

一种图象中基元检测的新方法¹

刘健庄 谢维信 高新波

(西安电子科技大学 202 教研室 西安 710071)

摘 要 在模式识别和机器视觉中,常常需要进行图象中的基元检测。本文以圆的检测为例提出了一种利用遗传算法进行基元检测的方法。实验结果表明,本文方法与通常的模板匹配和 Hough 变换相比速度大大提高。

关键词 圆检测, 模板匹配, Hough 变换, 遗传算法

中图分类号 TP391.4

1 引 言

在模式识别以及计算机视觉中,常常需要从图象背景中把感兴趣的物体检测出来,以便于后续的识别等处理,因此图象中基元(线、圆、椭圆、二次曲线等)检测的问题就变得尤为重要。至今,人们已经提出了多种基元检测的方法,其中,最常用的方法为模板匹配^[1]和 Hough 变换^[2]。当待检测的物体具有平移、尺度和旋转变换时,基于相关准则的模板匹配法需要极大的搜索时间,从而使这一方法难以得到应用。而 Hough 变换法在参数空间的参数较多时(≥ 3),需要大量的存储量和计算量,并且累积数组的峰值检测门限不易确定,这样也常常影响了它的实际使用。

遗传算法(genetic algorithms)的基本原理由 Holland^[3]于 1962 年首先提出,它的数学框架在 60 年代后期建立起来,近年来,Goldberg^[4]在这方面作了大量的工作。遗传算法已被成功地应用于各种优化问题^[5-9]。

本文以圆的检测为例将遗传算法应用于图象的基元检测中。实验结果表明,我们方法的运算速度快而且精度高。在本文的第 2 节,我们首先简单介绍基本的遗传算法,第 3 节介绍将遗传算法应用于图象的基元检测中所要解决的问题——适应度函数的确定、基因串的编码和初始化,第 4 节是实验过程和实验结果,最后给出结论。

2 遗传算法

在许多实际的智能活动中,活的有机体是解决问题的行家,它们能通过进化这样一种机制获得这种能力。大多数有机体的进化包括这样两个基本过程:自然选择和有性生殖。第一个过程决定了群体中的哪些成员能够生存下来并传宗接代,第二个过程保证了其后代的基因混合和基因重组。遗传算法正是仿效了这种机理,将进化操作应用于一群对搜索空间(或称参数空间)编码的基因串中。在每一代,遗传算法同时搜索参数空间的不同区域,然后把注意力集中到搜索空间中期望值最高的部分。通过一群基因串一代又一代地繁殖和交换,遗传算法能搜索到多个

¹ 1994-08-29 收到, 1995-01-23 定稿
国家自然科学基金资助课题

局部极值,从而增加了找到全局最优解的可能性。遗传算法之所以能被成功地用于解决优化问题,是基于以下几个方面的原因:(1)算法在同一代内同时寻找搜索空间中的许多点;(2)它们使用的是经过编码的参数,而不是参数本身;(3)算法只需要求适应度函数的值;(4)变化规则是随机性的而不是确定性的。

一个典型的遗传算法的流程如下:

```

begin
    t = 0 ;
    设定“父代”人口  $P(t)$  中个体(串)的总个数  $n$ , 并初始化每一个串,
    使其随机编码参数空间中的  $n$  个点;
    用适应度函数计算  $P(t)$  中每条基因串的适应度;
    while (终止条件不满足)do
    begin
        t = t + 1 ;
        从  $P(t-1)$  的串中产生  $P(t)$ (“子代”)的  $n$  个串,  $P(t)$  的串被选
        中的概率正比于它们的适应度;
        对  $P(t)$  的串以概率  $P_m$  进行变异操作;
        对  $P(t)$  的串以概率  $P_c$  进行交换操作;
        计算  $P(t)$  中各串的适应度;
    end ;
end ;

```

算法的终止条件为 $P(t)$ 中串的平均适应度和最优个体适应度趋于收敛,即适应度趋于稳定,不再上升为止。算法中包含有复制(reproduction)、交换(crossover)和变异(mutation)等遗传算子,每个算子的操作都是和一定的参数联系在一起的。其具体细节参见文献[4,5]。

将遗传算法用于解决一个优化问题通常需要解决以下四个问题:(1)如何将问题的解编码到基因串中;(2)如何构造一个有效的适应度函数;(3)遗传算子的设计;(4)确定控制遗传算子操作的概率。这四个方面直接关系到遗传算法的最优解的获得,下一节我们将详细讨论如何把遗传算法应用于圆的检测中。

3 圆检测的遗传算法方法

要将遗传算法引入到本文讨论的基元检测中,关键的问题是:(1)如何将问题的解编码到基因串中,(2)如何构造一合适的适应度(fitness)函数。以下我们以圆的检测为例详细讨论在基元检测中如何解决这些问题。

3.1 适应度函数的建立

适应度函数是用来度量每条基因串对问题的适应程度的函数,它类似于有机体进化过程中环境的作用,适应度高的基因串在一代又一代的繁殖过程中产生出较多的后代,而适应度低的基因串则逐渐消亡。

对于我们讨论的圆的检测问题，应当构造一适应度函数使它在某条基因串的编码代表良好的检测结果时，适应度高，反之，适应度低。为此我们定义如下的适应度函数：

$$f(x, y, r) = \sum_{(i, j) \in G} p(i, j) / N(G), \quad (1)$$

其中 (x, y) 为所检测到的圆 $C_1(x, y, r)$ 的圆心坐标， r 为其半径； $p(i, j)$ 为 $M \times N$ 大小的边缘检测和细化后的二值图象， $p(i, j) \in \{0, 1\}$ ， $0 \leq i < M$ ， $0 \leq j < N$ ；区域 G 如图 1 所示，它由圆心为 (x, y) 、半径分别为 $r \pm \delta$ 的同心圆 $C_2(x, y, r + \delta)$ 和 $C_3(x, y, r - \delta)$ 所围成； $N(G)$ 为区域 G 的点数； δ 可根据实际情况取一个小的正数。图 1 中 C_0 为实际图象中待检测的圆。由适应度函数 (1) 式和图 1 可以看出，当检测到的圆 C_1 与实际的圆 C_0 重合程度越高，区域 G 中围成的“1”值点就越多，适应度就越高。显然，当 C_0 与 C_1 完全重合且 C_0 为较理想的圆（无变形，无断裂）时，若取 $\delta = 0$ ，适应度函数 $f(x, y, r)$ 取最大值（ ≈ 1 ）。

3.2 参数的编码

遗传算法的另一个关键问题是如何把问题的解的参数编码到基因串中。对于本文讨论的圆的检测来说，编码的解必须能确定一个圆，一种直觉的编码方案是对圆心坐标和半径三个参数 (x, y, r) 进行编码。但是这种编码方案在实际应用中存在着严重的问题。图 2 中，设圆 $C_0(x, y, r)$ 为待检测的圆，圆 $C_1(x_1, y_1, r_1)$ 和圆 $C_2(x_2, y_2, r_2)$ 分别为搜索到的圆，由于圆 C_1 更靠近圆 C_0 ，从直觉上讲，圆 C_1 的适应度应比圆 C_2 更高，可是用 (1) 式所得到的计算结果却是两者的适应度相近。因此，这种直接对 (x, y, r) 进行编码的编码方式不利于最优解的搜索。

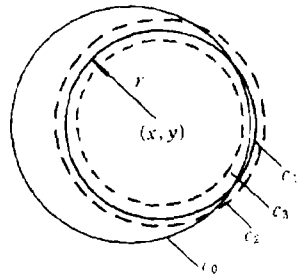


图 1 圆的检测示意图

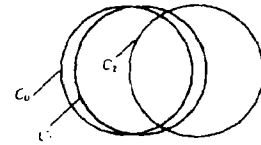


图 2 说明 (x, y, r) 参数编码存在的问题的示意图

我们知道，圆周上的点满足圆的方程：

$$(x - x_0)^2 + (y - y_0)^2 = r_0^2, \quad (2)$$

其中 (x_0, y_0) 为圆心坐标， r_0 为半径，反过来对于圆上任意三点 $A(x_1, y_1)$ ， $B(x_2, y_2)$ ， $C(x_3, y_3)$ 确定了这个圆，且有

$$\left. \begin{aligned} (x_1 - x_0)^2 + (y_1 - y_0)^2 &= r_0^2, \\ (x_2 - x_0)^2 + (y_2 - y_0)^2 &= r_0^2, \\ (x_3 - x_0)^2 + (y_3 - y_0)^2 &= r_0^2. \end{aligned} \right\} \quad (3)$$

由 (3) 式可推导出 x, y, r 的表达式：

$$x_0 = \frac{(y_1 - y_2)(x_1^2 + y_1^2 - x_3^2 - y_3^2) - (y_1 - y_3)(x_1^2 + y_1^2 - x_2^2 - y_2^2)}{2[(y_1 - y_2)(x_1 - x_3) - (y_1 - y_3)(x_1 - x_2)]}, \quad (4)$$

$$y_0 = \frac{x_1^2 + y_1^2 - x_2^2 - y_2^2}{2(y_1 - y_2)} - x_0 \frac{x_1 - x_2}{y_1 - y_2}, \quad (5)$$

$$r_0 = \sqrt{(x_1 - x_0)^2 + (y_1 - y_0)^2}. \quad (6)$$

如果对不在同一条直线上的三个点进行编码,同样可以确定一个圆。为了减少搜索空间的大小,尽快地找到最优解,我们限定要搜索的点集 H 为图象中的“1”值点,即 $H = \{(i, j) | p(i, j) = 1, 0 \leq i < M, 0 \leq j < N\}$ 。于是,我们提出了如下的第二种编码方案。

在运行遗传算法之前,首先对二值图象 $p(i, j)$ 进行扫描,把点集 H 中的象素编号,并记录每一被编号的点的坐标。这样我们只需把确定一个圆的三个点的序号进行编码,由这三个点的坐标值即可通过 (4)-(6) 式确定出一个圆。因此,在本文的应用中,基因串的编码如下:

$$a = \{n_1, n_2, n_3\}, \quad n_1, n_2, n_3 \in H. \quad (7)$$

与大多数遗传算法类似,我们对每个参数 $n_i (i = 1, 2, 3)$ 采用二进制表示。例如,设 H 中的点数不超过 4000,则每个 n_i 可用 12bit 表示 ($2^{12} = 4096$),此时每个基因串由长度为 12×3 个比特位的二进制串组成,并形成了一个大小为 2^{36} 的搜索空间。

3.3 初始化

为了加快搜索速度我们采用了有指导的初始化,而不是遗传算法中常用的随机初始化。在实际的边缘图象中,一个圆通常由一条或几条曲线段组成。因此在对一群基因串初始化时,我们将每条基因串中编码的三个点取自于同一曲线段上(这个过程可以通过对边缘图象进行链码跟踪^[10]来完成),这样在遗传算法的初始化阶段便已经存在一个或几个适应度较高的基因串。从而加快了其搜索速度。

值得说明的是,尽管初始化阶段便已经存在一个或几个适应度较高的基因串,它们所代表的圆与待检测的圆相比往往仍相差甚远,这主要是由于我们处理的是离散的数字图象,并且由于存在光照不均匀、噪声以及边缘检测、细化等的影响,使得图象中的圆存在着不同程度的失真。

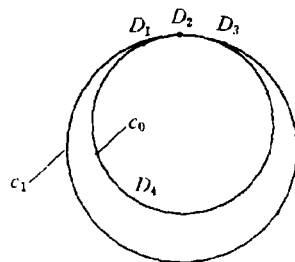


图 3 过 D_1, D_2 和 D_3 三点的圆 C_1 不能与待检测的圆 C_0 较好地重合

这个问题可以通过图 3 来说明,在图 3 中四条实线段组成了一个待检测的圆 C_0 ,假设通过有指导的初始化, D_1, D_2, D_3 三点被某一条基因串编码,但这条基因串所代表的圆 C_1 不一定能很好地与 C_0 重合。如果通过遗传算法的搜索,能产生一条编码了 D_1, D_3, D_4 三点的基因串,则这条基因串所代表的圆便能较好地与实际中的圆 C_0 重合。

4 实验过程及实验结果

由上述的讨论，我们给出如下的基元检测实验过程：(1) 用 Robert 算子对原始图象进行边缘检测；(2) 对边缘图象进行二值化；(3) 对二值化图象进行细化；(4) 检测细化后的图象中的“1”值点，并对其编号，记录其坐标值；(5) 用链码跟踪的方法进行线段跟踪；(6) 对基因串进行有指导的初始化；(7) 进入遗传算法子程序(人口总个数 n , 交换率, 变异率分别取为 50, 0.8, 0.1)；(8) 如果要检测多个圆，则从二值边缘图象中抹掉已检测出的圆，进入第(6)步，并重复遗传算法(遗传算法每次运行 20 代后停止)。在重复检测的过程中，当适应度不超过某一阈值 T 时，则认为图象中已无基元存在。

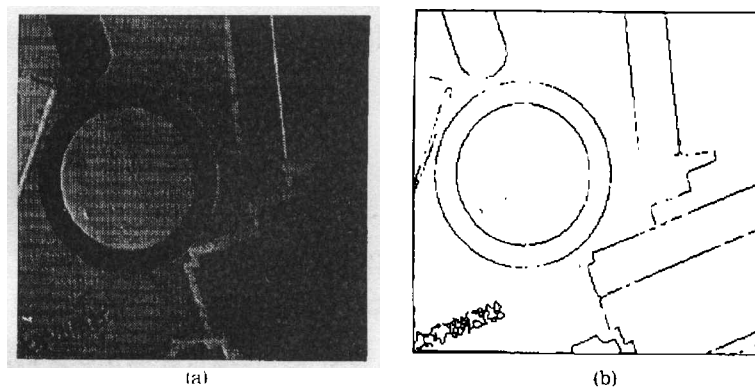


图 4 (a) 一幅真实图象, (b) 对图 4(a) 进行边缘检测二值化和细化后得到的图象

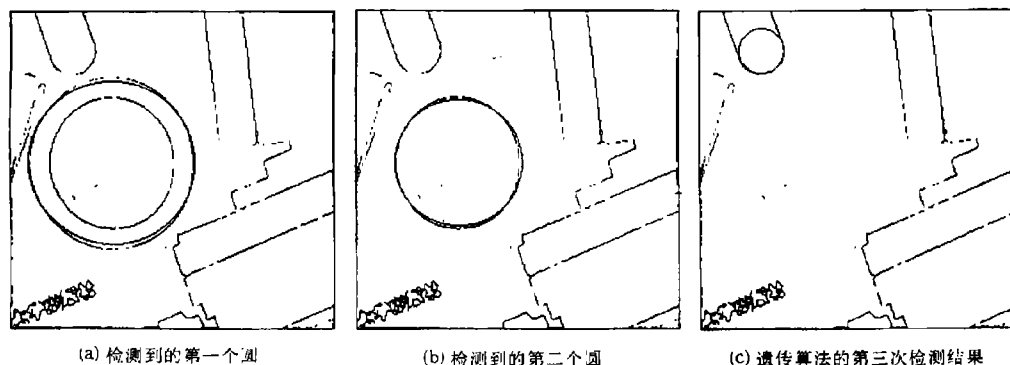


图 5 对图 4(b) 中圆的检测结果 (a) 检测到的第一个圆；
(b) 检测到第二个圆；(c) 遗传算法的第三次检测结果

通过对多幅人造图象及真实图象中圆的检测表明，本文的方法是非常有效的。由于篇幅所限，这里只给出一个检测例子。图 4(a) 为一幅 256×256 真实图象(一本书的封面)；图 4(b) 是对图 4(a) 进行预处理以后的图象，预处理包括边缘检测、二值化和细化，细化的目的是为了减少遗传算法的计算量。从图 4(b) 可以看出图中有两个圆及一个半圆，由于光照不均匀和噪声的影响，所得到的圆已不再是一个完全封闭的圆，并且存在着一定程度的畸变，我们的目的是成

成功地检测出图中的两个圆。图 5(a) 为第一个圆的检测结果, 其中检测到的圆(圆心位于点 (121, 78) 上, 半径为 68) 迭加在图象上; 图 5(b) 为第二个圆(圆心位于点 (120, 80) 上, 半径为 50) 的检测结果, 注意此时第一个圆对应的点已被抹掉; 图 5(c) 为第三次遗传算法的检测结果, 可以看出这时图中半圆的位置上具有最高的适应度, 但是这个伪圆可以通过一个预设的阈值排除掉。在实际的应用中, 阈值的选取主要由两个因素来确定: (1) 对基元的不同定义, 例如在定义一个“圆”时, 失真到何种程度才不算是一个圆; (2) 适应度函数的取值范围。我们的实验表明, 阈值的选取容限是比较宽的。

相对于模板匹配和 Hough 变换方法, 我们的方法检测圆的速度大大提高。在时钟 50MHz 的 PC486 微机上, 检测一个位于 256×256 大小的图象中的圆, 其半径的可能变化范围从 10 到 80, 我们的方法约需要 10s, 而用模板匹配法则超过 1h, 用 Hough 变换也需要约 10min。由此可见, 本文的方法是相当有效的。

5 结 论

以上我们以圆的检测为例提出了一种基于遗传算法的基元检测新方法。该方法具有以下几个特点: (1) 本文的编码方式使遗传算法只搜索细化后二值图象中的“1”值点, 而不是整个图象平面; (2) 有效的初始化而不是通常的随机初始化, 使遗传算法在较少的迭代次数后即可找到全局最优解; (3) 多个基元的检测是通过多次调用遗传算法来实现的; (4) 与模板匹配法和 Hough 变换法相比, 该方法的速度大大提高。

本文尽管是以圆的检测为例进行讨论的, 但该方法不难推广到其它基元的检测中, 例如对线、椭圆和二次曲线等的检测。

参 考 文 献

- [1] Rosenfeld A, Kak A C. Digital Picture Processing. Second Edition, New York: Academic Press, 1982.
- [2] Illingworth J, Kittler J. A survey of the Hough transform. Comput. Vision Graphics Image Process., 1988, 44(1): 87-116.
- [3] Holland J H. Adaption in Natural and Artificial Systems. Ann Arbor, MI: Univ. Mich. Press, 1975.
- [4] Goldberg D E. Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning. Reading, MA: Addison-Wesley, 1989.
- [5] Davis L. Handbook of Genetic Algorithms. New York: Van Nostrand Reinhold, 1991.
- [6] Kristinsson K, Dumont G A. System identification and control using genetic algorithms. IEEE Trans. on SMC, 1992, SMC-22(5): 1033-1046.
- [7] Siedlekl W, Sklansky J. A note on genetic algorithms for large-scale feature selection. Pattern Recognition Lett., 1989, 10(5): 335-347.
- [8] Maniezzo V. Genetic evolution of the topology and weight distribution of neural networks. IEEE Trans. on NN, 1994, NN-5(1): 39-53.
- [9] 刘健庄, 等. 聚类分析的遗传算法方法. 电子学报, 1995, 23(11): 81-83.

- [10] 刘健庄. 微体古生物的自动识别. 西安电子科技大学学报, 1989, 16(1): 17-25.

A NEW METHOD OF DETECTION OF PRIMITIVES IN IMAGES

Liu Jianzhuang Xie Weixin Gao Xinbo

(*Lab. 202, Xidian University, Xi'an 710071*)

Abstract Detection of primitives in images is often needed in pattern recognition and machine vision. This paper proposes a method for the search of circles in images using a genetic algorithm, as an example of detection of primitives. The experimental results show that compared to the conventional template matching and Hough transform, the proposed method takes much less computational time.

Key words Detection of circles, Template matching, Hough transform, Genetic algorithm

刘建庄：男，1962年生，副教授，主要研究方向有图象处理、模式识别、模糊信息处理、计算机图形学和人工智能。

谢维信：男，1941年生，教授，博士生导师，主要研究方向有信号处理、图象处理、模式识别和智能信息处理。

高新波：男，1972年生，博士生，主要研究方向有图象处理、模式识别和人工智能。