{int}}$  由主动轮廓  $v(s)$  关于弧长  $s$  的一阶导数  $v_s(s)$  和二阶导数  $v_{ss}(s)$  构成, 即

$$E_{\text{int}}(s) = \frac{1}{2}(\alpha(s)|v_s(s)|^2 + \beta(s)|v_{ss}(s)|^2) \quad (2)$$

式中,  $|v_s(s)|^2 \equiv |\partial v / \partial s|^2 \approx |v_i - v_{i-1}|^2$ ,  $|v_{ss}(s)|^2 \equiv |\partial^2 v / \partial s^2|^2 \approx |v_{i-1} - 2v_i + v_{i+1}|^2$ ,  $v_i$  为离散化后的控制点;  $\alpha(s)$  和  $\beta(s)$  为权重参数。该公式说明  $E_{\text{int}}(s)$  是由一个受  $\alpha(s)$  控制的一阶项和一个受  $\beta(s)$  控制的二阶项组成的, 其中一阶项表示曲线的斜率, 用于控制曲线的连续性; 二阶项表示曲线的曲率, 用于控制曲线的弯曲程度。通过调整  $\alpha(s)$  与  $\beta(s)$  的大小, 可以分别改变曲线的斜率和曲率对曲线影响的大小, 例如, 当设置某点的  $\alpha(s) = 0$  时, 则曲线在该点的斜率可以为无穷大, 即允许曲线在该点可以不连续; 若设置  $\beta(s) = 0$ , 则允许曲线在该点可以为一个角。  $E_{\text{image}}$  为线能量、边缘能量以及端点能量的线性组合, 它们均可由图象信息获得, 该能量函数可以表示为

$$E_{\text{image}}(s) = \omega_{\text{line}}(s)E_{\text{line}}(s) + \omega_{\text{edge}}(s)E_{\text{edge}}(s) + \omega_{\text{term}}(s)E_{\text{term}}(s) \quad (3)$$

其中,  $\omega_{\text{line}}(s)$ 、 $\omega_{\text{edge}}(s)$  和  $\omega_{\text{term}}(s)$  为权重参数, 调整这些参数可分别控制各能量项在图象能量中所占的比重, 以便达到控制主动轮廓向期望提取的目标收敛的目的。综上所述, 在实际选取  $\alpha(s)$ 、 $\beta(s)$ 、 $\omega_{\text{line}}(s)$ 、 $\omega_{\text{edge}}(s)$

和  $\omega_{\text{term}}(s)$  时, 需要根据实际需要提取的目标形状来选取不同的数值。令  $E_{\text{ext}} = E_{\text{image}} + E_{\text{con}}$ , 则可以将主动轮廓模型的能量函数重新描述为

$$\int \frac{1}{2}(\alpha(s)|v_s(s)|^2 + \beta(s)|v_{ss}(s)|^2) + E_{\text{ext}}(v(s)) ds \quad (4)$$

用  $F(s, v_s, v_{ss})$  表示被积函数, 由欧拉-拉格朗日必要条件可知, 如果要使方程(4)取极小值, 那么它必须满足下面的欧拉方程

$$F_v - \frac{\partial F_{v_s}}{\partial s} + \frac{\partial^2 F_{v_{ss}}}{\partial s^2} = 0 \quad (5)$$

将相应的能量函数项代入以上方程, 就可以得到一对相互独立的欧拉方程

$$-\alpha x_s + \beta x_{ss} + \frac{\partial E_{\text{ext}}}{\partial x} = 0 \quad (6)$$

$$-\alpha y_s + \beta y_{ss} + \frac{\partial E_{\text{ext}}}{\partial y} = 0 \quad (7)$$

其中,  $x, y$  代表控制点  $v$  的坐标, 为  $s$  的函数,  $x_s, y_s$  表示对  $s$  求一阶导,  $x_{ss}, y_{ss}$  表示对  $s$  求二阶导<sup>[1]</sup>。可将以上两个方程合并为如下一个单独的方程

$$-\alpha v_s + \beta v_{ss} + \nabla E_{\text{ext}}(v) = 0 \quad (8)$$

取空间步长为  $h$ , 对方程(8)进行离散化, 可以得到

$$\begin{aligned} & \frac{1}{h}(a_i(v_i - v_{i-1}) - a_{i-1}(v_{i-1} - v_i)) \\ & + \frac{b_{i-1}}{h^2}(v_{i-2} - 2v_{i-1} + v_i) - 2\frac{b_i}{h^2}(v_{i-1} - 2v_i + v_{i+1}) \\ & + \frac{b_{i+1}}{h^2}(v_{i+2} - 2v_{i+1} + v_i) - (E_x(v_i), E_y(v_i)) = 0 \end{aligned} \quad (9)$$

式中,  $v_i = v(i \times h)$ ;  $a_i = \frac{\alpha(i \times h)}{h}$ ;  $b_i = \frac{\beta(i \times h)}{h^2}$ 。

方程(9)的矩阵形式为

$$Av + \nabla E_{\text{ext}}(v) = 0 \quad (10)$$

或

$$Ax + \nabla E_{\text{ext}}^x(x, y) = 0$$

$$Ay + \nabla E_{\text{ext}}^y(x, y) = 0 \quad (11)$$

其中,  $A$  为一个五对角线矩阵。

由于一方面考虑到能量函数不是一个凸函数, 它可能存在多个局部最小值; 另一方面, 由于希望在给定的区域内搜索到一个较好的轮廓, 所以假定对轮廓曲线已有一个大概的估计, 且比较接近实际数据, 这样就可以得到相互关联的进化方程

$$\begin{cases} \frac{\partial v}{\partial t} - \alpha v_t + \beta v_{tt} + \nabla E_{\text{ext}}(v) = 0 \\ v(0, s) = v_0(s) \\ v(t, 0) = v_0(0), v(t, 1) = v_0(1) \\ v_t(t, 0) = v_{0,t}(0), v_t(t, 1) = v_{0,t}(1) \end{cases} \quad (12)$$

取时间步长为  $\tau$  和空间步长  $h$ , 对方程(12)进行离散化得

$$(I + \tau A)v^{(t)} = (v^{(t-1)} - \tau \nabla E_{\text{ext}}(v^{(t-1)})) \quad (13)$$

或

$$\begin{aligned} x^{(t)} &= (A + \lambda I)^{-1} (\lambda x^{(t-1)} - \nabla E_{\text{ext}}(x^{(t-1)}, y^{(t-1)})) \\ y^{(t)} &= (A + \lambda I)^{-1} (\lambda y^{(t-1)} - \nabla E_{\text{ext}}(x^{(t-1)}, y^{(t-1)})) \end{aligned} \quad (14)$$

其中,  $\lambda = 1/\tau$ .

通过迭代上述方程, 就可以求得最终解.

## 2 对原始算法及其改进算法的分析

由第1节对原始主动轮廓模型及其算法进行的一般性描述可以发现, 由于经典变分方法的使用, 导致原始算法中存在着相当多的缺陷: ①由于欧拉-拉格朗日条件仅仅为一个必要条件, 而非充要条件, 所以并不能保证所求得解, 具有最优性或者相对最优性, 在极端情况下, 甚至有可能用最大值取代最小值; ②基于拉格朗日方法进行求解, 对加入方程中的外部强约束有着相当高的要求, 即要求外部强约束必须可导, 从而极大地增加了计算量, 并且导致相当一部分的强约束不能使用; ③在使用变分方法进行求解时, 必须使用离散的数据来对高阶导数进行估计, 但这个过程对噪声相当敏感, 有可能导致数值计算的不稳定; ④在寻找最优的数值解时, 由于使用了 Gauss-Seidel 或 Jacobi 方法, 因此必须非常注意解过程的收敛性.

由于原始算法存在以上缺陷, Amini 等人提出了一种基于动态规划法的改进算法<sup>[2]</sup>, 该算法对原始的主动轮廓模型进行了改进, 其基本思想为: 首先将主动轮廓模型进行离散化, 再用一系列的控制点的连线来表示轮廓曲线, 这里控制点为实际数字图象中的像素点; 然后分别对这些控制点进行能量计算, 求和后, 就得到了主动轮廓模型的总能量, 这样就将原始能量函数的积分形式变为如下求和形式

$$\sum_{i=0}^{n-1} (E_{\text{int}}(i) + E_{\text{ext}}(i)) \quad (15)$$

最后在离散的解空间中, 利用动态规划法进行全面的搜索, 从而求得最优解. 这种方法由于从一定程度上解决了原始算法中的一些缺陷, 因此不但可以保证算法的收敛性和解的相对最优性, 而且可以取消对外部强约束的限制, 详细解法可参考文献[2]. 但是这种算法也存在自身的弱点, 由于进行全局解空间的搜索, 其计算量和存储量十分巨大, 分别为

$O(n(m+1)^3)$  和  $n \times (m+1)^2$ , 其中,  $n$  为控制点的个数,  $m$  为搜索邻域大小, 并且随着控制点的增加和搜索域的增大, 计算量和存储量将以几何级数增长, 故 Williams 等人针对这个问题, 基于 Amini 等人的思想, 又提出了一种改进算法——贪婪算法, 对模型算法进行了进一步的改进, 他们认为, 每一个控制点的能量仅仅与其相邻的控制点有关, 而与其他点无关, 这样就可以对每一个控制点在其邻域内进行求解, 并且认为, 其中使控制点能量最小的位置即是当前该控制点的最佳位置, 由于其无须像动态规划法那样进行全局的判断, 从而也就可大量地节省计算时间, 即可以将计算量降低为  $O(n(m+1))$ , 但是值得注意的一点是, 该算法并不保证能够找到最优解, 只是找到次优解. 详细的算法见参考文献[3].

以上两个改进算法都致力于改进原始算法数值计算的稳定性以及外部约束的使用, 而对解的最优性考虑则仅仅停留在理想状况下, 即图象的信噪比增高, 图象质量好的情况. 由此不难看到, 当在图象中存在一定噪声的情况下, 一些控制点将在某些区域陷入能量的局部最小值, 并且停留在这些区域不再移动, 从而形成连锁反应, 最终导致主动轮廓不能收敛到目标轮廓.

## 3 基于遗传算法的主动轮廓模型

遗传算法<sup>[4-6]</sup>是一种模拟自然进化过程, 即按照适者生存、优胜劣汰的原则, 采用复制、杂交和变异算子来研究线性和非线性问题状态空间的所有区域, 并对其中最有可能有希望的区域进行开发, 从而获得问题的最优解的计算方法. 在算法计算过程得到的每一代种群中, 适应值越大的个体被复制, 并在下一代中被保留下来的希望越大, 从而保证了种群的进化趋势. 与传统的优化算法相比, 遗传算法有诸多不同之处, 首先, 遗传算法不是从单个点开始进行搜索, 而是从一个种群开始搜索; 其次, 遗传算法只需利用所定义的适应值函数来计算所得的适应值信息, 而无需导数或其他信息; 第三, 遗传算法只利用概率的和随机的转移规则, 而不利用任何确定性的转移规则. 遗传算法的优越性主要表现在: 搜索最优解的过程中, 由于其不易陷入局部最优解, 因此即使在所定义的适应函数是不连续的、非规则的情况或存在大量噪声的情况下, 它也能以最大的概率搜寻到整体的最优解. 这也是本文之所以选用遗传算法来对主

动轮廓模型进行求解的原因。

在本文中,对于主动轮廓模型描述仍将采用 Amiri 等人的提出的离散化思想,即用一系列的离散的控制点来描述主动轮廓曲线,并将一个连续的能量最小化问题转换为一个离散的组优化问题,以便于遗传算法的应用,其能量函数的定义参见方程(15),同时该方程也是应用遗传算法时,适应值函数的定义。

另外,遗传算法的成功应用,需要解决染色体的表示、遗传算子的定义、初始种群的选择、终止条件的选择以及适应值函数的定义等5个方面的基本问题,下面将针对遗传算法在主动轮廓模型中的应用,对这些问题进行全面的讨论。

### 3.1 染色体的表示

对于任何一种遗传算法,染色体的表示(即解的表示)都是一个基础性的问题,它的表述方式不但决定了目标问题在遗传算法中的构造方式,而且决定了选用何种遗传算子,并对以后的计算有着巨大的影响。一般来说,染色体是由一系列基因组合而成,其中基因在一定的范围内取值,例如可以为二进制的0和1,也可以为字母表中的A、B、C、D等。在最初Holland的设计中,是将基因的取值范围限制为二进制的0和1,但是随着应用范围的拓展,已经明显不能有效地表示问题的解,文献[7]已经证明,用自然的方式来表示基因的取值,不但可以提高算法的效率,而且可以搜寻到更好的解。本文算法是将主动轮廓模型的每一个控制点都作为一个基因,再用所有控制点序列构成的基因串来表示染色体,其中不同的控制点位置,即不同的基因取值分别代表不同的解序列,本文算法是将基因的取值与控制点的位置相联系,并且给出一定的连通区域,从而限制了控制点的移动范围,也就限定了基因的取值范围。为了表示方便,可以将该连通区域内的所有像素点进行编号,从1至 $n$ , $n$ 为连通区域内像素的总数,这样就可以将基因的取值范围限定为 $[1, n]$ 区间内的所有正整数,染色体可以用一个 $1 \times (m+1)$ 的向量来表示,该向量前 $m$ 项为用基因表示的控制点序列, $m$ 为控制点的总数,最后一项为当前控制点序列的适应值。

### 3.2 遗传算子

遗传算子分为复制算子、杂交算子和变异算子3种类型,其中复制算子的主要作用是从目前的种群中选择个体,并复制到下一代种群中。常用的复制算子的选择方案有Roulette wheel法及其扩展、Scaling法、Tournament法、Elitist法和Ranking法

等几种,其中Roulette wheel法是最早的一种选择方案,该方案中每一个个体被选择的概率由如下公式定义:

$$P_{i..} = \frac{F_i}{\sum_{j=1}^k F_j} \quad (16)$$

其中, $F_i$ 为个体 $i$ 的适应值, $k$ 为群体中个体的总数,但由于这种选择方案有一个显著的缺点,即适应值不能为负,所以应用不广。在本文的算法中,首先将当前群体中的个体,按适应值大小,由大到小进行个体等级排序,无论正负,最大的个体等级为1,最小的个体等级为 $k$ ,即个体的总数,然后按以下公式计算被复制的概率:

$$P_{i..} = q^i (1-q)^{i-1} \quad (17)$$

其中, $q$ 为最优个体被选择的概率, $r$ 为个体 $i$ 的等级, $q^i = \frac{q}{1-(1-q)^k}$ , $k$ 为个体的总数。

杂交算子的作用是在由复制算子得到的新一代种群中,任意选择两个个体进行交配,以便获得新的个体。在本文的算法中,使用的是—种启发式的杂交算子,这是目前为数不多的利用个体适应值的杂交算子之一。它通过利用父代个体 $X$ 和 $Y$ 的适应值,由下式得到新的个体 $X'$

$$\bar{X}' = \bar{X} + r(\bar{X} - \bar{Y}) \quad (18)$$

$$\bar{Y}' = \bar{X} \quad (19)$$

再由逻辑判断量(feasibility) $L$ 来判断新个体 $X'$ 的可行性

$$L = \begin{cases} 1 & x'_i \geq a, x'_i \leq b, \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \text{对于任意的 } i \quad (20)$$

其中, $r \in [0, 1]$ , $a$ 和 $b$ 分别为基因取值范围的上界和下界,并且个体 $X$ 的适应值大于个体 $Y$ 的适应值。

如果取值为零,则拒绝 $X'$ ,并重新产生一个随机数 $r$ ,再次计算 $X'$ 。如果在指定的迭代次数内,其所产生的 $X'$ 均被拒绝,则令子代等于父代,并返回。

变异算子则是用于在由复制算子得到的新一代种群中任意选取一个个体,并随机地抽取该个体的某些基因进行随机变化,从而得到新的个体。目前应用于变异的遗传算子有很多,如均匀变异算子,非均匀变异算子,边缘变异算子等等,且它们基本上都是基于随机数的变异,没有引入外部信息。通过观察主动轮廓模型的收敛过程发现,其移动有明显的方向性,例如,当初初始化的主动轮廓放置在目标轮廓的内部时,模型上所有的控制点均沿它们法线方向向外移动;而当初初始化的主动轮廓放置在目标轮廓的外

部时,模型上所有的控制点则沿它们法线方向向内移动.为本文提出了一种基于方向的变异算子,其用矢量的形式可以表示如下方程

$$x' = \begin{cases} c(\mathbf{b} - x_i) + x_i, & r \geq 0.5 \\ x_i, & r < 0.5 \end{cases} \quad (21)$$

其中, $r$ 和 $c$ 为 $[0,1]$ 之间的随机数, $x_i$ 为基因 $x_i$ 移动的法线方向, $\mathbf{b}$ 为在基因 $x_i$ 的取值范围内,沿 $x_i$ 的法线方向距离 $x_i$ 最远的矢量,关于基因 $x_i$ 可以任意选择,任意选取.在本文算法中,将这种基于方向的变异算子和均匀变异算子联合使用,不仅收到了较好的效果,也明显地降低了进化的代数.

### 3.3 初始种群,终止条件的选择和适应值函数的定义

应用遗传算法必须提供一个初始的种群,因为该种群的选择对遗传算法的进化速度有一定的影响,但是目前基本上尚没有一种较为完善的选择方法,即基本上都是采用盲目的随机选择方法.本文算法认为,给定的初始主动轮廓是一个比较好或者近似的解,而且在该初始主动轮廓的邻域内,结合模型移动的方向,就可随机地选择初始种群,而一般种群的规模就是用户给出的控制点的个数.

遗传算法何时结束主要由算法的终止条件来决定,一般有3种选择,即适应值落在一定的区域内,进化超过一定的代数或者两者同时使用.但是在主动轮廓模型中,因为对算法结束时的适应值大小根本无法在算法开始前进行估计,所以算法结束的唯一条件是进化超过一定的代数.

关于适应值函数,在3.1节已经定义,在此不再重复.

### 3.4 算法流程

基于遗传算法的主动轮廓模型搜索算法的大致流程如下:

(1) 给定初始的主动轮廓 $Z_i$

(2) 开始循环

①  $i \leftarrow 1$

② 以 $Z_i$ 为初始轮廓,构造一个初始种群

③  $j \leftarrow 1$

④ 应用复制算子从第 $j-1$ 代种群 $S_{j-1}$ 来构造第 $j$ 代的初始种群 $S_j$

⑤ 对第 $j$ 代的初始种群 $S_j$ 应用杂交算子和变异算子产生新的第 $j$ 代的种群 $S'_j$

⑥ 对种群中所有的个体计算适应值

⑦  $j \leftarrow j+1$

⑧ 返回到第③步重复执行,直至满足遗传算法的终止条件为止

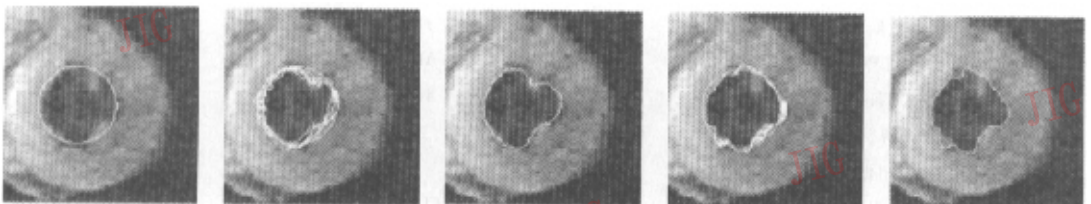
⑨ 从当前种群中的所有个体中寻找适应值最小的个体,并记为 $A$

⑩  $i \leftarrow i+1$ ,并令 $Z_i = A$ ,判断 $|Z_i - Z_{i-1}| < \delta$ 是否成立, $\delta$ 为一个相当小的正数:若成立,则退出循环,否则返回第①步,重复执行

(3) 以 $Z_i$ 为最优解,算法成功退出

## 4 实验结果

由于图象质量的原因,医学图象中的目标提取一直都是一个比较困难的问题.自从主动轮廓模型被提出后,由于其具有各种优良特性,故很快被应用于医学图象中的目标提取,但是由于其能量易陷入局部最小值,从而极大地影响了其实际应用效果.本文采用遗传算法对该模型进行改进后,目标的提取效果得到了明显的改进.图1为实验结果,在计算时间上,原始算法和遗传算法的提取结果没有太大的区别,在赛扬300CPU、128M内存的个人计算机上,计算时间分别为2.45s和2.21s,两种算法时间相近,是因为计算时间主要与控制点的数目、遗传算法的初始种群的选择以及结束条件的选择有关.在本文的结果中,遗传算法的进化代数为40.



(a) 原图

(b) 遗传算法提取过程

(c) 遗传算法提取结果

(d) 原始算法提取过程

(e) 原始算法提取结果

图1 医学图象不同算法的提取过程和提取结果

(图中中央黑色的区域为提取目标,白色圆为初始轮廓)

实验结果表明,如果遗传算法的进化代数选择合理,那么在一般情况下,不仅可以得到比原始算法好的提取结果,而且算法具有较好的抗干扰能力,其不足之处在于,遗传算法的进化代数需要人为的选择,下一步的工作是使算法能根据实际情况自动地选择进化代数,以便为算法实现自主性、缩短计算时间和提高成功率打下基础。

### 参 考 文 献

- 1 Kass M, Winkin A, Terzopoulos D. Snakes: Active contour models[A]. In: Proceedings of First International Conference On Computer Vision[C], London, 1987:259~269.
- 2 Amini A, Tehrani S, Weymouth E. Using dynamic programming for minimizing the active contours in the presence of hard constraints[A]. In: Proceedings, Second International Conference on Computer Vision[C], New York, 1988:95~99.
- 3 William D, Shah M. A fast algorithm for active contour and curvature estimation[J]. Computer Vision Graphics, Image Process, 1992,10(55):14~26.
- 4 刘勇,康立山,陈毓屏. 非数值并行算法——遗传算法(第二册)[M]. 北京:科学出版社,1995.
- 5 Bersini H, Renders B. Hybridizing genetic algorithms with hill climbing methods for global optimization: Two possible ways[A]. In: IEEE International Symposium Evolutionary Computation[C]. Orlando, FL, USA, 1994:312~317.
- 6 Joines J, Houck C. On the use of non-stationary penalty functions to solve constrained optimization problems with genetic algorithms[A]. In: IEEE International Symposium Evolutionary Computation[C]. Orlando, FL, USA, 1994:579~584.
- 7 Michalewicz Z. Genetic algorithms + data structures = evolution programs, AI Series[M], New York, Springer-Verlag, 1994.



刘志俭 1975 年生,现为国防科技大学自动控制系博士研究生.研究方向为智能控制和模式识别.

## 中国科技期刊引证报告——总被引频次分类排序表(计算技术类)

名次	期刊名称	总被引频次	影响因子	名次	期刊名称	总被引频次	影响因子
1	计算机学报	604	0.631	15	中文信息学报	127	0.494
2	计算机科学	539	0.654	16	微型电脑应用	101	0.187
3	软件学报	484	0.560	17	微型机与应用	80	0.103
4	计算机研究与发展	484	0.560	18	计算机仿真	79	0.247
5	计算机工程与应用	470	0.531	19	物探化探计算技术	62	0.153
6	计算机辅助设计与图形学学报	364	0.284	20	微计算机应用	53	0.100
7	模式识别与人工智能	292	0.553	21	数值计算与计算机应用	52	0.123
8	小型微型计算机系统	241	0.570	22	计算机自动测量与控制	45	0.195
9	计算机应用	218	0.320	23	计算机工程与科学	45	0.134
10	中国图象图形学报	210	0.384	24	计算机应用与软件	43	0.146
11	计算机应用研究	199	0.193	25	计算机工程与设计	43	0.146
12	计算机集成制造系统-CIMS	184	0.649	26	计算机辅助工程	14	0.042
13	计算机与应用化学	178	0.444	27	微处理机	14	0.042
14	计算机工程	177	0.160	28	J COMPT SCI & TECH	20	0.021

(引自 2001 年版《中国科技期刊引证报告》)