

基于优化 k 均值建模的运动目标检测算法

蔡娟 李东新

(河海大学计算机与信息学院 南京 211100)

摘要:在对运动目标检测构建出精准的背景模型的方法中, k 均值聚类算法是一种快速且简单有效的划分法,对于大型数据集,可伸缩且高效 k 均值聚类算法被广泛应用。但是,该算法会对初始聚类中心的变化表现得敏感,聚类中心的变化常会使得算法误差较大。本文将介绍一种对初始聚类中心选择改进法:利用遗传算法能高效地全局搜索出最优解这一特点,克服了 k 均值聚类算法易陷入局部最优解的缺点。改进后的遗传算法MAGA能快速地提取出最优初始聚类中心,通过实验仿真总结出基于MAGA的 k 均值聚类建模精确度比较高,对检测小而多的运动目标存在很大优势。

关键词:MAGA遗传算法; k 均值聚类算法;运动目标检测;聚类中心

中图分类号: TN820.4 TP301.6 **文献标识码:** A **国家标准学科分类代码:** 510.4050

Movingtarget detection algorithm based on k-means optimized modeling

Cai Juan Li Dongxin

(College of Computer and Information, Hohai University, Nanjing 210000, China)

Abstract: On moving target detection construct accurate background modeling method, k-means clustering algorithm is a fast and simple and effective classification method, for large data sets, scalable and efficient k-means clustering algorithm is widely used. However, the algorithm will be sensitive to the change of the initial clustering center performance, the clustering center changes often makes the algorithm error is bigger. This article introduces an improved method to choose the initial clustering center: by using the genetic algorithm can efficiently global search out optimal solutions to this characteristic, overcome k-means clustering algorithm is easily plunged into local optimal solution of the shortcomings. The improved genetic algorithm (MAGA) quickly extract the optimal initial clustering center, through the experimental simulation is summarized on the basis of MAGA k-means clustering modeling accuracy is higher, to detect small number of moving targets there is a big advantage.

Keywords: MAGA genetic algorithm; k-means clustering algorithm; moving target detection; the clustering center

1 引言

视觉监控系统是近年来计算机视觉领域的前沿研究方向,在交通状况监控、动态环境中运动目标实时观测、自动驾驶系统中具有广泛应用前景^[1]。计算机视觉技术中一个新的发展方向是智能监控,智能视觉能实现智能监控,其中运动目标检测与跟踪技术是视觉监控系统中的核心部分,具有重要的研究意义和应用价值^[2]。在视频图像序列中,利用运动目标检测方法读取其中所感兴趣的运动变化相关区域,从而提取视频图像序列中运动中的目标

信息,进而才能完成对运动目标的识别与跟踪等后续更高级的处理工作。随着互联网的发展,需处理的数据量也呈指数型增长,聚类就成了一个可行的数据分析研究方法,其中 k 均值聚类算法是一种快速的且简单有效的划分法^[3],对于大型数据集,可伸缩且高效, k 均值聚类算法被广泛应用。在这里,本文针对应用最为广泛的 k 均值方法的缺点,提出了基于遗传算法的 k 均值聚类分析方法。实验表明,新方法在聚类问题中得到的结果要优于传统 k 均值聚类方法,但由于用到了遗传操作,聚类速度相对于 k 均值方法要慢一些。

2 对传统 k 均值聚类分析

k 均值聚类就是固定 k 类的聚类方法,该算法根据最小距离准则对样品进行分类,常用在对数据流的聚类上,其优点是简单与快速。该算法的基本思想为随机地选择 k 个对象,被选择的 k 个对象中的每个对象都表示为一个聚类中心。对于其他没被选上的每一个对象,判断各聚类中心与漏选对象的间隔,然后把该对象划分给与之间间隔最小聚类中心中,使得聚类中心集合(简称簇)内部对象之间相似度最大化,同时簇与簇之间对象的相似度最小化。簇的相似度指的是簇中各对象的均值度量,也可以表示为簇的质心或者重心。最后就是计算每个聚类集合的新中心,重复上述步骤,到准则函数收敛时停止^[4]。

假设存在对某个样本空间某一次聚类,其结果中第 i 类 C_i 中有 N_i 个样本,这些样本的均值为 m_i ,表示为:

$$m_i = \frac{1}{N_i} \sum_{x \in C_i} x \quad (1)$$

那么所有样本 x 与相应类别聚类中心 m_i 之间的误差平方和为 J_e ,表示为:

$$J_e = \sum_{i=1}^k \sum_{x \in C_i} \|x - m_i\|^2 \quad (2)$$

式中: J_e 表示了用 k 个类别中心 $m_1, m_2, m_3, \dots, m_k$ 表示 k 个样本子集 $C_1, C_2, C_3, \dots, C_k$ 时产生总误差平方。 J_e 不同则聚类结果不相同,因此当 J_e 最小时,误差平方和准则下,该聚类结果最优。 k 均值聚类算法的不足之处表现为: 1) 在 k 均值聚类算法中 k 表示聚类个数,需要被预先给定。大多数情况下,并不清楚对给定的数据集进行怎样划分。2) 该算法在对初始值的选择上依赖性极大,且该算法容易陷入局部极小解。 k 均值聚类算法在选取 k 个初始聚类中心点是随机的,导致算法效果的上下波动。利用 k 均值聚类算法的聚类准则函数(目标函数),在初始中心集合中通过迭代的重定位技术来得到最优聚类中心直至算法收敛。所以,对初始值的选择不同,常会使得算法误差较大。韩凌波等^[5]通过计算每个数据的密度参数,将 k 个密度分布最高的点作为初始聚类中心。针对传统的 k 均值聚类算法在选择初始对象时不能找出最优解,并且其结果具有随机性这一缺点,本文将介绍一种对初始聚类中心选择改进法:结合 MAGA 遗传算法来获取出的最优解作为初始值。

3 改进的自适应遗传算法 MAGA

遗传算法是基于自然选择和遗传规律的搜索方法,该方法是随机选择与适者生存理论的结合,群体中的强者拥有更大的机会将其基因传给后代^[6]。可以简单地将一个实际问题的不同解编码成位串也就是所谓个体 $(X_i(t))$,并评价它们的适应度 $(f(X_i(t)))$,然后基于个体的适应度,按一定比例 $(P_s(X_i(t)))$ 选择个体,进行遗传操作,遗传操作包括交叉和变异两步,这两步操作也是按一定概率

(交叉概率 P_c ,变异概率 P_m)进行的^[7]。在进行若干代遗传操作后,算法就很有希望找到最优解或近似最优解。但是传统的遗传算法会使得整个演化趋向的是局部最优解,即最后所得结果不是全局最优解。由于遗传算法采用群体的方式进行搜索,这使得它可以同时搜索空间内的多个区域。在赋予遗传算法自组织、自适应、自学习能力的同时,优胜劣汰的自然选择和遗传操作使遗传算法具有不受其搜索空间限制性条件的约束和不需要其他辅助信息的特点。对此本文对交叉算子与变异算子做出了改进,提出了一种改进的自适应遗传算法(modified adaptive genetic algorithm, MAGA),主要目的是使得 P_c 和 P_m 的设置更加合理,使得 MAGA 比传统的遗传算法收敛到全局最优解速度变快,收敛精度也被提高,性能更好。这样改进后的遗传算法在一定程度上降低了传统算法的缺陷,使得接下来要研究的背景模型的建立更加准确,对运动目标检测结果更加可靠。

4 基于 MAGA+ k 均值聚类运动目标检测

基于 MAGA 的 k 均值聚类算法相比于常用的 k -均值聚类算法,主要改善是在对初始的 k 个聚类中心的选择方式上。算法通过 MAGA 来选择最初的 k 个聚类中心,利用遗传算法寻找最优解的优点来确保解的全局最优性^[8],而 MAGA 在寻求全局最优解上算法性能又有所提高,使得背景模型的建立更加准确,对运动目标检测结果更加可靠。

1) 编码

在当前的研究中, k 均值聚类的 GA 编码主要有两种: 1) 将 k 个随机生成的聚类中心编成染色体; 2) 将每个数据对象所属簇类号作为染色体的基因值。方法二中数据集数据总数表示染色体长度,当数据集较大时,编码法 2) 聚类计算将会变得复杂,因此本文选编码方式 1)。该方法的染色体长度短,便于计算,且当交叉与变异后内存空间也不会扩大,聚类的效率高。本文对运动目标的检测,待聚类数据集借用第四章中所述,对每帧图像像素值进行聚类,编码基因值的符号用聚类中心编号表示,即实数编码,聚类中心编号表示染色体基因值,聚类数目表示染色体的长度,由事先给出 k 值,则染色体长度固定。具体编码形式为: $X = (X_1, X_2, \dots, X_k)$, k 表示染色体的聚类中心数目, X_i 表示在数据集中所选数据的编号。

2) 初始化种群

初始群体中个体的数目为 M , M 的取值一般设为 20~100,此时能同时保证 GA 的搜索效率和种群的多样性,避免早熟现象。类别数 k 将对应染色体长度,作为输入的聚类参数,且其值大小依据实际情况,就能兼顾算法的准确性和算法规模。具体操作如下:

Step. 1 设置 M ;

Step. 2 从初始群体里选取聚类中心 k 个,编为染色体 R ,如果随机选取出的聚类中心已经存在于同一条染色体

中,则删除此中心,然后重新选择,直到中心数达到 K ;

Step. 3 直到种群规模数达到 M 。

3) 适应度函数

本文评价初始聚类中心优劣依照聚类结果的好坏来判断。由于 k 均值算法中聚类目标函数 J_c 越小,代表聚类效果越好,适应度函数 F 为 J_c 的倒数,即:

$$F = 1/J_c \quad (3)$$

J_c 越小, F_1 越大,聚类的效果就越好,聚类时,每组初始聚类中心都是一条染色体,也就是说,对每一条染色体都会执行一次 k 均值聚类运算,再根据聚类结果计算各染色体适应度。

4) 遗传操作与交叉变异概率自适应调整。

其中遗传操作采用轮盘赌法^[9],单点交叉和均匀变异^[10],而这里的交叉变异概率的自适应调整则采用本文改进后的 MAGA 中的表示方法。

5) 存优、算法终止。

算法流程如图 1 所示。

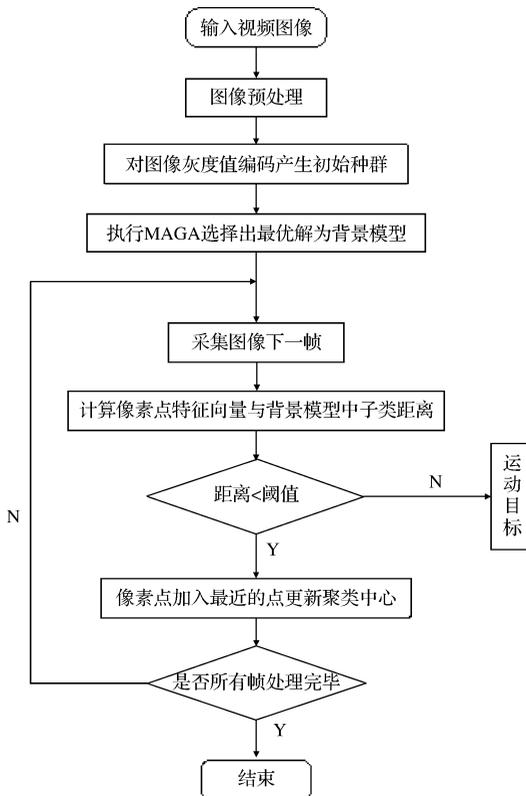
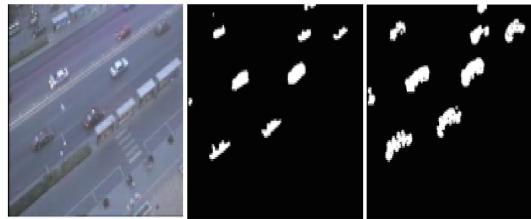


图 1 基于 MAGA+ k 聚类运动目标检测流程

5 基于 MAGA+ k 检测仿真与结果分析

5.1 基于 MAGA+ k 检测仿真

本文将通过对车辆行驶的俯视视频进行检测仿真,将对基于传统 k 均值建模方法以及本文提出的基于 MAGA+ k 均值聚类建模检测运动目标进行仿真比较,检测仿真结果如图 2 所示。



(a) 原图 (b) 传统 k 均值 (c) MAGA+ k 均值

图 2 检测仿真结果

由图 2 可以发现,传统 k 均值建模的检测目标效果不够全面,有时候会埋没于背景中。而 MAGA+ k 检测法在检测结果显示上更加清晰可辨,对动态背景具有很好的适应性,能及时对变化的背景做出调整更新,并且能够保证检测结果的完整性,对模型的建立能极大程度的复原,即能够较为准确地提取出运动目标的信息,精准度较高。所以,可以得出由本文提出的 MAGA+ k 检测法检测出的效果极大地优于基于传统的 k 均值聚类建模的方法检测效果。

5.2 仿真数据比较

在被检测的视频图像序列里,本文设定每个像素有 4 种分类:真阳性(TP)、假阳性(FP)、真阴性(TN)、假阴性(FN); TP 表示前景像素被正确分类, FP 表示背景像素被错分类为背景像素, TN 表示背景像素被正确分类, FN 表示前景像素被错分类为背景像素。根据像素的分类结果,我们用相似度(P_s)、精确度(P_r)、灵敏度(P_t)以及运行时间(t)来进行评估,其中:

$$\begin{cases} P_s = \frac{TP}{TP + FP + FN} \\ P_r = \frac{TP}{TP + FP} \\ P_t = \frac{TP}{TP + FN} \end{cases} \quad (4)$$

在本实验中,将 MAGA+ k 检测法和传统的 k 均值聚类算法做比较,对背景模型建立的效果在 3 个方面比较,以及对运动目标检测运行时间做出比较,得到的结果具体如表 1 所示。

表 1 实验统计表

方法	相似度 (P_s)	精确度 (P_r)	灵敏度 (P_t)	耗时 (t /ms)
k 均值	0.903 5	0.872 6	0.803 8	135
MAGA+ k 均值	0.925 8	0.927 3	0.838 6	245

由表 1 中结果显示,根据改进后的 MAGA+ k 算法使得在背景模型建立与背景本身做出比较后,在相似度、精确度和灵敏度上均优于传统算法所建立的模型,只是随着算法复杂度提高耗时也会增多,即 MAGA+ k 检测算法在运动目标检测运行时间上稍有不足,但其对运动目标的检测更加精准。

6 结论

本文对 k 均值算法获得最优解的问题进行了研究,发现随机初始化会对该算法性能产生影响,不同的初始化中心会产生不稳定的聚类结果。而本文提出的基于遗传算法的 k 均值聚类算法很好的克服了上述缺陷。大量测试证明其不仅能够得到全局最优解,也能很好地解决 k 均值聚类方法对初始聚类中心敏感的问题,还能更加精准的检测运动目标,为聚类分析提供了一个新的思路。

参考文献

- [1] 李劲菊,朱青,王耀南. 一种复杂背景下运动目标检测与跟踪方法[J]. 仪器仪表学报,2010,31(30):2242-2247.
- [2] 杨会锋,曹洁,帅立国. 基于改进均值聚类算法的背景建模方法[J]. 电子测量与仪器学报,2010,24(12):1114-1118.
- [3] 云廷进,郭水彩,高潮. K-均值聚类中心分析法实现红外人体目标分割[J]. 光电工程,2008,35(3):140-144.
- [4] 孙可,刘杰,王学颖. K 均值聚类算法初始质心选择的改进[J]. 沈阳师范大学学报:自然科学版,2009,27(4):448-450.

- [5] 韩凌波,王强. 一种改进的 k-means 初始聚类中心选取算法[J]. 计算机工程与应用,2010,46(17):154-156.
- [6] 舒祥波. 一种自适应遗传算法的聚类分析及应用[J]. 信息技术,2011,35(4):190-192,196.
- [7] 赖玉霞,刘建平,杨国兴. 基于遗传算法的 K 均值聚类分析[J]. 计算机工程,2008,34(20):200-202.
- [8] 白建勋,杨洪耕,吴传来,等. 基于自适应遗传算法的负荷特性分类[J]. 电工电能新技术,2012,31(4):92-96.
- [9] 陈雯祯,李琪. 一种基于轮盘赌选择的改进遗传算法[J]. 福建电脑,2016,32(5):50-51.
- [10] 郭广颂,王燕芳. 包含交叉和变异操作的交互式遗传算法[J]. 计算机工程,2015,41(3):182-185.
- [11] 刘自然,王律强,李爱民,等. 遗传 BP 神经网络试车台振动趋势预测[J]. 中国测试,2015(8):118-121.

作者简介

蔡娟,女,1992 年出生,河海大学硕士研究生,主要研究方向为图像处理。

E-mail:2568090154@qq.com

(上接第 19 页)

- [10] 何卫国,彭科容. 一种小型空空导弹舵面锁制器的设计实现[J]. 科技资讯,2009(20):94-94.
- [11] 陈振珩,刘雨时. 基于性能退化数据可靠性评定的常用模型研究[J]. 电子测量与仪器学报,2008,22(增刊2):22-25.
- [12] 周月阁,叶雪荣,翟国富. 基于性能退化和 Monte-Carlo 仿真的系统性能可靠性评估[J]. 仪器仪表学报,2014,35(5):1185-1191.

- [13] 潘刚,梁玉英,吕萌,等. 雷达板级双应力交叉步降加速退化试验优化设计[J]. 中国测试,2014(1):137-140.

作者简介

杜向辉,1977 年 5 月出生,学士,工程师,主要研究方向为航空军械装备研制生产及质量管理。

E-mail:zhangj820510@163.com