

基于多层感知遗传算法的图象分割新方法

龙甫荃 郑南宁

(西安交通大学人工智能与机器人研究所·西安, 710049)

张晓绩

(西北工业大学自动控制系·西安, 710072)

摘要: 本文提出了一种新的灰度图象分割方法. 该方法模拟了人类视觉由粗到细的分割过程, 针对图象中各位置的不同内容采用不同的细节分辨率, 形成多层感知的塔式结构; 而在每一分辨率层上, 采用小生境的遗传算法进行图象分割, 使整个算法具有较强的鲁棒性、适用性、非监督性及高度的并行性, 通过与单层遗传分割算法^[1]相对比, 显示了该方法具有更好的分割效果.

关键词: 图象分割; 遗传算法; 多分辨率

1 引言

图象分割是图象处理和计算机视觉中的基本任务, 传统的各种分割方法一般针对具有某种具体约束条件的图象, 在本质上都是串行的, 且鲁棒性差. 近年来, 有人提出遗传分割的思想^[1], 即从生物进化、选择、繁衍的角度模拟图象的分割过程, 这种方法具有高度的并行性、较强的鲁棒性及适用性, 不需要对图象做具体的约束, 但由于分辨率单一, 使得物体与背景不能同时获得最佳的分割效果, 当要对物体进行精细的分割时, 均匀的背景会产生出过细的小块, 而要想使均匀一致的背景分割成较大的图象块, 物体的分辨精度就会降低. 为此, 本文提出一种新的图象分割方法, 该方法采用多分辨率对图象进行多层次的分割, 而在每层上都采用遗传迭代算法寻求最佳分割, 不但克服了传统分割方法的缺陷, 继承了单层遗传分割的优点, 而且使得图象的不同细节具有不同的分辨率, 从而使得物体与背景能同时获得较好的分割效果.

2 遗传算法与小生境遗传算法

遗传算法的基本思想源于 Darwin 进化论和 Mendel 的遗传学说, 它是一种随机搜索方法, 通过不断迭代修改在一组可能解中寻找问题的最优解或近似最优解. 其优良特性在于不受问题的函数约束条件(如连续性、导数存在等)的限制, 对传统方法难于解决的问题, 它都能有效地解决; 另外, 它是从问题的串集而不是单个解开始并行搜索, 因而可以避免陷入局部最优. 用遗传算法求解问题的过程大致如下:

1) 确定染色体、种群和适应函数.

将问题的解编码成二进制码串, 即染色体, 若干个可能解构成一组种群, 适应函数体现了在问题求解过程中染色体求解问题的能力.

2) 基因初始化, 即对种群中染色体的各基因(二进制子串)设定初始值.

3) 将种群的各染色体置于问题的环境中遗传进化.

1° 进化: 根据适应函数, 计算每个染色体的适应值.

2° 选择: 选择有较大适应值的染色体进行复制, 替代适应值小的染色体.

3° 交换和变异: 其目的在于产生有可能更适应环境的新染色体, 如表 1 所示.

4) 重复 3) 直至满足终止条件, 这样一代代不断进化, 最终将收敛到一个最适应环境的个体上, 即问题的最优解。

自然界中具有相同特征的一群个体被认为是一个物种, 环境也被分成不同的小环境, 形成小生境。基于这种生物原理, 小生境遗传算法认为选择和交换都不是任意随机的, 而是在具有相同特征的种群中进行, 由此产生的后代将取代具有相同特征的种群的个体。在图象处理问题中, 由于相邻像素的相关性, 故应采用选择、交换过程都是局部的小生境遗传算法。

3 多层感知的遗传分割算法

3.1 算法机理

人类视觉分割具有多分辨率的特点, 即对于景物中灰度变化缓慢的低频部分, 采用较低分辨率, 而对于灰度变化剧烈的高频部分, 采用高分辨率以区分细节, 就分割过程而言, 体现了由粗到细的特点。本文提出的算法模拟了人类视觉分割的这一特点, 采用金字塔式的多分辨率结构, 首先在塔底(第 0 层)对原始图象做大致粗略的分割, 得到些较大的图象区域, 然后将满足细分准则(见 3.3.4)的区域提升到第 1 层做进一步的细分, 再在第 1 层分割结果的基础上, 将满足细分准则的区域提升到第 2 层, 如此继续直至所有区域不必再细分。在金字塔的每一层上, 沿袭单层遗传算法的基本思想^[1], 将图象分割看成是由该层的输入图象经过一个分类器系统产生标号图象的过程。

3.2 问题的染色体、基因和种群

上述分类器是作用在图象上各像素点的一组规则, 对这组规则编码就构成了问题的染色体。在多层感知遗传分割算法中, 染色体是变长的, 其长度随分辨率的增加(即塔层的升高)而动态增长, 在金字塔第 i 层上, 染色体的结构为:

feature	label ₀	label ₁	...	label _{$i-1$}
---------	--------------------	--------------------	-----	-----------------------------------

子串 feature 表示在第 i 层上像素点的特征向量, 子串 label₀, ..., label _{$i-1$} 表示该点在第 0 层至第 $i-1$ 层上的标号, 这些串都称为染色体的基因。这样, 整个图象的各像素点位置都作用着一条染色体, 不同像素点处的分辨率不同, 染色体的长度也不同。每个染色体与其周围的若干个染色体构成一个种群, 整个图象包含多个种群, 即若干个小生境。

3.3 算法描述

下面给出算法的大致框架, 我们将在以下各小节中逐一介绍。

```

init  $P_c, P_m, \text{diffmax}, \text{count}, \text{maxgen}, \text{variance}, \text{area}, \text{needinit} [i][j]$ ;
/* 参数初始化 */
do
/* 分割开始 */
{ count++;
/* 层计数器加 1 */
init();
/* 当前层基因初始化 */
do
/* 第 count 层上遗传分割开始 */
{ reproduce();
/* 选择进化 */
crossover();
/* 交换 */

```

表 1 交换变异操作示意图
($\wedge$ 表示交换位置, $-$ 表示变异位置)

操作	父代	子代
交换	00111 $\wedge$ 011	10100011
	10100 $\wedge$ 110	00111110
变异	00111011	00101011

```

mutation( );                                /* 变异 */
}while( (stop=gmstop( )) != 1)              /* 当前层上遗传分割结束 */
output( );                                  /* 输出当前层上的遗传分割结果 */
compute( );                                /* 计算各区域的方差和像素数 */
change-needinit( );                         /* 根据方差和像素数确定各区域是否进一步细分 */
}while( (end=gmend( )) != 1)                /* 整个分割过程结束 */

```

算法开始进行参数初始化, P_c, P_m 分别是交换概率和变异概率, diffmax 和 maxgen 是算法判停的参数(见 3.3.5), count 是层计数器, 其初始值为 -1, area 及 variance 是细分准则参数(见 3.3.4), needinit $[i][j]$ 是标志数组, 其值为 1 表示像素点 (i, j) 处的染色体参加当前层的遗传分割, 其值为 0 表示像素点 (i, j) 处的分辨率已足够, 其染色体不再参加当前层及以后各层的遗传分割, needinit $[i][j]$ 的初值均为 1, 即整幅图象都需分割。

3.3.1 初始化 init()

在每层遗传分割之前, 首先应初始化参数 labelsize [count] 和 neighbor[count], 前者表示 count-1 层分割所得的各区域在第 count 层上应进一步细分成的最大子区域数, 后者表示在第 count 层上各染色体所在种群的大小, 它决定了选择、交换在多大的邻域内进行。

此后, 应对染色体的各基因进行初始化. 在第 0 层上, 所有染色体的所有基因(包括 feature 和 label₀)都需初始化; 在第 i 层上, 根据细分准则不必再细分(即停留在第 0 层至第 $i-1$ 层上)的那些区域中的像素点处(needinit $[i][j] = 0$)的染色体不再初始化, 而对仍需继续细分的区域中的像素点处的染色体(needinit $[i][j] = 1$), 基因 label _{k} ($k = 0, \dots, i-2$) 保持不变, feature 及 label _{$i-1$} 则需初始化, 本文用随机初始化的方法。

3.3.2 进化选择 reproduce()

对当前层上参加遗传分割的像素 (i, j) (needinit $[i][j] = 1$) 位置上的染色体 X_{ij} , 定义其适应函数 $f(X_{ij})$ 为:

$$f(X_{ij}) = -|F_{ij} - G_{ij}|.$$

F_{ij} 是 X_{ij} 的 feature 值, G_{ij} 是原始图象中 (i, j) 位置处的像素灰度值. 通过适应函数可以计算出各染色体的适应值, 适应值越大, 该染色体的生存能力越强。

对当前层上的每个染色体, 在其 $(2 \text{ neighbor}[\text{count}] + 1)^2$ 的邻域中寻找与之同层的具有最大适应值的染色体(可能是它本身)替代它。

3.3.3 交换 crossover() 和变异 mutation()

对当前层上的每个染色体, 在其 $(2 \text{ neighbor}[\text{count}] + 1)^2$ 的邻域中寻找与之同层的具有相同标号即 label _{i} ($i = 0, \dots, \text{count}-1$) 均相同的染色体, 根据交换概率 P_c 进行交换操作, 产生出新的染色体, 以参加进化. 此外, 染色体的基因还可根据给定的变异概率 P_m 发生变异, 即某些位随机地由 1 变 0 或由 0 变 1. 交换、变异的目的是为了产生可能更适应环境的新染色体。

3.3.4 细分准则

在每层分割结束后, 应根据细分准则确定各区域是否要采用更高分辨率细分, 调用 compute() 统计各区域的方差和面积(即像素数), 当方差和面积分别大于给定的阈值 variance 和 area 时, 表示该区域是块灰度变化较剧烈且面积较大的区域, 应进一步细分. 此时, 调用 change-needinit(), 将那些不必再细分的区域中的像素点的标志 needinit $[i][j]$ 置 0, 而需进一步细分的区域中的像素点标志 needinit $[i][j]$ 保持 1 不变。

3.3.5 终止条件

算法终止判断包括 $gmstop()$ 和 $gmend()$, 前者判断每层上的遗传迭代是否结束, 后者判断整个多层分割过程是否结束. 在每层上, 当前后两代标号发生改变的象素数不超过 $diffmax$ 或当达到一个给定的最大代值 $maxgen$ 时, 该层上的分割结果便趋于稳定, $gmstop()$ 返回 1, 当前层的遗传分割结束. 当根据细分准则没有区域要再细分时, $gmend()$ 返回 1, 整个算法结束.

4 实验结果与讨论

图 1 是对一幅 256 级灰度的人物图象(a)进行分割的结果, 我们将单层与多层感知的遗传分割进行对比, (b), (c) 是单层感知的遗传分割结果, P_c 值取为 0.1, P_m 为 0.05, 最大代数 $maxgen$ 为 100, $diffmax$ 为 820 (约为总象素数的 5%), 其中 (b) 的最大区域数是 4, 经过 13 代得到稳定分割, (c) 的最大区域数为 8, 经过 25 代得到稳定分割. (d), (e), (f) 分别用多层感知的遗传分割算法得到的 1, 2, 3 层分割结果, $maxgen$, $diffmax$ 与单层遗传分割的取值相同, 3 层的最大区域 $labelsize[0]$, $labelsize[1]$ 及 $labelsize[2]$ 分别为 2, 4, 5, 邻域 $neighbor[0]$, $neighbor[1]$, $neighbor[2]$ 均为 1; 3 层分别经 7, 19, 23 次遗传迭代达到稳定.

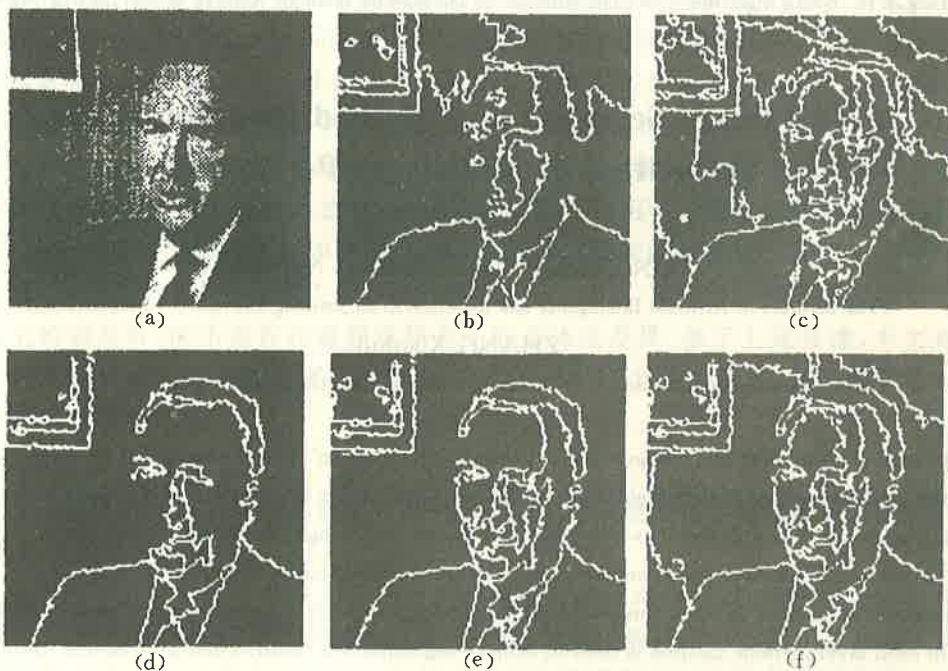


图 1 实验

将图(f)和(b), (c)对比, 可以看出, 单层遗传分割算法由于采用单一分辨率, 要想增加头部细节, 背景的碎块就会增多(图 1(c)), 而要想使背景分割成灰度均匀的大块, 头部的细节就难以区分开(图 1(b)), 而图(f)是运用多层感知遗传算法获得的最终分割结果, 由于其分辨率随图象内容而改变, 使得背景和头部都能同时获得较好的分割结果.

我们曾对自然景物与人物图象做了若干组实验(限于篇幅, 无法给出更多的实例), 结果表明, P_c , P_m 按上述取值均能获得较理想的结果, 取值太大将不易于算法收敛, 太小将不易引入新的染色体; $diffmax$ 越大分割效果越差, 越小算法所花费的时间越多, 一般 $diffmax$ 取为总象素的 5%~8%, $maxgen$ 对分割效果及算法时间的影响则与 $diffmax$ 相反, 在我们的实验中, 均取 100.

5 结 论

传统的分割算法往往针对具有某种特征的图象^[2],缺乏鲁棒性、适用性,本文提出的多层感知的遗传算法将人类视觉的多分辨率特性与遗传算法很好地结合起来,由于遗传算法本身不受问题的具体约束条件的限制,本文提出的算法并不是针对某种特征的图象,因而具有广泛的适用性和良好的鲁棒性;另外,遗传算法的并行搜索机制使本文的算法具有并行性,这些都是传统分割方法所无可比拟的;同时它克服了单层遗传分割算法分辨率单一的缺陷,使得图象中的不同内容具有不同的细节分辨率,从而使图象中的物体与背景能同时获得较好的分割效果。

参 考 文 献

- 1 Andrey, P. and Tarrous, P. . Unsupervised image segmentation using a distributed genetic algorithm. Pattern Recognition. 1994, 27(5): 659—673
- 2 Haralick, R. M. and Shapiro, L. G. . Survey: Image segmentation techniques. Computer Vision, Graphics and Image Processing, 1985, 29: 100—132
- 3 Goldberg, J. H. . Genetic algorithm in search, optimization and machine learning. Addison Wesley, Reading, Massachusetts, 1989

A New Image Segmentation Method Based on Genetic Algorithm of Multilayer Perception

LONG Fuhui and ZHENG Nanning

(The Institute of Artificial Intelligence and Robotics, Xi'an Jiaotong University • 710049, PRC)

ZHANG Xiaohui

(Automatic Control Department, Northwestern Polytechnical University • Xi'an, 710072, PRC)

Abstract: To our best knowledge, classical image segmentation methods are serial in essence, with poor robustness and limited application field. Genetic image segmentation algorithm was proposed in recent years, which can overcome those drawbacks in certain extent, but with single resolution, regions with different extent of details can not achieve good segmentation results simultaneously. We propose in this paper a new image segmentation method to solve this problem. It is based on multiresolution concept with multilayer structure. On each layer, genetic method is used to achieve segmentation result. Then from coarse to fine, the final result can be obtained. The whole process is proved to be robust and parallel. Compared with genetic segmentation method with single resolution, it can achieve better results.

Key words: image segmentation; genetic algorithm; multiresolution

本文作者简介

龙甫荟 1970年生. 1995年获西北工业大学计算机应用硕士学位, 现于西安交通大学攻读博士学位, 主要从事计算机视觉、图象处理、模式识别方面的研究工作, 曾发表多篇论文.

郑南宁 1952年生. 教授, 博士生导师. 1985年获日本庆应大学工学博士学位, 1996年被评为中国青年科学家, 曾在国内外发表多篇文章, 著有“数字信号处理”、“计算机视觉与模式识别”等, 现主要从事计算机视觉与模式识别, 神经网络, 智能系统并行处理的研究.

张晓绩 见本刊1998年第1期第23页.