

基于量子遗传算法和模糊 C 均值聚类的图像分割

刘 衣¹, 游继安²

(湖北工程学院 新技术学院, 湖北 孝感 432100)

摘 要:利用量子遗传算法和模糊 C 均值聚类算法,应用于图像分割。在使用量子遗传算法时,提出聚类中心的筛选范围作为图像所有像素点灰度值的变化范围,而不是图像所有像素点的像素信息,从而减小了聚类中心的计算量,使得算法具有很好的鲁棒性。实验结果表明,该方法对于各种大小不同的图片都能保持一个较小的稳定值。

关键词:量子遗传算法;Fuzzy C 均值聚类;滤除噪声;图像分割

中图分类号:TP391.41 **文献标志码:**A **文章编号:**2095-4824(2020)06-0074-04

图像分割在不同的领域有着非常重要的作用,如医学图像分割是在医疗物联网领域中自动或半自动化对 2D 或 3D 图像进行边界检测的一个重要过程^[1]。模糊 C 均值(fuzzy C means, FCM)聚类方法已被证明是一个很有效的图像分割的方法^[2],但是它的鲁棒性较差,而且对噪声图片的分割会很敏感,准确性降低^[3]。量子遗传算法(quantum genetic algorithm, QGA)是韩国人 Kuk-Hyun Han 最先提出的,它的收敛速度比普通的遗传算法等要快很多,而且由于量子计算的特征,不容易陷入局部最优解的困境^[4]。

本文利用量子遗传算法计算模糊 C 均值聚类中心,然后得到图像每个像素点对应聚类中心的隶属度,达到分割的效果。在计算聚类中心时,首先需要选择随机样本。传统的随机样本选择范围图像中的所有像素点,随机在图像中选择一个像素点,得到其灰度值,将其作为某个聚类中心的样本。但是,不同大小的图片,像素点个数范围变化非常大,对量子遗传算法中需要使用的种群规模(染色体个数)、染色体上每个基因的长度,以及进

化的代数,都有着不确定性。如果图像比较小,而种群规模或者基因长度过大,则会造成计算冗余,实际测试过程中,发现长时间都无法得到计算结果;如果图像较大,而种群规模或基因长度相对较小,需要计算的进化代数就必须增加,搜寻的范围大了,就很难快速找到最优值。对于此问题,本文将图像的所有像素点的灰度值变化范围作为寻找聚类中心的样本空间,可以解决图像大小不确定的问题,因为任意像素点灰度值变化的最大范围是 0 到 255,而图像像素点灰度值变化值不超过 255,这样,就可以使用固定的种群数量、基因长度和进化代数来计算,使得算法有很好的鲁棒性。

本文利用 C++ 语言和 Open CV 工具,在 Win10 系统上使用 VS2017 进行编程测试,实验结果表明本文方法是有效的。

1 QGA 简介

量子叠加态是 QGA 的基础,一个量子比特的叠加态 ψ 可以有公式(1)表示:

$$\psi = \alpha|0\rangle + \beta|1\rangle \quad (1)$$

收稿日期:2020-09-11

基金项目:湖北工程学院新技术学院科研项目(2018Hgxy13);湖北省教育厅科学技术研究项目(B2019390)

作者简介:刘 衣(1986-),男,湖北孝感人,湖北工程学院新技术学院讲师,硕士。

游继安(1987-),男,湖北孝感人,湖北工程学院新技术学院讲师,硕士。

式中: α 表示偏向 0 态的概率, β 表示偏向 1 态的概率, α 和 β 之间有公式(2)的关系:

$$|\alpha|^2 + |\beta|^2 = 1 \quad (2)$$

QGA 的最小单元是一个量子比特, 可以用如下向量的形式表示:

$$\begin{bmatrix} \alpha \\ \beta \end{bmatrix} \quad (3)$$

若一个基因由 k 个量子比特组成, 而一个染色体又由 m 个基因组成, 则一个染色体用矩阵可表示为公式(4)的形式:

$$\begin{bmatrix} \alpha_{11} & \alpha_{12} & \dots & \alpha_{1k} & \alpha_{21} & \alpha_{22} & \dots & \alpha_{2k} & \dots & \alpha_{m1} & \alpha_{m2} & \dots & \alpha_{mk} \\ \beta_{11} & \beta_{12} & \dots & \beta_{1k} & \beta_{21} & \beta_{22} & \dots & \beta_{2k} & \dots & \beta_{m1} & \beta_{m2} & \dots & \beta_{mk} \end{bmatrix} \quad (4)$$

量子的一大特点就是一旦观测后, 每个由 α 和 β 构成的量子比特叠加态就立刻随机变成 0 态或者 1 态。所以一旦观测后, 基因就变成了二进制形式, 最小单位为 1 个 bit, 只能取 0 或 1。那么公式(4)代表的染色体的长度(比特总量)就应该为 $k * m$ 。

QGA 的步骤如下:

Step 1 初始化染色体中所有量子比特叠加态系数 α 和 β 为 $\frac{1}{\sqrt{2}}$;

Step 2 测量并存储坍塌后的二进制数, 将其按照样本范围转换为十进制的值;

Step 3 将得到的样本值带入适应度方程中计算适应度的值;

Step 4 筛选最优个体, 并将其数据作为下一代;

while (若当前进化代数 $t <$ 总进化代数 n) do
begin

Step 2~Step 3;

Step 5 所有染色体基因的所有量子比特经过量子旋转门更新 α 和 β ;

Step 6 筛选和存储最优个体, 满足下一代必须优于或等于上一代;

end

算法运算结束后, 最优个体的所有数据便知道了。

其中 Step 5 中提到的量子旋转门, 是一个二维矩阵, 如公式(5)所示:

$$U(\theta_i) = \begin{bmatrix} \cos(\theta_i) & -\sin(\theta_i) \\ \sin(\theta_i) & \cos(\theta_i) \end{bmatrix} \quad (5)$$

根据公式(5), 要使量子比特(公式(3))旋转角度更新, 将其右乘公式(5), 得到新的量子比特

$\begin{bmatrix} \alpha_i' \\ \beta_i' \end{bmatrix}$, 如公式(6)所示:

$$\begin{bmatrix} \alpha_i' \\ \beta_i' \end{bmatrix} = U(\theta_i) \begin{bmatrix} \alpha_i \\ \beta_i \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \cos(\theta_i) & -\sin(\theta_i) \\ \sin(\theta_i) & \cos(\theta_i) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \alpha_i \\ \beta_i \end{bmatrix} \quad (6)$$

进一步化简, 可得公式(7):

$$\begin{cases} \alpha_i' = \alpha_i \cos(\theta_i) - \beta_i \sin(\theta_i) \\ \beta_i' = \alpha_i \sin(\theta_i) + \beta_i \cos(\theta_i) \end{cases} \quad (7)$$

旋转门中的旋转角 θ_i 是由偏转角度的绝对值和旋转方向共同决定的, 具体关系如公式(8)所示, 其中 $s(\alpha_i, \beta_i)$ 为旋转方向:

$$\theta_i = \Delta\theta_i \cdot s(\alpha_i, \beta_i) \quad (8)$$

公式(8)中的 $\Delta\theta_i$ 和 $s(\alpha_i, \beta_i)$ 可以根据旋转角选择策略确定, 如表 1 所示。根据基因中某个位置 x_i 、对应位置的最优值的 b_i 、该染色体适应度是否优于最佳染色体适应度、 α_i 和 β_i 的值, 查询对应的 $\Delta\theta_i$ 和 $s(\alpha_i, \beta_i)$ 的值, 从而确定 θ_i 的值。

表 1 旋转角选择策略

x_i	b_i	$f(x) > f(b)$	$\Delta\theta_i$	$s(\alpha_i, \beta_i)$			
				$\alpha_i\beta_i > 0$	$\alpha_i\beta_i < 0$	$\alpha_i = 0$	$\beta_i = 0$
0	0	false	0	0	0	0	0
0	0	true	0	0	0	0	0
0	1	false	0.01π	+1	-1	0	± 1
0	1	true	0.01π	-1	+1	± 1	0
1	0	false	0.01π	-1	+1	± 1	0
1	0	true	0.01π	+1	-1	0	± 1
1	1	false	0	0	0	0	0
1	1	true	0	0	0	0	0

2 FCM 算法简介

模糊 C 均值的聚类算法,其主要思路是先任意查找聚类中心,然后计算每个样本对所有聚类中心的隶属度值,再根据这个值来更新聚类中心,直到由聚类中心、隶属度和所有样本构成的目标函数与上一代相比,相差的绝对值小于某个值,就停止更新,得到最终的聚类中心和所有样本相对所有聚类中心的隶属度。

上述算法中提到的目标函数如公式(9)所示:

$$J = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^c u_{ij}^m \|P_j - x_i\|^2 \quad (9)$$

聚类中心 P_j 和样本隶属度 u_{ij} 之间的关系为公式(10)和公式(11)所示:

$$u_{ij} = \frac{1}{\sum_{k=1}^c \left(\frac{\|x_i - P_j\|}{\|x_i - P_k\|} \right)^{\frac{2}{m-1}}} \quad (10)$$

$$P_j = \frac{\sum_{i=1}^n u_{ij}^m \cdot x_i}{\sum_{i=1}^n u_{ij}^m} \quad (11)$$

3 QGA 和 FCM 聚类结合

3.1 算法结合意义

结合两个算法的目的是为了得到更好的聚类效果,将 FCM 聚类用于图像分割上,能较好地辨别聚类效果。所以,主要算法还是 FCM 聚类, QGA 是用来优化聚类算法的。

3.2 算法结合原理

QGA 的主要作用是求最大或最小值,而第 1 节提到的算法中,似乎没有求最大或最小值的步骤,那么如何去找一个目标函数并且去求最值呢?本文提出可将公式(9)(目标函数)作为适应度函数,并且求其最小值,其对应的隶属度和聚类中心即为最终聚类结果。公式(9)可理解为: u_{ij}^m 表示表示像素点与某个聚类中心的隶属度, $\|P_j - x_i\|^2$ 表示像素点 x_i 到对应聚类中心 P_j 的欧氏距离,目标函数 J 的值表示所有像素点隶属度与到聚类中心欧氏距离乘积的累加之和。最终得到的聚类中心,必然是一个平衡稳定的中心,这种隶属度和欧氏距离乘积的值也是最小的,如果值大了,就会不稳定,无法平衡,会进行拉扯,直到寻找到稳定的聚类中心,这时所有的聚类中心与所有像素点之间的“引力”最小。这样,只要求 J 的最小值,就可以实现 QGA 和 FCM 算法的结合了, QGA 的作用就是查找 FCM 的聚类中心点

P_j , 使得 J 最小。

3.3 样本选取

传统的 FCM 图像分割算法通常将图像所有像素点的信息当作聚类中心的筛选范围,然后在这里面找聚类中心,单个像素点的信息包括 x 和 y 坐标值以及灰度值。对于以公式(9)为适应度函数的 QGA,聚类中心筛选范围的选取也可以用这种方法。这种方式的优点是直观,容易理解,聚类中心就是某个像素点的信息。缺点是不同的图片大小不一,进而导致样本量不稳定,容易过大或过小,导致对于 QGA 算法,种群规模(染色体数)、基因长度和进化代数都不能设定为一个常量,算法的鲁棒性大大降低。对于大图片,在寻找聚类中心的过程中,样本量过大,计算量也过大。

本文提出将图像所有像素点的灰度值取值范围作为 QGA 求聚类中心的样本范围,样本则是范围里的所有灰度值。这样,对于任何图片,最大的样本范围也就是 0 到 255,对于不同的图片,灰度值变化范围也接近与 0 到 255。这种方法的缺点是样本点比较抽象,并不是某个具体像素点的信息,而是灰度范围内的任意灰度值,这种方法的优点特别突出,因为样本范围不会超过 0 到 255 的整数范围,所有样本个数最大也就是 256,故采用 QGA 算法时,种群规模(染色体数)、基因长度和进化代数,可以设为比较小的固定值,计算量明显减小,经过测试,种群规模可设为 9,每个基因的长度(二进制编码位数)可设为 6,由于 QGA 算法的收敛速度非常快,所以最大进化代数设为 9 即可。

3.4 QGA-FCM 图像分割

在第 3.3 节中提到将所有像素灰度值范围作为 QGA 的样本范围,适应度函数为 J ,如公式(9)所示。QGA-FCM 算法是针对不超过 $[0, 255]$ 这个范围内的整数值寻找 N 个合适的值(即聚类中心, N 为聚类中心的个数),使得 J 为最小。适应度函数 J 中涉及 x_i 到聚类中心 P_j 的欧氏距离 ($\|P_j - x_i\|$) 则是一个在图像上有具体位置的像素点的灰度值 (x_i), 到一个抽象的,在图像所有像素点灰度值变化范围内的某个灰度值 (P_j) 的距离。算法步骤如下:

Step 1 初始化染色体中所有量子比特叠加态系数 α 和 β 为 $\frac{1}{\sqrt{2}}$;

Step 2 计算图像所有像素点的灰度值变化

范围 $[a, b]$, 作为聚类中心筛选范围。

Step 3 测量并存储坍塌后的二进制数, 将其按照 $[a, b]$ 范围转换为十进制的值;

Step 4 将得到的十进制值作为初始聚类中心, 计算图像中每个像素点灰度值 x_i 到聚类中心 P_j 的欧氏距离 $\|P_j - x_i\|$;

Step 5 更新每个像素点对所有聚类中心的隶属度 u_{ij} (公式(10));

Step 6 利用公式(11)更新聚类中心 P_j ;

Step 7 根据 Step 5 和 Step 6 更新后的 u_{ij} 、 P_j , 和每个像素点灰度值 x_i 灰度值, 利用公式(9)计算适应度函数 J 。

Step 8 存储最小适应度对应的 u_{ij} 、 P_j , 以及 P_j 更新前的十进制和二进制的值;

Step 9 筛选最优个体, 并将其数据作为下一代;

while (若当前进化代数 $t <$ 总进化代数 n) do
begin

Step 3~Step 8;

Step 10 所有染色体基因的所有量子比特经过量子旋转门更新 α 和 β ;

Step 11 筛选和存储最优个体, 满足下一代必须优于或等于上一代;

end

Step 12 将每个样本(像素点)的灰度值设为对最大聚类中心的隶属度。

经过上述步骤, 图像就被分割了。

4 实验结果

将图像的聚类数目设为 2, 即将图像分割成 2 个部分, 分割情况如图 1 所示。

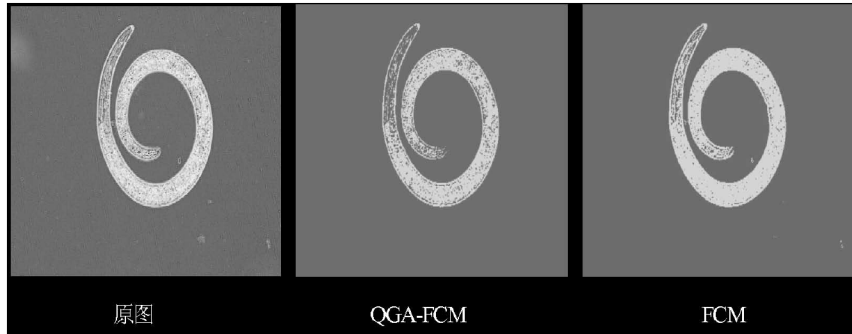


图 1 聚类数为 2 的对比图

若在算法中, 不是以聚类中心的灰度值去设置像素点灰度值, 而是对于隶属于不同聚类中心的像素点灰度值用 0 或 255 进行区别, 那么, 结果就如图 2 所示。

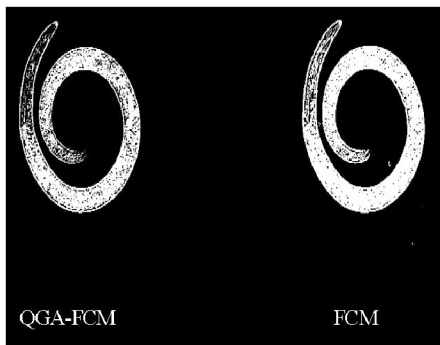


图 2 二值化的两种算法对比图

[参 考 文 献]

[1] WANG E K, CHEN C M, HASSAN M M, et al.

A deep learning based medical image segmentation technique in Internet-of-Medical-Things domain [J]. Future Generation Computer Systems, 2020, 108:135-144.

[2] 刘衣, 游继安. 模糊 C 均值聚类图像分割算法的 C++ 实现[J]. 湖北工程学院学报, 2017, 37(6): 91-96.

[3] WANG Q, WANG X, FANG C, et al. Robust Fuzzy C-means Clustering Algorithm with Adaptive Spatial & Intensity Constraint and Membership Linking for Noise Image Segmentation[J]. Applied Soft Computing, 2020, 92:1-13.

[4] HAN K H, KIM J H. Quantum-inspired evolutionary algorithm for a class of combinatorial optimization[J]. IEEE Trans Evolutionary Computation, 2002, 6(6):580-593.

(责任编辑:熊文涛)