

ناحیه‌بندی بدون نظارت تصاویر رنگی با الگوریتم وراثتی

حسین نظام‌آبادی‌پور، هادی صدوقی یزدی، احسان‌اله کبیر

دانشگاه تربیت مدرس، بخش مهندسی برق، گروه الکترونیک

E_mail: nezam_h@yahoo.com

kabir@modares.ac.ir

چکیده: در این مقاله از روش آستانه‌یابی روی هیستوگرام‌های سطوح رنگ قرمز، سبز و آبی برای ناحیه‌بندی تصویر استفاده می‌شود. آستانه‌های بهینه با یک الگوریتم وراثتی انتخاب می‌شوند. تابع برازندگی این الگوریتم، یک تابع یافته‌ای مبتنی بر آنتروپی توزیع سطوح رنگ و تعداد نواحی است. نتایج بدست آمده، عملکرد مناسب روش پیشنهادی را تایید می‌کند.

کلمات کلیدی: ناحیه‌بندی تصاویر رنگی، توابع یافته‌ای، الگوریتم وراثتی، هیستوگرام رنگ

۱ مقدمه

ناحیه‌بندی تصویر به معنی تعیین نواحی همگن در تصویر است و در پردازش تصویر، بازشناسی الگو و بینایی ماشین کاربرد دارد. در زمینه ناحیه‌بندی تصاویر خاکستری تحقیقات فراوانی انجام شده است [۴-۱]، اما تحقیقات در زمینه ناحیه‌بندی تصاویر رنگی سابقه کوتاهتری دارد. ناحیه‌بندی بطور کلی به روشهایی بر اساس نقطه، ناحیه یا لبه انجام می‌شود. در روش ناحیه‌بندی بر اساس نقطه، روی نقاط تصویر تصمیم گرفته می‌شود که می‌توان از تکنیکهای آستانه‌یابی روی هیستوگرام یا خوشه‌بندی استفاده کرد [۹-۵]. در روشهای براساس ناحیه، یکنواختی ناحیه‌ها در نظر گرفته می‌شود [۱۰]. در روش ناحیه‌بندی براساس لبه، از آشکار سازی لبه‌ها استفاده می‌شود [۱۱].

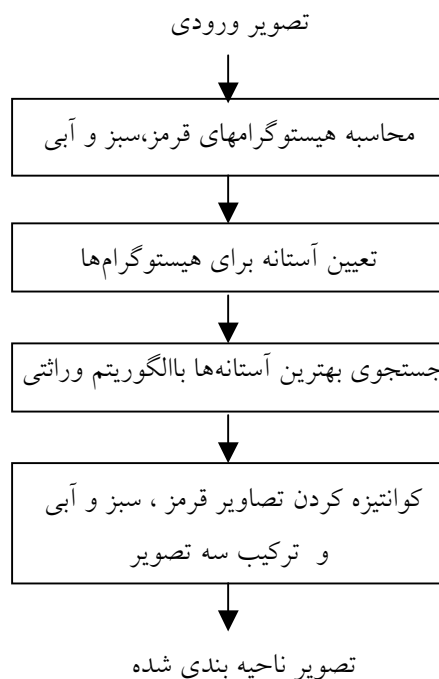
در روش ناحیه‌بندی بر اساس نقطه از چندین تکنیک استفاده می‌شود که آستانه‌یابی یکی از تکنیکهای مهم و اساسی آن است. بکاربردن این تکنیکها بر این پایه استوار است که تصویرهای شی و زمینه با استفاده از مقادیر خاکستری یا اطلاعات رنگ قابل تشخیص هستند [۱۲]. تحقیقات متعددی درباره ناحیه‌بندی بر اساس آستانه‌یابی گزارش شده است که در مرجع [۱۳] به تعداد زیادی از آنها اشاره شده است.

الگوریتم وراثتی، الهامی از علم ژنتیک و نظریه تکامل داروین است و بر اساس بقای برترین‌ها یا انتخاب طبیعی استوار است. یک کاربرد متداول الگوریتم وراثتی، استفاده از آن بعنوان تابع بهینه‌کننده است. الگوریتم وراثتی ابزار سودمندی در بازشناسی الگو، انتخاب ویژگی، درک تصویر و یادگیری ماشینی است [۱۹-۱۴].

برای نمونه در یک تحقیق از الگوریتم وراثتی برای ناحیه‌بندی تصاویر رنگی استفاده شده است [۲۰]. در این تحقیق، ناحیه‌بندی تصویر در فضای HSI انجام شده است. این ناحیه‌بندی فقط برای یک کاربرد خاص، ناحیه‌بندی علفهای هرز در تصاویر با شرایط نوری متفاوت، صورت گرفته است. نحوه کار بدین شکل است که ابتدا تبدیل فضای رنگ از RGB به HSI انجام شده، سپس در این فضا عمل نرمالیزه کردن مقادیر بین ۰ و ۲۵۵ صورت می‌گیرد. فرض شده

است که ناحیه رنگی متعلق به علفهای هرز را می توان به یک منطقه مکعب شکل در این فضا نسبت داد. بنابراین برای هر یک از کرانه های این مکعب یک بایت (۲۵۶ سطح) در نظر گرفته شده و برای جستجوی این فضا که ۲۵۶ حالت دارد از روش جستجوی وراثتی استفاده شده است. البته تابع برازش این الگوریتم با نظارت است و از تصاویر ناحیه بندی شده توسط اشخاص کمک گرفته شده است.

در این مقاله ناحیه بندی تصاویر رنگی با روش آستانه یابی در فضای RGB ارائه می شود. دیاگرام کلی روش پیشنهادی در شکل ۱ آمده است. بخش دوم این مقاله مبانی الگوریتم های وراثتی را مطرح می کند. بخش سوم به پیش پردازشها شامل محاسبه هیستوگرام و پیدا کردن کمینه های محلی اختصاص دارد. بخش چهارم به انتخاب آستانه های مناسب با استفاده از الگوریتم وراثتی می پردازد. بخش پنجم کوانتیزه کردن مقادیر رنگها و بدست آوردن تصویر ناحیه بندی شده را بیان می کند. در نهایت، در بخش ششم نتایج آزمایشها و جمع بندی ارائه می شود.



شکل ۱ دیاگرام بلوکی روش پیشنهادی برای ناحیه بندی تصاویر رنگی

۲ الگوریتم های وراثتی

در یک الگوریتم وراثتی یک جمعیت از افراد طبق مطلوبیت آنها در محیط بقا می یابند. افرادی با قابلیت های برتر، شانس ازدواج و تولید مثل بیشتری را خواهند یافت. بنابراین بعد از چند نسل فرزندان با کارایی بهتر بوجود می آیند. در الگوریتم وراثتی هر فرد از جمعیت بصورت یک کروموزوم معرفی می شود. کروموزومها در طول چندین نسل کاملتر می شوند. در هر نسل کروموزومها ارزیابی می شوند و متناسب با ارزش خود امکان بقا و تکثیر می یابند. تولید نسل در بحث الگوریتم وراثتی با عملگرهای همبندی^۱ و جهش^۲ صورت می گیرد. والدین برتر بر اساس یک تابع برازندگی انتخاب می شوند.

1-crossover 2- mutation

در عمل ازدواج ، کروموزومهایی شرکت خواهند کرد که تابع برازندگی آنها مقدار بیشتری داشته باشد. با وجود این به والدینی که تابع برازندگی کمتری هم دارند امکان ازدواج داده می شود. این عمل بصورت اتفاقی ولی بر اساس مقدار این تابع صورت می گیرد. در زیر به عملگرهای مهم در الگوریتم وراثتی اشاره می شود.

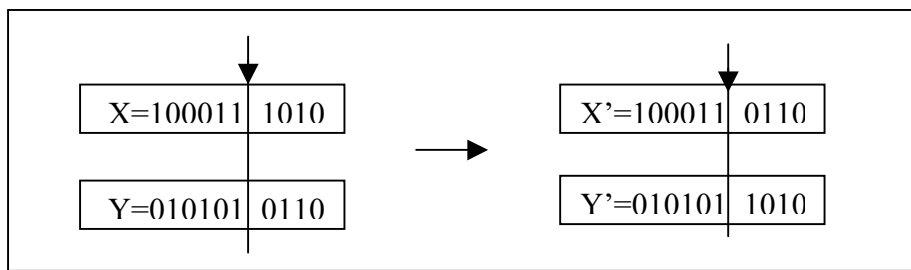
عملگر همبری: عملگر همبری بیشترین استفاده را در الگوریتمهای وراثتی دارد. عمل همبری در دو گام انجام می شود.

گام اول: اعضای جمعیت (کروموزومها) در حوزه توزیع بصورت اتفاقی ایجاد می شوند.

گام دوم: هر دو عضو از جمعیت با توجه به ارزش آنها انتخاب و عمل همبری انجام می گیرد.

عمل همبری به صور مختلف ممکن است انجام شود، همبری تک نقطه ای ، دو نقطه ای و یکنواخت.

در عملگر همبری تک نقطه ای که در این تحقیق استفاده شده است، عددی صحیح بین ۱ و L که L طول کروموزوم بر حسب ژن است بصورت اتفاقی انتخاب می شود و از نقطه بدست آمده بین دو کروموزوم همبری صورت می گیرد. شکل ۲ مثالی از همبری تک نقطه ای را نشان می دهد.



شکل ۲ عملگر همبری تک نقطه ای

عملگر جهش: عملگری است که بطور اتفاقی تغییراتی در کروموزومها ایجاد می کند. اگر احتمال وقوع این عملگر زیاد باشد، ممکن است قابلیت همگرا شدن الگوریتم به یک جواب از دست برود و اگر این احتمال خیلی کم باشد، ممکن است کروموزومهای مناسب در تعداد تکرار مشخص الگوریتم برای رسیدن به جواب بهینه تولید نشوند. در عمل جهش، عددی صحیح بصورت اتفاقی بین ۱ و L انتخاب و در نقطه بدست آمده، ژن کروموزوم تغییر می یابد بطوریکه ژن با آلل صفر به یک و ژن با آلل یک به صفر تغییر می یابد. مثالی در شکل ۳ آمده است.



شکل ۳ عملگر جهش

روش انتخاب شده در این مقاله، روش "جمعیت ثابت" است، یعنی کروموزومهای والد، پس از ازدواج و تولید فرزند از جمعیت حذف می شوند. در روشهای موسوم به نخبه گرا، از بین N والد و N فرزند که 2N فرد را می سازند، N عضو بهتر برگزیده می شود.

از آنجایی که ممکن است ژن مناسبی در یک کروموزوم با تابع برازندگی کمتر وجود داشته باشد که در ازدواجی ارث برده شود و باعث بهبود نسل گردد؛ بنابراین از روش نخبه گرا استفاده نشده و به همه کروموزومها در ازدواج شانس متناسب با تابع ارزش آنها داده شده است. این کار باعث می شود آنهایی که تابع ارزش بیشتری دارند امید ازدواج

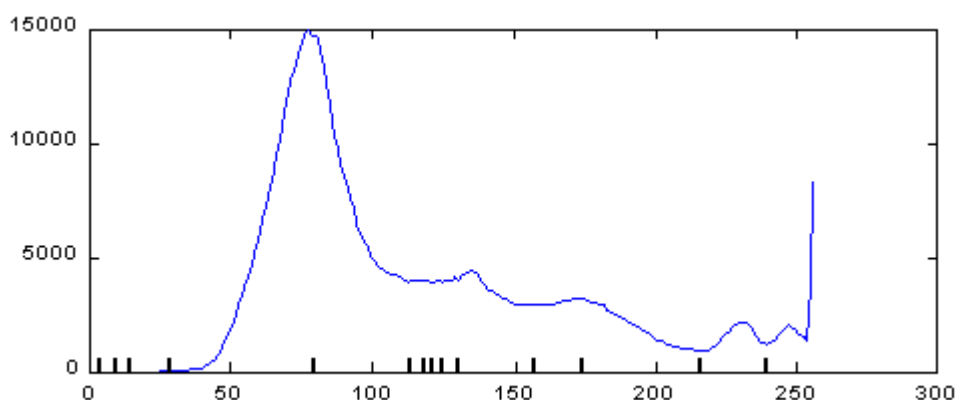
بیشتری داشته و حتی تا چند همسر برتر برگزینند، در حالیکه شانس تولید مثل از کروموزومهایی با تابع برازندگی کمتر نیز گرفته نشده است.

۳ پیش پردازش

ابتدا هیستوگرامهای رنگهای قرمز، سبز و آبی به طور مجزا در ۲۵۶ سطح تشکیل می‌شوند. رابطه ۱ نحوه بدست آوردن این هیستوگرام را برای رنگ X نشان می‌دهد.

$$H_x(k) = \sum_i \sum_j f_x(i, j) \quad , \quad f_x(i, j) = \begin{cases} 1 & I_x(i, j) = k \\ 0 & otherwise \end{cases} \quad (1)$$

که در آن I_x ، تصویررنگ X از تصویر اصلی و H_x هیستوگرام رنگ X را نشان می‌دهد. تعداد کمینه‌های محلی این هیستوگرام ها زیاد است و چون روش ارائه شده مبتنی به روش چند آستانه‌یابی روی هیستوگرام است، تعیین آستانه‌های مناسب، کاری سخت و دشوار است. در این مقاله بعد از یک مرحله هموارسازی هیستوگرامهای سطوح رنگ به روش میانگین‌گیری در پنجره باندازه ۳، کلیه کمینه‌های محلی هیستوگرام پیدا می‌شوند. سپس برای تعیین آستانه‌های بهینه از الگوریتم وراثتی استفاده می‌شود. شکل ۴ نمونه‌ای از کمینه‌های محلی یک هیستوگرام را نشان می‌دهد.



شکل ۴ یک نمونه از هیستوگرام هموار شده سطوح رنگ با ۱۴ کمینه محلی

۴ پیدا کردن آستانه‌های مناسب با استفاده از الگوریتم وراثتی

برای تعیین اعتبار هر یک از کمینه‌های محلی، از الگوریتم وراثتی و یک تابع ارزیابی یافته‌ای^۱ مبتنی بر آنتروپی استفاده شده است. مقدار آنتروپی برای هر تکه هیستوگرام رنگ از رابطه ۲ بدست می‌آید. یک هر تکه از هیستوگرام، ناحیه بین دو کمینه متوالی آن است. سپس مقدار آنتروپی کل با جمع کردن آنتروپی تمام تکه‌ها بدست می‌آید (رابطه ۳).

$$En_x(i) = - \sum_{\alpha_{i-1} \leq k \leq \alpha_i} p_{H_x(k)} \log(p_{H_x(k)}) \quad (2)$$

$$TEn_x = \sum_{i=1}^{n_x} En_x(i) \quad (3)$$

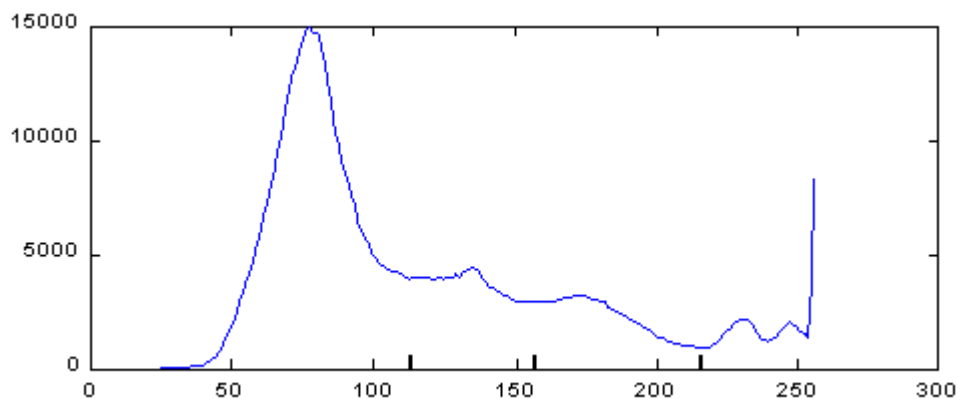
که در آن α_i کمینه i ام هیستوگرام و n_x تعداد تکه‌های هیستوگرام X است. هرچه تکه‌ها کوچکتر باشند، احتمال یکنواخت بودن آنها بیشتر است و در نتیجه آنتروپی کل بیشتر می‌شود. کوچک بودن پهنای تکه‌ها مترادف با زیاد بودن

¹ -heuristic function

نقاط آستانه است. بنابراین، تابع یافته‌ای مورد استفاده باید بگونه‌ای باشد که کم شدن تعداد تکه‌ها را نیز تشویق کند. رابطه ۴ تابع برازندگی مناسبی را نشان می‌دهد که برای این منظور استفاده شده است.

$$FF_x = \frac{TE n_x}{n_x} \quad (4)$$

در الگوریتم وراثتی اعمال شده، هر کروموزوم، متشکل از ژن‌هایی است که هر ژن نمایندهٔ تایید یا عدم تایید یک کمینه محلی بعنوان آستانه است. بعبارت دیگر چنانچه L کمینه محلی برای هیستوگرام وجود داشته باشد، کروموزومی بطول L داریم. آلل هر ژن، عدد صفر یا یک است. با این فرض که صفر بیان کنندهٔ عدم تایید یک کمینه بعنوان آستانه و یک بیان کنندهٔ تایید آن است. در الگوریتم پیشنهادی یک جمعیت ۵۰ تایی تولید و به کمک تابع برازندگی رابطه ۴ به هر کروموزوم این جمعیت، ارزشی نسبت داده می‌شود. تولید جمعیت نسل بعد، به کمک عملگرهای همبری و جهش و شرکت اعضای نسل قبل بر حسب برازندگی آنها، انجام می‌شود. احتمال وقوع همبری ۹۰٪ و احتمال وقوع جهش ۲٪ در نظر گرفته شده است. الگوریتم وراثتی زمانی متوقف می‌شود که به جمعیت تقریباً یکسانی برسد (شکل ۵).



شکل ۵ کمینه بهینه برای شکل ۴

۵ کوانتیزه کردن مقادیر رنگها و بدست آوردن تصویر ناحیه بندی شده

بعد از آنکه آستانه‌های مناسب تعیین شد، مقادیر هر تکه از هیستوگرام‌های رنگ به مقدار بیشینه هیستوگرام در آن تکه کوانتیزه می‌شوند. سپس با ترکیب تصاویر کوانتیزه شده قرمز، سبز و آبی تصویر ناحیه بندی شده حاصل می‌شود. در شکل ۶ نمونه‌ای از یک تصویر به همراه تصویر ناحیه بندی شده و هیستوگرام رنگ سبز آن آمده است.

۶ نتایج آزمایش و جمع بندی

هدف این مقاله ناحیه بندی تصاویر رنگی است. برای این کار، از روش آستانه‌یابی روی هیستوگرام‌های رنگ استفاده شده است. با استفاده از الگوریتم وراثتی با یک تابع یافته‌ای مناسب، اعتبار کمینه‌های محلی هیستوگرام‌های رنگ تعیین واز میان آنها آستانه‌های مناسب برگزیده می‌شود. از مزایای این الگوریتم می‌توان به عمل ناحیه بندی بدون نظارت آن اشاره کرد. همچنین ناحیه بندی در فضای RGB انجام می‌شود که از نقاط قوت آن است (تبدیل فضای رنگ وقت گیر است و باعث کندی الگوریتم می‌شود).

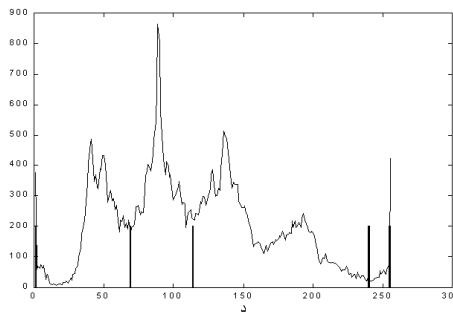
الگوریتم پیشنهادی روی مجموعه قابل توجهی از تصاویر با صحنه‌ها و رنگ‌های متفاوت آزمایش شد. این آزمایشها پایداری روش ارائه شده نسبت به تنوع رنگ در تصاویر مختلف را نشان داد.



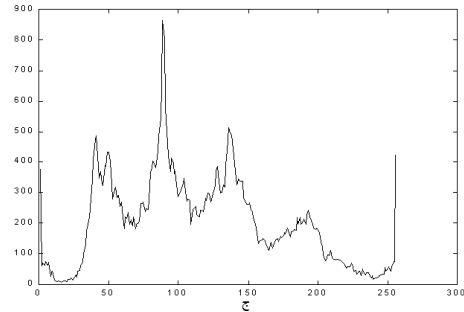
ب



الف



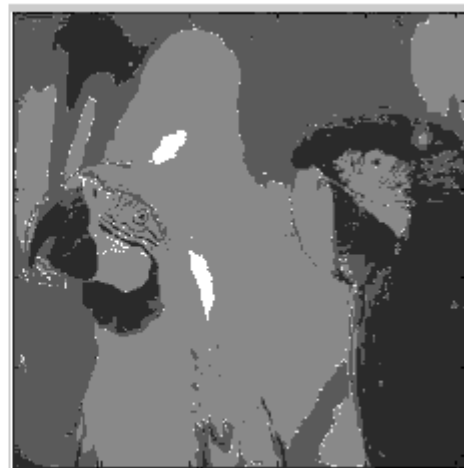
د



ج



ی



هـ

شکل ۶ الف) تصویر اصلی ب) تصویر رنگ سبز تصویر الف ج) هیستوگرام رنگ سبز
 د) هیستوگرام ناحیه بندی شده رنگ سبز هـ) تصویر ناحیه بندی شده رنگ سبز
 ی) تصویر ناحیه بندی شده تصویر اصلی

مراجع

۱. صدوقی یزدی، هـ. و کبیرا،. "روش جدید آستانه یابی برای دو سطحی کردن تصاویر"، پنجمین کنفرانس مهندسی برق ایران، دانشگاه صنعتی شریف، صفحات ۷۲-۳ تا ۸۰-۳، اردیبهشت ۱۳۷۶.

- 2.Li,C.H. and Lee,C.K., “Minimum cross entropy thresholding” , Pattern Recognition, vol.26, no.4, pp.617-625,1993.
- 3.Cheng,C.,Chen,K.,Wang,J. and Althouse,M., “A relative entropy-based approach to image thresholding” , Pattern Recognition, vol.27,no.9,pp.1275 -1289,1994.
- 4.Jain,R., Kasturi,R. and Schunck, B.G., “Machine vision” , McGraw -Hill,1995.
5. Huntsberger,T.L., Jacobs,C.L. and Cannon,R.L. , “Iterative fuzzy image segmentation” , Pattern Recognition, vol.18, no.2 ,pp. 131 -138, 1985.
6. Lim,Y.W. and Lee,S.U., “On the color image segmentation algorithm based on the thresholding and the fuzzy c-means techniques” , Pattern Recognition, vol.23, no.9, pp.935 -952,1990.
7. Lin,X. and Chen,S., “Color image segmentation using modified HSI system for road following” , Proc. IEEE Conf. on Robotics and Automation, Sacramento, California, pp. 1998 -2003, April 1991.
- 8.Kurugollu,F., Sankur,B. and Harmanci,A.E., “Color image segmentation using histogram multithresholding and fusion” , Image Vision and Computing, vol.19, pp.915 -928, 2001.
9. Umbaugh,S.E.,Moss,R.H., Stoecker,W.V. and Hance,G.A., “Automatic colour segmentation algorithm with application to skin tumor feature identification” , IEEE Engineering in Medicine and Biology, vol.12,no.3,pp.75-82,1993.
10. Amadasun,M. and King,R.A., “Low-level segmentation of multispectral images via agglomerative clustering of uniform neighbourhoods” , Pattern Recognition , vol.21, no.3, pp. 261-268, 1988.
11. Huang,C.L., Cheng T.Y. and Chen,C.C., “Colour images segmentation using scale space filter and Markov random field” , Pattern Recognition, vol. 25, no.10 , pp.1217 -1229, 1992.
- 12.N.Papamarkos,C.Strouthopoulos and I.Andreadis, “Multithresholding of color and gray-level images through a neural network technique, Image and Vision Computing ,vol.18, pp.213-232,2000.
- 13.Skarbek,W. and Koschan,A., “Color image segmentation-A survey” ,Technical Report 94-32, Department of computer science, Technical university of Berlin, October 1994.
14. Tseng, L.Y. and Yang, S., “Genetic algorithms for clustering , feature selection and classification” ,IEEE Int. Conference on Neural Networks, pp.1612 -1616,1997.
15. Bala,J.,Huayr,J.,Vafaie,H.,De jong, K. and Wechslev,H. “Hybrid learning using genetic algorithms and decision trees for pattern classification” , IJCAI conference , Montreal , August 19-25,1995.
- 16.Siedlecki,W. and Sklansky,J.,“A note on genetic algorithms for large scale pattern selection” , Pattern Recognition Letters , vol.10,335 -347,1989.
- 17.Vafaie, H. and De Jong, K. “Robust feature selection algorithms” , Proc. of the fifth conference on tools for artificial intelligence, Boston, MA: IEEE Computer Society Press. , pp. 356-363, 1993.
- 18.Vafaie, H., and De Jong, K., “Genetic algorithms as a tool for feature selection in machine learning”, Proc. of the 4th Int. conference on tools with artificial intelligence,pp.200-204 Arlington,VA, 1992.
- 19.Vafaie,H. and Imam,I., “Feature selection methods: genetic algorithms vs. greedy-like search”. Proc. of the Int. conference on fuzzy and intelligent control systems, 1994.
- 20.L.Tang,L.F.Tian,B.L.Steward and J.F.Reid, “Color image segmentation with genetic algorithm for in-field weed sensing” , (www.age.uiuc.edu/remote-sensing/papers/ghasi-final-with-figures.pdf)