



二维遗传算法用于图象动态分割¹⁾

薛景浩 章毓晋 林行刚

(清华大学电子工程系 北京 100084 E-mail:zhangyj@ee.tsinghua.edu.cn)

摘要 为了有效地对受噪声影响的图象进行分析,提出了两种基于二维遗传算法的图象动态分割算法。在这些算法中:1)分别采用了以阈值曲面和模糊隶属度曲面为染色体的二维染色体编码方式;2)采用了全局阈值化算法和模糊集合理论初始化种群;3)采用 Hopfield 网络的能量函数形式,结合 FCM 算法和现有阈值化算法中的一般性分割准则构造适应度函数。利用实际图象将所提出的算法与一些典型算法进行了分割比较实验,结果表明所提算法有较好的抗噪效果。

关键词 二维遗传算法,适应度函数,图象动态分割。

DYNAMIC IMAGE SEGMENTATION USING 2-D GENETIC ALGORITHMS

XUE Jinghao ZHANG Yujin LIN Xinggang

(Department of Electronic Engineering, Tsinghua University, Beijing 100084)

Abstract To effectively accomplish analysis tasks for noisy images, two new algorithms for dynamic image segmentation based on 2-D genetic algorithms are proposed. In these new algorithms: (a) coding with 2-D chromosome by taking respectively the surface of thresholds and surface of fuzzy membership is adopted; (b) initialization of population with global thresholding methods and fuzzy set theory is experienced; (c) construction of fitness function by using energy function of Hopfield neural network as well as by integrating objective function of FCM algorithm, thresholding algorithms and general criteria of image segmentation is employed. A number of experiments using real images are performed, in which the proposed algorithms are compared with some typical segmentation algorithms. Results show that the new algorithms have superior performance for noisy images.

Key words 2-D genetic algorithms, fitness function, dynamic image segmentation.

1) 国家自然科学基金资助项目(No. 69672029).

1 引言

遗传算法是并行的、统计的随机化搜索方法,其基本原理是通过模拟生物个体间的基因交换、变异和种群的世代更替,保存对环境适应度高的染色体,淘汰适应度低的染色体,以实现优化的目的。本文结合现有的分割策略、模糊集合理论和 Hopfield 神经网络的能量函数,构造了两种用于图象动态分割的二维遗传算法,分别适用于不同噪声特性的图象。

2 基于阈值曲面的二维遗传算法

该算法(GA1)的特点是:1)采用基于阈值曲面的二维染色体编码;2)结合 Otsu 算法^[1]和随机加扰初始化种群;3)采用 Hopfield 网络的能量函数形式,结合 Yanowitz 算法^[2]和其它图象分割最优准则构造适应度函数;4)采用精英策略结合随机保留法选择母染色体;5)采用分块的窗交叉算子实现繁殖;6)动态调整交叉概率、变异概率。

2.1 二维染色体编码

将染色体编码成代表阈值曲面的二维($M_1 \times M_2$)矩阵。阈值是[0,255]内的整数,因而解空间大小为 $256^{M_1 \times M_2}$ 。

2.2 种群的初始化

先借助 Otsu 算法^[1],得到与象素位置(x, y)和灰度 $f(x, y)$ 无关的等阈值平面。在此基础上迭加随机扰动可构成阈值曲面,方法为(这里如果 $t(x, y) > 255$,取 $t(x, y) = 255$)

$$t(x, y) = \begin{cases} t_0 + \text{random}(0, \max(t_0, 255 - t_0)), & \text{if } f(x, y) > t_0, \\ t_0 - \text{random}(0, t_0), & \text{if } f(x, y) \leq t_0. \end{cases} \quad (1)$$

如此重复,直至完成 N 个有随机性的阈值曲面的初始化。

2.3 适应度函数设计和缩放

GA1 算法采用 Hopfield 能量函数表达空间邻域特性、拓扑相似性、以及目标和背景的类内相似性和类间差异性等从图象中可获取用于分割的信息,构造适应度函数。先定义下列能量函数

$$E_1 = \sum_{x=1}^{M_1} \sum_{y=1}^{M_2} [R(x, y)]^2, \quad (2)$$

$$E_2 = \sum_{x=1}^{M_1} \sum_{y=1}^{M_2} \sum_{l=-d}^d \sum_{k=-d}^d [t(x, y) - t(x + l, y + k)]^2, \quad (3)$$

$$E_3 = \sum_{x=1}^{M_1} \sum_{y=1}^{M_2} \sum_{l=-d}^d \sum_{k=-d}^d [(t(x, y) - t(x + l, y + k)) - (f(x, y) - f(x + l, y + k))]^2, \quad (4)$$

$$E_4 = \sum_{x=1}^{M_1} \sum_{y=1}^{M_2} [t(x, y) - f(x, y)]^2, \quad (5)$$

式中 d 是邻域宽度。在阈值曲面上应有 $E_1 = 0$; E_2, E_3, E_4 均是一致性度量, E_2 越小, 表示相邻象素的分割阈值越接近; E_3 越小, 表示原始图梯度和阈值曲面梯度的拓扑结构越相似; E_4 越小, 表示原始图的灰度起伏和阈值曲面的拓扑结构越相近; E_3, E_4 有助于消除伪目

标. 最优分割解对应最小能量函数, 而遗传算法按最大适应度准则搜索, 因而先对上述各能量函数归一化并取反, 再取适应度函数为

$$\text{Fitness} = C_0 - \alpha \frac{E_1}{C_1} - \beta \frac{E_2}{C_2} - \gamma \frac{E_3}{C_3} - \lambda \frac{E_4}{C_4}, \quad (6)$$

其中 $C_0 = \alpha + \beta + \gamma + \lambda$ 是保证适应度函数值非负的偏移量; $\alpha, \beta, \gamma, \lambda$ 是正加权系数. C_1 至 C_4 是归一化因子, 分别为: $C_4 = M_1 \times M_2 \times 255 \times 255$; $C_1 = C_4 \times 16$; $C_2 = C_4 \times [(2d+1)^2 - 1]$; $C_3 = C_2 \times 4$.

GA1算法采用最简单的加窗缩放法^[3], 用缩放前的适应度减去前 n 代内的最小适应度函数值, 即 $\text{Fitness}(x, y)_{\text{new}} = \text{Fitness}(x, y)_{\text{old}} - f_{\min}(n)$.

2.4 参数选择及动态调整

为提高遗传算法用于图象分割的收敛速度和实用性, 必须降低种群内的个体总数. 这里设种群规模为 20, 采样率是 $20/256^{M_1 \times M_2}$. 由于采样率很小, 开始在解空间搜索时可作大范围的试探, 在接近最优解附近时只需微调. 随着搜索的进行, GA1 算法对交叉概率和变异概率按指数方式进行动态下调. 交叉概率和变异概率的初始值分别为 0.8 和 0.01.

2.5 算子设计(选择算子、交叉算子、变异算子)

这里采用随机保留法(期望值法)结合精英策略作选择算子, 原因是: 1) 精英策略保存父代中的最优染色体, 能保证收敛; 2) 随机保留法根据个体的适应度与当代种群平均适应度之间的相对关系, 确定繁殖概率, 因而使适应度高于平均值的相对优秀个体肯定会被选中至少一次.

3 基于模糊隶属度曲面的二维遗传算法

结合直方图分析模糊集合方法和模糊 C 均值算法, 用隶属度曲面取代阈值曲面构造遗传算法 GA2. 该算法的思路是: 1) 在图象空间内, 由遗传算法生成一组满足适应度准则的最优隶属度曲面族. 曲面族内每一曲面对应一个模式类, 曲面上的值对应所有象素关于该类的隶属度函数值. 隶属度曲面与图象同样大小. 2) 利用解出的隶属度曲面族实现象素分类. 具体是: 如果聚类数是 C , 则隶属度曲面族包含 C 个曲面, 遗传算法停止后根据最大隶属度准则进行象素的聚类分割. 以只有目标和背景两类的二值化分割为例, 每个曲面族只包含两个隶属度曲面. 进一步, 可使两个曲面互补, 即 $\mu_1(x, y) = 1 - \mu_2(x, y)$, 这样只需搜索一个最优曲面, 减少了计算量. 下面仅介绍 GA2 与 GA1 不同的地方.

3.1 二维染色体编码

将染色体编码成以各象素的隶属度函数值为元素的二维矩阵. 隶属度函数值是 $[0, 1]$ 内的实数, 为操作方便, 进行 8bit 量化并线性化到 $[0, 255]$, 解空间大小仍为 $256^{M_1 \times M_2}$. 基于前面所述, 这里只编码象素关于背景模糊集合的隶属度函数值矩阵 $\mu_2(x, y)$.

3.2 种群的初始化

设种群规模为 N , 象素点由灰度 $f(x, y)$ 表征. 首先等间隔采样图象灰度范围, 采集 N 个阈值 (t 为其中之一) 作全局阈值化; 然后按下述的隶属度函数计算出 N 个 $\mu_2(x, y, t)$:

$$\mu_2(x, y, t) = \begin{cases} \frac{1}{2} \left| \frac{f(x, y) - m_1(t)}{C} \right|^{\alpha}, & 0 \leq f(x, y) \leq t, \\ 1 - \frac{1}{2} \left| \frac{f(x, y) - m_2(t)}{C} \right|^{\alpha}, & t < f(x, y) \leq L, \end{cases} \quad (7)$$

式中 $m_1(t), m_2(t)$ 是两类象素的灰度均值, 可从直方图 $h(g)$ 中 t 两侧估计出来; $\alpha \geq 0$ 为类内元素对均值的紧致度参数, 可描述诸如大约、相近等模糊语义; 常数 C 为归一化因子.

3.3 适应度函数设计

仿照 GA1 中的适应度函数设计方法, 结合隶属度曲面特点, 得到以下能量函数:

$$E_5 = \sum_{x=1}^{M_1} \sum_{y=1}^{M_2} \sum_{l=-d}^d \sum_{k=-d}^d [\mu_2(x, y) - \mu_2(x + l, y + k)]^2. \quad (8)$$

E_5 越小表示相邻象素对于同一类的隶属度值越接近.

$$E_6 = \sum_{x=1}^{M_1} \sum_{y=1}^{M_2} \sum_{l=-d}^d \sum_{k=-d}^d [\mu_2(x, y) + \mu_2(x + l, y + k) - 1]^2. \quad (9)$$

E_6 越大表示相邻象素对于不同类的隶属度值相差越大. E_6 是互斥性变量, 可以避免相邻象素分到不同类. 从最小能量函数出发, 对 E_6 需取负值.

另外从模糊 C 均值(FCM)方法中引入目标函数作为 E_7 ,

$$E_7 = \sum_{x=1}^{M_1} \sum_{y=1}^{M_2} [\mu_2(x, y)^m (f(x, y) - g_2)^2 + (1 - \mu_2(x, y))^m (f(x, y) - g_1)^2], \quad (10)$$

式中 m 称模糊加权指数, $m \in [1, \infty)$; g_1, g_2 分别是目标和背景两类的模糊均值

$$g_1 = \sum_{x=1}^{M_1} \sum_{y=1}^{M_2} [(1 - \mu_2(x, y))^m f(x, y)] / \sum_{x=1}^{M_1} \sum_{y=1}^{M_2} [1 - \mu_2(x, y)^m], \quad (11)$$

$$g_2 = \sum_{x=1}^{M_1} \sum_{y=1}^{M_2} [\mu_2(x, y)^m f(x, y)] / \sum_{x=1}^{M_1} \sum_{y=1}^{M_2} [\mu_2(x, y)^m]. \quad (12)$$

E_7 表示各类的类内模糊方差应该小, 即紧致度要大.

定义适应度函数为

$$\text{Fitness} = C_8 - \eta \frac{E_5}{C_5} + \rho \frac{E_6}{C_6} - \sigma \frac{E_7}{C_7}, \quad (13)$$

偏移量 $C_8 = \eta + \sigma$; η, ρ, σ 是正加权系数. 归一化因子依次为: $C_5 = C_6 = M_1 \times M_2 \times [(2d + 1)^2 - 1]$; $C_7 = M_1 \times M_2 \times 255 \times 255$.

4 实验结果与分析

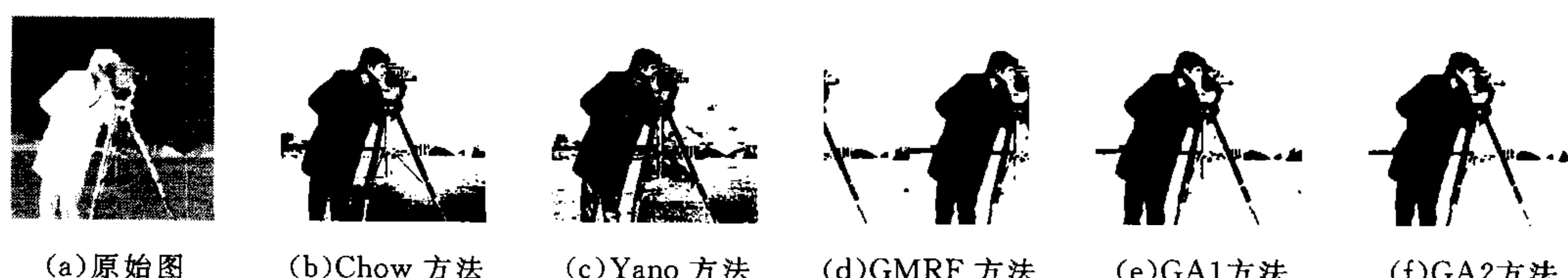


图1 对原始 cameraman 图象的分割结果

选择标准图象 cameraman(图1(a), 256×256 大小)来测试和比较本文提出的两种算法 GA1 和 GA2 与其它一些典型算法(包括动态分割 Chow 算法^[4], Yano 算法^[2], 高斯马

尔可夫随机场 GMRF 算法^[5])的性能. 从实验结果看, GA1, GA2 在对背景中不均匀性的滤除和人物轮廓的提取上要优于其它算法(尤其远远好于 Chow 方法和 Yano 方法).

为了考察强噪声下算法的性能, 对图1(a)叠加了概率分布符合均匀分布(取值在±50之间, 均值为0)的随机噪声, 得到图2(a). 从对该图的分割结果可以发现, GA2 的抗随机噪声特性最好, 而 GA1 与 Chow 方法相似, 比其它算法要好.



图2 对加噪声 cameraman 图象的分割结果

GA1 对两幅图象的分割收敛时, 迭代次数分别为 15, 19; GA2 为 16, 13. 串行模拟时, 在 Sun Sparc Ultra-60 上每次迭代约需 3 秒. 所以分割一幅图象不到 1 分钟. 如果采用亚抽样, 或者对染色体分块编码处理, 可以大大提高收敛速度(64×64 的图象块, 每次迭代时间小于 0.2 秒, 且收敛时的迭代次数相对减少), 但付出的代价是分辨率的降低和块边界效应.

5 结论

本文提出了两种用于图象动态分割的二维遗传算法. GA1 强调相邻象素点的等同性, 加上拉普拉斯等式的平滑作用, 因而阈值曲面没有尖锐的凹凸, 适于消除成块出现的突发噪声, 但在分割有随机噪声的图象时会因为灰度曲面有随机的尖锐凹凸而产生误差. GA2 直接利用各象素点的统计特性及其空间邻域信息, 分割时不生成明确的灰度阈值, 适于分割随机噪声严重的图象.

参 考 文 献

- 1 Otsu N. A threshold selection method from gray-level histograms. *IEEE-SMC*, 1979, **9**(1): 62~66
- 2 Yanowitz S D, Bruckstein A M. A new method for image segmentation. *CVGIP*, 1989, **46**: 82~95
- 3 Grefenstette J J. Optimization of control parameters for genetic algorithms. *IEEE-SMC*, 1986, **16**(1): 122~128
- 4 Chow C K, Kaneko T. Automatic boundary detection of the left-ventricle from cineangiograms. *Computers and Biomedical Research*, 1972, **5**: 388~410
- 5 Krishnamachari S, Chellappa R. Multiresolution Gauss Markov random field models. *IEEE-IP*, 1997, **6**(2): 251~267

薛景浩 1993年和1998年分别于清华大学电子工程系获学士和博士学位. 现在比利时做博士后研究. 主要研究兴趣是图象分析、模式识别和机器智能.

章毓晋 教授, 博士生导师. 1989年获比利时列日大学博士学位. 研究领域主要是图象工程(图象处理、图象分析、图象理解及其技术应用)学科, 已发表140余篇研究论文, 著有《图象分割》等书3本. 现为 IEEE 高级会员、中国图象图形学会学术委员会副主任、《中国图象图形学学报》副主编.

林行刚 教授、博士生导师. 1970年毕业于清华大学电子工程系, 并分别于1982和1986年获日本京都大学信息科学系硕士和博士学位. 现为 IEEE 高级会员. 研究领域包括数字图象处理、多媒体应用、计算机辅助设计及计算机视觉等, 已在国内外发表论文约100篇.