

بخش بندی بافت در تصویر با تکامل توصیفگرهای هم وقوعی بوسیله الگوریتمهای ژنتیک

مهدی داداش زاده* مهدی آقایی* بهزاد مشیری* رضا صفابخش** محمد حسن زند*
* گروه برق و کامپیوتر دانشکده فنی دانشگاه تهران
** دانشکده کامپیوتر دانشگاه صنعتی امیر کبیر

چکیده

تکنیکهای تقطیع بافت به عنوان یکی از مراحل پایه ای در پردازش تصویر، به منظور بخش بندی بافتهای مختلف در یک تصویر بکار می روند. بدون تقطیع درست، نمی توان آنالیز و درک درستی از تصویر ارائه نمود. روشهای کلاسیک موجود، در عمل دارای خطا می باشند. لذا روشهای دیگر را نیز باید بررسی نمود. در این مقاله یک روش برای تقطیع بافت بوسیله الگوریتمهای ژنتیک ارائه گردیده است. در این روش با سرپرستی، توصیفگرهای بافت بر مبنای هم وقوعی سطوح خاکستری می باشند. توصیفگرهای بافت با یک فرد در یک جمعیت متناظر گشته و یک جمعیت نیز با یک کلاس از بافت متناظر می گردند. یک الگوریتم ژنتیک چندین فرد مؤثر و کارا برای تشخیص بافتها را استخراج می نماید. سپس افراد بدست آمده برای جاگیری بر روی بافتی که در قسمت قبلی با آن تطابق یافته اند، رقابت می نمایند. نهایتاً قلمرو جمعیتها منطقه های تقطیع شده تصویر را مشخص می نمایند.

۱- مقدمه

بخش بندی اشیا از روی ویژگیهای آن در تصویر، یکی از مباحث گسترده در زمینه پردازش تصویر می باشد. یکی از ویژگیهای اصلی در تصویر، بافت می باشد. اگر چه تعریف مشخصی برای بافت وجود ندارد، ولی مفهوم بافت را می توان تکرار پررودیک با قاعده یا بی قاعده یک الگو (texton) در تصویر در نظر گرفت.

روشهای مختلفی برای شناسایی و تحلیل بافت در تصویر وجود دارد. به طور کلی این روشها را می توان به دو زیر مجموعه شناسایی آماری و شناسایی ساختاری تقسیم بندی نمود. در شناسایی آماری بافت، مشخصه هایی از قبیل همواری، زبری و نرمی و غیره بررسی می شوند. توصیفگرهای استخراج شده در این گروه را می توان در دامنه فاصله ای (spatial) مانند ماتریسهای هم وقوعی یا در دامنه فرکانسی مانند فیلترهای گابور و یا بر مبنای مدلهایی نظیر میدان تصادفی مارکوف و یا فرکتالها تعریف نمود. در شناسایی ساختاری بافت، ترکیب الگوهای بافت و نحوه قرار گرفتن آنها، مانند توصیف بافت بر اساس خطوط موازی به فاصله یکسان، مورد بررسی قرار می گیرد. هم اکنون محققان بر روی روشهای آماری تحقیقات بیشتری انجام می دهند.

هدف از ارائه این مقاله معرفی روشی برای بخش بندی بافت در تصویر بر اساس ماتریسهای هم وقوعی می باشد. یک بافت در تصویر دارای یک فضای توصیف است که شامل توصیفگرهای زیادی می باشد. بنابراین برای بخش بندی بافتها، ابتدا باید توصیفگرهای مناسب را انتخاب کرده و سپس بر اساس آنها، ویژگیهای بافتها را استخراج نماییم. در نهایت ویژگیهای بدست آمده را با یک طبقه بندی کننده مناسب، طبقه بندی کرده و بافتها را بخش بندی نماییم. بنابراین هر روش بخش بندی شامل سه مرحله می باشد: اول انتخاب فضای توصیفی و توصیفگرهای مناسب، دوم استخراج ویژگیها بر اساس توصیفگرهای انتخاب شده، سوم طبقه بندی ویژگیهای بدست آمده و بخش بندی بافتها.

یکی از روشهای مناسب برای استخراج ویژگی از بافت، ماتریسهای هم وقوعی می باشد. Ohanian و Dubes در سال ۱۹۹۲ [۶] با مقایسه چهار روش ماتریسهای هم وقوعی، فرکتالها، فیلترهای گابور و میدان تصادفی مارکوف برای استخراج ویژگیهای بافت بوسیله آزمایش بر روی ۳۲۰۰ نمونه تصویر نشان دادند که ماتریسهای هم وقوعی بهتر از روشهای دیگر ویژگیها را استخراج می کنند. اما این روش دارای دو عیب عمده نیز می باشد. عیب اول آن پردازش حجم بالایی از اطلاعات است که نیاز به زمان و فضای حافظه بسیار بالایی دارد که باعث می شود اغلب محققان به روشهای دیگر روی آورند. عیب دوم آن نیز استفاده از یکسری ویژگیها مانند آنتروپی و همگونی و تباین برای شناخت بافت است که باعث می شود اطلاعات واقعی زیادی از دست برود. [۴]

برای غلبه بر این مشکلات روشی پیشنهاد شده است که علاوه بر استفاده مستقیم از ماتریسهای هم وقوعی، زمان تقطیع را نیز بطور قابل ملاحظه ای پایین می آورد. این روش مبتنی بر جستجو و استخراج بهینه هم وقوعی دو سطح خاکستری در بافت بر اساس الگوریتم ژنتیک [۵] است. با توجه به حجم بالای اطلاعات در ماتریس هم وقوعی به نظر می رسد که جستجوی ژنتیک برای بدست آوردن ویژگیهای بهینه ماتریس هم وقوعی، روشی مناسب و کارا باشد.

با توجه به اینکه بافتهای طبیعی بطور ذاتی متغیر می باشند، برای استخراج ویژگیهای آنها، می توان بجای یک توصیفگر هم وقوعی از چند توصیفگر هم وقوعی استفاده کرد. همچنین توصیفگرهای هم وقوعی را توسط چند الگوریتم ژنتیک بطور جداگانه بر روی یک بافت تکامل می دهیم تا بتوانیم ویژگیهای تغییرات تصادفی بافت را در نقاط مختلف آن استخراج نماییم. به این ترتیب روش پیشنهادی علاوه بر مقاوم بودن در برابر تغییرات طبیعی بافت، در برابر نویز نیز مقاوم است.

در بخش ۲ این مقاله روش استخراج هم وقوعی های بهینه از بافت بوسیله الگوریتمهای ژنتیک بیان خواهد شد. در بخش ۳ بخش بندی بافتهای گوناگون در تصویر بوسیله هم وقوعی های استخراج شده توضیح داده خواهد شد. در بخش ۴ آزمایشهای انجام گرفته توضیح داده می شود و در بخش ۵ نیز به تشریح نتایج آزمایشها پرداخته و نهایتاً در بخش آخر نیز از کار انجام شده یک نتیجه گیری می نمایم.

۲- استخراج ویژگی از بافت بوسیله الگوریتمهای ژنتیک

هر شیء یا الگو که قابل تشخیص و طبقه بندی بوسیله بینایی باشد، دارای یکسری ویژگیها است. بینایی جانداران یا ماشین، بوسیله این ویژگیها می تواند الگوی مورد نظر را تشخیص دهد. بنابراین اولین مرحله در شناسایی الگو انتخاب توصیفگرهای مناسب و سپس اندازه گیری ویژگی بوسیله آنها می باشد. در روش ارائه شده، از هم وقوعی دو سطح خاکستری با فواصل مشخص به عنوان توصیفگر استفاده شده است. هر هم وقوعی دو سطح خاکستری با فواصل مشخص به صورت یک فرد در الگوریتم ژنتیک در نظر گرفته می شود. افراد مختلف جمعیت را تشکیل داده و یک جمعیت به یک بافت متناظر می گردد. شکل ۱ نحوه کد کردن هم وقوعی بصورت یک کروموزوم (فرد) را نشان می دهد. dx و dy فواصل افقی و عمودی دو پیکسل $g1$ و $g2$ می باشد.

برای بدست آوردن هم وقوعی های بهینه که در بافت مورد نظر دارای بیشترین تکرار باشند، جمعیتهای متناسب به هر بافت را تکامل می دهیم. لذا کارایی افراد جمعیت را با یک تابع صلاحیت (Fitness) اندازه گیری کرده و افراد مولد نسل بعد را با توجه به میزان صلاحیت آنها انتخاب می کنیم. سپس از افراد مولد نسل بعد R فرد با بیشترین صلاحیت را مستقیماً به نسل بعد برده و سایر افراد را نیز بوسیله عملگرهای جهش (mutation) و ترکیب (crossover) با یک احتمال مشخص با یکدیگر ترکیب کرده و به نسل بعد می بریم.

| | | | | |
|-------|-------|-------|-------|-------|
| 01+22 | 23+10 | 23+20 | 11+10 | 14+12 |
|-------|-------|-------|-------|-------|

(الف)

| | | | |
|----|----|----|----|
| g1 | g2 | dx | dy |
|----|----|----|----|

(ب)

شکل ۱- نحوه کد کردن توصیفگرهای بافت. (الف) یک کروموزوم نمونه توصیفگر با ۵ ژن. (ب) ۴ عنصر یک ژن که هم وقوعی را تعریف می کنند.

به این ترتیب پس از گذشت چند نسل، افراد با صلاحیتهای بالاتر انتخاب شده و توصیفگرهای بهینه هم وقوعی بدست می آیند. حال می توان از این توصیفگرها در مرحله بخش بندی استفاده نمود. بطور کلی مراحل استخراج ویژگی بافت بوسیله الگوریتمهای ژنتیک در این روش بصورت زیر می باشد:

۱- به تعداد بافتهای موجود (P) جمعیت در نظر می گیریم و برای هر جمعیت N فرد بصورت تصادفی ایجاد می کنیم.
۲- تعدادی پیکسل در هر بافت در تصویر بصورت تصادفی در نظر می گیریم. تعداد این پیکسلها در بافتهای گوناگون مساوی می باشند.

۳- با انتخاب یک پنجره با ابعاد مشخص، امتیاز هر فرد را در تعدادی از پیکسلهای آزمایشی در بند ۲ محاسبه می کنیم. برای محاسبه امتیاز، ابتدا پیکسل را در مرکز پنجره قرار داده و سپس مطابق با هم وقوعی های فرد مورد نظر، تعداد هم وقوعی ها را در داخل پنجره حساب می کنیم. پس از محاسبه امتیاز تمام افراد، R فرد با بهترین امتیاز را بعنوان هسته جمعیت انتخاب می کنیم.

۴- برای هر فرد متعلق به یک جمعیت ($a \in P$) میزان صلاحیت افراد بصورت زیر محاسبه می شود:

$$[a \text{ صلاحیت}] = [a \text{ جاذبه}] + [a \text{ دافعه}]$$

[a جاذبه]: میزان جاذبه هر فرد a را نسبت به بافت خودش نشان می دهد. برای محاسبه [a جاذبه] امتیازهای فرد a را در پیکسلهای آزمایشی نسبت به امتیازهای یک فرد b در هسته جمعیت دیگر مقایسه می کنیم. اگر امتیازهای فرد a بیشتر بود، [a جاذبه] صورت تفاضل امتیازهای فرد a نسبت به امتیازهای فرد b می باشد، در غیر اینصورت از [a جاذبه] عدد ثابتی را به عنوان جریمه کم می کنیم.

[a دافعه]: میزان بی میلی فرد a را نسبت به بافت دیگر نشان می دهد. این قسمت هم مانند حالت قبل محاسبه می شود، با این تفاوت که بجای پیکسلهای بافت متعلق به فرد a، در پیکسلهای آزمایشی بافت دیگر انجام می شود و تفاضل امتیازهای فرد b نسبت به a را حساب می کنیم.

۵- در این قسمت افراد جمعیت بر اساس میزان صلاحیتشان برای تولید نسل بعد انتخاب می شوند. البته R فرد با بیشترین صلاحیت بطور مستقیم به نسل بعد می روند.

۶- افراد انتخاب شده، با یک احتمال مشخص بوسیله اپراتورهای ژنتیک جهش (mutation) و ترکیب (crossover) با یکدیگر ترکیب شده و افراد نسل بعد ساخته می شوند.

۷- مراحل بالا از مرحله ۳ به بعد تا زمانی که بیشینه صلاحیت افراد در L نسل آخر افزایش پیدا نکنند، تکرار می شوند.

باتوجه به اینکه فضای جستجو بسیار گسترده بوده و ممکن است میزان تغییرات بافت در قسمتهای مختلف آن زیاد باشد، لذا می توان یک بافت را به چهار قسمت تقسیم نموده و برای هر قسمت یک زیر جمعیت جداگانه در نظر گرفته و این زیر جمعیتهای داخلی را بطور مستقل تکامل داد. نهایتاً افراد بهینه این زیر جمعیتها را به عنوان توصیفگرهای بهینه بافت برای بخش بندی در مرحله بعد انتخاب می کنیم.

۳- بخش بندی بافتها

روشهای بخش بندی معمولاً مبتنی بر حرکت یک پنجره در تصویر و بدست آوردن ویژگیهای تصویر در داخل پنجره و نهایتاً کلاسه بندی این ویژگیها می باشد. در روش مورد بحث، ابتدا R فرد با بهترین صلاحیت از قسمت قبل یعنی استخراج ویژگیها انتخاب شده و بصورت تصادفی به هر پیکسل در تصویر مورد نظر یکی از این افراد را نسبت می دهیم. سپس امتیاز هر فرد را بصورتیکه در قسمت قبل توضیح داده شد، محاسبه کرده و بوسیله یک فیلتر داروینی [۴] افراد با امتیازهای بالاتر را جایگزین افراد دیگر می کنیم. سپس امتیاز افراد جدید را محاسبه کرده و تا زمانی که توزیع افراد جمعیتهای مختلف بر روی تصویر ثابت نشده باشد، اینکار را ادامه می دهیم. هنگامی که افراد جمعیتهای مختلف در تصویر جایگیری کرده و ثابت شدند، برای افراد هر جمعیت یک برچسب مشخص نسبت می دهیم. به این ترتیب تصویر توسط جمعیتهای مختلف افراز گردیده و بخش بندی می گردد. برای پرکردن حفره های احتمالی موجود در تصویر و نیز نرم کردن لبه ها از یک فیلتر میان گذر استفاده می شود.

۴- آزمایشها

برای انجام آزمایشها از تصاویر با سطوح خاکستری $G \in [0, 255]$ استفاده شده است. فاصله های نسبی پیکسلها در هر ژن $[dx] \in [0, 3]$ و $[dy] \in [0, 3]$ می باشد، بطوریکه اگر یکی از ابعاد صفر شود، بعد دیگری باید عدد غیر صفر باشد. سطوح خاکستری ژنها نیز $[g1, g2] \in [0, 255]$ می باشد. هر کروموزوم دارای ۵ ژن بوده و هر جمعیت شامل ۶۰ فرد می باشد. هسته جمعیت که بهترین افراد آن می باشد، از ۱۵ فرد تشکیل گردیده است. بنابراین با احتساب زیر جمعیتها، نهایتاً برای هر بافت می توان ۶۰ فرد مناسب در بخش استخراج ویژگی ایجاد نمود و با این افراد در قسمت تقطیع، تصویر را بخش بندی نمود. برای هر بافت از ۱۲۰ پیکسل آزمایشی استفاده گردیده است که هر زیر جمعیت با ۳۰ پیکسل کار می کند. اندازه پنجره ها در قسمت استخراج ویژگی 13×13 و برای فیلتر داروینی 3×3 می باشد.

احتمال جهش و ترکیب به ترتیب ۰/۰۱ و ۰/۰۶ در الگوریتم ژنتیک می باشد. برای پایان یادگیری در الگوریتم ژنتیک اگر صلاحیت افراد در ۵۰ نسل آخر پیشرفت نداشته باشد، الگوریتم قطع می شود. در صورتیکه این اتفاق نیافتد، الگوریتم تا ۳۰۰ نسل یادگیری را ادامه داده و سپس پایان می یابد.

۵- نتایج

الگوریتم ژنتیک بین ۱۱۵ تا ۳۰۰ نسل به همگرایی رسیده و مرحله استخراج توصیفگرها پایان می یابد. نمونه ای از توصیفگرهای استخراج شده مربوط به شکل ۲ را در جدول ۱ مشاهده می کنید. این جدول بهترین کروموزومهای ۴ زیر جمعیت مربوط به دو بافت تصویر را نشان می دهد.

جدول ۱- کروموزومهای ۵ فرد بهینه در زیر جمعیتها

===== Population (1)

SubPopulation (1)

{255,0,1,0} {0,255,2,0} {255,255,2,2} {255,0,1,0} {255,0,1,0}
{255,0,1,0} {0,255,2,0} {255,255,2,2} {255,0,1,0} {255,0,1,0}
{255,0,1,0} {0,255,2,0} {255,255,2,2} {255,0,1,0} {255,0,1,0}
{255,0,1,0} {0,255,2,0} {255,255,2,2} {255,0,1,0} {255,0,1,0}
{255,0,1,0} {0,255,2,0} {255,255,2,2} {255,0,1,0} {255,0,1,0}

SubPopulation (2)

{0,255,1,0} {0,0,1,1} {255,0,1,0} {0,255,1,0} {255,0,2,0}
{0,255,1,0} {0,0,1,1} {255,0,1,0} {0,255,1,0} {255,0,2,0}
{0,255,1,0} {0,0,1,1} {255,0,1,0} {0,255,1,0} {255,0,2,0}
{0,255,1,0} {0,0,1,1} {255,0,1,0} {0,255,1,0} {255,0,2,0}
{0,255,1,0} {0,0,1,1} {255,0,1,0} {0,255,1,0} {255,0,2,0}

SubPopulation (3)

{255,255,1,1} {255,255,3,2} {255,0,1,2} {255,0,1,2} {255,255,2,1}
{255,255,1,1} {255,255,3,2} {255,0,1,2} {255,0,1,2} {255,255,2,1}
{255,255,1,1} {255,255,3,2} {255,0,1,2} {255,0,1,2} {255,255,2,1}
{255,255,1,1} {255,255,3,2} {255,0,1,2} {255,0,1,2} {255,255,2,1}
{255,255,1,1} {255,255,3,2} {255,0,1,2} {255,0,1,2} {255,255,2,1}

SubPopulation (4)

{255,0,1,0} {255,0,1,0} {0,255,1,0} {255,0,1,0} {255,255,3,2}
{255,0,1,0} {255,0,1,0} {0,255,1,0} {255,0,1,0} {255,255,3,2}
{255,0,1,0} {255,0,1,0} {0,255,1,0} {255,0,1,0} {255,255,3,2}
{255,0,1,0} {255,0,1,0} {0,255,1,0} {255,0,1,0} {255,255,3,2}
{255,0,1,0} {255,0,1,0} {0,255,1,0} {255,0,1,0} {255,255,3,2}

===== Population (2)

SubPopulation (1)

{255,0,1,1} {255,0,1,1} {255,0,2,1} {0,255,1,1} {0,255,1,1}
{255,0,1,1} {255,0,1,1} {255,0,2,1} {0,255,1,1} {0,255,1,1}
{255,0,1,1} {255,0,1,1} {255,0,2,1} {0,255,1,1} {0,255,1,1}
{255,0,1,1} {255,0,1,1} {253,0,2,1} {0,255,1,1} {0,255,1,1}
{255,0,1,1} {255,0,1,1} {255,0,2,1} {64,251,1,1} {0,255,1,1}

SubPopulation (2)

{255,0,1,1} {0,255,1,1} {0,255,1,1} {0,255,1,1} {0,255,3,2}
{255,0,1,1} {0,255,1,1} {0,255,1,1} {0,255,1,1} {0,255,3,2}
{255,0,1,1} {0,255,1,1} {0,255,1,1} {0,255,1,1} {0,255,3,2}
{255,0,1,1} {0,255,1,1} {0,255,1,1} {0,255,1,1} {0,255,3,2}
{255,0,1,1} {0,255,1,1} {0,255,1,1} {0,255,1,1} {0,255,3,2}

SubPopulation (3)

{0,255,1,1} {0,0,1,0} {0,255,1,1} {0,255,1,1} {255,0,1,1}
{0,255,1,1} {0,0,1,0} {0,255,1,1} {0,255,1,1} {255,0,1,1}
{0,255,1,1} {0,0,1,0} {0,255,1,1} {0,255,1,1} {255,0,1,1}
{0,255,1,1} {0,0,1,0} {0,255,1,1} {0,255,1,1} {255,0,1,1}
{0,255,1,1} {0,0,1,0} {0,255,1,1} {0,255,1,1} {255,0,1,1}

SubPopulation (4)

{0,255,3,2} {0,255,1,1} {210,35,3,1} {0,255,1,1} {0,255,1,1}
{0,255,3,2} {0,255,1,1} {210,24,0,0} {0,255,1,1} {0,255,1,1}
{0,255,3,2} {0,255,1,1} {248,4,2,0} {0,255,1,1} {0,255,1,1}
{0,255,3,2} {0,255,1,1} {210,64,1,0} {0,255,1,1} {0,255,1,1}
{0,255,3,2} {0,255,1,1} {210,35,3,1} {0,255,1,1} {0,255,1,1}

همانطور که انتظار می رفت، هیچکدام از کروموزومهای مربوط به یک جمعیت در جمعیت دیگر یافت

نمی شود. اگر چه تعدادی از ژنها بین زیرجمعیت های مربوط به یک جمعیت مشترک هستند.

بیش از پانزده بافت مختلف برای آزمایش روش مورد نظر استفاده شده است. یکی از بافتهای مصنوعی که در آزمایش بکار رفته است به همراه نتیجه بخش بندی در شکل ۲ نشان داده شده است. این تصویر شامل دو کلاس بافت بوده و تصویر مرحله بخش بندی از همان کلاسهای آموزشی انتخاب گردیده است. مرحله بخش بندی نیز حداکثر پس از ۱۰ نسل پایان می پذیرد. تصویر 'ج' از شکل ۲ نمونه های نویزی با نویز یکنواخت می باشند که جهت تعیین میزان مقاومت این روش در برابر نویز تولید شده اند.

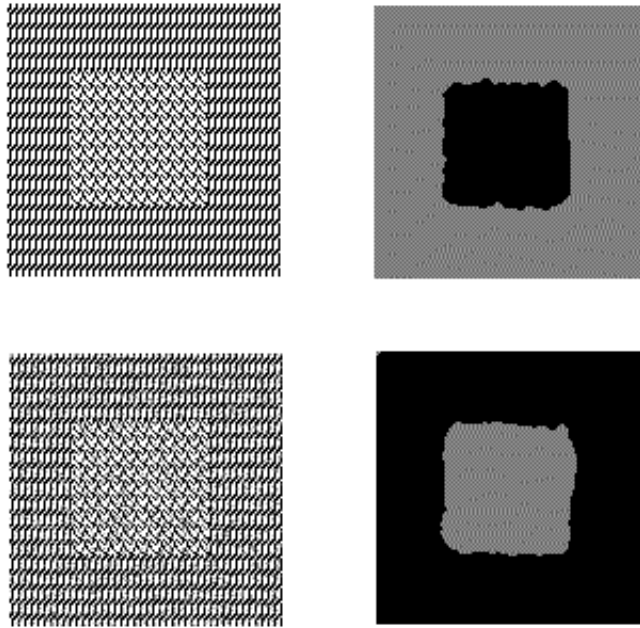
با توجه به اینکه پیکسلهای آزمایشی در تصاویر آموزشی بصورت تصادفی انتخاب می شوند، لذا نتیجه آزمایشها بر روی تصاویر یکسان ممکن است یکی نباشد. میزان درستی بخش بندی برای تصاویر مورد آزمایش در حدود ۹۱٪ می باشد. همانطور که در شکل ۲ نیز دیده می شود، این روش در مقابل نویز مقاومت خوبی از خود نشان می دهد. شکل ۳ نمودار تابع صلاحیت را نشان می دهد. همانطور که در این نمودار دیده می شود صلاحیت افراد پس از گذشت چند نسل افزایش پیدا کرده و در نهایت به یک پایداری نسبی می رسد.

فیلتر داروینی در مرحله بخش بندی بهترین فرد سازگار با بافت را نسبت به همسایگانش انتخاب می نماید. می توان نتیجه گیری کرد که ویژگیهای بافت را با توجه به تغییرات ذاتی آن، با ایجاد چند ژن بجای یک ژن در کروموزوم و ایجاد زیر جمعیتها می توان بهتر استخراج نمود.

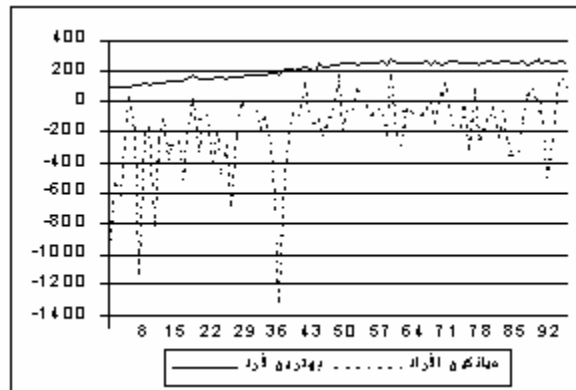
استفاده از این روش برای بخش بندی بافت مستلزم مشخص نمودن محدوده پارامترها می باشد. کیفیت خوب بخش بندی به قدرت تشخیص بین بافتها و فضای جستجو بستگی دارد. فضای جستجو نیز به محدوده سطوح خاکستری، تعداد فاصله های نسبی بین سطوح خاکستری و طول کروموزوم بستگی دارد. برای مثال فضای جستجو در این روش 10^{18} می باشد. اضافه نمودن طول کروموزوم با افزودن تعداد ژنها اگرچه باعث بهبود کیفیت می گردد، در عوض زمان محاسبه را طولانی تر می کند. بنابراین یک تعادل بین ایندو باید ایجاد کرد. یکی از موارد توسعه این روش استفاده از کروموزومهای با طول متغیر می باشد تا طول بهینه کروموزوم را خود الگوریتم مشخص نماید. ازدیاد ابعاد پنجره ها نیز باعث بهبود در تشخیص بافت می شود. اگرچه با افزودن ابعاد علاوه بر طولانی شدن زمان محاسبه، از کیفیت تشخیص لبه ها نیز کاسته می شود. بنابراین ابعاد پنجره باید یک تعادلی بین ایندو مسأله ایجاد نماید. البته می توان با متغیر قرار دادن طول پنجره ها، ابعاد را نیز تکامل داده و بهترین اندازه برای پنجره را بدست آورد.

۶- نتیجه گیری

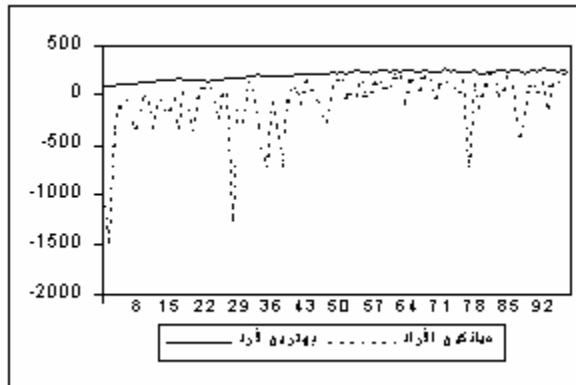
در این مقاله یک روش برای استخراج توصیفگرهای بهینه هم وقوعی در بافت با الگوریتم ژنتیک و بخش بندی بافت بر مبنای توصیفگرهای استخراج شده، شرح داده شد. این روش با سرپرستی از فرضیه تکامل طبیعی الهام گرفته شده است. کیفیت بخش بندی در این روش بستگی به قدرت تشخیص توصیفگرهای استخراج شده دارد. تنوع دادن به جمعیت توصیفگرها و ایجاد زیر جمعیتها کمک زیادی در گرفتن جواب بهینه می نماید. زیرا با اینکار علاوه بر اینکه از گرفتار شدن الگوریتم ژنتیک در نقاط بهینه محلی جلوگیری می کنیم، تغییرات محلی بافت را نیز می توانیم پوشش دهیم.



شکل ۲- تصاویر بافت آزمایشی و بخش بندی شده. (الف) یک بافت معمولی. (ب) تصویر بخش بندی شده الف. (ج) تصویر نویزی شده الف. (د) تصویر بخش بندی شده ج.



(الف)



(ب)

شکل ۳- نمودار تابع صلاحیت جمعیتها. (الف) جمعیت A (ب) جمعیت B.

البته این روش عیب همه روشهای با سرپرستی را دارد و آن نیاز به یک دانش اولیه در باره نوع بافت و تعداد بافتها است. اگرچه در بیشتر کاربردهای صنعتی و پزشکی این اطلاعات وجود دارد. آنالیز بافت بوسیله ماتریسهای هموقوعی به مقدار زیادی داده نیاز دارد. بنابراین علاوه بر زمان محاسبه و فضای حافظه زیاد، ممکن است باعث از دست رفتن اطلاعات مفید گردد. در این روش پس از مرحله استخراج توصیفگرها، بجای همه هموقوعی ها، از چند هموقوعی استفاده کرده و تصویر را بخش بندی می نماییم. بنابراین زمان محاسبه بطور قابل توجهی پایین می آید.

مراجع :

- 1- N.W. Campbell, B.T. Thomas, "Automatic selection of Gabor filters for pixel classification", IEE Trans. , IPA97, 761-765, (1997).
- 2- P. Andrey, P. Tarroux, "Unsupervised segmentation of markov random field modeled textured images using selectionist relaxation", IEEE Transactions on pattern analysis and machine intelligence, PAMI, vol 20, NO 3, 252-262, (1998).
- 3- J. Bala, J. Huang, H. Vafaie, K. De Jong, H. Wechsler, "Hybrid learning using genetic algorithms and decision trees for pattern classification", IJCAI conference, Montreal, (1995).
- 4- C. Jacquelin, A. Aurengo, G. Hejblum, "Evolving descriptors for texture segmentation", Pattern Recognition, Vol 30, No 7, 1069-1079, (1997).
- 5- T. Back, U. Hammel, H.P. Schwefel, "Evolutionary computation : comments on the history and current state", IEEE Trans. Evolutionary Computation, Vol 1, No 1, 3-17, (1997).
- 6- P.P. Ohanian, R.C. Dubes, "Performance evaluation for four classes of textural features", Pattern Recognition, Vol 25, No 8, 819-833, (1992).
- 7- J. Strand, T. Taxt, "Local frequency features for textures classification", Pattern Recognition, Vol 27, No 10, 1397-1406, (1994).
- 8- K. Valkealahti, E. Oja, "Reduced multidimensional co-occurrence histograms in texture classification", IEEE Trans. on pattern analysis and machine intelligence, PAMI, vol 20, NO 1, 90-94, (1998).
- 9- D. Dunn, W.E. Higgins, "Optimal Gabor filters for texture segmentation", IEEE Trans. Image Processing, 947-963, (1995).
- 10- D.N.Chun, H.S. Yang, "Robust image segmentation using genetic algorithm with a fuzzy measure", Pattern Recognition, Vol 29, No 7, 1195-1211, (1996).