

基于免疫谱聚类的图像分割*

张向荣⁺, 蹇晓雪, 焦李成

(西安电子科技大学 智能感知与图像理解教育部重点实验室 智能信息处理研究所, 陕西 西安 710071)

Immune Spectral Clustering Algorithm for Image Segmentation

ZHANG Xiang-Rong⁺, QIAN Xiao-Xue, JIAO Li-Cheng

(Institute of Intelligent Information Processing, Key Laboratory of Intelligent Perception and Image Understanding of Ministry of Education of China, Xidian University, Xi'an 710071, China)

+ Corresponding author: E-mail: xrzhang@ieee.org

Zhang XR, Qian XX, Jiao LC. Immune spectral clustering algorithm for image segmentation. *Journal of Software*, 2010,21(9):2196–2205. <http://www.jos.org.cn/1000-9825/3581.htm>

Abstract: An image segmentation approach based on immune spectral clustering algorithm, is proposed, in which the dimension reduction ability of the spectral clustering is used to attain the distribution of data in the mapping space. Next, a new immune clonal clustering algorithm is proposed to cluster the sample points in the mapping space. Compact input with low-dimension for immune clonal clustering is obtained after spectral mapping, and the immune clonal clustering algorithm, characterized by its rapid convergence to global optimum and minimal sensitivity to initialization, can obtain good clustering results. To efficiently apply the algorithm to image segmentation, Nyström method is used to reduce the computation complexity. Experimental results on synthetic texture images and SAR images show the validity of the algorithm in image segmentation.

Key words: image segmentation; spectral clustering; immune spectral clustering; dimension reduction; Nyström's method

摘要: 提出了一种基于免疫谱聚类的图像分割方法. 利用谱聚类的维数缩减特性获得数据在映射空间的分布, 在此基础上构造一种新的免疫克隆聚类, 用于在映射空间中对样本进行聚类. 该方法通过谱映射为后续的免疫克隆聚类提供低维而紧致的输入. 而免疫克隆聚类算法具有快速收敛到全局最优并且对初始化不敏感的特性, 从而可以获得良好的聚类结果. 在将其用于图像分割时, 采用了Nyström逼近策略来降低算法复杂度. 合成纹理图像和SAR图像的分割结果验证了免疫谱聚类算法用于图像分割的有效性.

关键词: 图像分割; 谱聚类; 免疫谱聚类; 维数缩减; Nyström逼近

中图法分类号: TP391 文献标识码: A

* Supported by the National Natural Science Foundation of China under Grant Nos.60672126, 60803097, 60703107, 60703108 (国家自然科学基金); the National Basic Research Program of China under Grant No.2006CB705700 (国家重点基础研究发展计划(973)); the National High-Tech Research and Development Plan of China under Grant Nos.2006AA01Z107, 2007AA12Z223, 2008AA01Z125 (国家高技术研究发展计划(863)); the Key Project of Ministry of Education of China under Grant No.108115 (国家教育部重点项目)

Received 2008-06-19; Revised 2008-11-27; Accepted 2009-01-15

在现有的聚类方法中, k -均值聚类作为一种基于中心的聚类方法,是最简单、使用最普遍的方法之一.它在紧凑的超球形分布的数据集合上有很好的性能,然而当数据结构是非凸的,或者数据点彼此交叠严重时, k -均值聚类算法往往会失效,而且算法利用迭代最优化方法寻找最优解,因此不能保证收敛到全局最优解.

谱聚类算法^[1]克服了 k -均值聚类算法的缺点,具有识别非凸分布聚类的能力,非常适合于许多实际应用问题,而且实现简单,算法与数据点的维数无关,仅与数据点的个数有关,因而可以避免数据的过高维数所造成的奇异性问题.谱聚类方法已成功应用于语音识别^[2]、视频分割^[3]、图像分割^[4]、VLSI 设计^[5]、网页划分^[6]、生物信息^[7]等领域,表现出了极大的潜力.

可以类似于 PCA 来理解谱聚类算法,其中的谱映射可以看成是对数据集的维数简化.利用这些特征向量构造一个简化的数据空间,在该空间中,数据的分布结构更加明显,可以使用简单的聚类方法如 k -均值进行聚类.基于目标函数的聚类算法,由于把聚类问题归结为一个优化问题,具有深厚的泛函基础,从而成为聚类算法研究的主流, k -均值算法就是其中最典型的一种.但是, k -均值聚类的目标函数是高度非线性和多峰函数,因此用梯度法优化目标函数时,搜索方向总是沿着能量减小的方向,使算法很容易陷入局部极值点,只有当初始化较好时算法才能收敛到全局最优解.为此,随着遗传算法(genetic algorithm 简称 GA)的出现,Maulik 等人提出了基于 GA 的聚类方法.尽管该方法能够以较高的概率收敛到全局最优解,但收敛速度较慢,而且还容易出现早熟.为解决这些问题,我们构造一种新的免疫克隆聚类算法来实现简化空间的划分.免疫克隆算法是一种新兴的人工免疫系统(artificial immune systems,简称 AIS)^[8,9]方法,它借助生物学免疫系统的抗体克隆选择机理,构造适用于人工智能的克隆算子.由于基于克隆算子的克隆选择算法^[10-12]是群体搜索策略,本质上固有并行性和搜索变化的随机性,在搜索中不易陷入局部极小值,最终能以较大的概率获得问题的全局最优解,且具有较快的收敛速度.因此,免疫克隆聚类算法具有较高的效率,并且也适合于大数据集的聚类分析.由于该算法是基于编码的,因此不能处理维数较高的数据集的划分.通常,对于图像分割而言特征维数相对较高,而经过谱映射后,基于前 k 个最大特征值对应的特征向量的划分问题,采用免疫克隆聚类算法能够发挥出很好的性能.

此外,谱聚类算法是一种基于两点间相似关系的方法,算法的运算复杂度相当高,通常为数据规模的立方.因此,在将上述算法应用于图像分割时,面临相似性矩阵求解时的计算复杂度问题.Fowlkes 等人提出了使用 Nyström 逼近方法^[13]来缓解谱聚类算法的计算复杂度.使用 Nyström 逼近方法将算法复杂度从 $O(n^3)$ 降为 $O(m^2n)$,这里, m 表示随机选择的样本个数, n 为全部样本数.在实际中,通常取 $m \ll n$ 也不会造成性能的显著降低.在文献[13]中,作者通过实验验证:随机选 100 个样本点就足以捕捉到典型自然图像中的显著划分.因此,该方法执行简单,计算有效.我们在图像分割中采用该策略降低算法复杂度.

1 谱聚类算法

谱聚类算法基于谱图划分理论^[4],是一种高性能计算方法.它将聚类问题看成是一个无向图的多路划分问题,样本点看成是一个无向图 $G(V,E)$ 的顶点 V ,边的集合 $E=\{w_{ij}\}$ 表示基于某一相似性度量计算的两点间的相似度.用 W 表示待聚类样本点间的相似性矩阵,将其看作是图邻接矩阵,它包含了聚类所需的所有信息.然后定义一个划分准则,最优化这一准则使得同一类内的点具有较高的相似性,而不同类之间的点具有较低的相似性.由于图划分问题的组合本质,图的最优划分问题是一个 NP 难问题^[4].一个有效的求解该问题的方法是将问题放松到实数域,从而将原问题转换为求解矩阵的广义特征值和特征向量的问题,因而将这类算法统称为谱聚类算法.

经典谱算法可以认为由 3 个阶段组成:① 预处理.对相似性矩阵 S 进行标准化;② 谱映射.计算相似矩阵的特征向量;③ 后处理/分组.通常采用单一的分组算法对数据聚类.下面给出谱聚类算法的一般框架:

- Step 1. 基于某种相似性度量,构造数据点集的相似性矩阵 W ;
- Step 2. 计算 Laplacian 矩阵 $L=D-W$;
- Step 3. 计算矩阵 L 的特征值和特征向量;
- Step 4. 将数据点映射到基于一个或多个特征向量确定的低维空间中;

Step 5. 基于数据点在新空间中的表示,划分数据点到两类或多类中.

现有的各种谱聚类算法的差异之处在于:① 构造的相似性矩阵不同;② 使用的矩阵特征向量不同;③ 从特征向量获得最终聚类的方法不同;④ 从离散变量放松到连续变量的方法不同,即使用的谱放松方法不同.其中几种比较流行的谱聚类算法为:① 由 Shi 和 Malik 提出的 SM 算法^[4];② 由 Kannan, Vempala 和 Vetta 提出的 KVV 派生算法^[14];③ 由 Ng, Jordan 和 Weiss 提出的 NJW 算法^[15];④ 由 Meila 和 Shi 提出的 MS 算法^[16,17].其中,SM 算法和 KVV 算法都可以启发式地找到聚类数 k .

NJW 算法是一种流行的谱聚类算法,是由 Ng 等人提出的一个简单而有效的多类聚类方法.由于在 NJW 算法最后一步采用的 k -均值法对初始化敏感,且是用迭代的方法寻找最优解,因而不能保证寻找到全局最优解.本文尝试构造免疫谱聚类算法,一方面可以利用免疫克隆聚类算法来取代 k -均值算法,保证谱聚类算法获得真正的全局最优解;另一方面,可以借助谱聚类的维数缩减特性,经过谱映射降低免疫克隆聚类算法的输入维数,提高算法性能.

2 免疫谱聚类

2.1 免疫克隆聚类

免疫克隆选择算法^[11]是模拟自然免疫系统功能的一种智能方法,具有学习记忆功能,为信息处理提供了新的方法.基于此,我们提出一种免疫克隆聚类算法.由于免疫克隆聚类算法能够将进化搜索与随机搜索、全局搜索与局部搜索相结合,因而能够以较大的概率收敛到全局最优解,同时能够将对初始化的敏感程度降到最低.

在人工免疫系统^[9]中,克隆选择是由亲合度诱导的抗体的随机映射与确定映射的结合,抗体群的状态转移情况可以表示成如下的随机过程:

$$A(t) \xrightarrow{\text{clone}} A'(t) \xrightarrow{\text{mutation}} A''(t) \xrightarrow{\text{selection}} A(t+1).$$

依据抗体与抗原的亲合度 f^* ,解空间中的一个点 $a_i(t) \in A(t)$ 分裂成了 q_i 个相同的点 $a'_i(t) \in A'(t)$,经过变异和选择后,获得新的抗体群.在上述过程中,实际包含了 3 个步骤,即克隆、变异和压缩选择:

- 1) 克隆操作是 $A(t) \rightarrow A'(t)$ 的一个确定映射,实现空间扩张;
- 2) 变异操作是 $A'(t) \rightarrow A''(t)$ 的一个随机映射,在单一抗体周围产生一个变异解的群体,利用局部搜索增加了提高抗体与抗原亲和度的可能性;
- 3) 选择操作是 $A''(t) \rightarrow A(t+1)$ 的映射,通过局部择优,实现种群的压缩.

采用免疫克隆选择算法进行聚类的问题可描述为:依据该算法得到的聚类中心要保证类内距最小,也就是说,使同类样本尽可能地聚在一起.当亲和度最大时,就寻找到了最优的聚类中心.这里,亲和度选用公式(1)^[18]进行度量:

$$R_m(C) = - \sum_{i=1}^n \left(\sum_{j=1}^k D_{ij}^{1/(1-m)} \right)^{1-m} \quad (1)$$

其中, n 为聚类的样本数目, k 为类别数, D_{ij} 为第 i 个样本点到第 j 个聚类中心的欧式距离, $m \in [1, \infty]$, 本文选取常数 $m=2$.

免疫克隆选择的任务是优化 $R_2(C^*) = \max_v R_2(C)$, 以寻找到最优的聚类中心 $C = [c_1, c_2, \dots, c_k]$.

2.2 免疫谱聚类算法

谱聚类算法可以将分布在不同的高度非线性的流形上的数据点集映射到几乎线性的子空间上,在映射空间中利用已有的聚类算法再进行聚类.映射过程同时也实现了维数缩减^[19],可以将高维数据降至 k 维(k 为其类别数).本文提出的免疫谱聚类算法把谱聚类和免疫克隆聚类相结合,前者的降维特性提高了后者的寻优效率;后者基于免疫克隆理论可以快速寻找到全局最优解,以及对初始化不敏感的优点也恰恰克服了前者的缺点.

免疫谱聚类可以描述为:给定包含 n 个 d 维样本的样本集 $S \in R^{n \times d}$,通过谱聚类算法将其映射到一个线性测

度空间,得到新样本集 $Y \in R^{n \times k}$,再通过免疫克隆聚类寻找该新样本集的最优聚类中心,最后将每一个样本判决到离它最近的聚类中心所在的类别中去,从而完成整个聚类过程.具体步骤如下:

给定一个样本集 S ,分类数目 k ,对它们进行如下操作:

Step 1. 计算相似性矩阵 $W, w_{ij} = \exp(-\|s_i - s_j\|^2 / 2\sigma^2)$;

Step 2. 计算矩阵拉普拉斯矩阵 $L, L = D^{-1/2} W D^{-1/2}$;

Step 3. 计算 L 的 k 个最大特征值所对应的特征向量,并将其归一化得到矩阵 Y ;

Step 4. 将 Y 的每一行作为 R^k 空间中的一个点,将这些点作为抗原;

Step 5. 初始化,随机产生 k 个初始抗体种群 $A(0)$ 作为初始的聚类中心;

Step 5.1. 判断是否满足迭代终止条件:若满足,则当前种群中的最佳抗体即为算法最终寻找到的聚类中心,转 Step 7;否则继续;

Step 5.2. 克隆,对当前的第 t 代父本种群进行克隆,得到 $A'(t)$. 每个抗体的克隆规模可以根据抗体与抗原的亲合度大小按比例分配;

Step 5.3. 变异,采用高斯变异,对 $A'(t)$ 以变异概率 p_m 进行变异操作,得到 $A''(t)$;

Step 5.4. 选择,选择具有最大亲和度的抗体作为新的聚类中心,转 Step 5.1;

Step 6. 判决,计算 Y 中的每一个点到最终得到的所有聚类中心的距离,将 Y 判决到具有最近距离的那一类聚类中心所在的类别中;

Step 7. 最终判决,将原始的点根据 Y 的判决结果判到与之对应的相应的类别中去.

3 基于 Nyström 逼近的免疫谱聚类图像分割

本文以纹理图像和合成孔径雷达(synthetic aperture radar,简称 SAR)图像为例研究图像分割.由于它们的纹理特征非常突出,因此,对于图像中的每个像素首先对其进行纹理特征提取.基于灰度共生矩阵^[20]的统计量和基于非下采样小波分解^[21]的能量特征在纹理分析中表现出的良好特性,分别提取基于灰度共生矩阵在 $0^\circ, 45^\circ, 90^\circ, 135^\circ$ 这 4 个方向上的对比度、一致性、熵构成的 12 维特征,基于 3 层非下采样小波能量的 10 维特征,共 22 维特征,并对其进行归一化处理.

特征提取后,每一个像素点用一个 22 维的特征向量来表示.那么,对于一幅 (256×256) 大小的图像,则可以用一个 (65536×22) 大小的特征矩阵来表示.在免疫谱聚类中,首先需要计算各像素成对相似性构成相似性矩阵 W ,其大小为 65536×65536 .显然,求解该相似性矩阵的运算复杂度和存储代价相当高,甚至是不可能完成的.为了将免疫谱聚类算法成功地应用于图像分割,我们采用 Nyström 逼近方法^[13]来降低谱聚类算法的运算复杂度.

在谱映射过程中,首先采用公式(2)计算像素的相似性矩阵:

$$w_{ij} = \exp(-\|s_i - s_j\|^2 / 2\sigma^2) \quad (2)$$

其中, s_i 和 s_j 分别表示第 i 和第 j 个像素点的特征向量, w_{ij} 表示点 i 和 j 间的相似度, σ 为尺度参数.则获得的相似性矩阵 W 为一个大小为 $n \times n$ 的方阵.然后,再采用公式(3)计算矩阵 W 的拉普拉斯矩阵 L :

$$L = D^{-1/2} W D^{-1/2} \quad (3)$$

$$D = \begin{bmatrix} \sum_{i=1}^n w_{1i} & 0 & \dots & 0 \\ 0 & \sum_{i=1}^n w_{2i} & \dots & 0 \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ 0 & 0 & \dots & \sum_{i=1}^n w_{ni} \end{bmatrix}$$

对 L 进行特征值分解,取其前 k 个最大特征值对应的特征向量作为数据集 S 在映射空间中的映射集 Y ,大小为 $(n \times k)$.

然而对于图像分割来说,获得所有像素的标签是一个大规模聚类问题.在此过程中,直接计算相似性矩阵 W 运算量过大,再对这样大规模的矩阵进行特征向量求解更增加了计算复杂度.因此,我们采用 Nyström 逼近方法间接计算映射集 $Y^{[13]}$.Nyström 方法是一种用于求解积分特征函数问题的数字逼近技术.首先,该方法从所有 n 个样本中随机选择出一小部分样本(m 个, $m \ll n$)作为代表点,求解特征值问题,然后再将其特征向量扩展为整个样本集合相似性矩阵的特征向量.公式(4)给出了 Nyström 逼近方法的矩阵表示:

$$W = \begin{bmatrix} H & B \\ B^T & C \end{bmatrix} \quad (4)$$

其中,子块 $H \in R^{m \times m}$ 表示随机采样的 m 个像素之间的权重,子块 $B \in R^{(n-m) \times m}$ 表示随机采样的 m 个像素到剩余像素($n-m$)之间的权重, $C \in R^{(n-m) \times (n-m)}$ 包含了随机采样后剩余的样本点($n-m$)之间的权重.当 $m \ll n$ 时,子块 C 会特别大.对矩阵子块 H 进行对角化: $H = UAU^T$, 设 \bar{U} 表示对相似矩阵 W 的特征向量的逼近,通过 Nyström 推广可以得到:

$$\bar{U} = \begin{bmatrix} U \\ B^T U A^{-1} \end{bmatrix} \quad (5)$$

设 \hat{W} 表示对 W 的逼近,则有:

$$\hat{W} = \bar{U} \Lambda \bar{U}^T = \begin{bmatrix} U \\ B^T U A^{-1} \end{bmatrix} \Lambda \begin{bmatrix} U^T & A^{-1} U^T B \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} U \Lambda U^T & B \\ B^T & B^T H^{-1} B \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} H & B \\ B^T & B^T H^{-1} B \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} H \\ B^T \end{bmatrix} H^{-1} \begin{bmatrix} H & B \end{bmatrix} \quad (6)$$

这样,Nyström 逼近使用 $B^T H^{-1} B$ 间接计算矩阵 C ,从而较容易地得到相似性矩阵 W ,大大降低了算法复杂度,使算法能有效地应用于图像分割中.在此基础上,利用公式(3)得到矩阵 W 的拉普拉斯矩阵 L ,对其进行特征值分解,并对其前 k 个最大特征值所对应的特征向量归一化获得映射集 Y .

最后,采用我们提出的免疫聚类算法对映射集 Y 按行聚类,所得到的类标与原始的像素点是一一对应的,从而实现图像的分割.

4 对比实验与结果分析

4.1 UCI数据的聚类

我们从 UCI 机器学习数据库(<http://www.ics.uci.edu/~mlearn/MLSummary.html>)中选取 4 个数据集进行实验,表 1 给出了这些数据集的特性.算法性能的评价是将聚类结果与已知真实类属信息进行匹配后,以误差率作为评价准则.对于 Iris,Sonar,Wine 和 Segment 数据,通过大量实验,我们选出的谱聚类最佳参数 σ 分别为 (1.3,0.44,0.44,1.2).

Table 1 Characteristics of UCI data used in our experiments

表 1 实验所用 UCI 数据属性

Data	Number of class	Dimension	Number of data
Iris	3	4	150
Sonar	2	60	208
Wine	3	13	178
Segment	7	19	2 310

分别采用 3 种算法进行聚类分析: k -均值聚类、NJW 算法和免疫谱聚类算法(ISC).其中,免疫谱聚类中克隆规模为抗体规模的 5 倍,变异概率为 0.7,终止条件为最大迭代次数 20.每个算法独立运行 10 次,求其平均误差.图 1 给出了由 NJW 算法和免疫谱聚类方法分别在不同参数区间对选用的 4 类数据所测得的平均误差率.表 2 列出了分别采用这 3 种方法对数据集聚类的平均错误率.

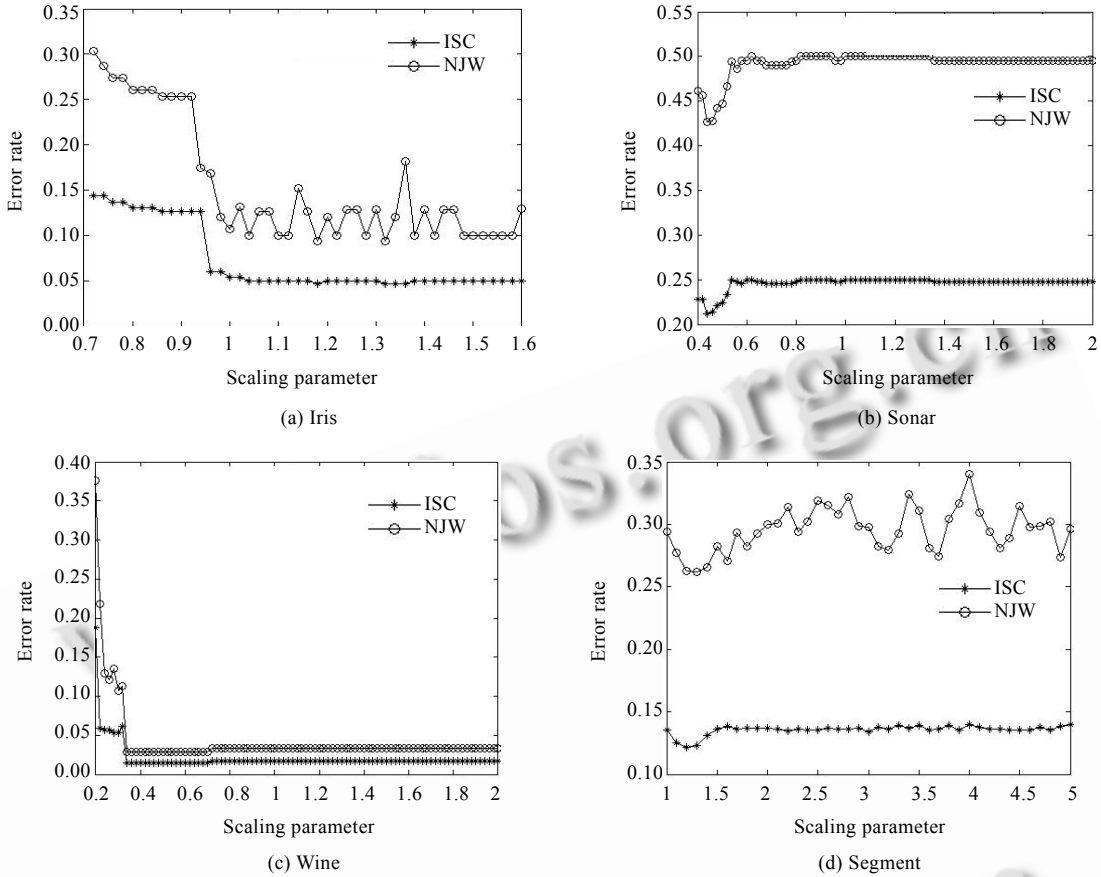


Fig.1 Comparison of clustering results on four UCI datasets

图 1 在 4 个 UCI 数据集上的聚类结果比较

Table 2 Average error rate

表 2 平均错误率

Data	k -Means (%)	NJW		Immune spectral clustering (ISC)	
		Range of scale parameter σ	Error rate (%)	Range of scale parameter σ	Error rate (%)
Iris	15.99	0.72:0.02:1.6	15.49	0.72:0.02:1.6	7.21
Sonar	48.56	0.4:0.02:2	49.21	0.4:0.02:2	24.61
Wine	4.75	0.2:0.02:2	4.31	0.2:0.02:2	2.08
Segment	40.08	1:0.1:5	29.55	1:0.1:5	13.56

需要指出的是,采用 Nyström 逼近是为了降低算法复杂度,使得免疫谱聚类能够有效应用到图像分割中.对于数据规模不大的数据集,无需使用 Nyström 逼近,表 1 中所列数据集均直接采用免疫谱聚类.

图 1(a)~图 1(d)分别是在 Iris,Sonar,Wine 和 Segment 数据上,由 NJW 算法和免疫谱聚类(ISC)在不同尺度参数上得到的 10 次实验的平均错误率.从图中可以看出,在整个参数区间内,我们的算法所获得的错误率比 NJW 有大幅度的降低;同时,免疫谱聚类算法对尺度参数的鲁棒性也优于 NJW 算法.

从表 2 中的平均误差率可以看出,对于 Iris 数据,NJW 方法比 k -均值聚类有所降低,而免疫谱聚类比 k -均值和 NJW 分别降低了 8.78%和 8.28%;对于 Sonar 数据,NJW 方法比 k -均值聚类略高,而免疫谱聚类算法的错误率相对于 k -均值和 NJW 有大幅度的降低,分别降低了 23.95%和 24.60%;对于 Wine 数据,NJW 方法的错误率低于 k -均值聚类,而免疫谱聚类算法比 k -均值和 NJW 分别降低了 2.67%和 2.23%;对于 Segment 数据,NJW 方法较 k -均值有很大的改善,免疫谱聚类方法比 k -均值聚类降低了 26.52%,比 NJW 降低了 15.99%.

4.2 纹理图像分割

合成纹理图像如图 2(a)和图 3(a)所示,分别包含 2 类和 4 类纹理,其理想分割如图 2(b)和图 3(b)所示,图像大小均为 256×256 .对于图像中的每个像素,首先对其进行特征提取,基于灰度共生矩阵提取 12 维的统计量,提取基于 3 层非下采样小波分解的能量特征 10 维,构成 22 维特征向量.在聚类前对特征向量进行归一化处理.为了比较,分别采用 k -均值算法、NJW 算法以及本文提出的免疫谱聚类算法对图像进行分割,其结果如图 2(c)~图 2(e)和图 3(c)~图 3(e)所示.其中,实验中用到的基于 Nyström 方法的谱聚类均随机地抽取 100 个像素点作为代表点进行求解,尺度参数的取值分别为 0.2 和 0.15,表 3 列出了实际分割结果相对于理想分割的错误率.

图 2(c)和图 3(c)是基于 k -均值聚类的纹理图像分割结果,在某些区域尤其是边界处存在严重的误分.图 2(d)和图 3(d)是基于 NJW 谱聚类的分割结果,两幅图的分割结果均在边界周围区域存在误分,但远好于 k -均值聚类算法的结果.图 2(e)和图 3(e)是免疫谱聚类的分割结果,可以看出,其在区域一致性和边缘准确性上均优于 NJW 方法.从表 3 也可以看出,免疫谱聚类的错分率明显低于前两种算法.对于图 2,NJW 方法的错分率低于 k -均值聚类,而免疫谱聚类比 k -均值聚类和 NJW 方法的错分率分别降低了 6.79%和 2.48%;对于图 3,NJW 方法的错分率也低于 k -均值聚类,而免疫谱聚类比 k -均值聚类和 NJW 方法的错分率分别降低了 3.84%和 2.49%.因而,无论从视觉角度还是相对于理想分割的错误率,免疫谱聚类都优于 k -均值算法和 NJW 算法.

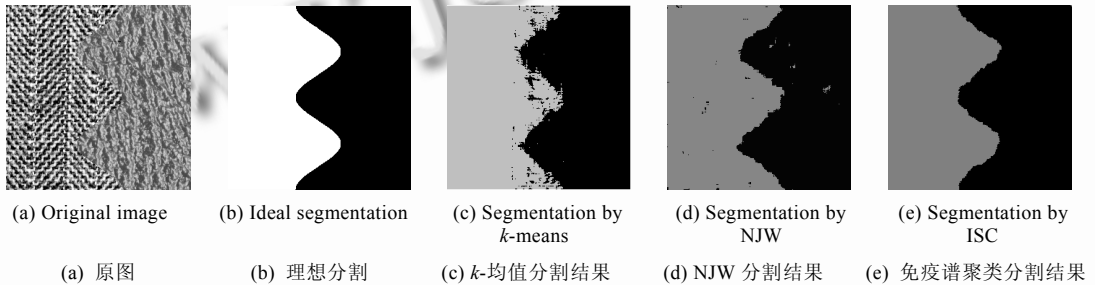


Fig.2 Segmentation results of the texture image with two classes

图 2 两类纹理图像分割结果

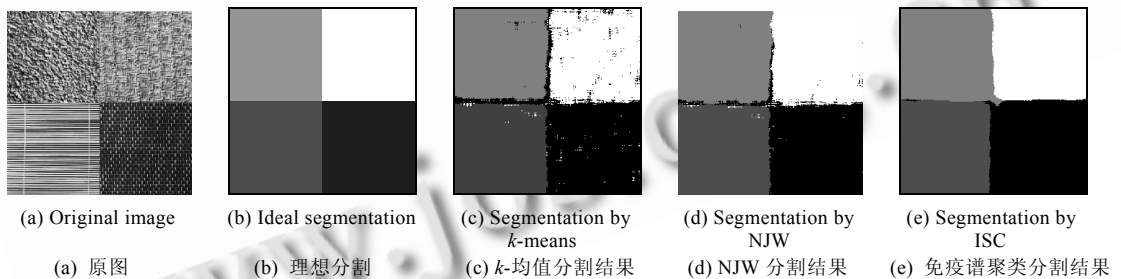


Fig.3 Segmentation results of the texture image with four classes

图 3 4 类合成纹理图像分割结果

Table 3 Error rates of texture image segmentation (%)

表 3 合成纹理图像错分率(%)

	k -Means	NJW	ISC
Fig.2	7.84	3.53	1.05
Fig.3	4.27	2.92	0.43

4.3 SAR图像分割

选用图 4(a)和图 5(a)两幅 256×256 的 SAR 图像进行实验.第 1 幅图像包含两类地物:植被和农作物;第 2 幅图像包含 3 类地物:河流、植被和农作物.SAR 图像中纹理信息丰富,为地物的分割提供了有利的判别依据.对于图像中的每个像素,分别提取基于灰度共生矩阵的 12 维统计量和基于 3 层非下采样小波分解能量特征 10 维,

构成 22 维特征向量.在聚类前对特征向量进行归一化处理.分别采用 k -均值算法、NJW 算法以及本文提出的免疫谱聚类算法对 SAR 图像进行分割,其结果如图 4(b)~图 4(d)和图 5(b)~图 5(d)所示.其中,实验中用到的基于 Nyström 方法的谱聚类均随机地抽取 100 个像素点作为代表点进行求解,尺度参数的取值分别为 0.2 和 0.3.

图 4(b)是基于 k -均值聚类的分割结果,从图中可以看出对两类地物的错分严重.如在图 4(b)的右上方区域,农作物被误分为植被.NJW 方法的分割结果(图 4(c))好于 k -均值聚类的结果,在区域一致性和边界的准确性方面都有很大的提高.图 4(d)是免疫谱聚类的分割结果,可以看出,免疫谱聚类对两类地物的分割结果均优于 k -均值聚类的分割结果.与 NJW 相比,对农作物的边界识别稍有改善,能够获得 SAR 图像各个区域的正确划分.

图 5(b)是基于 k -均值聚类对图 5(a)的分割结果,从图中可以看出对植被的错分严重;同时,河流上的管道和一小部分丛林没有被正确分割出来.其次,左下方的植被也存在严重的错分.NJW 方法的分割结果(如图 5(c)所示)好于 k -均值聚类的结果,然而对河面上的管道也没有正确识别;同时,其左下方植被和农作物的边界被严重错分为河流.图 5(d)是免疫谱聚类的分割结果,可以看出,其左下角区域的划分有所改善,同时,算法也保留了管道的信息.因此,免疫谱聚类的分割结果优于 k -均值聚类,比 NJW 的结果稍好,能够获得 SAR 图像各区域的正确划分.

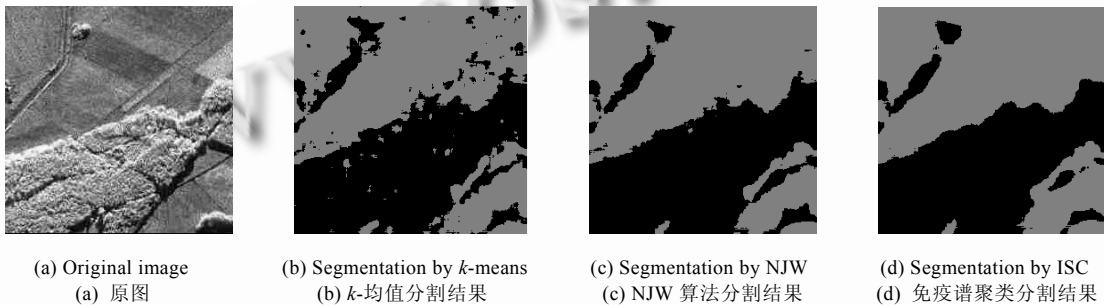


Fig.4 Segmentation results of SAR image with two classes

图 4 两类地物 SAR 图像分割结果

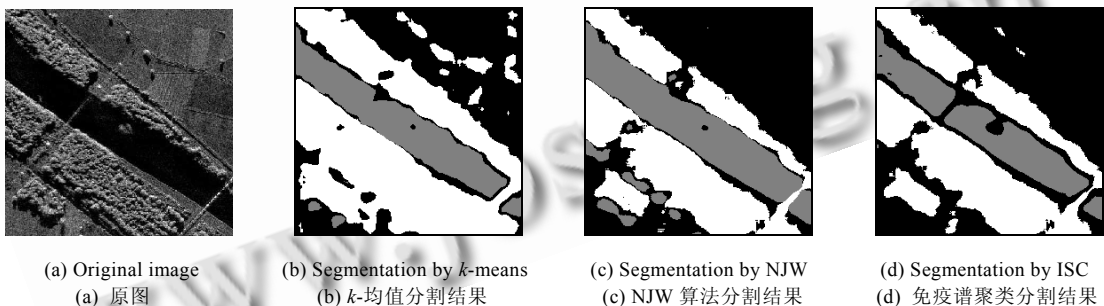


Fig.5 Segmentation results of SAR image with three classes

图 5 三类地物 SAR 图像分割结果

5 总结与讨论

本文提出了一种免疫谱聚类算法,它是将 NJW 算法与免疫克隆聚类相结合的一种聚类算法.由于经典谱聚类算法在嵌入空间中采用 k -均值算法进行聚类, k -均值算法本身对初始化比较敏感,并且易陷入局部最优.考虑到免疫克隆选择具有对初始化不敏感、能够快速寻找到全局最优解的特性,因此我们构造了免疫克隆聚类算法来替代这里的 k -均值算法.又由于谱聚类算法具有维数缩减特性,从而为免疫克隆聚类算法提供了低维而紧凑的输入.实验结果表明,该算法不仅降低了特征维数,而且提高了数据聚类的精度.在将其用于图像分割时,采用

了 Nyström 逼近策略来降低算法复杂度.在合成纹理图像和 SAR 图像的分割实验中验证了免疫谱聚类算法用于图像分割的有效性.

References:

- [1] von Luxburg U. A tutorial on spectral clustering. Technical Report, TR-149, 2006.
- [2] Bach FR, Jordan MI. Blind one-microphone speech separation: A spectral learning approach. In: Saul LK, Weiss Y, Bottou L, eds. *Advances in Neural Information Processing Systems*, Vol.17. MIT Press, 2005. 65–72.
- [3] Odobez JM, Gatica-Perez D, Guillemot M. Video shot clustering using spectral methods. In: *Proc. of the Int'l Workshop on Content-based Multimedia Indexing (CBMI)*. 2003. 94–102. <http://citeseerx.ist.psu.edu/viewdoc/summary?doi=10.1.1.3.9072>
- [4] Shi JB, Malik J. Normalized cuts and image segmentation. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 2000,22(8): 888–905. [doi: 10.1109/34.868688]
- [5] Alpert JC, Yao SZ. Spectral partitioning: The more eigenvectors, the better. In: *Proc. of the ACM/IEEE Design Automation Conf.* 1995. 195–200. <http://citeseerx.ist.psu.edu/viewdoc/summary?doi=10.1.1.57.2116>
- [6] Ng AY, Zheng AX, Jordan M. Stable algorithms for link analysis. In: Croft WB, Harper DJ, Kraft DH, Zobel J, eds. *Proc. of the 24th Annual Int'l ACM SIGIR Conf. on Research and Development in Information Retrieval*. New York: ACM Press, 2001. 258–266. [doi: 10.1145/383952.384003]
- [7] Paccanaro A, Casbon JA, Saqi MA. Spectral clustering of protein sequences. *Nucleic Acids Research*, 2006,34(5):1571–1580. [doi: 10.1093/nar/gkj515]
- [8] de Castro LN, Timmis J. *Artificial Immune Systems: A New Computational Intelligence Approach*. London: Springer-Verlag, 2002.
- [9] Jiao LC, Du HF. Development and prospect of the artificial immune system. *Acta Electronica Sinica*, 2003,31(10):73–80 (in Chinese with English abstract).
- [10] de Castro LN, von Zuben FJ. Learning and optimization using the clonal selection principle. *IEEE Trans. on Evolutionary Computation*, 2002,6:239–251. [doi: 10.1109/TEVC.2002.1011539]
- [11] Du HF, Jiao LC, Wang SA. Clonal operator and antibody clone algorithm. In: *Proc. of the 1st Int'l Conf. on Machine Learning and Cybernetics*. IEEE, 2002. 506–510. [doi: 10.1109/ICMLC.2002.1176807]
- [12] Du HF, Jiao LC, Gong MG, Liu RC. Adaptive dynamic clone selection algorithm. In: Tsumoto S, Slowinski R, Komorowski HJ, Grzymala-Busse JW, eds. *Proc. of the Int'l Conf. on Rough Sets and Current Trends in Computing*. LNCS 3066, Berlin, Heidelberg: Springer-Verlag, 2004. 768–773. [doi: 10.1007/978-3-540-25929-9_97]
- [13] Fowlkes C, Belongie S, Chung F, Malik J. Spectral grouping using the Nyström method. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 2004,26(2):214–225. [doi: 10.1109/TPAMI.2004.1262185]
- [14] Kannan R, Vempala S, Vetta A. On clusterings-good, bad and spectral. *Journal of the ACM*, 2004,51(3):497–515. [doi: 10.1145/990308.990313]
- [15] Ng AY, Jordan MI, Weiss Y. On spectral clustering: Analysis and an algorithm. In: Becker S, Thrun S, Obermayer K, eds. *Advances in Neural Information Processing Systems*, Vol. 14. MIT Press, 2002. 849–856.
- [16] Meila M, Shi JB. Learning segmentation by random walks. In: Leen TK, Dietterich TG, Tresp V, eds. *Advances in Neural Information Processing Systems*, Vol. 13, MIT Press, 2000. 837–879.
- [17] Meila M, Shi JB. A random walks view of spectral segmentation. In: Jaakkola T, Richardson T, eds. *Proc. of the Artificial Intelligence and Statistics AIS-TATS*. 2001. <http://citeseerx.ist.psu.edu/viewdoc/summary?doi=10.1.1.33.1501>
- [18] Hall LO, Ozyurt B, Bezdek JC. Clustering with a genetically optimized approach. *IEEE Trans. on Evolutionary Computation*, 1999, 3(2):103–112. [doi: 10.1109/4235.771164]
- [19] Arbib MA. *The Handbook of Brain Theory and Neural Networks*. 2nd ed., Cambridge: The MIT Press, 2002.

- [20] Rignot E, Kwok R. Extraction of textural features in SAR images: Statistical model and sensitivity. In: Mills R, eds. Proc. of the Int'l Geoscience and Remote Sensing Symp. IEEE, 1990. 1979–1982.
- [21] Fukuda S, Hirose H. A wavelet-based texture set applied to classification of multifrequency polarimetric SAR images. IEEE Trans. on Geoscience and Remote Sensing, 1999,37(5):2282–2286. [doi: 10.1109/36.789624]

附中文参考文献:

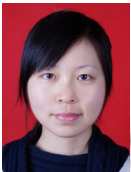
- [9] 焦李成,杜海峰.人工免疫系统进展与展望.电子学报,2003,31(10):73–80.



张向荣(1978—),女,陕西西安人,博士,副教授,CCF 高级会员,主要研究领域为图像处理与理解,机器学习,模式识别.



焦李成(1959—),男,博士,教授,博士生导师,CCF 高级会员,主要研究领域为图像处理与理解,机器学习,计算智能.



蹇晓雪(1983—),女,硕士,主要研究领域为谱聚类分析,图像分割,计算智能.

www.jos.org.cn