

基于量子免疫克隆聚类的 SAR 图像变化检测

李阳阳, 吴娜娜, 焦李成, 尚荣华, 刘若辰

(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, 陕西 西安 710071)

摘要:传统的基于进化聚类方法在处理变化检测时耗时过长,在搜索最优聚类中心过程中容易陷入局部最优,对于 SAR 图像的变化检测存在边缘定位不够准确的缺点,提出了基于量子免疫克隆聚类的 SAR 图像变化检测方法.把图像的灰度值作为输入信息,通过量子比特定义聚类中心,通过量子免疫克隆算法来搜索最优聚类中心,从而得到更佳的全局阈值,最后根据阈值得到变化检测结果.实验结果表明,与 K&I 阈值法相比,可以得到更佳的全局阈值;与遗传聚类算法相比,可以快速、有效地搜索到更优聚类中心,准确定位边缘,提高变化检测精度.

关键词:变化检测; SAR 图像; 聚类; 量子免疫克隆算法

中图分类号: TP751.1 文献标识码: A

Change detection for SAR images based on quantum-inspired immune clonal clustering algorithm

LI Yang-Yang, WU Na-Na, JIAO Li-Cheng, SHANG Rong-Hua, LIU Ruo-Chen

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

Abstract: As the conventional evolutionary clustering optimization methods are often time-consuming and easy to trap in local optimal value in dealing with the problem of change detection. Furthermore, it can not detect the edge accurately for SAR images. We proposed a method for change detection in SAR images based on the clustering analysis. The proposed method takes gray-levels as an input, uses the quantum bit to define the clustering center, searches the optimal cluster center using the quantum-inspired immune clonal algorithm, and gets the global threshold. Finally, the change-detection map is produced. Compared with K&I threshold, it can achieve a better value. Compared with Genetic Algorithm Based Clustering (GAC), the proposed method can search a much better clustering center quickly and effectively. Besides, it can detect the accurate edge and improve the change detection accuracy.

Key words: change detection; SAR images; clustering; quantum-inspired immune clonal algorithm

PACS: 07.05. Pj

引言

随着合成孔径雷达 (synthetic aperture radar, SAR) 技术的快速发展和 SAR 图像分辨率的不断提高, SAR 图像技术被广泛应用于多个领域. 与光学遥感相比, SAR 系统可以全天候、全天时获取图像数据, 是较好的变化检测图像源. 遥感图像变化检测是通过对同一地区的不同时期的两幅遥感图像的比较分析, 根据图像之间的差异得到所需的地物变化

信息^[1-2]. SAR 图像变化检测技术在森林覆盖变化^[3]、土地利用/覆盖^[4]、城市环境变化^[5]等领域具有广泛的应用前景.

在 SAR 图像中寻找“非变化”和“变化”两分类的研究, 目前还处于刚起步阶段, 大致有两个路线^[6], 一是分类后比较方法 (即后分类比较法); 二是差异图分类方法. 后分类比较法能够减少由于数据获取平台和环境的不同引起的伪变化信息, 不需要数据的辐射校正等复杂的预处理. 差异图分类方

收稿日期: 2010-08-30, 修回日期: 2011-04-08

Received date: 2010-08-30, revised date: 2011-04-08

基金项目: 国家自然科学基金 (61001202, 60803098, 61075041); 陕西省“13115”科技创新工程重大科技专项 (2008ZDKG-37); 高等学校学科创新引智计划 (111 计划) (B07048); 国家部委科技项目 (9140A07011810DZ0107); 中国博士后科学基金 (200801426); 中国博士后科学基金 (20080431228, 20090451369, 20090461283); 中央高校基本科研业务费专项资金 (JY10000902001, JY10000902039, JY10000902040, K50510020011, JY10000902042)

作者简介: 李阳阳 (1979-), 女, 河南开封人, 博士, 副教授, 主要从事量子智能计算和模式识别, E-mail: yyli@xidian.edu.cn.

法简单直观,得到的变化细节较为显著.目前较多的研究是沿着差异分类模型这个路线进行的.从差异影像中提取变化区域是变化检测的另一个关键问题,而经典的变化检测算法是通过确定变化阈值来提取的,然而变化阈值的确定一直没有得到很好的解决.

针对上述已有方法的不足,采取差异分类模型,对差异影像图进行聚类分割,期望得到最优的全局阈值,从而将变化与非变化区域进行划分.提出了一种基于量子免疫克隆聚类算法的变化检测方法,用聚类来实现变化检测,把变化区域的检测问题看作组合优化问题,利用改进的量子免疫克隆聚类算法计算搜索,使亲合度函数最大化的序列组合作为变化检测结果,进而得到最优结果.

1 基于量子免疫克隆聚类的 SAR 图像变化检测

将量子计算和人工免疫系统相结合,提出了量子免疫克隆聚类算法和量子免疫克隆算法,并已应用于图像分割^[7]和多用户检测^[8].在此基础上,提出改进的量子免疫克隆聚类算法,该算法用 K 均值聚类对对数比差异影像图进行初始粗聚类,用量子比特来表示初始聚类中心,增加种群多样性,设计具有量子特性的变异和重组算子对聚类中心进行更新,增强算法的全局搜索能力,当满足停止条件,输出检测结果.算法的具体步骤如下:

步骤 1:对待检测的两时相图像进行简化处理.选取形态学中最常用的工具之一中值滤波器,窗口大小为 3×3 ,用该滤波器对输入的两时相图像进行滤波处理,得到滤波后的图像 I_1 和 I_2 ,滤波的目的是去掉小的噪声干扰以及对感知不重要的细节,对图像起到平滑作用,与经典的图像简化工具,如低通或中值滤波器相比,中值滤波器的优势在于简化图像而不造成图像模糊或改变图像轮廓.

步骤 2:按如下步骤对滤波后的图像 I_1 和 I_2 ,求对数比差异影像 I_3 ,并将得到的 I_3 的灰度值作为聚类数据集.

首先,按照式(1)求待变化检测两时相图像的对数比差异影像

$$I_D = |\log(I_2 + 1) - \log(I_1 + 1)| \quad (1)$$

其中 $I_1 = \{I_1(i,j), 1 \leq i \leq I, 1 \leq j \leq J\}$, $I_2 = \{I_2(i,j), 1 \leq i \leq I, 1 \leq j \leq J\}$;

其次,对差异影像进行归一化处理,得到对数比差异影像图

$$I_3 = \frac{255 * (I_D - I_{\min})}{(I_{\max} - I_{\min})} \quad (2)$$

其中 $I_{\max} = \max(I_D)$,表示 I_D 中最大灰度值, $I_{\min} = \min(I_D)$,表示 I_D 中最小灰度值.

步骤 3:设置初始化参数,利用 K 均值聚类生成初始量子抗体种群.

首先,按照量子免疫克隆算法设置抗体规模 $N = 20$ 、类别数 $k = 2$,同时给定停机条件,该停机条件包括最大亲合度值改变量的阈值 $\varepsilon = 10e - 5$ 以及连续无法改进次数 $n = 5$;

其次,初始量子抗体 $Q(t)$ 按如下定义产生,作为聚类数据集的初始聚类中心:一个具有 m 个量子比特位的抗体 $Q(t)$ 可以描述为:

$$Q(t) = \begin{bmatrix} \alpha_1 & \alpha_2 & \cdots & \alpha_m \\ \beta_1 & \beta_2 & \cdots & \beta_m \end{bmatrix} \quad (3)$$

其中 α, β 表示一个量子比特位,是用一对实数 $|\Psi = \alpha|0\rangle + \beta|1\rangle$ 来定义,这个实数表示一个量子比特位的状态可以取 0 或 1,这种表示方法能够表征任意的线性叠加态.该量子比特位处于状态 0 和状态 1 的概率分别是 $|\alpha|^2, |\beta|^2, |\alpha_i|^2 + |\beta_i|^2 = 1, (i = 1, 2, \dots, m)$.

对之前提出的量子免疫克隆聚类算法^[7]进行了修改,采用 K 均值对原始数据进行聚类,产生量子抗体种群.这部分修改主要针对量子比特的表示方法虽然增加了个体表达的多样性,但是随机性也与之增加,为了利用已有图像的先验知识,并不增加额外的计算开销,所以采取 K 均值来产生聚类中心作为初始种群个体.

步骤 4:将初始量子抗体 $Q(t)$ 观测成为二进制抗体 $p(t)$.通过观察初始量子抗体 $Q(t)$ 的状态,产生一组普通二进制解 $p(t)$,其中在第 t 代中 $p(t)$ 可以描述为:

$$P(t) = \{x'_1, x'_2, \dots, x'_N\} \quad (4)$$

其中 $x'_j (j = 1, 2, \dots, N)$ 是长度为 m 的二进制串 $(x_1 x_2 \cdots x_m)$,它是由量子比特幅度 $|\alpha_i|^2$ 或 $|\beta_i|^2$ ($i = 1, 2, \dots, m$) 得到的,其中 N 为种群规模.

产生二进制抗体 $(x_1 x_2 \cdots x_m)$ 的具体过程为:随机产生一个 $[0, 1]$ 数,若随机产生的数大于 $|\alpha_i|^2$,则相应的二进制位上取 1,否则取 0.

步骤 5:计算每个观测后的二进制抗体 $p(t)$ 与聚类数据集的亲合度函数 f_k ,保留当前群体中的最优抗体 q_{best} .

抗体亲合度函数定义为:

$$f_k = \frac{1}{1 + J} \quad (5)$$

$$J(X, U, V) = \sum_{j=1}^n \sum_{i=1}^c (\mu_{ij})^m d^2(x_j, v_i) \quad (6)$$

其中, i 表示类别, j 表示样本点, μ_{ij} 表示一个像素点样本 j 属于各个类别 i 的隶属度, m 表示模糊指数, $d(x_j, v_i)$ 表示第 v_i 个聚类中心到第 x_j 个像素样本之间的欧几里德距离。

步骤6: 将克隆后的量子抗体 $Q(t)$ 进行量子旋转门变异操作, 得到新的量子种群 $Q_m(t)$. 在此步骤中, 采用文献[7]中的克隆算子. 而各个状态间的转移是通过量子门变换矩阵实现的, 在0、1编码的问题中, 设计了下面这种量子门变换矩阵来加速进化求优:

$$U(\theta) = \begin{bmatrix} \cos(\theta) & -\sin(\theta) \\ \sin(\theta) & \cos(\theta) \end{bmatrix} \quad (7)$$

$U(\theta)$ 表示量子旋转门变换矩阵, 旋转变异的角度 θ 可由表量子旋转门变异角 θ 变化表得到, 用量子旋转门的旋转角度表征了量子抗体中的优化方向, 进而方便的在变异过程中加入最优抗体的信息, 加快算法收敛。

步骤7: 将新的量子种群 $Q_m(t)$ 进行量子全干扰交叉重组操作, 得到 $Q_c(t)$, 并将其作为新的聚类中心. 采用一种新的重组操作——“全干扰交叉”^[8], 该量子重组操作采用对角线交叉的方式, 让处于对角线上的抗体经过这种量子重组方式之后处于同一行上面, 这样保证了种群中的所有抗体均参与重组, 这种量子重组可以充分利用种群中的尽可能多的抗体的信息, 从而改进普通交叉的局部性与片面性, 在种群进化出现早熟时, 这种量子重组方法能够产生新的抗体, 可以给进化过程注入新的动力。

步骤8: 将新的量子种群 $Q_c(t)$ 观测成为二进制抗体 $p_c(t)$, 计算每个抗体与聚类数据集的亲合度函数值 f_c ;

步骤9: 对 $p_c(t)$ 进行选择操作, 得到子代抗体 $p(t+1)$. 采用的是精英选择策略, 即在进化过程中, 如果某一代中的最优解的亲合度函数值优于当前代最优解的亲合度函数值, 则当前代最优解就被该最优解所代替, 否则保留当前代最优解, 从而可以保证在进化过程中每一代的最优解都不会丢失。

选择操作的目的是选择出亲合度较高的抗体, 这些抗体对应的差异图像的变化检测的结果要好于亲合度低的抗体对应的差异图像的变化检测结果, 采用精英选择策略可以保证某一代的最优解在整个进化过程中可以毫发无损地被保留下来。

步骤10: 输出图像类属划分结果的条件判断. 按照输出差异影像图的变化检测结果时最佳的抗体亲合度改变量至少连续迭代 n 次不变的原则, 判断停机条件, 如果第 t 代与 $t+1$ 代最大亲合度值之差不大于阈值 $\varepsilon = 10e-5$, 则 $n = n+1$, 否则, n 不变, 如此反复迭代, 直到满足 n 次不大于已设定的阈值 $\varepsilon = 10e-5$, 就将该抗体中亲合度最高的抗体对应的图像类属划分作为输出结果, 否则返回步骤(4), 循环执行步骤(4) ~ (10), 直到满足输出类属划分结果的停机条件为止。

2 实验结果及分析

为了验证算法的有效性, 进行了相关实验, 并与基于差异图像分割的变化检测方法——K&I 阈值算法^[9]和经典的遗传聚类算法所得到的变化检测结果进行比较分析. 电脑配置 CPU 为 P-IV 2.33G, 内存为 2G, 独立 20 次运行实验。

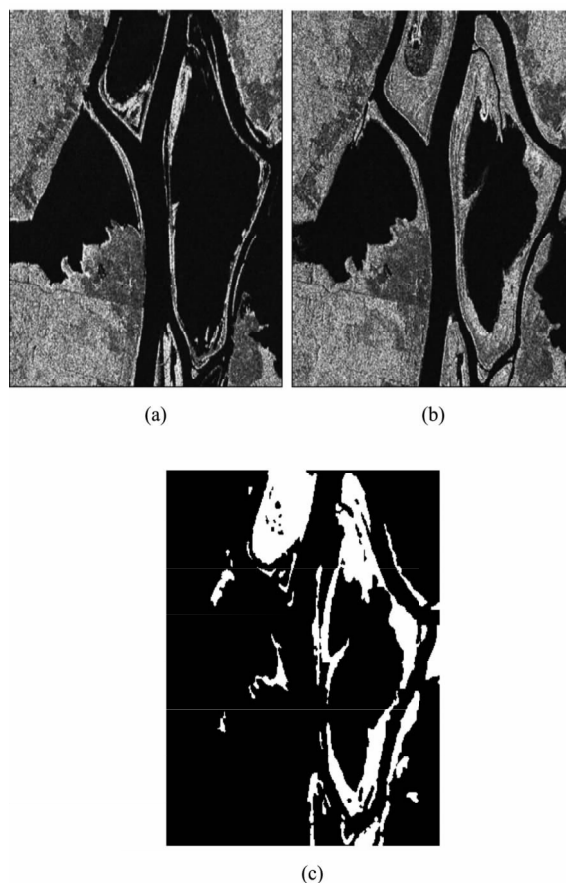


图1 Ottawa地区的Radarsat SAR图像 (a)1997年5月的图像 (b)1997年8月的图像 (c)变化参考图

Fig.1 Radarsat SAR image of Ottawa area (a) image acquired in May 1997 (b) image acquired in August 1997 (c) reference image

2.1 实验数据描述

实验一是 Ottawa 地区水灾的 Radarsat SAR 图像,大小为 290×350 ,如图 1 所示.其中变化目标数为 16049.由图 1(a)和(b)可知,地物信息分为三类:深水区、浅水区和陆地区.在该研究地区,由于夏季雨季来临,洪水引起地区变化.对比图 1(a)和(b),主要的变化有:深水区到浅水区的变化,深水区到陆地区的变化和浅水区到陆地区的变化.

另一组实验数据是 Bern 城市水灾的 SAR 图像,大小为 301×301 ,如图 2 所示.其中真实变化目标数为 1155.由图 2(a)和(b)可知,地物信息分五类:建筑物,农田,深水区,浅水区,河滩.对比图 2(a)和(b),在 1999 年 5 月水灾引起的变化区域中,存在部分小面积的变化区域.

2.2 变化检测结果及分析

(1) Ottawa 地区变化检测结果及分析

变化检测结果如图 3 所示.由图可见,文中算法图像孤立像素点有所减少,边缘较平滑.与 K&I 阈值法和遗传聚类算法的变化检测结果对比分析见表 1.

由表 1 可见,K&I 阈值检测方法的虚检数高达 1204,这是由于该方法要求对变化与非变化的两类做分布上的估计,非变化类能够较好地符合假设估

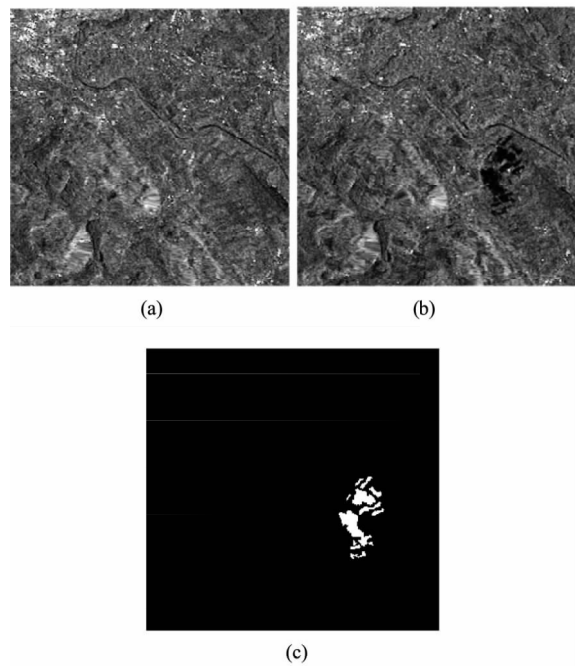


图 2 Bern 城市水灾的 SAR 图像 (a)1999 年 4 月的图像 (b)1999 年 5 月的图像 (c)变化参考图

Fig.2 SAR image of Bern in Switzerland (a) image acquired in April 1999 (b) image acquired in May 1999 (c) reference image

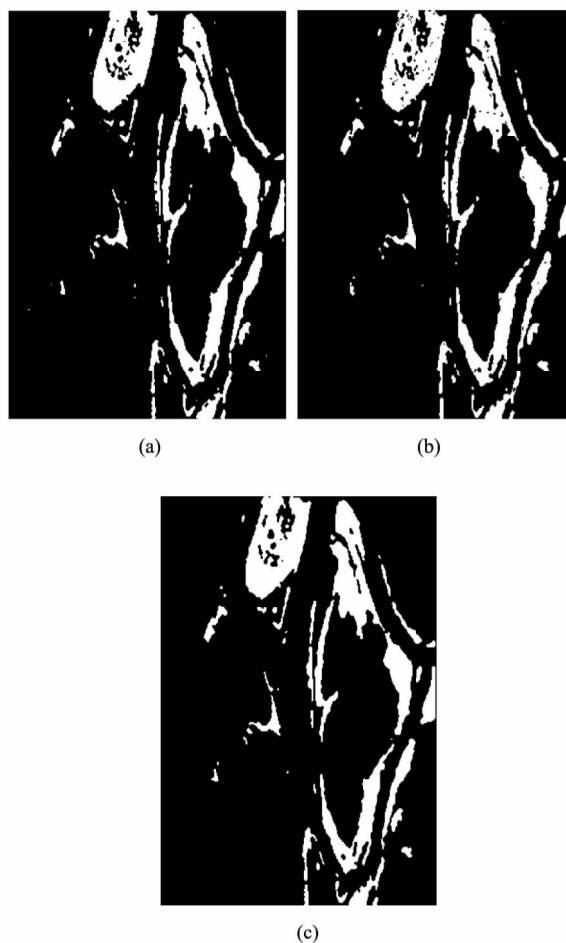


图 3 Ottawa 地区水灾检测结果 (a)K&I 阈值检测 (b)遗传聚类算法检测 (c)文中方法的检测

Fig.3 The detection results for Ottawa area (a)K&I threshold (b)GAC (c)our method

计的高斯分布,而对于变化类,由于变化类中像素较少,且波动较大,像素集中度不高,与估计的模型相比并不符合,导致阈值的选择亦偏小,当阈值较低时,能够检测到大部分的变化区域,但是图像中的虚警也比较高;遗传聚类算法检测方法的错误检测目标数为 2437,说明该方法易陷入局部最优;.文中算法的错误检测数和虚检数大大低于遗传聚类算法和 K&I 阈值方法.

表 1 Ottawa 地区图像变化检测分析表

Table 1 The analysis of detection results for Ottawa area

方法	对比内容				运行时间/s
	错检数	虚检数	总错误数	错误检测率	
文中算法	1971	299	2270	2.24%	3.899
K&I 阈值算法	3191	1204	4395	4.33%	0.677
遗传聚类算法	2437	494	2831	2.79%	4.962

(2) Bern 城市水灾变化检测结果及分析

变化检测结果如图4所示.图4(a)是K&I 阈值检测结果,受斑点噪声影响而产生的孤立点较多;图4(b)是遗传聚类算法检测结果,视觉效果也比较差;图4(c)是文中算法的检测结果,很明显孤立点较少.与K&I 阈值算法和遗传聚类算法的变化检测结果分析见表2.

表2 Bern 城市水灾图像变化检测分析表
Table 2 The analysis of detection results for Bern in Switzerland

方法	错检数	虚检数	总错误数	错误检测率	运行时间/s
文中算法	294	98	392	0.43%	3.602
K&I 阈值算法	454	275	729	0.8%	0.785
遗传聚类算法	387	188	575	0.63%	6.744

由表2可见,K&I 阈值算法仍然采用高斯分布估计两类问题,虚检数高;遗传聚类算法也未能获得更佳的聚类中心,错检数较高.文中方法由于采用量子比特编码,并设计了具有量子特性的变异和重组算子,增强了算法的全局搜索能力,且无需对问题进行分布类型的假设估计,鲁棒性强,因此得到变化检

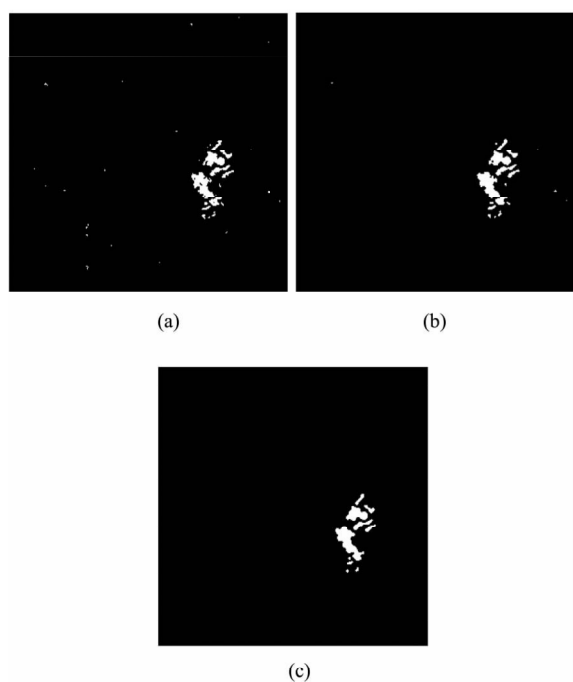


图4 Bern 城市水灾变化检测结果 (a)K&I 阈值检测 (b)遗传聚类算法检测 (c)文中方法检测

Fig.4 The detection results for Bern in Switzerland (a)K&I threshold (b)GAC (c)our method

测精度达到 99.57%,明显优于遗传聚类算法和K&I 阈值算法.从表1和表2的运行时间上看,K&I 阈值算法运行时间最短,文中算法次之,遗传聚类算法最长.

3 结论

给出了一种基于量子免疫克隆聚类的 SAR 图像变化检测方法,把变化检测问题看成组合优化问题,能够有效地搜索到最佳全局阈值,检测出变化目标或区域.实验结果表明,文中方法在图像聚类过程中,由于借鉴量子并行计算特性,有效改进遗传聚类算法陷入局部最优的缺点,能够快速且有效地搜索到更优聚类中心,从而得到更佳的全局阈值,提高了变化检测精度;和K&I 阈值法相比,较强的全局搜索能力和鲁棒性,得到了更佳的全局阈值,降低了虚检数,能够精确地检测真实变化信息.

REFERENCES

- [1] Singh A. Digital change detection techniques using remotely sensed data[J]. *International Journal of Remote Sensing*, 1989, **10**(6):989-1003.
- [2] Radke R J, Andra S, Al-Kofahi O, et al. Image change detection algorithms: a systematic survey[J]. *IEEE Transactions on Image Processing*, 2005, **14**(3):294-307.
- [3] Fransson J E S, Walter F, Blemow K, et al. Detection of storm-damaged forested areas using airborne CARABAS-II VHF SAR image data[J]. *IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing*, 2002, **40**(10):2170-2175.
- [4] Mas J-F. Monitoring land-cover changes: a comparison of change detection techniques[J]. *International Journal of Remote Sensing*, 1999, **20**(1):139-152.
- [5] Ridd M K, Liu J J. A comparison of four algorithms for change detection in an urban environment[J]. *Remote Sensing Environment*, 1998, **63**(2):95-100.
- [6] Li De-Ren. Change detection from remote sensing images[J]. *Geomatics and Information Science of Wuhan University* (李德仁. 利用遥感影像进行变化检测. *武汉大学学报·信息科学版*), 2003, **28**(s1):7-12.
- [7] Li Y Y, Wu N N, Ma J J, et al. Quantum-inspired immune clonal clustering algorithm based on watershed[C]. In: *Proceedings of The 2010 IEEE Congress on Evolutionary Computation, CEC2010*, Barcelona, Spain, July 18-23, 2010:3905-3911.
- [8] Jiao L C, Li Y Y, Gong M G, et al. Quantum-inspired immune clonal algorithm for global optimization[J]. *IEEE Trans. Syst., Man, Cybern. B, Cybern.*, 2008, **38**(5):1234-1253.
- [9] Kittler J, Illingworth J. Minimum error thresholding[J]. *Pattern Recognit.*, 1986, **19**(1):41-47.