

一种基于密度聚类的小生境差分进化算法

张航¹, 王伟¹, 郑玲², 李丹丹³, 熊富强¹

ZHANG Hang¹, WANG Wei¹, ZHENG Ling², LI Dan-dan³, XIONG Fu-qiang¹

1.中南大学 信息科学与工程学院, 长沙 410083

2.湖南商学院 会计系, 长沙 410008

3.湖南大学 金融学院, 长沙 410079

1.School of Information Science and Engineering, Central South University, Changsha 410083, China

2.Department of Accounting, Hunan Business College, Changsha 410008, China

3.College of Finance, Hunan University, Changsha 410079, China

ZHANG Hang, WANG Wei, ZHENG Ling, et al. Density clustering based niching Differential Evolution. Computer Engineering and Applications, 2008, 44(23): 42-45.

Abstract: Considering the premature convergence problem in the conventional differential evolution algorithm, a density clustering based niching Differential Evolution algorithm is proposed in this paper. Based on the strong global searching ability and good robustness of DE/rand/2/bin mutation scheme and the good performance of local searching ability and fast convergence speed of DE/best/2/bin mutation scheme, the algorithm initializes a global population without sub-populations at first, then iteratively searches the global population employing DE/rand/2/bin scheme and makes clustering to individuals, a niche sub-population forms when the individual amounts in cluster reach the smallest size specified, and then iteratively searches sub-populations employing the improved DE/best/2/bin scheme and makes clustering again, so as to improve the population diversity in the process of evolution, and strengthen the ability of avoiding local optimization. Simulation result shows that the algorithm can greatly improve the convergence speed and the global searching ability, and efficiently avoid premature convergence.

Key words: premature convergence; density clustering; niching; Differential Evolution (DE); population diversity

摘要:针对基本差分进化算法早熟收敛的缺陷,提出了一种基于密度聚类的小生境差分进化算法。该算法基于DE/rand/2/bin变异方式全局搜索能力强、鲁棒性好和DE/best/2/bin变异方式局部搜索能力强、收敛速度快的特点,首先初始化一个没有子种群的全局种群,再在全局种群中采用DE/rand/2/bin进行迭代搜索,并对其中的个体进行聚类,当聚类簇中的个体数目达到规定的最小规模时形成一个小生境子种群,然后在各子种群中采用改进的DE/best/2/bin进行迭代搜索并重新进行聚类,从而提高进化过程中种群的多样性,增强算法跳出局部最优的能力。仿真实验表明,该方法能显著提高算法的收敛速度和全局搜索能力,有效避免早熟收敛。

关键词:早熟收敛;密度聚类;小生境;差分进化;种群多样性

DOI: 10.3778/j.issn.1002-8331.2008.23.0013 **文章编号:** 1002-8331(2008)23-0042-04 **文献标识码:** A **中图分类号:** TP18

差分进化(Differential Evolution, DE)算法原理简单、容易实现,是一种有效的智能优化技术^[1-3]。近年来,DE算法正受到日益关注,其应用领域也越来越广^[4-9]。但基本DE算法子代的生成采用“贪婪”的选择方式,这种方式能使算法具有快速的收敛特性,却增加了算法陷入局部最优或早熟收敛的概率,在求解多峰函数的多个局部最优解时不能得到满意的结果。为了克服这个缺点,许多学者提出了改进方法。文献[10]提出了一种结合单纯形的DE算法,在进化过程中获取种群繁衍的有用信

息,自适应地改善子代个体的分布,适时引入确定性寻优操作,提高了DE算法的搜索精度。文献[11]中设计了一个随机范围的交叉算子,交叉算子的平均值保持在0.75,考虑到了差分向量放大中可能的随机变化,有助于在搜索过程中保持种群多样性。文献[12]研究了多种具有自适应算子的DE算法,对几种典型Benchmarks函数进行测试的结果表明,改进算法能有效避免早熟收敛,显著提高了算法的全局搜索能力。文献[13]提出了一种双群体伪并行差分进化算法,两个子种群独立进化,采用

基金项目:湖南省自然科学基金(the Natural Science Foundation of Hunan Province of China under Grant No.05JJ30121);国家杰出青年科学基金项目(No.60425310);湖南省科学技术与科技计划(No.2006GK3130);湖南省社会科学基金(No.07YBA070)。

作者简介:张航(1966-),男,副教授,硕士生导师,研究方向是过程控制、智能系统和图像处理;王伟(1982-),博士,研究方向是复杂工业过程建模与优化控制;郑玲(1969-),女,副教授,博士,研究方向是环境会计理论与应用、财务会计理论与实务;李丹丹(1988-),女,研究方向是环境会计理论与应用;熊富强(1984-),男,硕士,研究方向是工业过程故障诊断。

收稿日期: 2008-03-31

修回日期: 2008-05-28

串行算法结构实现两个自种群之间的信息交换, 使算法具有较强的收敛速度和全局搜索能力。

小生境技术是防止早熟收敛的一种有效技术, 它是模拟生态平衡的一种仿生技术, 即有限的生存资源只能容纳有限的生物数量。这种算法适用于多峰函数的优化计算。它有多种实现方法, 其中之一是利用排挤思想, 即限制相似个体的数量。共享函数和罚函数方法是这一思想的具体实现。

小生境技术的引入可以保持 DE 算法中种群的多样性, 特别适合复杂多峰函数的优化问题。维持小生境内种群多样性的难点在于: (1) 峰值数目和位置难以确定; (2) 由于峰值的宽度、高度和形状不同, 不规则峰值的种群距离 σ_s 难以确定。小生境的产生依赖一个圆形拓扑结构的种群距离 σ_s , 如果 σ_s 太小, 在进化过程中就可能形成大量的不必要的种群, 大大增加算法的计算量, 降低算法的效率; 如果 σ_s 太大, 又不足以发现一些重要的个体。因此, 算法对参数 σ_s 的值敏感, 且不能满足一些山峰为带状或环状的多峰函数的优化要求, 并与现实中小生境具有多种形状的事实不符。

本文提出了一种基于密度聚类和小生境技术的综合改进基本差分进化算法早熟收敛的方案, 即初始化一个没有子种群的全局种群, 在全局种群中迭代执行 DE/rand/2/bin 变异方式的 DE 算法, 同时进行基于密度的聚类, 如果两个个体之间的距离小于一个给定的极值, 则将这两个个体联系起来归入一个聚类簇, 当聚类簇中的个体数目达到规定的子种群最小规模时, 形成不同形状和大小的小生境子种群, 在各子种群中迭代执行改进的 DE/best/2/bin 变异方式的 DE 算法, 并重新进行聚类, 从而最终构建了一种基于密度聚类的小生境差分进化算法 (Density Clustering Based Niching DE, DCBNDE), 以弥补基本 DE 算法的不足。

1 差分进化算法介绍

1.1 基本差分进化算法

DE 算法是一种基于群体进化的算法, 它首先在问题的可行解空间随机初始化种群 $X^0 = [x_1^0, x_2^0, \dots, x_{N_p}^0]$, N_p 为种群规模。个体 $x_i^0 = [x_{i1}^0, x_{i2}^0, \dots, x_{iD}^0]$ 用于表征问题的解, D 为优化问题的维数。算法的基本思想是: 对当前种群进行变异和交叉操作, 产生一个新种群; 然后利用基于贪婪思想的选择操作对这两个种群进行一对一的选择, 从而产生最终的新一代种群。具体而言, 首先通过式(1)对每一个在 t 时刻的个体 x_i^t 实施变异操作, 得到与其相对应的变异个体 v_i^{t+1} , 即:

$$v_i^{t+1} = x_{r1}^t + F(x_{r2}^t - x_{r3}^t) \quad (1)$$

其中: $r1, r2, r3 \in (1, 2, \dots, N_p)$ 互不相同且与 i 不同, x_{r1}^t 为父代基向量, $(x_{r2}^t - x_{r3}^t)$ 为父代差分向量, F 为范围在 $[0, 2]$ 之间的变异算子。然后利用式(2)对生成的变异个体 v_i^{t+1} 实施交叉操作, 生成实验个体 u_i^{t+1} , 即:

$$u_{ij}^{t+1} = \begin{cases} v_{ij}^{t+1}, & \text{if } (\text{rand}(j) \leq CR) \text{ or } j = \text{nbr}(i) \\ x_{ij}^t, & \text{其它} \end{cases} \quad (2)$$

其中: $\text{rand}(j)$ 为 $[0, 1]$ 之间均匀分布的随机数, CR 为范围在 $[0, 1]$ 之间的交叉算子, $\text{nbr}(i)$ 为 $(1, 2, \dots, D)$ 之间的随机量。利

用式(3)对实验个体 u_i^{t+1} 和 x_i^t 的目标函数进行比较, 对于最小化问题, 则选择目标函数值低的个体作为新种群的个体 x_i^{t+1} , 即:

$$x_i^{t+1} = \begin{cases} u_i^{t+1}, & \text{if } f(u_i^{t+1}) < f(x_i^t) \\ x_i^t, & \text{其它} \end{cases} \quad (3)$$

其中 f 为目标函数。

1.2 改进的差分进化算法

上述是基本 DE 算法, 表示为 DE/rand/1/bin。文献[14-15]提供了其余有关 DE 算法的变种:

(1) DE/best/2/bin, 其中:

$$v_i^{t+1} = x_{best}^t + F(x_{r1}^t - x_{r2}^t + x_{r3}^t - x_{r4}^t) \quad (4)$$

(2) DE/rand/2/bin, 其中:

$$v_i^{t+1} = x_{r1}^t + F(x_{r2}^t - x_{r3}^t + x_{r4}^t - x_{r5}^t) \quad (5)$$

在 DE/rand/2/bin 变异方式中, 变异个体 v_i^{t+1} 由 5 个互不相同的随机个体组成, 无需任何适应度函数值的信息, 有利于保持种群的多样性, 因而全局搜索能力强, 但收敛速度慢; 而在 DE/best/2/bin 变异方式中, 变异个体 v_i^{t+1} 由 x_{best}^t 作引导, 因而局部搜索能力强, 精度高, 但会加大了算法陷入局部最优解得可能。

通过分析可知变异算子 F 越大, $(x_{r1}^t - x_{r2}^t + x_{r3}^t - x_{r4}^t)$ 部分对变异个体 v_i^{t+1} 的贡献越大, 有利于保持种群的多样性; 反之, x_{best}^t 对变异个体 v_i^{t+1} 的贡献越大, 可避免最优解遭到破坏。交叉算子 CR 越大, 变异个体 v_i^{t+1} 对实验个体 u_i^{t+1} 的贡献越多, 有利于局部搜索和加速收敛速度; 反之, t 时刻的个体 x_i^t 对实验个体 u_i^{t+1} 的贡献越多, 有利于保持种群的多样性和全局搜索。基于此, 在 DE/best/2/bin 变异方式中采用了如式(6)和式(7)所示的自适应变异算子 F 和交叉算子 CR , 即:

$$F = F_{base} \times 2^{\frac{e^{(1 - \frac{epochs}{epochs+1-it})}}{epochs+1-it}} \quad (6)$$

$$CR = CR_{min} + \frac{it(CR_{max} - CR_{min})}{epochs} \quad (7)$$

其中: F_{base} 是基本变异概率, CR_{min} 是最小交叉概率, CR_{max} 使最大交叉概率, $epochs$ 是最大进化代数, it 是当前进化代数。

2 基于密度的聚类算法

聚类分析的主要目的是将数据空间中的数据对象划分为若干个类或簇, 同一个簇中的对象彼此相似, 而其它簇中的对象相异。通过聚类, 能够识别出稀疏的或稠密的区域, 从而发现数据属性之间的相互关系。文献[16]提出了一种基于高密度区域的密度聚类方法, 它利用簇的密度连通特性快速发现任意形状的簇。该算法从 ε 领域中包含不小于 $MinPts$ 个数据对象的核心对象出发, 反复寻找直接密度可达的对象, 合并或添加到相应的簇。算法发现一个簇的过程是基于这样一个事实: 一个簇能够被其中任意一个核心对象所确定。该算法把簇看作基于密度可达性的最大的密度相连对象的集合, 如果一个对象不在任何簇中, 则该对象被视为噪音点。

算法中有两个参数, 领域半径 ε 和密度阈值 $MinPts$, 领域半径需要经过复杂的计算并通过人工观察图形来决定。真实的高维数据集经常分布不均, 采用全局密度阈值不能准确反映数据的空间几何特性, 因此算法对用户定义参数具有敏感性。

在实验中发现,邻域半径 ε 取值时,需要考虑整个数据的空间距离,当 ε 取整个数据空间的 2%~4% 时,可以取得较好的聚类效果。因此,在聚类时,一般在整个数据空间的 2%~4% 之间选取一个数值作为事先给定的邻域半径。密度阈值 $MinPts$ 的大小根据数据对象的个数进行相应的调整,通常取为整个数据对象的 5%~10%。

3 基于密度聚类的小生境差分进化算法

3.1 相关定义

定义 1(聚类空间) 将包含了全部 D 维数据的 D 维空间称为聚类空间,用 Ω 表示。将每个数据看作 Ω 中的一个点,点的坐标值就是数据在各个维上的值。

定义 2(全局种群操作) 采用 DE/rand/2/bin 变异方式的 DE 算法对全局种群进行操作,其中变异算子 F 和交叉算子 CR 取为固定的常量,使全局种群中的个体在算法的整个进化过程中具有较强的全局搜索能力。

定义 3(子种群操作) 采用改进的 DE/best/2/bin 变异方式的 DE 算法对子种群进行操作,其中变异算子 F 和交叉算子 CR 取为自适应的变量,使子种群中的个体在算法初期保持多样性,算法后期具有较强的局部搜索能力以加速收敛速度。

定义 4(子种群的形成) 采用基于密度的聚类算法检验全局种群是否形成簇,当聚类簇中的个体数目达到规定的子种群最小规模时,该聚类簇就形成了一个小生境子种群。

定义 5(子种群的分裂) 在所有子种群中应用聚类算法聚类,一方面,如果聚类算法发现子种群中的某个个体不属于任何子种群,则将该个体微粒作为独立个体转移到全局种群中去;另一方面,如果子种群中有新的子种群出现,则分裂出一个新的子种群。

定义 6(子种群的合并) 如果任意两个个体分别属于两个子种群,若这两个个体之间的距离小于 ε ,则合并这两个子种群。

定义 7(子种群吸收个体) 对于任意一个全局种群中的个体,如果它和某一个子种群中个体的距离小于 ε ,则该个体被吸收到这个子种群中。

3.2 基于聚类的小生境差分进化算法流程

算法基于多种策略,开始时在解空间内随机产生一个没有子种群的全局种群 X^0 ,允许在 X^0 中动态产生不相同的子种群 $X^i (i \geq 1)$ 。在算法执行过程中,不属于任何子种群的个体保存在 X^0 中, X^0 中采用 DE/rand/2/bin 变异方式的 DE 算法搜索全部解空间,而子种群 $X^i (i \geq 1)$ 中采用改进的 DE/best/2/bin 变异方式的 DE 算法搜索区分出来的小生境 i ,算法的具体的执行步骤如下:

步骤 1 设置相关参数 $F, CR, F_{base}, CR_{min}, CR_{max}, \varepsilon, MinPts$ 等,并初始化全局种群 X^0 ;

步骤 2 对全局种群 X^0 执行一次 DE/rand/2/bin 变异方式的 DE 操作;

步骤 3 采用密度聚类算法对全局种群 X^0 聚类,产生小生境子种群 $X^i (i \geq 1)$,如果是第一次聚类则进入步骤 4,否则要检查 X^0 中是否有个体被子种群吸收;

步骤 4 对每个子种群 $X^i (i \geq 1)$ 执行一次 DE/best/2/bin 变异方式的 DE 操作,并对各个子种群重新进行聚类;

步骤 5 判断各个子种群是否符合分裂条件,如果符合则分裂子种群;

步骤 6 判断是否有不属于任何子种群的个体产生,如果有则将该个体保存到全局种群 X^0 中;

步骤 7 判断子种群之间是否符合合并条件,如果符合则合并这些子种群;

步骤 8 检查是满足算法的终止条件,如果是,则进化过程结束;如果不满足,则返回步骤 2,继续进行新一轮的种群进化。

4 DCBNDE 的仿真实验

为了测试基于密度聚类的小生境差分进化算法(DCB-NDE)的性能,本文选择了文献[17]中 Griewank、Ackley、Rastrigin 这三个测试函数对该算法和基本 GA 算法、基本 DE 算法进行对比测试。

4.1 测试函数

$$(1) f_1(x) = \sum_{i=1}^D \frac{z_i^2}{4000} - \prod_{i=1}^D \cos\left(\frac{z_i}{\sqrt{i}}\right) + 1, z = x - o, x \in [0, 600];$$

$$(2) f_2(x) = -20 \exp\left(-0.2 \sqrt{\frac{1}{D} \sum_{i=1}^D z_i^2}\right) - \exp\left(\frac{1}{D} \sum_{i=1}^D \cos(2\pi z_i)\right) +$$

$$20 + e, z = x - o, x \in [-32, 32]; (3) f_3 = \sum_{i=1}^D (z_i^2 - 10 \cos(2\pi z_i) + 10), z =$$

$x - o, x \in [-5, 5]$ 。其中, D 为待优化问题的维数, $o = [o_1, o_2, \dots, o_D]$ 为位移的全局最优解,它的值参见文献[17], x 的取值空间表示初始时刻个体的分布范围。

4.2 测试结果及分析

用基本 GA 算法、基本 DE 算法和本文提出的 DCBNDE 算法分别对 f_1, f_2, f_3 三个多峰函数进行优化计算比较三种算法的性能。测试时算法的参数设置如下:函数维数为 30,种群规模为 50,最大进化代数为 2000,遗传算法采用实数编码,算数交叉和非一致变异算子,其交叉概率为 0.85,变异概率为 0.1;基本 DE 算法的变异算子 F 为 0.85,交叉算子 CR 为 0.3;DCBNDE 算法中全局种群 DE/rand/2/bin 变异方式的变异算子 F 为 1.0,交叉算子 CR 为 0.25,子种群 DE/best/2/bin 变异方式的变异算子 F_{base} 为 0.6,交叉算子 CR_{min} 为 0.2, CR_{max} 为 0.8,函数 f_1, f_2, f_3 的邻域半径 ε 分别为 15、1.3、0.35,密度阈值 $MinPts$ 为 3。对每个函数进行 30 次独立实验,测试性能如表 1 所示。

表 1 仿真结果比较

函数	理论最优	GA		DE		DCBNDE	
		平均最优解	标准差	平均最优解	标准差	平均最优解	标准差
f_1	0	0.137 2	0.026 32	0.101 5	0.027 19	0.004 8	0.001 2
f_2	0	0.087 9	0.032 51	0.052 9	0.028 67	0.13×10^{-3}	0.71×10^{-15}
f_3	0	187.270 0	5.423 80	162.560 0	4.552 00	1.365 4	0.326 3

从表 1 的实验结果可以看出,本文算法的优化结果明显优于其他两种算法,对于三个测试函数每次都能获得精度很好的最优值。同时由标准差可知,本文提出的算法稳定性较好。

5 结论

针对标准差分进化算法存在早熟收敛问题进行了分析,导致早熟收敛的根本原因是随着进化的进行,种群多样性的迅速下降。为此将小生境技术和基于密度的聚类引入差分进化算

法,提出了一种基于密度聚类的小生境差分进化算法,首先利用基于密度的聚类识别不同形状和大小的小生境子种群,再采用改进的差分进化算法在各子种群中进行进化搜索,提高了算法进化过程中种群的多样性,增强了算法跳出局部最优的能力。实验表明,该算法具有很强的全局搜索能力,能有效避免早熟收敛,并且算法后期的收敛速度快、稳定性好,能广泛应用于各种多峰函数的优化问题中。

参考文献:

- [1] Storn R, Price K. Differential evolution: a simple and efficient adaptive scheme for global optimization over continuous spaces, tr-95-012[R]. Berkeley: International Computer Science Institute, 1995.
- [2] Price K. Differential evolution: a fast and simple numerical optimizer[C]//1996 Biennial Conf of the North American Fuzzy Information Processing Society, New York, 1996: 524-527.
- [3] Price K. Differential Evolution vs. the functions of the 2nd ICEO[C]//IEEE Int Conf on evolutionary Computation, Indianapolis, 1997: 153-157.
- [4] Abbass H A. An evolutionary artificial neural networks approach for breast cancer diagnosis[J]. Artificial Intelligence in Medicine, 2002, 25(3): 265-281.
- [5] Aydin S, Temeltas H. Fuzzy-differential evolution algorithm for planning time-optimal trajectories of a unicycle mobile robot on a predefined path[J]. Advanced Robotics, 2004, 18(7): 725-748.
- [6] Kapadi M D, Gudi R D. Optimal control of fed-batch fermentation involving multiple feeds using differential evolution[J]. Process Biochemistry, 2004, 39(11): 1709-1721.

- [7] Chang Y P, Wu C J. Optimal multiobjective planning of large-scale passive harmonic filters using hybrid differential evolution method considering parameter and loading uncertainty[J]. IEEE Trans on Power Delivery, 2005, 20(1): 408-416.
- [8] 徐志高,关正西,张炜.模糊神经网络在导弹动力系统多故障诊断中的应用[J]. 火箭与制导学报, 2005, 25(1): 15-18.
- [9] 宋立明,李军,丰镇平.跨音速透平扭叶片的气动优化设计研究[J]. 西安交通大学学报, 2005, 39(11): 1277-1281.
- [10] 方强,陈德钊,俞欢军,等.基于优选策略的差分进化算法其化工应用[J]. 化工学报, 2004, 55(4): 598-602.
- [11] Das S, Konar A. An improved differential evolution scheme for noisy optimization problems[C]//PREMI2005, 2005: 417-421.
- [12] Omran G H, Salman A. Computational intelligence and security[M]. Springer Berlin; Heidelberg, 2006: 192-199.
- [13] 吴亮红,王耀南,周少武,等.双群体伪并行差分进化算法研究及应用[J]. 控制理论与应用, 2007, 24(3): 453-458.
- [14] Rainer S, Price K. Differential evolution—a simple and efficient heuristic for global optimization over continuous spaces[J]. J of Global Optimization, 1997, 11(4): 341-359.
- [15] 周艳平,顾幸生.差分进化算法研究进展[J]. 化工自动化及仪表, 2007, 34(3): 1-5.
- [16] Ester M, Kriegel H P, Sander J, et al. A density-based algorithm for discovering clusters in large spatial databases with noise[C]//KDD'96, Portland, OR, 1996, 226-231.
- [17] Suganthan P N, Hansen N, Liang J J, et al. Problem definitions and evaluation criteria for the CEC 2005 special session on real-parameter optimization[C]//Proc 7th Conf Evolution Program, New York, 1998: 591-600.

(上接 13 页)

表 1 为分别选取不同的门限参数所获得的几种评价指标的对比,其中 SCR 为目标杂波比, RCC 为残余杂波比^[9], CORR 为分量相关性。从目标杂波比的数据来看,图像结构分量的目标杂波比有了显著的提高,而残余杂波比则表示图像结构分量中的杂波被抑制和削减;图像分量相关性则说明了结构分量和残余的纹理分量的相关程度。从上面三种算法的具体数据来看,基于自动阈值估计的扩散分解得到的实验结果在各种指标上都非常接近,这说明使用自动阈值估计,不论采用何种扩散指标都能够得到非常接近的结果。具体到每种算法上,离群值的参数估计门限 L 所起的作用比较明显, L 为估计过程的主动程度, L 越大离群值越大,会导致扩散过程进行的程度也越大,使得结构相似度指标和分量相关性不断下降。

表 1 基于梯度自动阈值估计的 P-M 扩散

	$L=2$	$L=3$	$L=4$	$L=5$
SCR	1.142 1	1.137 1	1.135 1	1.134 2
RCC	0.958 1	0.955 0	0.953 9	0.953 4
CORR	0.182 5	0.179 7	0.173 9	0.157 9

5 结束语

本文针对基于非线性扩散的图像分解进行了研究,根据非线性扩散与鲁棒估计的联系,提出了一种通用的基于拉依达准则的阈值自动估计方法,能够对多种形式的扩散参数进行扩散阈值的自动估计。实验证明该方法具有良好的适应性,针对不同的图像仍然能够取得良好的效果。

参考文献:

- [1] 张军,廉蒯,黄英君,等.联合二代 Bandelet 和 Wavelet 对图像进行分层压缩[J].国防科技大学学报, 2007(5): 54-59.
- [2] 张军,黄英君. SAR image compression based on image decomposing and targets extracting [C]//2007 年亚太合成孔径雷达国际会议,长沙, 2007: 671-674.
- [3] 张煜,谭德宝.利用非线性扩散的半自动纹理图像分割[J].武汉大学学报:信息科学版, 2007(4): 301-304.
- [4] 付树军,阮秋琦,穆成坡,等.基于非线性扩散滤波的边缘检测和图像测量[J].光学精密工程, 2007(2): 290-293.
- [5] Voci F, Mascioli F M F. SAR image segmentation by non linear diffusion equation[C]//2006 IEEE Conference on Radar, 2006: 4.
- [6] Wang Yi, Zhang Liang-pei, Li Ping-xiang. Anisotropic diffusion model based on minimal description length criterion[J]. Journal of Image and Graphics, 2005, 10(8): 957-963.
- [7] Voci F, Eiho S, Sugimoto H S N. Estimating the gradient in the Perona-Malik equation[J]. IEEE Transactions on Signal Processing, 2004, 21(3): 39-65.
- [8] 胡玉锁. 计算机视觉中的鲁棒估计方法[D]. 合肥: 中国科学技术大学, 2004.
- [9] 胡玉锁,陈宗海.一种基于鲁棒估计的自适应图像平滑方法[J].中国科学技术大学学报, 2006, 36(2): 153-157.
- [10] Sapiro M J B A G. Robust anisotropic diffusion[J]. IEEE Transactions on Image Processing, 1998, 7(3): 421-432.
- [11] Zhao Yong-qiang, Pan Quan, Chen Yu-chun, et al. Clutter reduction based on polarization imaging technology and image fusion theory[J]. Acta Electronica Sinica, 2005, 33(3): 433-435.