

一种用于多阈值图象自动分割的混合遗传算法

王培珍 杜培明

(华东冶金学院自动化系, 马鞍山 243002)

陈维南

(东南大学自动化研究所, 南京 210096)

摘要 模糊 C-均值算法是一种比较有效的数据聚类方法. 遗传算法则是一种借鉴生物界自然选择和自然遗传机制的高度并行、随机、自适应的搜索算法. 该文有机地利用遗传算法与模糊 C-均值算法, 并考虑图象的二维灰度信息, 提出了一种适用于多阈值图象自动分割的新方案. 该方案能够快速正确地实现分割, 且不需事先认定分割类数. 实验结果令人满意.

关键词 图象分割 遗传算法 模糊 C-均值算法

中图分类号: TP391.41 **文献标识码:** A **文章编号:** 1006-8961(2000)01-0044-04

A New Mixed Genetic Algorithm for Multilevel Thresholding

WANG Pei-zhen, DU Pei-ming

(Automation Department, East China Institute of Metallurgy, Ma'anshan 243002)

CHEN Wei-nan

(Institute of Automation, Southeast University, Nanjing 210096)

Abstract In this paper, a new approach for multilevel thresholding based on genetic algorithm and fuzzy C-means algorithm has been proposed and implemented. Owing to the characteristics of genetic algorithm, the new approach has good robustness and global optimum. The approach has also been advanced to speed convergence and avoid local optimum. Experimental results are satisfied.

Keywords Image segmentation, Genetic algorithm, Fuzzy C-means algorithm

0 引言

图象多阈值分割是图象处理的基本技术之一, 目前大部分多阈值图象分割技术仍基于二类问题, 即先在全灰度范围内搜索一个最佳门限值, 将图象分为两大部分, 再重复上述过程, 直到不能再分割为止. 在这种由二类问题推广至多类问题的方法中, 需要在全灰度范围内搜索一个最佳门限组合, 耗时较多. 此外这类方法多数不能自动确定类数, 需要事先确定^[1]. 近年来, 亦有工作研究自动分割类数的多阈值分割技术, 如 Papamarkes 等提出的基于爬山

法的多阈值分割^[2]和 Olivo 提出的基于子波变换的方法^[3], 由于它们都是假定每一子区域在直方图中均表现出相应的峰值, 因而无法检测那些峰值不明显的类别.

模糊 C-均值算法是一种比较有效的数据聚类方法, 依据最小二乘原理采用迭代法优化目标函数来获得对数据集的模糊划分. 然而将这一方法直接应用于图象分割时, 则存在分割类数难以确定且速度过慢等问题.

遗传算法是一种通过模拟自然进化过程搜索最优解的方法^[4]. 隐含并行性和对全局信息的有效利用能力是遗传算法的两大显著特点, 前者使遗传算

法只需检测少量结构就能反映搜索空间较大的区域, 便于实时处理; 后者使遗传算法具有较强的稳健性, 可避免陷入局部最优。

基于上述因素, 本文将遗传算法与模糊 C-均值算法有机地结合起来, 提出了一种用于多阈值图象分割的混合聚类的方案。

1 算 法

1.1 模糊 C-均值算法的基本思想

模糊 C-均值算法又称模糊 ISODATA (Iterative Self Organizing Data) 方法^[5-7], 是一种比较有效的利用迭代最优化目标函数对数据聚类的方法。该方法所用目标函数以图象中各象素与各聚类中心(共计 c 个)之间的加权相似度测度为基础构成:

$$J_m(U, V) = \sum_{k=1}^n \sum_{i=1}^c (\mu_{ik})^m (d_{ik})^2 \quad (1)$$

其中: μ_{ik} 为第 k 个象素相对于第 i 个聚类中心的隶属度, d_{ik} 为距离, $m \in [1, \infty)$ 为权指数, U 是图象的模糊 c -划分, V 是 c 个聚类中心组成的集合。算法通过迭代改变 U, V , 使 $J_m(U, V)$ 达到最小, 步骤为:

- (1) 固定聚类数 c , $2 \leq c \leq n$, 此处 n 为数据数目;
- (2) 进行初始模糊 c -划分, 得 $U^{(0)}$;
- (3) 计算聚类中心 $\{V_i^{(b)}\}$, $b = 0, 1, 2, \dots, c$;
- (4) 对 $U^{(b)}$ 进行修正, 计算 $U^{(b+1)}$ 的隶属度;
- (5) 比较 $U^{(b)}$ 和 $U^{(b+1)}$, 若 $\|U^{(b)} - U^{(b+1)}\| \leq \epsilon$, 停止迭代; 否则令 $b = b + 1$ 并返回到(3)。 ϵ 为收敛门限, $\|*\|$ 为范数形式的内积。

该算法的优点在于: 各个区域中特征的非均匀性可包含在初始图象处理中, 且可以形成原始图象的细致的特征空间, 而不会象硬分割那样产生偏倚。显然, $J(U, V)$ 的值越小, 表明各类中样本依附于它们的聚类中心越紧密。因此, 它适合于聚类结果接近于球形分布的情况。此外, 模糊 C-均值算法中还存在两个缺陷: ① 在聚类数未知的情况下, 聚类非常困难; ② 在求聚类中心的迭代过程中所需的计算量过大。

1.2 基本遗传算法概述

遗传算法的基本思想是模拟由一些基因串组成的群体的生物进化过程。与传统的优化算法相比, 其主要特点是利用参变量集的某种编码而不是直接作用在参变量集上; 是在点群上而不是单点寻优; 仅利用问题的目标函数而无需导数或其它辅助信息; 利用概率转移规则而非确定性规则。一个简单的遗传

算法由复制、交叉和变异 3 个遗传算子组成, 一般按下述几个步骤操作:

- (1) 对所求问题编码, 定义目标函数(适应值函数);
- (2) 初始化群体参数, 包括群体规模 N , 交叉概率 P_c , 变异概率 P_m 等;
- (3) 随机产生一个由确定长度的特征串组成的初始群体;
- (4) 对串群体迭代地执行下面的步骤①和②, 直到满足停止准则:
 - ① 计算群体中每个个体的适应值;
 - ② 根据适应值及 P_c, P_m 进行复制、交叉和变异操作;
- (5) 把迭代中出现的最好的个体串指定为遗传算法的执行结果, 即问题的一个解(近似解)。

1.3 基于混合遗传算法的二维多阈值分割方案的构成

考虑图象数据较大, 本方案首先将聚类空间由图象函数空间转移到灰度直方图空间。由于一维灰度直方图只能反映图象的灰度分布, 不能反映图象象素之间的空间相关等各种有效信息, 当图象的噪声比递减, 或由于照明等因素的影响, 使得图象的一维灰度直方图不一定出现明显的峰和谷时, 往往不能得到令人满意的分割效果。因此, 新的方案采用图象的二维灰度直方图——象素的灰度值分布及其邻域的平均灰度值分布所构成的直方图作为聚类空间。基本步骤如下:

- (1) 求图象的二维灰度直方图;
- (2) 利用二维灰度直方图, 对所求问题编码, 其中“1”表示可能的聚类中心, “0”为非聚类中心点;
- (3) 应用遗传算法对样本进行粗划分, 即求聚类中心与聚类数。
- (4) 利用(3)所得的结果及最小二乘原理对图象进一步聚类, 得分割结果。

在上述步骤(3)应用遗传算法求聚类中心与聚类数时, 目标函数可以表示成如下形式:

$$F[i] = \sum_l W_l C_l \quad (2)$$

其中, C_l 为构成目标函数的几个要素, W_l 为相应的权值, l 为要素的个数, 其中 C_1 取为:

$$C_1 = \sum_{k=1}^n \sum_{i=1}^c (\mu_{ik})^m (d_{ik})^2 \quad (3)$$

即(1)式, 其余项可视具体聚类对象而定, 如图象的灰度分布情况、非球形聚类的修正项等。

2 方案的讨论与分割实例

2.1 框图与目标函数的选取

图1为方案的框图,其中对二维灰度直方图进行平滑滤波时采用的是高斯滤波器.群体中的个体表示为由“0”和“1”组成的二维数组,其中“1”表示可能的聚类中心点,“0”表示非中心点.串长与图象灰度级相对应.

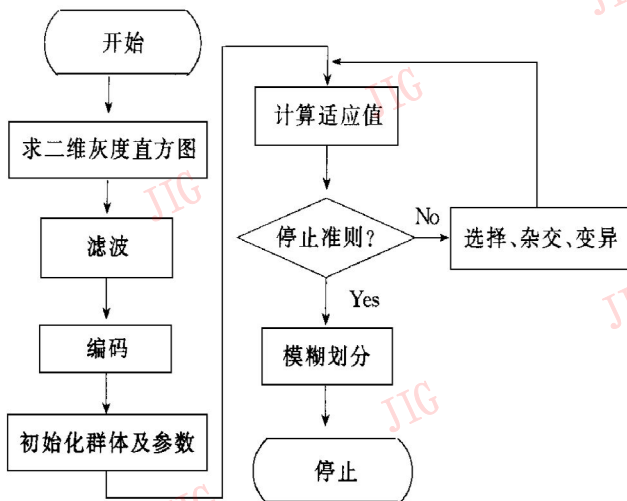


图1

目标函数(2)式中,除了 C_1 仍表示为(3)式外,其余项取为:

$$C_2: C_2 = \sum_i D_i, D_i \text{ 取决于串上点所处的位置,}$$

若处于极大值点,取1;否则,取0.对串上所有的点进行求和;

C_3 : 取决于独立峰之间的距离;

C_4 : 为独立峰中最小的体积与总体积之比;

C_5 : 为峰谷比.

2.2 方案的特点及几点措施

与模糊C-均值算法相比,本方案具有以下优点:

(1) 将聚类空间由图象函数空间转移到灰度直方图空间,使计算的复杂度大为降低;

(2) 在应用遗传算法求聚类中心的同时,已求得聚类数,无须预先确定类数;

(3) 式(2)各项中,除了包含了模糊C-均值算法的基本思想(最小二乘原理),还可以包括其余项,使得方案具有更大的灵活性与通用性;

(4) 隐含并行性和对全局信息的有效利用能力,使得本方案在聚类速度的提高上具有较大的潜力.

针对图象阈值分割特点及算法本身,在具体计算中我们采取了以下几点措施:

(1) 由于聚类中心点通常在直方图中的极大值点附近,故在初始化群体时,我们并不是完全随机地产生“0”和“1”,而是采用以下两步:先找出灰度直方图中的极大点,令个体中与这些极大点对应的值为“1”,其余为“0”,产生群体中的第一个个体;在此基础上,对于每一个点,随机地取非,由此产生群体中其余 $N-1$ 个个体,以提高算法的收敛速度.

(2) 设置最优个体储蓄站,保存上一代中的最优个体,当交叉与变异完毕后,再将它放入到新的群体中,这样便可以避免可能最优解的丢失.

(3) 改变通常交叉率与变异率不变的做法.在运算的初始阶段,取较大的交叉率和较小的变异率,以便尽快地筛选出最优个体.当迭代到群体中已经难以找到适应值更高的个体时,将交叉率减小10%,变异率增加20%,以产生更好的个体.这样做,既可加快收敛速度,亦可避免陷入局部最优.

2.3 参数的选择与实验结果

本文处理的对象为 512×512 的灰度图象,灰度级为256.群体规模 N 取500,基因串为 128×128 的二维阵列.交叉率和变异率的初始值分别取0.5和0.02, m 取1.5,滤波器的尺寸取 3×3 .图2和图3中,(a)分别为原图,由CCD摄像头获取,(b)是用单一的遗传算法对一维灰度直方图搜索所得的分割结果^[8],(c)为本文方案分割结果.由于本方案利用了二维灰度信息并结合了模糊聚类的技术,错误分割及噪声点明显减少.运算在Pentium II上进行,分割时间约15秒,而模糊C-均值算法在聚类数给定为4时,操作时间约为2小时.

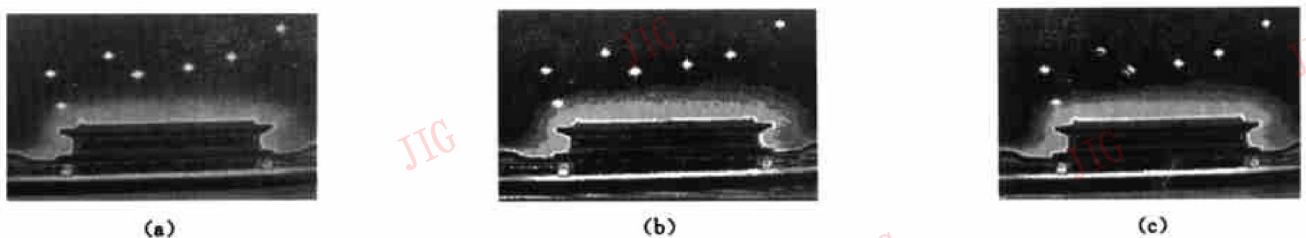


图2

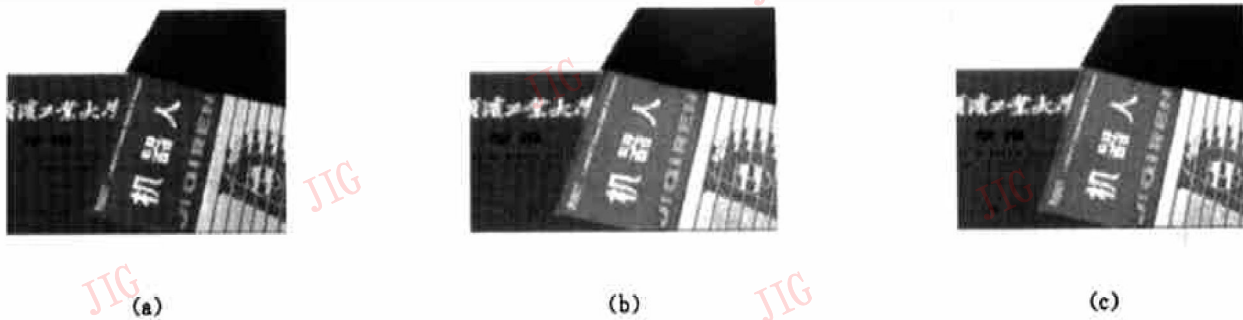


图 3

参 考 文 献

- 1 Nikhil R Pal, Sanker K Pal. A review on image segmentation techniques. Pattern Recognition, 1993, 26 (9): 1277~ 1294.
- 2 Papamarkes N, Gatos B. A new approach for multilevel threshold selection. CVGIP: Graphical Models and Image Process, 1994, 56 (5): 357~ 370.
- 3 Olivo J C. Automatic threshold selection using the wavelet transform. CVGIP: Graphical Models and Image Process, 1994, 56 (5): 357~ 370.
- 4 Davis L. Handbook of Genetic Algorithms. New York: Van Nostrand, 1991.
- 5 Ruspini E H. A new approach to clustering. Inf Control, 1969, (15): 22~ 32.
- 6 Dunn J C. A graph theoretic analysis of pattern classification via Tamura's fuzzy relation. IEEE Trans Syst, Man Cybern, 1974, (4): 310~ 313.
- 7 Bezdek J C. Cluster validity with fuzzy sets. J Cybern, 1974, (3): 58~ 73.
- 8 王培珍等. 基于遗传算法的多阈值图象自动分割技术. 东南大学学报, 1997, 27(5B): 248~ 251.

杜培明 华东冶金学院自动化系副教授, 1988 年于合肥工业大学无线电系获硕士学位. 主要研究方向为图象处理、模式识别、计算机视觉及智能控制等.



王培珍 华东冶金学院自动化系讲师, 1992 年于安徽大学物理系获硕士学位. 目前主要研究方向为图象处理、模式识别及计算机视觉等.

陈维南 1960 年毕业于南京工学院, 现任东南大学教授, 博士生导师, 江苏省自动化学会理事长. 目前主要从事计算机视觉、图象处理、智能控制等方面的研究. 专著有《计算机控制技术》, 已发表论文 40 余篇.