

基于量子遗传算法的二维最大熵图像分割

周露芳,古乐野

(中国科学院成都计算机应用研究所,四川成都610041)

(lfzhou@mails.gscas.ac.cn)

摘要:图像分割二维最大熵算法存在计算复杂度高的弊端,目前针对这个问题所提出的各类算法效果都不太理想。依据量子遗传算法种群多样性好、收敛速度快的特点,提出了一种基于量子遗传算法的二维最大熵算法,与基于标准遗传算法的二维最大熵算法相比较,取得了更好的实验效果。

关键词:量子遗传算法;二维最大熵;图像分割

中图分类号:TP317.4;TP391.41 **文献标识码:**A

2-D maximum entropy method in image segmentation based on genetic quantum algorithm

ZHOU Lu-fang, GU Le-ye

(Chengdu Institute of Computer Application, Chinese Academy of Sciences, Chengdu Sichuan 610041, China)

Abstract: With high computing complexity, traditional 2-D maximum entropy method is a defective method in image segmentation, although many algorithms have been proposed to bear on this problem. Considering GQA's (Genetic Quantum Algorithm) ability to retain the diversity of population and to converge rapidly, a 2-D maximum entropy method based on GQA was put forward. Compared with 2-D maximum entropy method based on classical genetic algorithm in experiments, this method was proved to perform better.

Key words: GQA (Genetic Quantum Algorithm); 2-D maximum entropy; image segmentation

0 引言

量子遗传算法(Genetic Quantum Algorithm, GQA)是量子计算思想与遗传算法结合的产物。与遗传算法类似,它也是一个产生—检验的过程,但其实现跟标准遗传算法不一样。在表达方式上,量子遗传算法将量子的态矢量表述引入染色体编码;在演化机制上,它利用量子门实现染色体演化。这些区别,使得量子遗传算法表现出比标准遗传算法更好的种群多样性、更强的全局搜索能力和更快的收敛速度。

图像分割各类算法中,二维最大熵分割方法是阈值法的一种。它利用图像的二维直方图,结合了图像的灰度信息和邻域信息,通过使图像的二维最大熵达到最大,得到所需要的二维阈值。相比于一维阈值法,其分割效果较好,对噪声的鲁棒性也较强,但存在计算量大,计算速度慢的缺点。为减少二维最大熵算法的计算量,提高计算速度,人们提出了基于递推计算的快速二维熵算法、基于遗传算法的最大二维熵算法等,但总体效果仍有不足。

本文利用量子遗传算法种群多样性好、收敛速度快的特点,将量子遗传算法作为二维最大熵方法中费用函数的优化工具。实验的结果表明,本文的方法在保证二维最大熵方法相同的分割效果下,相比于基于标准遗传算法的二维最大熵算法,减少了所需要的种群规模,使计算效率更高,进一步提高了运算速度。

1 量子遗传算法

量子遗传算法基于量子计算原理,利用量子计算中量子

比特、量子叠加态的概念和理论,以量子编码表征染色体,以量子门对叠加态的作用作为进化操作,具有很好的种群多样性。

1.1 量子比特

在量子遗传算法中,信息的最小单位载体是量子比特(qubit)。一个量子比特可以处于“1”态、“0”态,或者处于这二者的任一叠加态。一个量子比特可以表示为:

$$|\Psi\rangle = \alpha|0\rangle + \beta|1\rangle$$

其中, α 和 β 是复数,表示相应的态出现的概率幅。 $|\alpha|^2$ 表示该量子比特处于“0”态的概率, $|\beta|^2$ 表示该量子比特处于“1”态的概率,二者满足归一化条件 $|\alpha|^2 + |\beta|^2 = 1$ 。因此,如果存在一个具有 m 个量子比特位的系统,则该系统能同时表达 2^m 个状态。然而,对量子态的每一次观察,该量子比特都只塌陷至一个单一状态。这里得到的观察值,由量子比特的概率,即 $|\alpha|^2$ 或 $|\beta|^2$ 的取值决定。具体过程可以是:生成一个 $[0,1]$ 内的随机数 r ,如果 $r > |\alpha|^2$,则观察值为1,否则观察值为0。

1.2 染色体表示方式

GQA基于量子比特的概念,采用一个或多个量子比特来存储和表达一个基因,若干个基因构成一个染色体。一个量子比特可以用一个复数对 (α, β) 来表示为 $\begin{bmatrix} \alpha \\ \beta \end{bmatrix}$,则 m 个 k 位基因构成的一个染色体可以表示为:

$$c_i^t = \begin{bmatrix} \alpha_{11} & \alpha_{12} & \cdots & \alpha_{1k} & \alpha_{21} & \alpha_{22} & \cdots & \alpha_{2k} & \cdots & \alpha_{m1} & \alpha_{m2} & \cdots & \alpha_{mk} \\ \beta_{11} & \beta_{12} & \cdots & \beta_{1k} & \beta_{21} & \beta_{22} & \cdots & \beta_{2k} & \cdots & \beta_{m1} & \beta_{m2} & \cdots & \beta_{mk} \end{bmatrix}$$

end
end

其中, i 表示此染色体的编号, t 表示此染色体当前进化的代数, m 表示基因的个数, k 表示基因里量子比特的个数, 而 $|\alpha_{pq}|^2 + |\beta_{pq}|^2 = 1, p = 1, 2, \dots, m, q = 1, 2, \dots, k$ 。这种表示能够表达任一叠加态。比如说, 一个 3 个量子比特位的系统, 具有三个概率幅对, 如下:

$$\begin{bmatrix} \frac{1}{\sqrt{2}} & 1 & \frac{1}{2} \\ \frac{1}{\sqrt{2}} & 0 & \frac{\sqrt{3}}{2} \end{bmatrix}$$

则这个系统的状态可以表示为:

$$\frac{1}{2\sqrt{2}}|000\rangle + \frac{\sqrt{3}}{2\sqrt{2}}|001\rangle + \frac{1}{2\sqrt{2}}|100\rangle + \frac{\sqrt{3}}{2\sqrt{2}}|101\rangle$$

上述结果表示状态 $|000\rangle, |001\rangle, |100\rangle$ 和 $|101\rangle$ 出现的概率分别是 $\frac{1}{8}, \frac{3}{8}, \frac{1}{8}$ 和 $\frac{3}{8}$ 。

GQA 将所有染色体的每个量子比特都初始化为 $\begin{bmatrix} \frac{1}{\sqrt{2}} \\ \frac{1}{\sqrt{2}} \end{bmatrix}$, 从

而使所有的可能性都初始为均等。

1.3 量子门

由于染色体的状态处于叠加中, GQA 中不使用传统遗传算法的选择、变异、交叉等算子来改变各个染色体的状态, 而采用将量子门分别作用于各叠加态的方式。子代个体的产生不由父代群体决定, 而是由父代的最优个体及其状态的概率幅决定。GQA 的遗传操作主要将构造的量子门作用于量子叠加态的基态, 使其相互干涉, 相位发生改变, 从而改变各基态的概率幅。在这里, 我们采用量子旋转门, 即:

$$U = \begin{bmatrix} \cos\theta & -\sin\theta \\ \sin\theta & \cos\theta \end{bmatrix}$$

其调整操作为:

$$\begin{bmatrix} \alpha_i' \\ \beta_i' \end{bmatrix} = U \begin{bmatrix} \alpha_i \\ \beta_i \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \cos\theta & -\sin\theta \\ \sin\theta & \cos\theta \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \alpha_i \\ \beta_i \end{bmatrix}$$

其中, $\begin{bmatrix} \alpha_i \\ \beta_i \end{bmatrix}$ 为染色体中的第 i 个 qubit; θ 为旋转角, 它的符号(正或负)决定算法收敛的方向, 它的幅度(大小)决定算法收敛的速度和效率。

1.4 算法流程

我们以 $Q(t)$ 表示时刻 t 的种群, $P(t)$ 表示 $Q(t)$ 的观察值。GQA 的算法流程如下:

```

procedure GQA
begin
   $t \leftarrow 0$ ;
  初始化  $Q(t)$ ;
  对种群观察得到  $P(t)$ ;
  由  $P(t)$  对每个个体计算其适应值;
  保存  $P(t)$  中的最优解;
  while(非结束条件)
  begin
     $t \leftarrow t + 1$ ;
    对种群  $Q(t-1)$  观察得到  $P(t)$ ;
    由  $P(t)$  对每个个体计算其适应值;
    以量子门  $U(t)$  更新  $Q(t)$ ;
    保存  $P(t)$  中的最优解;
  end
end

```

2 二维最大熵图像分割

二维熵结合了像素灰度和区域灰度特征, 使用熵作为衡量的指标, 能够较好地表征图像。二维最大熵分割算法通过得到最大熵来获取二维阈值, 分割效果较好, 也具有较好的抗噪声能力。其原理如下:

对 L 个灰度级的原始图像 $f(x, y)$ ($x = 0, 1, \dots, M; y = 0, 1, \dots, N; f(x, y) = 0, 1, \dots, L$) 中的任一像素 (x, y) , 以其 8 邻域及像素 (x, y) 本身为一个区域, 可以得到该像素所在区域的灰度均值。设 n_{ij} 为图像中点灰度为 i 、区域灰度均值为 j 的像素的个数, 则点灰度—区域灰度均值对 (i, j) 发生的概率 $P_{ij} = \frac{n_{ij}}{M \times N}$ 。综合此概率, 可以得到图像的二维直方图。

图 1 为二维直方图的 XOY 平面示意图。在典型情况下, 由于图像中以属于目标或背景的像素所占比率最大, 且目标区域和背景区域内部的灰度级一般比较均匀, 点灰度、灰度均值相差不大, 所以二维直方图内, 点灰度—区域灰度均值对 (i, j) 的概率高峰主要分布于 XOY 平面的对角线附近, 如图 1 中的 A 区和 B 区。偏离 XOY 平面对角线的坐标处, 概率值大幅度下降, 这部分值反映的是图像中的噪声点、边界等, 如图 1 中的 C 区和 D 区。因此应该在 A 区和 B 区中用点灰度—区域灰度均值对, 通过得到最大熵来确定最佳阈值向量 (s, t) , 使真正代表目标和背景的信息量最大。图 2 是 256 级灰度 Lena 图的二维直方图 XOY 平面图。

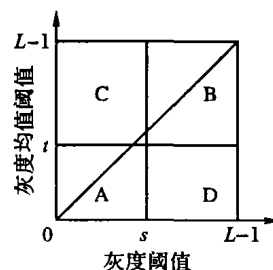


图 1 二维直方图的 XOY 平面示意图

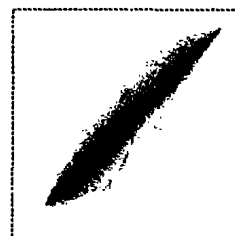


图 2 256 色 Lena 图的二维直方图 XOY 平面图

结合熵的定义, 得到图像的二维熵和阈值向量 (s, t) 的计算关系。设阈值向量为 (s, t) , 分别得到 A 区域、B 区域的熵:

$$H(A) = \log(P_A) + \frac{H_A}{P_A}$$

$$H(B) = \lg(P_B) + \frac{H_B}{P_B}$$

其中:

$$P_A = \sum_{i=0}^{t-1} \sum_{j=0}^{s-1} p_{ij}$$

$$H_A = - \sum_{i=0}^{t-1} \sum_{j=0}^{s-1} p_{ij} \lg p_{ij}$$

$$P_B = \sum_{i=t}^{L-1} \sum_{j=s}^{L-1} p_{ij}$$

$$H_B = - \sum_{i=t}^{L-1} \sum_{j=s}^{L-1} p_{ij} \lg p_{ij}$$

因此, 得到熵关于 (s, t) 的函数:

$$\phi(s, t) = H(A) + H(B) \quad (1)$$

选取的最佳阈值向量 (s^*, t^*) 应满足:

$$\phi(s^*, t^*) = \max\{\phi(s, t)\} \quad (2)$$

3 基于量子遗传算法的二维最大熵算法

利用量子遗传算法作为费用函数优化的手段, 与二维最大熵算法结合实现图像分割, 由于量子遗传算法种群多样性好, 全局收敛性能强的特点, 可以减少计算二维熵的次数, 从而达到提高计算效率、减少计算量的目的。二者的结合需要解

决以下几个问题:1)染色体的编码方式;2)构造适应值函数;3)选择染色体的演化机制。

3.1 编码和适应值函数

二维最大熵阈值分割法的目的就是寻求最佳阈值向量 (s^*, t^*) 以使图像的二维熵最大,所以这里我们直接对阈值向量进行编码。我们使用2个基因构成的基因串 $c = [g_1, g_2]$,两个基因 g_1, g_2 分别对应阈值向量里的第一项和第二项,各使用8个量子比特位来表示,从而构成一个大小为 256×256 的搜索空间。

相应地,适应值函数也直接使用二维熵的计算公式,即前文中的公式。

3.2 量子旋转门

在量子遗传算法中,量子旋转门的旋转角 θ 的方向的确定上,我们采用文献[3]中提出的通用的、与问题无关的调整策略,如表1所示。

表1 旋转角调整策略

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	True	0	-	-	-	-
0	1	False	Delta1	+1	-1	0	± 1
0	1	True	Delta2	-1	+1	± 1	0
1	0	False	Delta3	-1	+1	± 1	0
1	0	True	Delta4	+1	-1	0	± 1
1	1	False	0	-	-	-	-
1	1	True	0	-	-	-	-

表1中, b_i 和 x_i 分别表示当前最优解 b 和当前个体 x 的第 i 个量子比特的观察值。旋转角 $\theta_i = s(\alpha_i, \beta_i) \cdot \Delta\theta_i$, $s(\alpha_i, \beta_i)$ 和 $\Delta\theta_i$ 分别表示了旋转角的方向和幅度,其值由表1确定。该调整策略是将当前的个体 x 的适应值与当前最优解 b 的适应值相比较,对每一个量子比特,结合其观察值以及 α_i, β_i 的取值,从而确定旋转的角度和方向,并更新当前个体。

旋转角的幅度不但对于算法收敛的速度有一定的影响,而且也会影响到算法收敛的效果,不合适的幅度值导致算法容易陷入局部最优解。在旋转角幅度的选择上,我们考虑了当前个体 x 和当前最优解 b 的适应值差值,采用以下策略来获得动态的角度幅度值:

$$\Delta\theta = \min + (\max - \min) \times \frac{|f(x) - f(b)|}{\max(f(x), f(b))}$$

其中, $\Delta\theta$ 表示旋转角的幅度,max和min为实验中给定的旋转角幅度的最大值和最小值, $f(x)$ 和 $f(b)$ 分别表示当前个体和当前最优解的适应值, $\max(f(x), f(b))$ 表示 $f(x)$ 和 $f(b)$ 中的较大值, $|f(x) - f(b)|$ 表示 $f(x)$ 和 $f(b)$ 差值的绝对值。

4 实验结果及分析

为了将本文的方法与基于标准遗传算法的二维最大熵算法进行比较,我们分别在不同的种群规模上进行了实验。以256级灰度Lena图作为实验对象,分别以500次实验为一个单位,获得二维阈值的统计指标如表2所示,包括阈值的均值、标准差和获得最佳个体时进化代数的均值。

其中,标准遗传算法采用类似的16位基因编码,相同的适应值函数,变易系数0.001,交叉系数0.01,最大进化代数50。量子遗传算法中的旋转角幅度最大值和最小值分别采用文献[2]中推荐的 0.05π 和 0.001π ,最大进化代数50。

表2 基于标准遗传算法和量子遗传算法的二维最大熵算法结果比较

种群规模	s		t		(s, t) 广义		进化代数均值
	均值	标准差	均值	标准差	样本方差		
标准	800	119.36	2.87	118.42	2.76	9.99	15.04
遗传	1000	119.37	2.43	118.37	2.37	5.64	16.04
算	1200	119.48	2.23	118.37	2.25	4.02	14.37
法	1500	119.81	1.59	118.80	1.63	1.59	14.34
	2000	119.56	0.88	118.62	0.85	0.22	15.25
	2500	119.77	0.79	118.75	0.78	0.12	14.17
量子	8	119.65	4.05	118.75	3.61	13.13	29.30
遗传	10	119.86	3.67	118.04	3.18	9.80	26.51
算	15	119.86	1.96	118.23	1.51	1.05	23.79
法	20	119.36	2.05	118.75	1.64	0.63	19.13
	25	119.48	1.52	118.72	1.52	0.44	20.49
	30	120.02	1.00	118.57	0.75	0.05	17.97

表2的结果表明,基于量子遗传算法的二维最大熵算法,在算法结果基本相当的前提下,种群规模大大小于基于标准遗传算法的二维最大熵算法,尽管进化代数相对较大,但总体上很大程度地提高了算法的效率,降低了计算量,提高了计算速度。

在相同条件下,我们对标准遗传算法亦做了种群规模分别为50、80、100、150、200、250、300、500的实验。在其各自的500次实验结果统计中,尽管阈值的均值与表2中各项相差不大,但实验结果过于发散,阈值的标准差和广义样本方差均过大,故不在表2中列出。

具体实现中需要注意的是,在GQA中,量子比特的观察与量子门调整作用的计算过程对算法的执行时间有一定影响。这使得本文方法与基于标准遗传算法的二维最大熵算法的比较中,尽管运行时间有较大减少,但二者运行时间的差别并不如种群规模的差别那么突出。

5 结语

量子遗传算法是量子计算与遗传算法思想的结合,比标准遗传算法具有更好的群体多样性、更强的全局寻优能力和更快的收敛速度。本文将量子遗传算法与二维最大熵图像分割算法结合,应用于图像分割,对比于基于标准遗传算法的二维最大熵算法,在达到相当的分割效果的情况下,种群规模大大缩小,计算速度也有较大提高。

参考文献:

- [1] KUK-HYUN HAN, JONG-HWAN KIM. Genetic quantum algorithm and its application to combinatorial optimization problem[A]. IEEE Proceedings of the 2000 Congress on Evolutionary Computation[C]. San Diego, 2000. 1354-360.
- [2] KUK-HYUN HAN, JONG-HWAN KIM. On Setting the Parameters of QEA for Practical Applications: Some Guidelines Based on Empirical Evidence[A]. Genetic and Evolutionary Computation Conference, Chicago[C]. IL, USA, 2003. 427-428.
- [3] 杨俊安, 解光军, 庄镇泉, 等. 量子遗传算法及其在图像盲分离中的应用研究[J]. 计算机辅助设计与图形学学报, 2003, 15(7): 847-852.
- [4] 李映, 焦李成. 边缘检测的混合量子遗传算法[J]. 模式识别与人工智能, 2003, 16(2): 219-224.
- [5] 陈果, 左洪福. 图像分割的二维最大熵遗传算法[J]. 计算机辅助设计与图形学学报, 2002, 14(6): 530-534.
- [6] 张毅军. 二维熵图像阈值分割的快速递推算法[J]. 模式识别与人工智能, 1997, 10(3): 259-264.