

文章编号: 1007-4619 (2003)06-0485-05

遥感数据的遗传-超平面分割算法

李启青, 马建文, 哈斯巴干, 刘志丽, 韩秀珍

(中国科学院 遥感应用研究所, 北京 100101)

摘 要: 在传统的采用超平面作为判别边界的分割方法中, 使用统计学的方法确定类判别界面, 当区域间的统计值大于区域内的统计值时, 就会出现类判决界面难于确定的问题。遗传算法的特点是进行全局优化搜索, 利用这种算法优势可以解决传统算法难以解决的超平面空间定位问题, 从而解决类判决界面的确定问题。通过 EOS/MODIS 图像数据的分割对该方法作了详细的介绍, 其分类精度明显高于统计学分类方法。

关键词: 遗传算法; 超平面分割; 定位; 遥感; EOS/MODIS 数据; 分类精度

中图分类号: TP751.1 **文献标识码:** A

1 引 言

如果将多光谱遥感图像上的每个像素用特征空间的一个点表示, 多光谱遥感图像和特征空间中的点集就具有等价关系^[1,2]。由于同一类地物目标的光谱特性比较接近, 因此, 一类目标在特征空间中会聚集成一个点群, 多类目标在特征空间中就会形成多个点群。这个特征空间是一个多维空间, 超平面分割的思想即源于它。超平面是各区域的分界面, 或者称为判决边界。图像分割的核心问题是判决边界的确定问题, 遥感图像具有的不确定性使超平面的位置很难确定。PAL 等提出使用遗传算法确定超平面的位置^[3], 可以更加合理地解决遥感图像分割中的不确定性问题。

遗传算法 GA (Genetic Algorithm) 是一种随机搜索和优化技术, 源于达尔文的生物进化论^[4-8]。本身就是一个自然选择进化过程与遗传学机理相结合的计算模型, 也是一种基于群体 (Population) 进化的全局优化搜索算法, 具有隐含的并行性。通过群体适应度 (Fitness) 控制的遗传操作, 使群体不断优化, 从而找到满意解或最优解。

在遗传算法优化的超平面分割模型中, 由超平面方程的参数经过特殊编码而成的二进制串集合形成了遗传算法的搜索空间。这是因为特定位数的二

进制串可以代表特定空间的所有超平面方程。遗传算法通过选择、变异、交叉等遗传操作在此搜索空间内搜索最优的解, 中间通过解码过程将二进制串还原为超平面的参数以计算每条染色体的适应度 (目标函数)。目标函数通过图像分割的精确程度实现。训练过程中, 训练点数与分割错误的点数之差作为一系列 (套) 超平面的适应度。最佳的染色体对应最优的分割方案, 也就是最合适的超平面集合。通过这一系列超平面在几何空间中的区域划分得到的多维空间模式分割结果被认为是精度最高的图像分割方案。

应用基于遗传算法的超平面分割的思想所做的遥感图像分割其实可以看作是一种监督分类方法, 先验知识最终决定了分类的精度。将此种方法应用于遥感图像数据, 在获取的训练数据和其统计结果限定的搜索空间中, 随机化产生的超平面集合 (染色体) 组成的群体通过目标函数的控制, 逐渐进化直到最优的超平面集合出现。这个最优的超平面集合就是我们所寻找的最佳分割方案。

2 遗传算法用于超平面分割的基本原理

2.1 超平面 (HP) 分割概念

图像分割中, 当特征空间的维数为 2 时, 区域判别边界是一条线, 维数为 3 时, 它是一个平面。若维

收稿日期: 2002-03-25; 修订日期: 2002-06-25

基金项目: 本文由数字地球项目 (KZCSX2-312) 和亚洲沙尘暴项目 (KZCX20305) 资助。

作者简介: 李启青 (1977—), 男, 1998 年和 2001 年于石油大学 (北京) 地球科学系分别获得工学学士和理学硕士学位, 现于中国科学院遥

感应用研究所攻读地理信息系统专业博士学位, 主要研究领域为遗传算法, 图像处理。

数大于 3, 判别边界是一个超平面。特征空间的维数为 2 或 3 的情况可以看作是超平面分割的特殊情况。

最小距离分类器类似于超平面分割, 它是基于对模式的采样来估计各类模式的统计参数, 判决边界完全由各类的均值和方差确定。作为一种传统分类方法, 当类间距离比类内对应均值的分布明显大时, 可以很好地进行图像分类。

事实上, 将根据类别进行的图像分割问题看成是在多波段遥感图像组成的特征空间使用超平面进行分割, 就将其转化为一个几何问题。初等几何中, N 维空间中的超平面方程可以表示为:

$$d = x_N \cos \alpha_{N-1} + \beta_{N-1} \sin \alpha_{N-1} \quad (1)$$

其中 $\beta_{N-1} = x_{N-1} \cos \alpha_{N-2} + \beta_{N-2} \sin \alpha_{N-2} \quad (2)$

$$\beta_{N-2} = x_{N-2} \cos \alpha_{N-3} + \beta_{N-3} \sin \alpha_{N-3} \quad (3)$$

.....

$$\beta_1 = x_1 \cos \alpha_0 + \beta_0 \sin \alpha_0 \quad (4)$$

α_{N-1} 表示超平面的单位法线与 x_N 轴的夹角; α_{N-2} 表示在 x_1, x_2, \dots, x_{N-1} 空间法线的投影与 x_{N-1} 轴的夹角; α_1 表示二维空间的法线投影与第 2 个特征轴的角度; α_0 表示一维空间的法线投影与第 1 个特征轴的角度; $\alpha_0 = 0$; d 表示超平面与原点之间的垂线距离^[9]。

这样, $N-1$ 个角度 $\alpha_1, \alpha_2, \dots, \alpha_{N-1}$ 和一个垂线距离 d 就可以确定 N 维空间的一个超平面。如何确定超平面方程的这 N 个参数就是遗传算法需要解决的问题。特殊的, 二维空间中, 超平面方程变为直线方程的形式:

$$d = x_2 \cos \alpha_1 + x_1 \sin \alpha_1 \quad (5)$$

只要两个参数 α_1 和 d 就可以确定一个直线方程。

2.2 遗传算法

根据遗传算法的进程可以将其划分为这样 3 个部分以易于理解和算法设计: 群体初始化、遗传操作、适应度函数。设计中, 其技术关键点主要为编码方式和遗传算子。初始群体一般通过随机化产生, 编码技术确定搜索空间, 适应度进行优劣判别、控制遗传操作, 遗传操作决定搜索方向。遗传算法应用非常广泛, 针对具体问题, 编码方式和适应度函数各有不同。下面对群体初始化、遗传化操作、适应度函数 3 个重要过程进行简要介绍。

2.2.1 群体初始化

群体初始化实际上是一个解空间向搜索空间转

变的过程, 其中解空间也称作问题空间, 搜索空间也称为遗传空间、编码空间。遗传算法本身并不能直接处理解空间的参数, 必须把它们转换成搜索空间的由基因按一定结构组成的染色体或个体。

遗传算法的鲁棒性使其对编码的要求并不严格^[10], 多数问题可以采用基于 $\{0, 1\}$ 符号集的二值编码方式。除此之外, 也有进行整数编码、字符串、二维染色体编码、树结构编码甚至可变长度染色体编码的例子。

2.2.2 遗传操作

按照个体对环境适应的程度不同进行的遗传操作作用于群体, 实现优胜劣汰的进化过程, 其 3 个基本算子为: 选择、交叉、变异。通过算子对群体的作用, 遗传操作可以进行高效有向的搜索。

从群体中选择优胜的个体, 淘汰劣质个体的操作称为选择。选择操作建立在群体中个体的适应度评估基础上, 常用的方法有适应度比例法、最佳个体保存法、期望值法、排序选择法等等。把两个父代个体的部分结构加以替换重组生成的新个体的操作称为交叉。通过交叉, 遗传算法的全局搜索能力大大提高。常用的交叉方法有: 一点交叉、二点交叉、多点交叉等。变异算子是对群体中个体串的某些基因值所做的变动, 可以是完全随机的变动, 也可以是可控的变化。通过变异, 增强了遗传算法的局部搜索能力并维持群体的多样性。基本的变异方式是逆转算子、重新排序等。^[11, 12]

2.2.3 评价函数

评价函数也就是适应度函数, 可以称为目标函数。具体的设计要结合求解问题本身的要求。其基本准则是利于表现问题的本质, 同时利于遗传算法在合适的时机迭代终止。

经过多年的发展, 遗传算法出现了各种各样的形式, 但是万变不离其宗, 一般而言, 遗传算法具有下述特点: (1) 对问题参数的编码组(二进制编码)进行搜索, 而非直接对参数本身; (2) 搜索是从目标解的初始编码组开始搜索, 而非从单个目标开始, 初始编码组随机产生, 以最大限度保证遗传算法的全局性能; (3) 使用目标函数值(适应度)这一信息控制搜索的进程, 而不需导数等其他信息, 简化了搜索问题的控制策略; (4) 使用的选择、交叉、变异算子都是随机操作, 而非确定规则。

3 遗传-超平面分割方法(GA-HP 方法)

通过遗传算法确定遥感图像分割中的超平面位

置,要面临的主要问题是超平面方程的参数编码和适应度函数的设计。

3.1 角度编码

如上所述,一个超平面可以由 $N-1$ 个角度 $\alpha_1, \alpha_2, \dots, \alpha_{N-1}$ 和一个垂线距离 d 确定。使用二进制编码,每个角度的变化范围是 $0-2\pi$ 。二进制串的一部分用来代表角度,代表角度的位数越多,表示在此范围内可取值越多,精度越高。如果其中的 b_1 位用来代表一个角度,那么角度的可能值表示为:

$$0, 1 \times 2\pi \times (1/2^{b_1}), 2 \times 2\pi \times (1/2^{b_1}), \dots, 2^{b_1} \times 2\pi \times (1/2^{b_1})$$

显然, $0, 1, 2, \dots, 2^{b_1}$ 这个整数序列可以由此 b_1 位二进制串的 10 进制值表示。推而广之, $N-1$ 个角度,需要 $(N-1)b_1$ 位表示^[3,9]。特殊的,二维空间中角度只需要 b_1 位二进制串即可表示。

3.2 距离编码

确定了超平面的方位之后,还需要确定参数 d 。为了使搜索空间不至于无限扩张。 d 的确定也非常重要。针对所选择的训练点空间,统计出特征 X_i 的最大值和最小值,这些值在超空间中组成了超矩形,其顶点在确定 d 的过程中具有重要的意义。

通过超矩形的一个顶点,具有同样的方位并且到原点的垂距最小的超平面称为此方位的“基超平面”^[3]。这个平面到原点的距离为给定方位超平面的最小距离 d_{min} 。让 $diag$ 为超矩形对角线的长度。这样 d_{min} 与 $diag$ 之和表示了此方位 d 的搜索空间。如果 b_2 位被用来代表 d ,那么 $d = d_{min} + diag \times v2 / 2^{b_2}$,其中 $v2$ 代表此 b_2 位二进制串的 10 进制值,因而一个超平面就可以由 $(N-1)b_1 + b_2$ 位的二进制串来表示。 H 个超平面需要 $H \times [(N-1)b_1 + b_2]$ 位来表示,这也是一条染色体的长度,染色体是遗传算法的基本结构。二维空间中,可以用如下结构代表一条染色体:

```
struct {
    unsigned char chrom[maxstring]; //二进制串
    double angle[H]; //角度
    double d[H]; //距离
    int fitness; //适应度
    unsigned int parent1, parent2, xsite; } HYPER-PLANES;
```

3.3 适应度函数

针对遥感图像分割的具体问题,本文中适应度

采用正确分割(针对地物目标)的训练点数。具体描述如下:

如果区域中的点大部分属于类 I ,那么该区域成为支持类 i 边界的区域,在该区域的其它点被认为是误分割的点。与所有区域相关的误分割点的总和表示为 $miss$;适应度可以表示为 $n - miss$,其中 n 为训练数据的大小。

4 遥感图像处理实验

将上述方法应用于 EOS/MODIS 数据的超平面分割,工作遵循图 1 的流程。本实验选取 MODIS 中通道 5(1.230-1.250 μm)、通道 4(545-565 μm)、通道 3(459-475 μm) 3 个波段的图像,空间分辨率为 500m,影像获取时间是 2001 年 9 月,影像重采样后像元数为 651 行 \times 227 列。通过掩膜的方法获取训练数据点,统计数据采用通道 5($B1$)和通道 4($B2$)的,见表 1 和封四图版 I 图 2(a),其中红色掩膜代表水体、绿色掩膜代表植被、蓝色掩膜代表裸地。

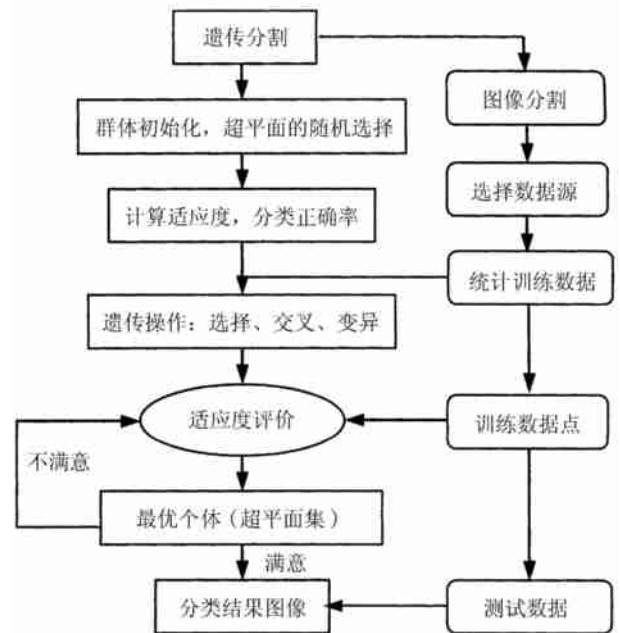


图 1 遥感图像遗传分割流程图

Fig.1 Flow chart of genetic segmentation for remote Sensing image

具体进行实验操作时,遗传群体中有 20 条染色体,一条染色体代表一组超平面(3 个),一个超平面有一个距离 + $N-1$ 个角度。程序设计中,群体中使用 20 个结构表示 20 条染色体,(用结构数组表示,头指针串);一个结构代表一条染色体。

表 1 训练数据点统计结果

Table 1 Statistical result of training points

序号	类别	点数/个	B1(最小-最大)	B2(最小-最大)
c1	水体	746	5-38	3-39
c2	植被	461	37-152	59-156
c3	裸地	654	116-228	95-222
总计		1861	5-228	3-222

通过 200 代的遗传计算,使用统计的训练数据所得的训练成功率为 $1803/1861=96.9\%$,分类成功率可以达到 90% (未去掉云的影响),所确定的三个超平面方程的参数角见表 2。

表 2 超平面方程的训练参数

Table 2 Training parameters of Hyper plane function

序号	角度	距离	方程
H1	1.546207	44.136729	$44.136729 = x_2 \times \cos(1.546207) + x_1 \times \sin(1.546207)$
H2	0.760832	161.892638	$161.892638 = x_2 \times \cos(0.760832) + x_1 \times \sin(0.760832)$
H3	1.546207	14.834792	$14.834792 = x_2 \times \cos(1.546207) \times x_1 \times \sin(1.546207)$

通过 3 类目标地物训练点对超平面方程的训练所确定的超平面方程对整幅图像的分割结果如封四图版 I 图 2(b)所示,A 中水体与植被的分割效果较好,B 中植被的分割效果与实际情况比较吻合,C 中水体分割结果与封四图版 I 图 2(a)比较接近。从结果图像总体来看,超平面对于地物类别分割的效果与实际比较符合。

相同的训练数据,采用最大似然法的分类结果见封四图版 I 图 2(c)所示,A 中水体面积小于封四图版 I 图 2(a),B 植被没有分出来,C 水体面积明显小于封四图版 I 图 2(a)。表 3 中我们对遗传算法与传统统计学分割算法的分割效果和算法效率进行了比较。可见,无论是训练数据还是对整幅图像的分类正确率,遗传算法都明显优于传统的统计学方法。

表 3 遗传算法与传统统计学分割算法的分割效果比较

Table 3 Comparison of genetic-hyperplane algorithm between traditional statistical method

算法	遗传算法	统计学方法
训练数据正确率/%	96.9	89.4
图像分类正确率/%	90	86.3
计算效率(速度)/s	13	15

在 PII400,内存 128M 的机器上 1861 个训练点的训练时间为 11s,图像分割时间 2s,而传统的统计学方法,如最大似然法同样训练数据的分类需要 15s。这意味着遗传算法的处理效率稍好于统计学方法。需要提及的是,如果训练数据增加,则训练时间也会相应增加。

5 结论与讨论

基于遗传算法的超平面分割方法结合了遗传算法和超平面模式分割的思想,优于其它分类器之处在于应用遗传算法的优化搜索性能确定判别界面,也在于抽象扩展了空间的概念,从而可以更精确的描述多维尤其是大于三维的遥感数据。

此外,空间维数的增加会使超平面方程角度参数的个数增加,这样就会使染色体长度迅速增加,实现起来具有较大的难度。实际工作中可以采用诸如主成分分析方法将多维空间数据映射到二维空间。实验中发现,超平面组合分割对未知目标的识别具有特殊作用,界面上分布的特征点完全可能是一类特征地物,下一步我们的研究将在此方向展开,具体过程会另文阐述。

需要说明的是,使用 3 个超平面(直线)在二维空间中可以分割最多 7 类地物,除了训练数据选取训练的时间增加外,并不会增加计算机的其它负担,也不会降低分割的总的正确率。对于更多类别的分割,可以相应的增加超平面方程的个数。

参考文献 (References)

- [1] Zhu Shulong, Zhang Zhanmu. The Acquiring and Analysis of Remote Sensing Image [M]. Beijing: Science Press, 2000. [朱述龙,张占睦. 遥感图像获取与分析[M]. 北京: 科学出版社, 2000.]
- [2] Cover T M, Hart P E. Nearest Neighbour Pattern Classification[J]. *IEEE Transactions on Information Theory*, 1968, 13: 21-27.
- [3] Pal S K, Bandyopadhyay S, Murthy C A. Genetic Classifiers for Remotely Sensed Images: Comparison with Standard Methods[J]. *Remote Sensing*, 2001, 22(13): 2345-2569.
- [4] Goldberg D E, Ded K, Kord B. Messy Genetic Algorithms: Motivation, Analysis, and First Results[J]. *Complex Systems*, 1989, (3): 493-530.
- [5] Schriever J R, Congalton R G. Evaluation Seasonal Variability as an Aid to Cover-type Mapping from Landsat Thematic Mapper Data in The Northeast [J]. *Photogrammetric Engineering and Remote Sensing*, 1995, (3): 321-327.

- 孺·用遗传算法反演连续植被的组分温度[J], 遥感学报, 2001, 5(1): 1-7.]
- [7] Ma Jianwen, Zhao Zhongming, Buhe. Remote Sensing Data Model and Processing Method [M]. Beijing: China Science and technology Press, 2001. [马建文, 赵忠明, 布和. 遥感数据模型与处理方法 [M]. 北京: 中国科学技术出版社, 2001.]
- [8] Ma Jianwen, Guo Huadong, Wang Changlin *et al.* Extraction of Polymetallic Mineralization Information from Multispectral Thematic Mapper Data Using the Gram-Schmidt Orthogonal Projection (GSOP) Method[J]. *International Journal of Remote Sensing*, 2001, 22(17): 3323-3337.
- [9] Bandyopaphyay S, Murthy C A, Pal S K. Pattern Classification Using Genetic Algorithms: Determination of H[J]. *Pattern Recognition Letters*. 1998, 19: 1171-1181.
- [10] Chen Guoliang. Genetic Algorithm and Its Application[M]. Beijing: People POST Press, 1996. [陈国良. 遗传算法及其应用. 北京: 人民邮电出版社, 1996.]
- [11] Engebretson C Davidson, Ashlock J D. Genetic Algorithms and Metropolis Algorithm for Model Selection [A]. Technical Report, Dept. of Electrical and Computer Engineering, Iowa State University [C]. Ames, IA, 1996.
- [12] Davidson J L, Xia Hua, Ashlock D. A Comparison of Genetic Algorithm, Regression, and Newton's Method for Parameter Estimation of Texture Models[A]. In Proceedings, IEEE Southwest Symposium on Image Analysis and Interpretation[C]. San Antonio, TX, 1996.

GA-Hyperplane Segmentation Method for Remote Sensing Data

LI Qi-qing, MA Jian-wen, Hasibagan, LIU Zhi-li, HAN Xiu-zhen

(*Institute of Remote Sensing Applications, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China*)

Abstract: For the traditional method of hyperplane segmentation, the location of hyperplane in data space was determined by statistical method. In the case of the statistical value of regions is smaller than thoes within the region, the statistical method was not effective. The character of genetic algorithm is global searching optimally. Taken this mathematical advantage, the location of Hyperplane could be located easily. In the paper, we use EOS/MODIS imagery data as an example to introduce this method in detail.

We demonstrate that genetic algorithm can be used to produce segmentation result of remote sensing data. Using the parameters of the hyperplanes encoded in the chromosome, the region in which each training pattern point lies is determined by hyperplanes equation. Then the fitness is decided. After computing the fitness, the genetic operators of selection, crossover and mutation are applied to generate a new population of chromosomes. Then, after some process of this, the fitful hyperplane will be generated by this process. At last, the image was divided by the most fitful hyperplane equations.

After the introduction of this method and its application, the comparative results with Maximum likelihood (ML) method in ERDAS IMAGINE 8.4 software package are given in section 4. As the paper shows, the genetic method is clearly better than ML method. It need to note that the realization is based on the Windows and Turbo c 2.0. We would have better results in VC++ based on Windows XP.

Key words: genetic algorithm; remote sensing; hyperplane segmentation; location; EOS/MODIS data; classification accuracy

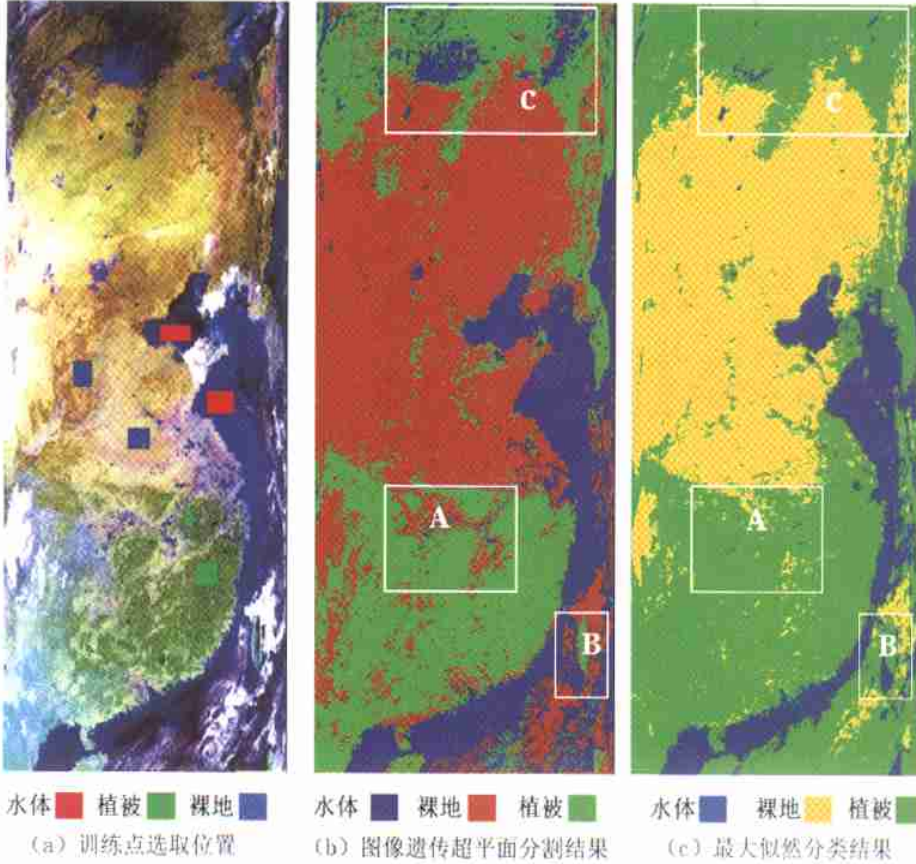


图 2