

基于像素基因算法的图像显著区域检测研究

杜广朝¹, 魏雪峰^{2,3}, 邵明省⁴

(1. 黄河水利职业技术学院, 河南 开封 475004; 2. 黄淮学院, 河南 驻马店 463000;
3. 武汉理工大学, 湖北 武汉 430070; 4. 鹤壁职业技术学院, 河南 鹤壁 458030)

摘要:针对图像显著区域检测的特点,提出像素基因算法。首先在基因模型中把基因单元映射为图像区域;接着基因表达值把基因分类,对图像某个特征值图像区域产生的不确定信息的熵统计期望值,计算特征值减少系统熵值的不确定性的能力;最后采用基因相对称的邻接矩阵统计区分为显著、非显著区域。实验仿真结果显示本文算法对图像特征提取丰富,召回率、准确率较高。

关键词:像素基因;显著区域;邻接矩阵

中图分类号:TP391.4 **文献标识码:**A **DOI:**10.3969/j.issn.1001-5078.2013.06.021

Image salient region detection based on genetic pixel algorithm

DU Guang-chao¹, WEI Xue-feng^{2,3}, SHAO Ming-sheng⁴

(1. Yellow River Conservancy Technical Institute, Kaifeng 475004, China; 2. Huanghuai University, Zhumadian 463000, China;
3. Wuhan University of Technology College of Information, Wuhan 430070, China;
4. Hebi College of Vocation and Technology, Hebi 458030, China)

Abstract: Aiming at the characteristic of salient region detection, pixel genetic algorithm is proposed. Firstly, the genetic units are mapped to image region in the genes model. Then the genes is classified by using gene expression, expectation value is counted for the uncertain information entropy, and the uncertainty ability that characteristic values reduce system entropy is calculated. Finally, salient regions and non salient regions are divided by using the adjacency matrix statistic, which the gene distribution is symmetrical. Simulation results show that the algorithm can sufficiently extract image features, and has a higher retrieval rate and accuracy.

Key words: pixel gene; salient regions; adjacency matrix

1 引言

图像是信息的主要来源,但是目前图像数据的规模变得越来越大,有时候对图像处理区域只占整幅图像内容中很少的部分,比如目标识别、图像检索、场景分析等,如何在整幅图像中正确地检测这些显著区域,降低图像数据运算的复杂度,避免不必要的计算资源浪费,是图像处理中的一个难点问题^[1]。

目前图像显著区域检测研究的方法有:基于视觉特征的方法具有代表性,能够自动分析图像的显著区域,但是这种方法是对视觉的模拟,有时候的结果并不是人们要检测的显著区域^[2-3],基于局部对比度算法以 Itti 算法为代表,将图像显著性度量结

果合成为一幅图像,通常需要把图像分割为几个不联系的区域,不利于后期的合成;基于全局对比度算法以 Achanta 算法为代表,通过计算像素与整幅图像的差异来决定显著性,对背景简单的图像适合^[4-5]。

目前图像显著区域比较新兴的是人工智能算法,这种方法处理速度快,但是在后期有早衰现象,

基金项目: 河南省教育厅科学技术研究重点项目 (No. 12B510016); 鹤壁职业技术学院校本课题 (No. HZY-2012-52) 资助。

作者简介: 杜广朝 (1966-), 男, 硕士, 副教授, 从事高校电气技术专业教学与研究工作。E-mail: dgchao@foxmail.com

收稿日期: 2012-11-23; **修订日期:** 2012-11-30

无法得到真正的最优解。本文采用基因方法对图像显著区域检测研究,结合基因之间相互联系和相互作用的特点,把图像像素看作基因,结合熵概念和贝叶斯概率,求出像素基因特征熵值,利用图像某个特征值图像区域产生的不确定信息的熵统计期望值,用特征值判断减少系统熵值的不确定性的能力。实验仿真结果显示本文算法对图像特征提取丰富,召回率、准确率较高。

2 像素基因算法描述

2.1 基因模型

基因单元构成有主动基因 a_i 、变胞元 A_i 及定基因 a_f ,则基因变胞 M^s 为:

$$M^s = [a_i; A_i; a_f]$$

其中,下标 i 表示变胞的胞基因与胞元的类型^[6-8]。

像素 i 点 $p_i(x, y, z)$ 表示在空间 (x, y, z) 的位置,则像素的显著区域信息 A 、冗余相似的信息 B 、介于显著和冗余相似区域信息 \overline{AB} 用基因映射为:

$$p_i(x, y, z) = (n, \sum(A, B, \overline{AB}))$$

其中, n 是像素映射中基因单元的数量。

2.2 像素基因特征熵值

根据香农提出的熵的概念并结合贝叶斯概率,熵定义为:

$$H_{RS} = - \sum_{k=1}^{K=m} p(b_k) \log_2 p(W_1/b_k)$$

若图像系统被分成 $K(K > 1)$ 个子区域,那么图像系统熵 H 的期望值:

$$H = \sum_{j=1}^{j=K} p_j H_j$$

其中, p_j 和 H_j 分别对应子区域出现的概率和子区域熵值。

设基因表达值 $U = \{x_1, x_2, x_3, \dots, x_i, x_{i+1}, \dots, x_k\}$,把基因分类为:

$$D = \{W_1, W_2\}$$

其中, $W_1 = \{x_1, x_2, x_3, \dots, x_i\}$ 为正常基因组; $W_2 = \{x_{i+1}, x_{i+2}, \dots, x_k\}$ 为正常组。

图像系统特征参数为: $R = \{R_1, R_2, \dots, R_s, \dots, R_n\}$,对于这些特征值,划分图像的区域为, $Y = \{y_1, y_2, y_3, \dots, y_k, \dots, y_m\}$,将 R_s 落入其中第 k 个区域的概率记为 $p(b_k)$ 。

那么正常基因组落入第 k 个区域的概率记为 $p(W_1/b_k)$;非正常基因组落入第 k 个区域的概率记为 $p(W_2/b_k)$ 。

因此,图像某个特征值 R_s 图像区域产生的不确定信息的熵统计期望值为:

$$H_{RS} = - \left\{ \sum_{k=1}^{K=m} [p(b_k) p(W_1/b_k) \log_2 p(W_1/b_k) + p(b_k) p(W_2/b_k) \log_2 p(W_2/b_k)] \right\}$$

特征 R_s 减少系统熵值的不确定性的能力为:

$$B_{R_s} = H - H_{RS}$$

如果 $B_{R_s} > B_{R_m}$,说明在识别正常基因组与非正常基因组时 B_{R_s} 的能力更大^[9]。

2.3 图像显著性检测研究过程

图像中某个区域的显著性依赖于它自身和周围环境的差异,图像中像素之间相似的共同的特征不会得到重视,而不一样的特征则会突显出来^[10-11]。

把图像的像素看做基因, A 为显著区域像素, B 为非显著区域像素, A, B 差异性判断系数:

$$C_{AB} = \frac{\sum_{i=1}^6 \omega_i S_{A_i B_i}}{\sum_{i=1}^6 \omega_i S_{A_i} + \sum_{i=1}^6 \omega_i S_{B_i} - \sum_{i=1}^6 \omega_i S_{A_i B_i}}$$

式中, A_i, B_i 是像素 A, B 的第 i 个基因码位; ω_i 是第 i 个基因码位相对重要程度权重的评价指标^[12]。

假设基因集合为 (g_1, g_2, \dots, g_n) , n 为基因数量^[13],基因相对称的邻接矩阵: $A = (a_{ij})_{n \times n}$,如果 g_i 与 g_j 能够相互作用,则 $a_{ij} = 1$,否则 $a_{ij} = 0$ 。

$a_{ij} = 1$ 说明像素之间相互差异性较小,在图像显著区域检测时可为统计为非显著区域。

在得到综合显著图之后,需要阈值分割以使用二值图像进行边缘提取,这样可得到显著区域的轮廓。

图像显著性区域检验的相对误差:

$$R_i = \frac{n(\sum_{j=1}^n T_j P_{ij}) - (\sum_{j=1}^n T_j)(\sum_{j=1}^n P_{ij})}{\sqrt{[(\sum_{j=1}^n T_j^2) - (\sum_{j=1}^n T_j)^2][(\sum_{j=1}^n P_{ij}^2) - (\sum_{j=1}^n P_{ij})^2]}}$$

其中, T_j 是第 j 个像素目标值; P_{ij} 是第 i 个基因对第 j 个像素的预测值^[14]。

令图像局部显著性记为 S_l ,全局显著性 S_g ,则图像总的显著性 S 为:

$$S = \frac{1}{2} [N(S_g) + N(S_l)]$$

式中, $N(\cdot)$ 为归一化因子^[15]。

假设在图像中找到的显著区域内容为 H_1 ,图像中真正的显著区域内容为 H_2 , H_1 和 H_2 的交集为 H_0 ,那么召回率、准确率计算式分别为:

$$\text{召回率为: } H_0/H_2$$

$$\text{准确率为: } H_0/H_1$$

3 实验仿真

图像显著性检测所用程序为 Matlab7.0,运行环境:CPU 为 3.6 GHz,内存 2048 MB,操作系统 XP,硬

盘为 SATA2 接口,用蒙特卡罗仿真 30 次对比实验效果。分别对人物、动物、植物进行图像显著区域检测,如图 1 所示。



(a) 人物 (b) 动物 (c) 植物

图 1 原始图像

在图 1 原始图像中,图 1(a) 人物中 LENA 为视觉显著区域,图 1(b) 动物中鸟为视觉显著区域,图 1(c) 植物中花瓣为图像显著区域,检测视觉显著区域确定窗口如图 2 所示。



(a) 人物显著区域确定 (b) 动物显著区域确定 (c) 植物显著区域确定

图 2 视觉显著区域确定窗口

在图 2 中,视觉显著区域确定窗口为每个图的黑色边框,视觉显著区域确定窗口后,像素基因算法对比视觉显著区域自身和周围环境的差异来获得显著区域信息。

本文利用像素基因算法对图像的显著区域进行处理,使得图像特征的提取丰富,图 3(a) 中 LENA 的头发区域、图 3(b) 动物的鸟爪子区域和图 3(c) 的花瓣区域都较好的显示出显著区域的信息,并且边缘部分产生高显著性值,满足视觉需要。图 4 Itti 算法对图 2 的显著区域目标检测的结果是检测显著区域的大致轮廓,排除伪显著区域能力低。图 5 Achanta 算法对应图 2 的显著区域目标提取结果不能均匀地突出整个显著区域,存在误把背景作为显著内容显示。



(a) 人物显著区域检测 (b) 动物显著区域检测 (c) 植物显著区域检测

图 3 像素基因算法对应图 2 的显著区域目标提取结果



(a) 人物显著区域检测 (b) 动物显著区域检测 (c) 植物显著区域检测

图 4 Itti 算法对应图 2 的显著区域目标提取结果



(a) 人物显著区域检测 (b) 动物显著区域检测 (c) 植物显著区域检测

图 5 Achanta 算法对应图 2 的显著区域目标提取结果

表 1 召回率、准确率对比数据

算法 \ 指标	召回率/%	准确率/%
像素基因算法	99.1748	98.4798
Achanta 算法	96.4354	94.3416
Itti 算法	95.7801	92.5358

在表 1 中,像素基因算法召回率、准确率都优于 Achanta、Itti 算法,这是因为像素基因算法在数据寻优的时候能够通过正常基因和非正常基因组使不一样的特征则突显出来。

4 总结

本文在基因模型中把基因单元映射为图像区域,基因表达值把基因分类为正常非正常基因,对图像某个特征值图像区域产生的不确定信息的熵统计期望值,基因相对称的邻接矩阵统计区分为显著、非显著区域,实验仿真结果显示本文算法对图像特征提取丰富,召回率、准确率较高。

参考文献:

- [1] Zhang Qiaorong, Gu Guochang, Liu Haiibo, et al. Salient region detection using multi-scale analysis in the frequency domain [J]. Journal of Harbin Engineering University, 2010, 31(3): 361-365. (in Chinese)
张巧荣, 顾国昌, 刘海波, 等. 利用多尺度频域分析的图像显著区域检测 [J]. 哈尔滨工程大学学报, 2010, 31(3): 361-365.
- [2] Wang Guoying, Liang Chunying. Extraction of salient regions in image [J]. Journal of Computer Applications,

- 2010,30(6):1619-1621. (in Chinese)
王国营,梁春迎.一种图像显著区域的提取方法[J].
计算机应用,2010,30(6):1619-1621.
- [3] Li Shuang,Liu Wei,Xu Weidong, et al. Region of interest extraction algorithm of color image based on visual perception information [J]. Opto-Electronic Engineering, 2011,38(4):115-123. (in Chinese)
李双,刘伟,徐伟栋,等.基于眼动感知信息的彩色图像感兴趣区域提取算法[J].光电工程,2011,38(4):115-123.
- [4] Wang Xin, Wang Bin, Zhang Liming. Airport detection based on salient areas in remote sensing images [J]. Journal of Computer-Aided Design & Computer Graphics, 2012,24(3):336-344. (in Chinese)
王鑫,王斌,张立明.基于图像显著性区域的遥感图像机场检测[J].计算机辅助设计与图形学学报,2012,24(3):336-344.
- [5] Chen Huizhong, Chen Yongguan, Jing Ning, et al. Research of content feature descriptors for lunar images based on saliency regions [J]. Acta Electronica Sinica, 2012,40(5):911-919. (in Chinese)
陈慧中,陈永光,景宁,等.基于显著区域的月球影像内容特征研究[J].电子学报,2012,40(5):911-919.
- [6] Wang Jihua, Liu Hong. Part genome based on geometry features in evolutionary design [J]. Computer Integrated Manufacturing Systems, 2009,15(1):21-27. (in Chinese)
王吉华,刘弘.基于特征几何体的零件进化设计基因组研究[J].计算机集成制造系统,2009,15(1):21-27.
- [7] Zhang Liping, Wang Delun, Dai Jiansheng. Genetic evolution principles for metamorphic mechanism design [J]. Journal of Mechanical Engineering, 2009,45(2):106-113. (in Chinese)
张丽萍,王德伦,戴建生.变胞机构的基因进化综合理论[J].机械工程学报,2009,45(2):106-113.
- [8] Mo Haifang, Kang Lishan. Automatic modeling of complex functions based on gene expression programming [J]. Journal of System Simulation, 2008,20(11):2828-2831. (in Chinese)
莫海芳,康立山.用GEP实现复杂函数的自动建模[J].系统仿真学报,2008,20(11):2828-2831.
- [9] Sun Liang, Li Qingshuo, Li Jiangeng, et al. Construction of fuzzy gene net [J]. Application Research of Computers, 2008,25(9):2617-2619. (in Chinese)
孙亮,李庆硕,李建更,等.模糊基因网络的构建[J].
计算机应用研究,2008,25(9):2617-2619.
- [10] Deng Yue, Wang Yanjie, Li Jingyu, et al. Improvement of enhancement algorithm for aerial Image [J]. Laser & Infrared, 2012,42(9):1080-1085. (in Chinese)
邓玥,王延杰,李静宇,等.天空区域图像的增强算法的改进[J].激光与红外,2012,42(9):1080-1085.
- [11] Shao Mingsheng, Wang Qihua. Fuzzy image restoration based on frog leaping algorithm [J]. Laser & Optoelectronics Progress, 2012,49(2):0210031-0210036. (in Chinese)
邵明省,王其华.基于蛙跳算法的模糊图像复原[J].
激光与光电子学进展,2012,49(2):0210031-0210036.
- [12] Cao Xuyang, Teng Ruming, Wang Xin, et al. Integrated hybrid design and product gene-base construction for mechanical products [J]. Chinese Journal of Construction Machinery, 2012,10(1):1-7. (in Chinese)
曹旭阳,滕儒民,王欣,等.机械产品杂交集成设计及产品基因库的构建[J].中国工程机械学报,2012,10(1):1-7.
- [13] Wang Xuesong, Gu Yangyang, Cheng Yuhu. Construction of delay gene regulatory network based on complex network [J]. Acta Electronica Sinica, 2010,38(11):2518-2522. (in Chinese)
王雪松,谷阳阳,程玉虎.基于复杂网络的时延基因调控网络构建[J].电子学报,2010,38(11):2518-2522.
- [14] Zhu Mingfang, Wang Hongtao, Ren Yangli. Modeling and predicting total number of private cars based on GEP [J]. Application Research of Computers, 2010,27(3):958-960. (in Chinese)
朱明放,王宏涛,任艳玲.基于基因表达式编程的私人汽车拥有量建模和预测[J].计算机应用研究,2010,27(3):958-960.
- [15] Zhao Qian, Cao Jialin, Hu Yueli. Salient region detection based on Gaussian multi-scale transform and color complexity measure [J]. Chinese Journal of Scientific Instrument, 2012,33(2):405-412. (in Chinese)
赵倩,曹家麟,胡越黎.结合高斯多尺度变换和颜色复杂度计算的显著区域检测[J].仪器仪表学报,2012,33(2):405-412.