

# 模糊 C 均值聚类图像分割的改进遗传算法研究

杨凯, 蒋华伟

YANG Kai, JIANG Hua-wei

河南工业大学 信息科学与工程学院, 郑州 450001

College of Information Science and Engineering, Henan University of Technology, Zhengzhou 450001, China

E-mail: yk\_201@163.com

**YANG Kai, JIANG Hua-wei.** Research of improved genetic algorithm for image segmentation based on fuzzy C-means clustering. *Computer Engineering and Applications*, 2009, 45(33): 179–182.

**Abstract:** Based on the fuzzy C-means clustering algorithm, taking advantage of genetic algorithm with the feature of global random search, a novel improved algorithm combining genetic algorithm and FCM clustering algorithm is proposed. First of all, the method adopts an initial algorithm to assure the initial searching scope of genetic algorithm. Then improvements are appropriately made on parameter. Lastly step of the new algorithm is proposed. The method solves the limitation of converging to the local infinitesimal point in medical image segmentation, and adopts the initial algorithm to assure the initial searching scope of genetic algorithm which is better accommodable than standard genetic algorithm with fuzzy C-means clustering, speeding up the convergence of genetic algorithm. Contrast with results of experiment, the method is better than standard genetic algorithm fused with fuzzy C-means clustering.

**Key words:** fuzzy C-means clustering; Fuzzy C-Means(FCM) clustering algorithm; genetic algorithm

**摘要:** 基于模糊 C 均值(FCM)聚类算法, 并利用遗传算法全局随机搜索的特点, 提出了一种图像分割的改进遗传算法。该算法首先采用一种初值化算法确定合适的遗传算法的初始搜索范围, 然后对遗传算法中的编码方式、交叉算子、变异算子等参数进行了一些适当改进, 进而给出了该算法的理论推导和算法的具体实现步骤。该算法除了解决模糊 C 均值聚类算法在医学图像分割中容易陷入局部最优解的问题, 而且采用的初值化算法比标准的遗传模糊 C 均值聚类算法能确定更合适的遗传算法的初始搜索范围, 从而加速了遗传算法的收敛过程。实验表明, 该方法相对于标准的遗传模糊 C 均值聚类算法, 效果要好得多。

**关键词:** 模糊 C 均值聚类; 模糊 C 均值(FCM)聚类算法; 遗传算法

DOI: 10.3778/j.issn.1002-8331.2009.33.058 文章编号: 1002-8331(2009)33-0179-04 文献标识码: A 中图分类号: TP39

## 1 引言

图像分割是一个经典难题, 随着科学技术和影像医学的迅猛发展, 影像医学与图像分割的联系也越来越紧密, 如结构分析, 运动分析, 三维可视化等后续操作, 以及图像引导手术, 肿瘤放射治疗, 治疗评估等应用研究都是在假设已对图像做了准确分割, 或者说都是在图像分割的基础上进行的。因此图像分割在医学图像处理中占主要地位<sup>[1]</sup>。

根据分割算法适用性的不同, 图像分割方法主要分为两大类: 一类方法是基于区域的方法, 通常利用同一区域内的均匀性识别图像中的不同区域; 另一类方法是边缘分割方法, 通常利用区域间不同性质(如区域内灰度不连续性)划分出各个区域之间的分界线, 这类方法通常导致不完全的部分分割结果, 比如分割结果中存在间断现象, 或者得到错误的边缘。近年来, 随着统计学理论、模糊集理论、神经网络、形态学理论、小波理论等在图像分割中的应用日渐广泛, 遗传算法、尺度空间、多分

辨率方法、非线性扩散方程等近期涌现的新方法和新思想也不断被用于解决分割问题, 国内外学者提出了不少有针对性的图像分割方法<sup>[2-4]</sup>。

聚类是模式识别领域中一种基本的统计分析方法。它不需要训练样本, 因此聚类是一种无监督的统计方法。因为没有训练样本集, 聚类算法迭代地进行图像分类, 并提取各类的特征值。从某种意义上说, 聚类是一种自我训练的分类, 其中 K 均值, 模糊 C 均值, EM 和分层聚类方法是常用的聚类算法。

## 2 模糊 C 均值聚类算法基本思想

在众多聚类算法的图像分割方法中, 由 Dunn 提出<sup>[5]</sup>, 后经 Bezdek<sup>[6]</sup>推广的模糊 C 均值(FCM)聚类算法因其实现简单、结果较优而得到广泛应用。模糊聚类是应用模糊数学的方法把具有相似性的事物区分开并加以分类。FCM 聚类算法用于图像分割是根据图像中像素和 C 个聚类中心的每一个中心的加权

基金项目: 河南省自然科学基金(the Natural Science Foundation of Henan Province of China under Grant No.2008A520005)。

作者简介: 杨凯(1984-), 硕士研究生, 主要研究方向: 图像处理、进化优化; 蒋华伟(1970-), 副教授, 硕士研究生导师, 主要研究方向: 计算机数学建模及数值模拟、模式识别、图像处理等。

收稿日期: 2009-05-07 修回日期: 2009-06-24

隶属度,对目标函数进行迭代优化。

在经典的 C 均值聚类算法的每一步迭代中,每一个样本点都被认为是完全属于某一类别。由于医学图像具有模糊性和不确定性,其中包括灰度和几何的模糊性以及不确定知识,因此每一个样本点并不是都被认为是完全属于某一类别,这时就引入了隶属度函数的概念,允许每个样本隶属于多个聚类<sup>[7]</sup>。

首先,随机地选择 C 个对象  $u_1, u_2, \dots, u_c$ ,其次由式

$$\sum_{i=1}^c P(w_i|x_j) = 1, j=1, 2, \dots, n \quad (1)$$

归一化  $P(w_i|x_j), i=1, 2, \dots, c; j=1, 2, \dots, n$ ,其中  $P(w_i|x_j)$  为第  $j$  个像素相对于第  $i$  个聚类中心的隶属度,接着由式

$$u_i = \frac{\sum_{j=1}^n [P(w_i|x_j)]^b x_j}{\sum_{j=1}^n [P(w_i|x_j)]^b} \quad (2)$$

重新计算  $u_i$ ,然后由式

$$P(w_i|x_j) = \frac{(1/d_{ij})^{1/(b-1)}}{\sum_{r=1}^c (1/d_{rj})^{1/(b-1)}} \quad (3)$$

和  $d_{ij} = \|x_j - u_i\|^2$  重新计算  $P(w_i|x_j)$ ,这个过程不断重复,直到  $u_i$  和  $P(w_i|x_j)$  变化很小。

### 3 遗传模糊聚类算法及其改进

模糊聚类技术局部寻优的本质极大地局限了它的分割质量的提高。遗传算法是一种全局寻优的算法,将遗传算法与模糊聚类算法进行组合,可以有效地解决模糊聚类算法局部寻优的缺点,从而可以提高图像的分割质量。为此近年来,有学者将遗传算法与模糊聚类技术相结合,提出了遗传模糊聚类算法<sup>[8-10]</sup>以及改进算法<sup>[11-14]</sup>,并在对 CT 图像和 MR 脑图像的分割中得到了比较成功的应用。遗传模糊聚类算法的基本思想是:首先,利用遗传算法全局寻优的优势找到比较靠近全局最优解的类中心,然后,利用模糊聚类局部寻优的优势,使最终分类结果落到全局最优解上。但是设定遗传算法的初始搜索范围时,需要依赖于人的经验,如果所设范围过大,就影响收敛速度;如果所设范围过小,就容易陷入局部最优。为此,先用一种初始化算法得到图像的聚类中心,在此基础上,划出一个较小的范围作为遗传算法的初始搜索范围,然后用遗传算法与 FCM 聚类算法相结合的算法进行求解,得到理想的收敛结果,最后进行图像分割。

算法主要考虑个体编码、初始群体的设定、适应度函数、遗传算子及遗传参数设置和收敛准则等因素。

#### 3.1 个体编码

遗传算法求解问题不是直接作用在问题的解空间上,而是利用解的某种编码表示,选择何种表示将对算法的性能、效率产生很大的影响。算法只使用了灰度这一单一特征,因此,对于图像的分割本质上是将图像灰度值进行分段。假设把一幅图像分割成  $k$  类,将待求的  $k$  个中心  $t_1, t_2, \dots, t_k$  按顺序排列并构成一个基因串  $c=(t_1, t_2, \dots, t_k)$ ,每个参数  $t_i (i=1, 2, \dots, k)$  用二进制表示,将各参数的二进制码连成一串,得到一个二进制码串。对于一幅有 256 级灰度的图像,  $0 \leq t_i \leq 255$ ,因此 8 位的二进制代码可以表示每个灰度值,此时每个基因串的长度为 8 000 个比特。

#### 3.2 初始群体的设定

初始状态对于是否能收敛到的最终状态至关重要。如果系统的初始化状态离全局极小值的状态比较近,那么则很可能收敛到全局极小值。

初始群体规模影响到遗传算法的最终性能和效率,若规模太小会过早收敛到局部最优解,若规模太大,每一代的计算量大,收敛速度很慢。一般的初始群体策略是先随机生成一定数目的个体,然后从中挑出最好的个体加到初始群体中。这种过程不断迭代,直到初始群体中个体数达到预先设定的规模<sup>[15]</sup>,算法采用一种初始化算法提出合适的个体来进行初始群体的设定。

初始化算法如下:

第一步,获取图像灰度直方图中的所有局部极大和局部极小值,对灰度直方图进行一次扫描就可获得其中所有的局部极大和局部极小值。其中用数组  $\max[k]$  来表示局部极大值,用数组  $\min[k]$  来表示局部极小值,这一步中找出的局部极大和局部极小值的个数一般比需划分的类数多得多,把两个相邻的局部极小之间的灰度值作为一个类,因而需要将某些类合并。

第二步,针对不同的图像和分割目的,依据经验将合并灰度直方图中相距不太远,又很可能粘成一个大块的几个小块,然后把合并后的类按灰度值取平均。其中用  $\text{num}[i]$  表示图像中灰度为  $i$  的像素个数。

首先假设要把灰度分为  $C$  类,对灰度直方图进行扫描得到局部最大值  $\max[k]$  和局部最小值  $\min[k]$ ,其中  $k=0, 1, 2, \dots, n$ ,接着比较每两个局部极大值之差和相对应的局部极小值之间的距离,其中

$$\text{height}[i] = (\text{num}(\max[i+1]) - \text{num}(\max[i])) \quad (4)$$

和

$$\text{distant}[i] = (\min[i+1] - \min[i]) \quad (5)$$

并引入加权函数

$$w_i = \begin{cases} a, & i=1 \\ b, & i=2 \end{cases} \quad (6)$$

其中  $a+b=1$ ,  $a$  和  $b$  的值需要依据经验来确定,合并极大值之差最小和极小值之间的距离最近的两个类,即  $\text{classmin}$  为最小的两个类,其中

$$\text{classmin} = \min_{i=0, 1, \dots, n-2} (\text{height}[i] \times w_1 + \text{distant}[i] \times w_2) \quad (7)$$

然后去掉被合并类的局部最大值和局部最小值并对局部最大值和局部最小值重新赋值,迭代执行上述合并步骤,直至所剩类数为  $C$  类,最后对合并后的类按灰度值取平均

$$u_i = \frac{\sum (\text{dis}[k] \times \text{num}[k])}{\sum \text{num}[k]} \quad (8)$$

其中  $i=0, 1, \dots, k$  属于  $i$  类的各个灰度值,即可得到合适的中心。

这种算法试图在灰度直方图中选取合适的中心,使得灰度直方图中大块的结构能得到保持,并在此基础上把灰度直方图分成概率尽可能相近的部分。

#### 3.3 适应度函数

适应度函数值定量地反映了每个个体对于整个进化过程的适应能力,适应度函数值越大说明该个体的适应能力越强,并且越有可能被保留到下一代。适应度函数选取的好坏直接影响到是否能够尽快达到最优解。算法选取式

$$E = \sum_{i=1}^C \sum_{p \in C_i} |p - m_i|^2 \quad (9)$$

作为遗传算法的适应度函数。

其中,  $E$  是数据集中所有对象的平方误差和,  $p$  是空间中的点, 表示给定对象,  $m_i$  是簇  $C_i$  的均值( $p$  和  $m_i$  都是多维的)。换句话说, 对于每个簇中的每个对象, 求对象到其簇中心距离的平方, 然后求和。这个准则试图使生成的  $C$  个结果簇尽可能的紧凑和独立。

### 3.4 遗传算子及遗传参数设置

#### 3.4.1 选择

根据个体的适应度, 一般采用最常用的赌轮选择机制, 从某一代(设为  $t$ )群体(设为  $P(t)$ )中选出一些优良的个体保存到下一代群体  $P(t+1)$  中。选择的目的是把优化的个体直接或通过配对交叉产生新的个体再遗传到下一代的过程。

按照达尔文“适者生存”的观点, 往往有着较高适应度的个体被保留到下一代的可能性更大。求出每个个体的适应度, 并将其按适应度从大到小的顺序排列, 将群体中 10% 的个体直接进入交配池, 剩下部分按式(10)分配选择概率

$$p_i = c(1-c)^{i-1} \quad (10)$$

其中,  $c$  为常数(令  $c=0.65$ ),  $i$  表示适应度函数值从大到小排序以后的第  $i$  个个体。这样可以保证下一代的群体绝不比上一代的最佳群体差。

接着再以概率  $p_i$  按轮盘赌的比例选择法进行选择, 先从 0~1 中随机地确定一个实数作为指针, 再在轮盘中找到对应的个体作为选中的对象, 虽然每个个体都是随机产生的, 但是由于适应度高的个体在轮盘中占的比例也相对较大, 因此仍然可以保障绝大部分的优秀个体都被保留到了下一代中<sup>[16]</sup>。

#### 3.4.2 交叉

交叉也称为重组, 它是整个遗传算法中最重要的步骤, 通过交叉产生出更为优秀的个体, 就像人类孕育出新的生命, 同时使得种群中的个体多样性增加。交叉操作保证了整个的进化过程不会收敛得过快, 也不易陷入局部极值, 它在遗传进化的前期起到了重要的作用。

交叉率控制交叉算子的应用频率。交叉率越高, 群体中个体的更新就越快。但是, 若交叉率太高, 遗传算法就变成了随机搜索, 失去遗传算法的优越性。交叉率越低, 群体的进化得不到保证, 很难收敛到最优解。因此要选择适当的交叉率, 通常交叉概率选择在 0.4~0.9 之间。

交叉算子是使种群内个体中的性状进行重新组合, 产生新型后代, 以实现高效搜索的重要算子。可分为一点交叉算子、两点交叉算子和多点交叉算子。一点交叉操作就是随机地从交配池中选取一对交叉的个体, 并随机选择一个交叉位置, 将其中一个个体串从交叉位置到右端的子串与另一个进行交叉的个体串对应位置的子串交换。两点交叉算子等价于连续使用两次一点交叉算子。

#### 3.4.3 变异

变异指的是将个体中某个或某几个基因位的基因进行随机的改变, 就像人类的基因突变一样。变异的目的是增强遗传算法的局部寻优能力, 同时也增加了个体的多样性。在进化过程的后期, 由于保留下来的个体都十分接近最优解, 通过交叉的方式很难再产生新的个体, 这样变异就成为了让进化过程顺利进行的主要动力, 它决定了种群中个体的多样性和进化过程的速度。

变异概率用来控制参与变异的个体数量, 如果变异概率过小则在进化后期的收敛速度过快, 容易陷入局部极值, 如果变

异概率过大则绝大部分的优秀个体被破坏, 导致进化过程不再收敛。因此要选取适当的变异率, 通常变异概率选择在 0.001~0.1 之间。

变异算子一般是作为辅助算子使用的。它作用在个体的二进制串上, 以较小的概率  $P_m$  随机地改变个体串上的每一位(即位上的 0 变为 1, 1 变为 0)。设个体  $S=(S_1, S_2, \dots, S_L)^T$  经变异算子作用后变为  $S'=(S'_1, S'_2, \dots, S'_L)^T$ , 当  $u_i > P_m$  时  $S'_i = S_i$ ; 当  $u_i < P_m$  时  $S'_i = 1 - S_i$ ; 这里  $u_i$  是 0 与 1 之间的由均匀分布产生的随机数。

### 3.5 收敛准则

一是判断当代群体的最高适应度值经过一些代进化后, 没有显著变化; 另一个标准是当算法执行到最大代数时结束计算, 并输出前几代的最佳值。根据具体的分类来确定适当的繁衍代数和最大迭代次数。

## 4 实验结果及分析

实验选取一幅大小为 128×128 像素且灰度级为 256 的正常的人脑 MR 图像进行聚类分割。因为人脑 MR 图像主要包括脑白质、脑灰质、脑脊液和背景 4 部分, 所以取聚类中心为 4。在实验中采用了 FCM 算法、遗传模糊聚类和该文算法进行聚类分制作比较。图 1 是一幅标准灰度的人脑 MR 图像, 图 2 给出了该图像的灰度直方图。

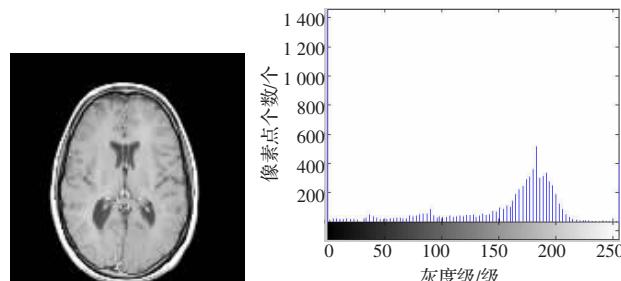


图 1 人脑 MR 图像

图 2 人脑 MR 图像的直方图

比较实验结果后, 从图 3 中可以看出正常人脑的 MR 图像的分割结果, 分别使用了传统 FCM 聚类、标准的遗传模糊聚类以及该文算法 3 种算法。图 3(a)为 FCM 聚类算法分割结果, 图 3(b)为标准的遗传模糊聚类算法分割结果, 图 3(c)为该文算法分割结果。



图 3 (a) FCM 聚类分割结果

图 3 (b) 遗传模糊聚类分割结果

图 3 (c) 该文算法分割结果

表 1 是 FCM 聚类算法、遗传模糊聚类和该文算法的聚类中心、适应度函数值和迭代次数的比较。从表 1 可以看出 FCM

表 1 FCM 聚类算法、遗传模糊聚类和该文算法的聚类中心、适应度函数值和迭代次数的比较

算法	聚类中心	适应度函数值	迭代次数
FCM 算法	0.046, 67.189, 111.356, 149.622	13.895 3	56
遗传模糊聚类	0.051, 65.315, 109.568, 150.267	13.172 6	65
该文算法	0.053, 63.572, 108.077, 147.116	12.364 1	32

聚类算法、遗传模糊聚类和该文算法三种算法计算所得的聚类中心非常相近,但标准的遗传模糊聚类算法和该文算法的适应度函数值比 FCM 聚类算法要小,而且标准的遗传模糊聚类算法的收敛速度比传统的 FCM 聚类算法慢,而提出的改进的遗传模糊聚类算法收敛速度比传统 FCM 聚类算法要快得多。从以上数据分析可知,提出的算法是在遗传模糊聚类算法的基础上采用了一种初始化算法来确定更合适的遗传算法的初始搜索范围从而加速了收敛性,因此从收敛速度上来说优于标准遗传模糊聚类算法,体现了该文算法的优越性。

## 5 结论

由实验仿真可知,提出的算法是在遗传模糊聚类算法的基础上采用了一种初始化算法来确定更合适的遗传算法的初始搜索范围从而加速了收敛性,因此从收敛速度上来说优于标准遗传模糊聚类算法,体现了算法的优越性。将它用于医学图像分割问题上,解决了其搜索空间太大而导致计算量大的问题。创新点是利用现有的遗传算法的鲁棒性、并行性和自适应性等特点对 FCM 聚类算法的缺点进行改进,设计一种基于遗传优化和 FCM 聚类算法相结合的模糊 C 均值聚类新算法,采用一种初始化算法来确定更合适的遗传算法的初始搜索范围,对搜索具有一定的指导作用,从而保证种群能够快速地收敛到全局最优解,并进行优化和改进,大大地增加新算法的有效性和稳定性。

## 参考文献:

- [1] 田捷,包尚联,周明全.医学影像处理与分析[M].北京:电子工业出版社,2003.
- [2] 钟一民,林其忠,余建国,等.三维超声心脏图像的模糊聚类分割[J].

(上接 143 页)

- [8] 王梦,金文标.基于函数迭代系统的 3-D 分形插值算法[J].计算机应用研究,2006,26(11):2701-2703.
- [9] Huang Y M,Chen Ching-ju.3D fractal reconstruction of terrain profile data based on digital elevation model[J].Chaos,Solitons & Fractals,2007,28:1-9.
- [10] Chen J C,Lee T Y.Fractal reality of random data compression for equal-interval series[J].Fractals,2000,8(2):205-214.
- [11] Barnsley M,Demko S.Iterated function systems and the global

(上接 170 页)

未知样本的适应和推广能力,这对于提高系统的整体识别率和鲁棒性都是很好的方法。尝试了多 DSP 的并行结构来实现提出的融合方法,从多类 SVM 的架构,系统的硬件设计和软件设计方面都进行深度的优化以满足实时要求和性能,从实验结果看,提出的算法是非常有效的。

## 参考文献:

- [1] Pantic M,Rothkrantz L J M.Automatic analysis of facial expression;

上海生物医学工程,2007,28(2):72-75.

- [3] 田炜,周明全,耿国华.基于自组织特征映射神经网络医学图像分割方法[J].计算机应用与软件,2008(1):28-29.
- [4] 唐琳,蔡德荣,黄猛.一种基于遗传算法的图像分割算法[J].计算机与数字工程,2008(7):12-14.
- [5] Dunn J C.A fuzzy relative of the ISODATA process and its use in detecting compact,well-separated clusters[J].Cybern Inf Sci(S0146-5090),1974(3):32-57.
- [6] Bezdek J C.Pattern recognition with fuzzy objective function algorithms[M].New York:Plenum,1981.
- [7] Duda R O,Hart P E,Stork D G.模式分类[M].北京:机械工业出版社,2003.
- [8] 徐月芳.基于遗传模糊 C-均值聚类算法的图像分割[J].西北工业大学学报,2002,20(4):549-553.
- [9] 朱玲利,李吉桂,鲍苏苏.基于遗传算法的聚类分析在 CT 图像分割中的应用[J].计算机科学,2006,33(10):186-188.
- [10] 曾翎,王美玲,陈华富.遗传模糊 C-均值聚类算法应用于 MRI 分割[J].电子科技大学学报,2008,37(4):627-629.
- [11] 马华,张永,贾桂霞.改进的遗传模糊聚类算法及其在 MR 脑组织分割中的应用[J].计算机工程与设计,2006,27(13).
- [12] 毕峰.基于遗传模糊聚类的医学超声图像分割方法[J].计算机工程与应用,2008,44(33):227-231.
- [13] 朱煜,江林佳.基于遗传模糊 C-均值与概率松弛法的图像分割研究[J].激光与红外,2008,38(4):392-395.
- [14] 周铭,周惠.基于遗传算法的自适应聚类图像阈值分割方法[J].计算机工程与应用,2005,41(18):73-76.
- [15] 刘兵全,何继善.基于遗传算法的肝 CT 序列图像分割应用研究[D].长沙:中南大学,2004.
- [16] 聂生东,张英力,陈兆学.改进的遗传模糊聚类算法及其在 MR 脑组织分割中的应用[J].中国生物医学工程学报,2006,27(13):860-866.

construction of fractals[J].Proceedings of the Royal Society of London Ser A,1985,399:243-275.

- [12] Lee T Y,Chen C J,Tseng C L.Application of automated linear simplification method for fractal reality of geomorphic data[J].J Survey Eng,2006,48(1/2):41-62.
- [13] Malysz R.The Minkowski dimension of the bivariate fractal interpolation surfaces[J].Chaos,Solitons & Fractals,2006,27:1147-1156.
- [14] Fisher Y.Fractal image compression:Theory and application[M].New York:Springer-Verlag,1995.

The state of art[J].IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence,2000,22(12).

- [2] 王钰,周志华.机器学习及应用[M].北京:清华大学出版社,2006.
- [3] 王立国,张晔.支持向量机多类目标分类器的结构简化研究[J].中国图象图形学报,2005,10(5):571-574.
- [4] Texas Instruments.TMS320DM648 digital media processor[EB/OL].(2007-05).http://www.ti.com.
- [5] Texas Instruments.TMS320DM6446 digital media D[EB/OL].(2007-05).http://www.ti.com.