

浙江理工大学

Zhejiang Sci-Tech University

硕士学位论文

MASTER'S THESIS



论文题目: 基于 CIELAB 均匀颜色空间和聚类算法的

混纺测色研究

学科专业: 计算机应用技术

作者姓名: 王林吉

指导教师: 王兆青教授

递交日期: 2010-3-12

浙江理工大学学位论文原创性声明

本人郑重声明：我恪守学术道德，崇尚严谨学风。所呈交的学位论文，是本人在导师的指导下，独立进行研究工作所取得的成果。除文中已明确注明和引用的内容外，本论文不包含任何其他个人或集体已经发表或撰写过的作品及成果的内容。论文为本人亲自撰写，我对所写的内容负责，并完全意识到本声明的法律结果由本人承担。

学位论文作者签名：王林吉
日期：2016年 3月 11日

浙江理工大学学位论文版权使用授权书

学位论文作者完全了解学校有关保留、使用学位论文的规定，同意学校保留并向国家有关部门或机构送交论文的复印件和电子版，允许论文被查阅或借阅。本人授权浙江理工大学可以将本学位论文的全部内容编入有关数据库进行检索，可以采用影印、缩印或扫描等复制手段保存和汇编本学位论文。

保密口 ，在 _____ 年解密后使用本版权书。

本学位论文属于

不保密口 。

学位论文作者签名：王林吉

日期：2010年3月12日

指导教师签名：王林吉

日期：2010年3月12日

摘 要

随着计算机技术和图像处理技术的不断发展,其相关技术已经被越来越广泛的应用到我国纺织工业中,使我国的纺织工业化程度有了很大的提高。

混纺织物产品是目前广泛被消费者所使用的一类重要的纺织产品。由于该类产品的生产需要经过染色打样、混色打样、试纺及织样试验来确认,加上全凭经验的人工试验,试样的周期长,从而影响了产品的开发。如果能对混纺织物产品颜色进行快速、准确的测量将对其生产起到积极的作用。论文在掌握国内外研究现状的基础上,对在 CIELAB 均匀颜色空间下利用颜色间色差关系和聚类算法技术对混纺织物图像颜色测量进行了研究。论文主要内容和研究成果如下:

(1)混纺织物图像中由于摄取设备、周围环境及混纺织物组织结构的影响使图像中存在了很多杂色,这些杂色的存在一定程度上影响了颜色的准确测量。论文首先根据混纺织物固有的特点对混纺织物图像进行了预处理,减少了杂色对颜色测量的影响。

(2)分析了不同颜色空间的特点及颜色参数的表示,研究了不同颜色空间下颜色参数的转换关系和在 CIELAB 均匀颜色空间下颜色色差关系的计算。

(3)分析了人工免疫算法的原理和特点,针对单克隆选择算法的不足之处,对其进行了适当改进,提出了免疫记忆多克隆选择算法。主要改进措施有:采用了浮点数编码方法;采用多种操作算子;能自适应调整算法参数;根据亲和度大小将抗体群划分为三类,对每类抗体群采用不同的操作算子。最后对典型函数进行了测试,说明了算法的全局收敛性。

(4)对模糊 C 均值(FCM)聚类算法进行了改进,提出了模糊核层次聚类算法。主要改进措施有:采用了核函数方法;增加了截集因子;采用免疫记忆多克隆选择算法对目标性能函数进行优化;采用二叉树分裂方式进行聚类,实验结果证明了该算法能有效克服 FCM 算法的不足之处。

(5)最后利用上述研究和方法对混纺织物图像进行了颜色测量,得出了在 CIELAB 颜色空间下和 CIERGB 颜色空间下颜色参数,并对测量结果进行了分析。

关键词: 颜色测量, 均匀颜色空间, 色差, 克隆选择算法, 聚类分析, 模糊聚类

Research the Color Measurement for the mixed fabric

Based on the Uniform Color Space CIELAB and Cluster Algorithm

Abstract

With computer and image processing technology improving, the related technology has been more and more widely used in the area of our country's textile industry and greatly improved our country's textile industry.

Currently, mixed fabric is an important kind of textile products which is widely used by the consumer. In order to manufacture the mixed fabric, we have to go through the following steps: color stain proofing, mix proofing, try spinning and weaving. It has a long test cycle and its quality depends on workers' experience. So it affects the production of the mixed fabric. The quick and accurate color measurement for the mixed fabric will play an active role in its production. Based on the research in the world in this area, the dissertation discusses the research of color measurement for the mixed fabric using the chromatic aberration and cluster algorithm technology based on the uniform color space CIELAB. The main contents and research contributions of the dissertation are as follows:

(1) There is a lot of variegated color in the mixed fabric image due to intake of equipment, surrounding environment and the structure of mixed fabric weave. The existence of variegated color affects the color measurement for the mixed fabric. The mixed fabric image firstly be processed according to its inherent characteristics, which reduce the impact of variegated color in the color measurement.

(2) Analyzing the different color space and the color parameter in these color space, researching the color parameter transformation relations in these color space, calculating the chromatic aberration in the uniform color space CIELAB.

(3) Based on analysis of the principle and features of Artificial Immune Algorithm (AIA), the dissertation summarizes the shortcomings of Single Clonal Select Algorithm and gives a new improved algorithm called Memory and Multical Clonal Selection Algorithm. The main measures taken in this algorithm are: using float encode; many operator to be added; adjustment dynamically parameters; the

entire group to be divided into three kinds of antibodies group according to the affinity, different group with different operator. The simulation results of the typical test functions show that it can reach global convergence.

(4)Fuzzy c mean (FCM) clustering algorithm is improved and turned into fuzzy kernel level clustering algorithm. The main measures taken in this algorithm are: using the kernel function; the cut factor to be added; performance function to be optimized by Memory and Multical Clonal Selection Algorithm; the application of binary-tree split level clustering approach. The simulation results show that the algorithm can effectively overcome the lack of FCM algorithm.

(5)At last, using the above research and methods to color measurement for the mixed fabric, obtaining the color parameters in color space CIELAB and color space CIERGB and analyzing the results.

Key words: color measurement, uniform color space,chromatic aberration, clonal selection algorithm, cluster analysis, fuzzy clustering

目 录

摘要

Abstract

第一章 绪 论	1
1.1 论文研究背景与意义	1
1.2 国内外研究现状	2
1.2.1 颜色测量技术的发展和现状	2
1.2.2 均匀颜色空间及色差技术的发展和现状	3
1.2.3 聚类算法技术的发展和现状	4
1.3 论文研究内容、篇章结构及成果	6
1.3.1 论文的研究内容与篇章结构	6
1.3.2 论文的研究成果	8
第二章 混纺图像预处理	9
2.1 引言	9
2.2 基于小波变换的图像预处理	9
2.2.1 小波变换和 Radon 变换	12
2.2.2 混纺织物纹理方向检测	16
2.2.3 图像旋转和水平纹理提取	18
2.3 基于二值化的图像预处理	21
2.4 本章小结	23
第三章 颜色空间转换及色差计算研究	24
3.1 颜色定义	24
3.2 颜色空间介绍及参数转换	25
3.2.1 CIERGB 颜色空间	25
3.2.2 CIEXYZ 颜色空间	26
3.2.3 CIELAB 均匀颜色空间	29
3.3 色差计算	31
3.4 实验数据	33
3.5 本章小结	33
第四章 基于免疫记忆多克隆选择算法的模糊核层次聚类算法	35
4.1 人工免疫算法	35
4.1.1 生物免疫系统	35
4.1.2 人工免疫算法原理	36
4.1.3 人工免疫算法特点及应用	37
4.1.4 克隆选择算法	38
4.2 免疫记忆多克隆选择算法	40
4.2.1 算法基本思想	40
4.2.2 算法基本函数	41
4.2.3 算法基本步骤	43
4.2.4 实验结果及分析	44
4.3 聚类算法及常用模糊聚类算法分析	48
4.3.1 聚类算法概念及分类	48
4.3.2 硬 c 均值聚类算法	50

4.3.3 模糊 c 均值聚类算法.....	52
4.4 模糊核层次聚类算法.....	56
4.4.1 核函数方法.....	57
4.4.2 λ 截集因子.....	59
4.4.3 优化目标函数.....	60
4.4.4 层次聚类方法.....	63
4.4.5 实验数据及分析.....	64
4.5 本章小结.....	65
第五章 混纺织物样本颜色测量.....	66
5.1 混纺织物样本图像预处理.....	66
5.2 混纺织物样本颜色测量结果及分析.....	67
第六章 总结和展望.....	71
参考文献.....	73
致 谢.....	76
攻读硕士学位期间的研究成果.....	77

第一章 绪 论

1.1 论文研究背景与意义

颜色测量就是对颜色刺激值的测量。人眼本身就是一种传统的测色仪器^[1]，它具有识别颜色间微小差异的能力，在生活中人们长期使用目视测色的方法来识别和测量物体的颜色。但是目视测色方法存在着很多缺点，主要表现在颜色测量过程中往往带有人主观判断，除此之外还会受到观测条件、色适应等众多因素的影响，因此目视测色方法是一种比较粗糙的颜色测量方法，测量结果往往因人而异，并不适合对颜色做定量分析和处理^[2]。在纺织工业中，颜色是影响纺织产品质量的一个重要因素。纺织产品对颜色有较高的要求，主要表现在颜色的划分更精细，并且大量使用极低彩度色，颜色变化快，再加上纺织产品生产过程周期长，所以在纺织工业中很难对产品的颜色进行有效测量和管理^[3]。

混色纺织品是目前广泛被消费者所使用的一类重要的纺织产品，在纺织产品中的比率也在逐年提高。混色纺织品生产过程复杂，对颜色的加工程序多，需要染色打样、混色打样、试纺及织样试验等多道程序来确定，所以影响了来样加工的交货时间和相应的产品开发周期。

随着计算机技术及其外部设备的快速发展使我国工业化程度有了很大的提升^[4]。利用计算机进行颜色再现技术已经变得越来越成熟。通过常用的图像输入设备（如扫描仪、数码相机等）得到纺织产品图像，然后输入到计算机中，利用数字图像处理等相关技术对纺织产品图像进行分析和处理^[5]。

用现代计算机技术对物体进行颜色测量，用数值形式就可以快速地表示出物体颜色的三刺激值和颜色间的差异，既可以避免颜色测量过程中由于人的主观因素对测量结果造成误差，又可以对颜色进行定量分析和处理。

聚类分析方法是数学统计中的一种比较常用的分析方法，同时在模式识别方面也得到了广泛的应用。在生活和工作中，人们只有认识了事物间的相似性才能对事物进行更好地学习和研究^[6]。聚类分析方法的目的是把一个原先没有类别标记的数据样本根据一定的准则划分成若干个类别，使得相似度高的数据样本尽可能划分到同一类中，而相似度不高的数据样本尽可能划分到不同的类中，即类

与类之间的数据样本间具有最小的相似度,而同类别中的数据样本间具有最大的相似度。

论文对在 CIELAB 均匀颜色空间下以混纺织物样本图像织物颜色间色差关系为基础,采用聚类算法技术测量混纺织物颜色进行了研究,从而为混纺织物在实际生产过程中颜色参数的选择提供有效依据。

1.2 国内外研究现状

1.2.1 颜色测量技术的发展和现状

颜色不是物体的固有属性,它主要与物体的分光特性、环境的光照条件、颜色测量工具、观测者的视觉特性和个人的主观判断等诸多因素有关,因此颜色是一种受多种因素影响的物理量。对物体颜色的测量不仅受到测量客观条件的影响,还会受到人的主观因素的影响,所以很难对颜色的测量结果进行有效合理地评定^[7]。

颜色科学是一门综合科学,很早人们就开始对颜色体系进行了研究,但是在具体的研究过程中不同国家对颜色体系研究的侧重点不同,研究方向也有所不同,所以不同的国家采用不同的颜色体系。美国的孟赛尔颜色体系(Munsell)^[8]和瑞典的自然颜色体系(NCS)^[8]是现在国际上广泛使用的颜色体系。

(1)孟赛尔颜色体系

该体系采用物体表面色的三个基本属性——色调、明度和彩度组成的三维空间,把颜色按人的视觉特性分别进行等距离的排列,构成孟赛尔颜色体系,并以孟赛尔色调 H、孟赛尔明度 V、孟赛尔彩度 C 三个变量分类和标定颜色。

(2)NCS 自然颜色体系

NCS 自然颜色体系是以对抗颜色学说理论为依据。按颜色本身的自然变现来进行分类编排,定义互为对抗的六种基本色,即非彩色:黑-白;彩色:红-绿,黄-蓝。自然界的其他颜色都以与此六种基本色的相似程度来确定。这六个基本颜色彼此独立不相似。

除了以上介绍的两种颜色体系应用的范围比较广外,还有一些其他颜色体系也被不同的国家所使用,如欧洲颜色体系等。以上颜色体系都是随着颜色科学的

发展而建立起来的，都有其不足之处，应用范围也有一定的局限性，并不是普遍适用的，但是随着颜色科学的深入研究和发 展，其相应的颜色体系也越来越完善。

实际中比较常用的颜色测量方法主要分为目视测色方法和仪器测色方法两大类。目视测色方法是生活中常用的一种测量方法，其优点是测色方便和直观，缺点是测量结果误差比较大，个人的主观因素对测量的结果影响较大。由于目视测色方法受人的主观因素较多，再加上不太适合对颜色进行定量分析和处理，所以在工业中一般采用仪器来进行颜色测量。仪器测色又主要包括分光光度法和光电积分法（也称三刺激值法）两种^[9]。

一、分光光度法

分光光度测色方法的原理是根据通过物体反射的光谱功率，然后再由这些光谱数据利用波长积分公式计算求出物体在标准光照条件下的三刺激值。用分光光度法测色结果比目视测色结果来的更准确、更可靠，其精度有很大的提高。这种方法的缺点是系统复杂度高，而且操作比较繁琐，适合于那些需要进行精确测色的场合。

二、光电积分法

光电积分法的原理是通过把光电探测器的光谱响应匹配成所要求的 CIE 标准色度观察者光谱三刺激值曲线，从而对探测器所接收到的被测颜色的光谱能量进行积分测量。这种方法测量速度比较快，而且一定程度上能保证测量精度，测量误差相对较小，可满足大多数情况下的测色要求。

1.2.2 均匀颜色空间及色差技术的发展和现状

色差^[10]，表示的是两个试样颜色在视觉上的差异。它是明度差、彩度差和色相差三个差值的综合效应。评价试样之间色差的方法是将两个评价对象摆放在一起，在规定的照明和观察条件下，靠人的视觉来完成。

用人的视觉对颜色进行评价时遇到了很多不同的问题，为了解决这些问题，广大颜色研究者们建立了 CIEXYZ 颜色空间。在 CIEXYZ 颜色空间中，其色度坐标系中每个点都对应一种颜色，各种不同的颜色，分布在色度坐标系中的不同位置。人们研究通过色度坐标中两色度点间的距离来表示试样间的色差关系，但是实际中，在两色度点间的距离变化不是很大时，或者变化程度不超过一定的范

围时，人的视觉往往并不能很好地分辨出其颜色的变化，所以也就不可能以两色度点间的距离来表示试样间的色差关系。

由于建立起来的 CIEXYZ 颜色空间是一个不均匀颜色空间，因而在其颜色空间中，也就不能以色度点间的距离来表示颜色间的差异。为了解决这些问题，人们开始致力于研究均匀颜色空间和与其相对应的色差计算公式，使颜色间色差的计算变得简单，同时使计算结果与人的视觉之间有更好的相关性。研究者们从不同的途径建立了均匀颜色空间，所以根据相应均匀颜色空间建立的计算色差公式也就不同，其色差计算结果与人眼的相关性也就不同。颜色空间均匀性好一点的，计算出来的色差结果与人眼的视觉特性之间的相关性也会相应好一点。CIELAB 均匀颜色空间与其他颜色空间相比，均匀性好一些，所以由此建立起来的 CIELAB 色差式与视觉之间的相关性，也相应好一些。

在不断的实际应用中发现，人们发现颜色空间的均匀性再怎么改善，计算出来的色差与人眼的视觉相关性也一直没有较大的改善。只有以人的视觉为基础对色差公式进行适当的修正，才有可能使计算结果与人眼的视觉特性很好的关联起来。通过研究发现，明度差、色相差、饱和度差对总色差的贡献并不是孤立的，而是相互影响的。根据三个属性差值对总色差的影响程度大小的不同，分别对色相差、明度差、饱和度差进行加权修正，使修正后的色差公式计算出来的结果与人的视觉之间，有更好的相关性。而修正时根据的资料不同、采用的方法不同，所以修正以后的色差计算公式也不同。正因为如此，建立了很多色差公式，现在一部分色差公式依然应用在不同国家的不同行业中。

1.2.3 聚类算法技术的发展与现状

聚类分析是一种常用的数学分析方法，其主要思想就是根据一定的划分准则把数据样本划分成为若干个数据类别，使得相同类中的数据样本间的相似度最大，而不同类中的数据样本间的相似度最小。聚类分析系统主要有两部分组成：(1)待分类的数据样本集合；(2)衡量不同数据样本间的相似度的准则。聚类分析系统的输出结果是经过划分的数据样本类别。

聚类分析方法比较适合用于研究数据样本间的相互关系，从而可以对数据样本做一个较简单的认识和分析。人们能较容易解决低维的数据样本问题，但现实

中很多问题需要用高维方法来解决,如果只凭人的直觉来解决高维问题是非常困难的,所以人们可以借助聚类分析来对高维问题进行研究,解决在高维下的复杂问题。聚类分析方法的应用比较广泛,其主要典型应用有以下几个方面^[11]:

(1)在市场应用方面。市场工作人员可以借助聚类分析方法来快速找到顾客群中具有不同特征的群组,以此来应对不断变化的顾客群体,快速掌握相应的市场信息。

(2)在模式识别应用方面。模式识别主要有两大方向的研究分支:有监督的和无监督的模式识别,而聚类分析本身就是一种无监督的分类过程。所以在模式识别中相关的聚类分析方法应用的也非常广泛,可以用来解决很多模式识别中的重要问题。

(3)在图像分析方面。图像分析是计算机视觉研究中一个非常重要的组成部分,也是计算机视觉研究中的一个难点和重点。因为人眼睛的视觉具有非常大的主观性,所以借用聚类分析方法对图像进行很好的分析和处理。

由于聚类分析方法多种多样,在其它方面也都得到了广泛的应用。

尽管在研究工作中采用的聚类分析方法多种多样,但是根据聚类算法所采用的基本原理一般可将聚类分析分为层次聚类算法、分割聚类算法、基于约束的聚类算法、机器学习中的聚类算法以及用于高维数据的聚类算法等五大类^[12]。

聚类分析的理论研究和工程应用已经有很多年,但现在仍然是一个非常活跃的研究领域。主要体现在以下几个方面^[13]:

(1)对现有的聚类方法进行研究。其主要研究方向为:结合不同领域中的其它优秀算法。通过结合其它优秀算法,既可以克服聚类算法自身的不足之处,又可以利用其它算法的优点,结合各自算法的优点以便更好的解决实际问题。

(2)对动态聚类分析方法的研究和发展。目前大部分现有的聚类方法能对静态的数据样本进行较好地分析和处理,但很难对具有动态性的数据进行处理,所以为了更加准确地分析动态数据,必须设计高效的动态聚类方法。

(3)对复杂类型数据集聚类分析的研究。现实世界中,数据样本往往都是比较复杂的,特征刻画为非精确数值等形式,简单利用距离已不能度量样本间的相似性,更不能区分重要特征和干扰特征。为此,必须找到更加有效的度量方法,所以需要研究新的聚类分析方法,以便更加准确地处理这些复杂的数据样本。

聚类分析是一个综合分析系统,只有系统中的各部分都能很好的进行相互协作,才有可能获得比较理想的聚类效果,这就要求我们必须全面的对聚类分析进行研究。

1.3 论文研究内容、篇章结构及成果

1.3.1 论文的研究内容与篇章结构

论文主要对在 CIELAB 均匀颜色空间下以混纺织物图像中织物颜色间色差关系为基础,利用改进的聚类算法技术对混纺织物图像进行颜色测量,最后得到织物颜色的三刺激值进行了研究。论文首先对混纺织物图像进行了预处理,尽可能除去了由于图像摄取设备及自身织物组织结构影响引入的杂色。通常通过扫描仪或数码相机摄取得到的混纺织物图像颜色参数是在 CIERGB 颜色空间下用 R、G、B 参数表示的,生活中绝大多数颜色也都可以用 R、G、B 参数表示出来,但 CIERGB 颜色空间是一个不均匀颜色空间,颜色三个分量之间高度相关,而色差的计算是建立在均匀颜色空间下的,所以必须进行颜色空间的转换。CIELAB 均匀颜色空间相对于其它颜色空间均匀性好,论文采用 CIELAB 均匀颜色空间,即用 L^* , a^* , b^* 表示颜色参数,在此颜色空间下根据色差公式进行不同颜色间色差的计算。

一幅图像上由很多种颜色类别组成,所谓的一种颜色类别,就是颜色元素间具有很大相似度的集合,且属于不同集合的颜色元素间相似度最小。颜色聚类就是在特定的颜色空间中,对颜色数据根据某一划分准则进行分类,得到多个颜色类别,最终得到颜色聚类中心,从而得到颜色测量参数。论文分析了几种常用的聚类算法,研究了模糊聚类算法的相关理论和知识,并对模糊 c 均值聚类算法进行了适当改进,提出了一种基于免疫记忆多克隆选择算法的模糊核层次聚类算法,并利用改进的聚类算法对混纺织物进行了颜色聚类 and 测量,最后得到了在不同颜色空间下颜色的三刺激值。

论文研究方案流程图如图 1.1 所示:

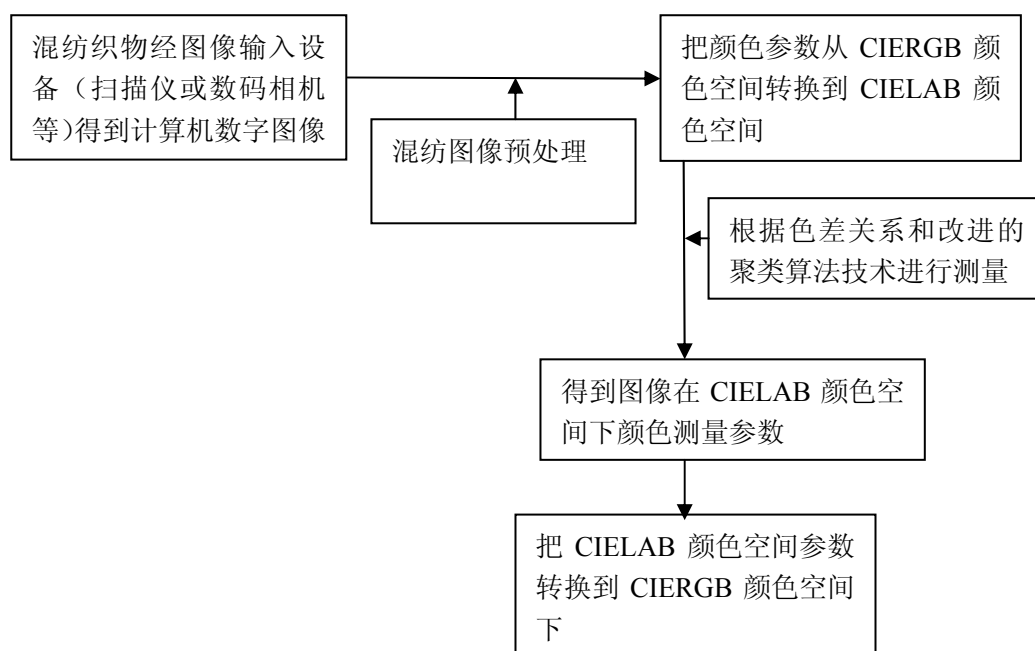


图 1.1 论文研究方案方框图

论文各章主要研究内容：

第一章，绪论。系统回顾了颜色的表示、研究和颜色测量技术、色差计算、聚类技术的产生背景和发展现状；说明了论文各章内容安排。

第二章，混纺图像预处理。经过扫描的混纺图像中有很多杂色的存在，这些杂色的存在一定程度上影响了颜色的准确测量。根据混纺织物组织结构的特点，首先对混纺织物图像进行了预处理尽可能去除了杂色。针对有较均匀、规则纹理的混纺织物图像，利用小波变换等相关技术进行纹理提取来减少杂色对颜色测量的影响，对纹理不规则或织物组织结构复杂的混纺织物，根据二值化图像进行预处理来去除杂色，一定程度上也减少了杂色对颜色测量的影响。

第三章，颜色空间转换及色差计算研究。分别讨论了 CIERGB、CIEXYZ、CIELAB 三个颜色空间的特点，并对其各自颜色空间中颜色表示方法进行了简单阐述。具体分析了三个颜色空间下颜色参数的转换关系，利用线性或非线性变换，把颜色参数从 CIERGB 颜色空间转换到 CIELAB 均匀颜色空间下，同时研究了在 CIELAB 均匀颜色空下颜色间色差的计算。最后，根据上述理论计算了四个样本颜色点在三个颜色空间下的参数和相互间的色差关系。

第四章，基于免疫记忆多克隆选择算法的模糊核层次聚类算法。简单介绍了人工免疫算法的基本原理和相关知识，重点学习了克隆选择算法理论。针对单克

隆选择算法具有局部搜索能力差、早熟易收敛等不足之处，对算法进行了适当改进，根据抗体亲和度的大小将总抗体群分为三个抗体群。对每个抗体群采用不同的操作算子，结合了局部寻优和全局寻优的特点，同时也引入自适应和启发式算子加快了算法的收敛速度，最后对典型的测试函数的进行了测试，得到的实验结果说明了改进后算法的有效性。学习了模糊 c 均值聚类算法，并对其不足之处进行了适当改进，融入了核聚类方法，同时利用截集因子和二叉树分裂方法进行模糊层次聚类，并采用上一节改进了的免疫记忆多克隆选择算法对其目标性能函数进行优化，从而达到高性能聚类的目的，为下章利用聚类算法进行颜色测量提供了基础。

第五章，混纺织物颜色测量。最后利用第四章研究的改进了的聚类算法，以第三章颜色理论为基础，对混纺图像进行颜色测量，得到混纺织物颜色的三刺激值，并对结果进行了分析。

第六章，总结和展望。总结了论文的研究方法，研究思路并分析了论文中的不足之处。对以后工作的重点和发展方向进行了展望。

1.3.2 论文的研究成果

论文主要研究成果：

- (1)根据混纺织物图像的特点，对混纺图像进行了预处理，一定程度上去除了混纺织物图像中的杂色。
- (2)提出了一种改进的多克隆选择算法，该算法具有全局搜索能力强，收敛速度较快等优点。
- (3)提出了一种模糊核层次聚类算法，计算量少，速度快，收敛性高，能自动确定聚类数目。
- (4)利用改进了的模糊核层次聚类算法和色差关系对混纺样本图像进行了颜色测量，得到了在 CIELAB 和 CIERGB 颜色空间下的参数。

第二章 混纺图像预处理

2.1 引言

随着计算机和数字图像处理技术水平的不断提高,其分析方法已经越来越广泛地运用到织物图像的识别和处理中。其中纹理分析在织物视觉效果描述、重构、分类以及瑕疵的检测中具有重要的作用^[14]。Ravandi^[15]等将傅里叶变换方法用于平纹棉织物图像的分析,得到纹路走向、纱线密度与间隔等表面参数;Xu^[16]运用快速傅里叶变换得到二维频谱图像,通过选取合适的峰值来重构织物图,识别出组织结构、支数、纱线斜度等结构参数;Kang^[17]等通过分析水平和竖直方向上的灰度变化确定纱线尺寸和经纬交织点,然后分析交织点椭圆的形状比率,确定其经纬点性质。

由于图像输入设备、周围环境因素及混纺织物组织结构的影响在获得混纺织物图像的同时也引入了很多杂色,这些杂色影响了颜色的准确测量。在对混纺织物图像进行颜色测量和采集之前,必须对这些杂色进行相关处理。对于有比较均匀、规则纹理的混纺织物图像,论文研究了通过利用小波变换和 Radon 变换等相关方法来简单提取混纺织物纹理达到去杂色的目的。对于织物结构复杂的混纺织物,根据其转化后的二值图像进行相应的像素点运算达到去除杂色的目的。

2.2 基于小波变换的图像预处理

小波变换^[18]是在傅里叶变换的基础上发展起来的,是傅里叶变换理论的继承和突破,比传统的傅里叶变换更具有良好的空间和频率特性,在许多领域得到了广泛的应用。Radon 变换具有对纹理直线进行有效检测和识别的特性,同时结合小波变换可以较有效地识别出混纺织物纹理方向等组织结构信息,为进一步混纺织物纹理的适当提取提供依据。

(1) 图像灰度变换

为了简单方便的对图像进行纹理分析,论文首先把摄取得到的混纺图像进行灰度化处理,得到灰度图像。其方法为:根据 YUV 颜色空间中,图像的亮度等

级是用颜色分量 Y 来表示的，根据 RGB 颜色空间和 YUV 颜色空间的变换关系建立亮度 Y 分量与 R、G、B 三个颜色分量的对应关系如式 2-(1)所示：

$$\text{Gray}(i, j) = 0.11 * R(i, j) + 0.59 * G(i, j) + 0.3 * B(i, j) \quad 2-(1)$$

其中 i, j 表示像素点的坐标位置， $R(i, j)$ 表示的是该像素点颜色的红色分量，同样 $G(i, j)$ ， $B(i, j)$ 分别表示该像素点颜色的绿色和蓝色分量， $\text{Gray}(i, j)$ 表示该像素点经过式 2-(1)转换后的灰度值。最后，把该像素点相应的 RGB 三个颜色分量值都设为式 2-(1)计算出来的 $\text{Gray}(i, j)$ 即可。根据上述方法便可把彩色图像转换成相应的灰度图。

利用上述方法得到混纺织物转换后的灰度图像，然后对其灰度图像进行处理，主要包括两部分：图像的灰度二值化处理和形态学分析^[19]。

(2)图像的二值化处理

把摄取得到的混纺织物图像转换成灰度图像，然后对其进行阈值化处理，使之成为黑白二值图像便于混纺织物纹理的识别。图像的阈值化处理过程主要是指定一个合适的阈值，使得该阈值如果大于图像中某像素点的灰度值，则将该像素点的灰度值设置为 0，该阈值如果小于其灰度值则将该像素点的灰度值设置为 1。其关系式如式 2-(2)所示：

$$f(x) = \begin{cases} 0 & x < T \\ 1 & x \geq T \end{cases} \quad 2-(2)$$

阈值化方法的关键是如何有效地确定其门限阈值，论文采用模式识别中最大类间方差准则方法来确定分割的最佳门限。其基本方法是对像素点进行分类，通过使分类得到的各类别之间的数据的方差达到最大，以此来确定合理的阈值门限。假设一副图像的灰度级为 $1 \sim m$ 级，灰度值为 i 的像素数目为 n_i ，可以得到：

像素数为 $N = \sum_{i=1}^m n_i$ ，像素点各灰度值的概率为 $p_i = \frac{n_i}{N}$ ，用 T 将像素点分成两组

$C_0 = \{1 \sim T\}$ 和 $C_1 = \{T+1 \sim m\}$ ，各组产生的概率为：

$$C_0 \text{ 类的概率为: } w_0 = \sum_{i=1}^T p_i = w(T), \quad C_1 \text{ 类的概率为: } w_1 = \sum_{i=T+1}^m p_i = 1 - w_0,$$

$$C_0 \text{ 的平均值为: } \mu_0 = \sum_{i=1}^T \frac{ip_i}{w_0} = \frac{\mu(T)}{w(T)}, \quad C_1 \text{ 的平均值为: } \mu_1 = \sum_{i=T+1}^m \frac{ip_i}{w_1} = \frac{\mu - \mu(T)}{1 - w(T)},$$

上式中 $\mu = \sum_{i=1}^m ip_i$ 表示的是灰度平均值; $\mu(T) = \sum_{i=1}^T ip_i$ 是阈值为 T 时的灰度

平均值, 整体采样的灰度平均值为: $\mu = w_0\mu_0 + w_1\mu_1$, 两组类别间数据的方差可用式 2-(3)解出:

$$\begin{aligned} \delta^2(T) &= w_0(\mu_0 - \mu)^2 + w_1(\mu_1 - \mu)^2 = w_0w_1(\mu_1 - \mu_0)^2 \\ &= \frac{[\mu w(T) - \mu(T)]^2}{w(T)[1 - w(T)]} \end{aligned} \quad 2-(3)$$

通过在 $1 \sim m$ 区间上改变数值 T , 求解式 2-(3)为最大值时的 T , 即求 $\max \delta^2(T)$

时的 T^* 值, 那么, T^* 便是阈值。

原始灰度图像和经过阈值化后的图像如图 2.1 和图 2.2 所示:



图 2.1 混纺灰度原始图像



图 2.2 阈值化后图像

(3) 图像形态学分析^[20]

图像形态学由一组形态学运算子构成, 主要用来分析图像的几何形状和结构特征, 基本的形态学运算子有: 腐蚀、膨胀、开和闭。集合 A 被 B 腐蚀, 可以表示为 $A \ominus B$, 其定义为:

$$A \ominus B = \{a: B + a \subset A\} \quad 2-(4)$$

式 2-(4)中, A 为输入图像; B 为结构元素单元。

集合 A 被 B 膨胀, 表示为 $A \oplus B$, 其定义为:

$$A \oplus B = [A^c \ominus (-B)]^c \quad 2-(5)$$

式 2-(5)中, 以 A^c 表示集合 A 的补集, $-B$ 表示 B 关于坐标原点的反射。

图 2.2 经腐蚀运算后得到图 2.3 所示, 对进行腐蚀后的混纺织物图像进行形态学膨胀运算以除去影响组织结构检测的小块并进行校正, 得到膨胀后的混纺织物组织二值图像如图 2.4 所示:



图 2.3 腐蚀图像



图 2.4 膨胀图像

2.2.1 小波变换和 Radon 变换

(1) 小波变换

小波变换是传统傅里叶变换的继承和突破。小波是指变量定义在一个较小区间的波。其数学定义为：设 $\psi(t)$ 为平方可积函数，即 $\psi(t) \in L^2(R)$ ，若其傅里叶变换 $\psi(\omega)$ 满足条件式 2-(6)：

$$\int_R \frac{|\psi(\omega)|^2}{\omega} d\omega < \infty \quad 2-(6)$$

那么函数 $\psi(t)$ 就是一个基本小波函数。

根据小波函数的定义可以发现小波函数变量不为零值是定义在一个有限范围内的。根据式 2-(6) 可得 $\psi(\omega)|_{\omega=0} = 0$ ，表明小波具有正负交替的波动性

将小波母函数 $\psi(t)$ 进行伸缩和平移，设其伸缩因子 a ，平移因子为 τ ，将变换后的函数表示为 $\psi_{a,\tau}(t)$ ，则可以得到式 2-(7)：

$$\psi_{a,\tau}(t) = a^{-1/2} \psi\left(\frac{t-\tau}{a}\right) \quad (a > 0, \tau \in R) \quad 2-(7)$$

称 $\psi_{a,\tau}(t)$ 为伸缩参数 a 和平移参数 τ 的小波基函数。很显然小波基函数 $\psi_{a,\tau}(t)$ 是由同一个母函数 $\psi(t)$ 经过一系列的伸缩和平移变换得到的。

把满足关系式 $L^2(R)$ 的任意一个函数 $f(t)$ 用 $\psi_{a,\tau}(t)$ 展开，则可表示为对函数 $f(t)$ 进行小波变换，数学表达式为：

$$WT_f(a, \tau) = \frac{1}{\sqrt{a}} \int_R f(t) \overline{\psi\left(\frac{t-\tau}{a}\right)} dt \quad 2-(8)$$

式 2-(8)中, $\overline{\psi(\frac{t-\tau}{a})}dt$ 表示 $\psi_{a,\tau}(t)$ 的共轭函数。

小波变换利用伸缩小波基函数的宽度来得到信号的频率信息,利用平移小波基函数来得到信号的时间信息。

在计算机应用中,由于计算机处理的数据都是离散形式的,所以首先应该把连续小波进行离散化处理,主要是对伸缩参数 a 和平移参数 τ 进行离散化处理。对于信号而言对其进行小波变换等价于让信号通过一个滤波器组,其中一个的低通滤波器,另外一个高通滤波器,通过低通滤波器可以得到信号的近似值,通过高通滤波器可以得到信号的细节值,对信号进行小波变换的示意图如图 2.5 所示:

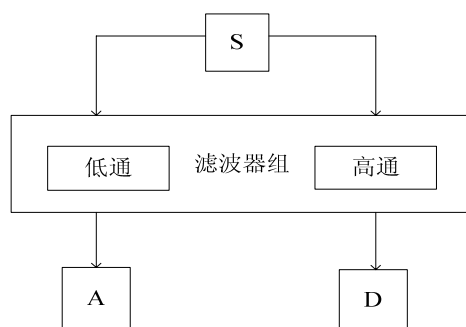


图 2.5 小波信号变换示意图

利用小波变换可以对信号进行一级分解,也可以对信号进行多级分解。如果对信号的低频部分分量不再进行小波变换分解,只对信号的高频部分分量进行分解,就可以获得信号在不同分解下的高频分量。

小波变换也可以表示成小波分解树,图 2.6 所示就是一个小波分解树示意图。图中 S 表示原始信号, A 表示信号的近似分量, D 表示信号的细节分量,小波分解的层数用分量的下标表示。鉴于小波变换的过程是迭代的,在理论上可以不断地分解下去,但实际上,当细节分量只包括单个数据样本时,小波分解就可以停止。

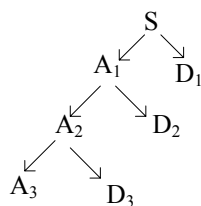


图 2.6 小波分解树

如果对信号采用图 2.6 小波分解树所示的方法进行小波分解时，将会生成比原始数据多一倍的数据量。为了减少产生的数据量，可以利用通过下采样的方法，即每两个样本数据取一个，通过计算获得离散小波变换的系数，来获得信号的近似和低频分量。

二维离散小波是一维离散小波变换的推广，其本质就是把二维离散信号在不同尺度上进行小波变换，从而得到信号的近似分量和细节分量。小波变换结果是可以获得原始信号的近似分量 A 、水平细节分量 H 、垂直分量 V 和对角细节分量 D 。同样可以对上面经过小波变换得到的四个分量进行信号重构。

对图像进行二维离散小波变换，原始图像被分解成几个子图像，每个子图像包含了原始图像中不同的频率成分。左上角子图像包含了图像的低频分量，即图像的主要特征，低频分量可再次分解；右上角子图像包含了图像的垂直分量，即包含了较多的垂直边缘信息；左下角子图像包含了图像的水平分量，即包含了较多的水平边缘信息；右下角子图像包含了图像的对角分量，即同时包含了垂直和水平边缘信息。

其二维小波变换分解示意图如图 2.7 所示：

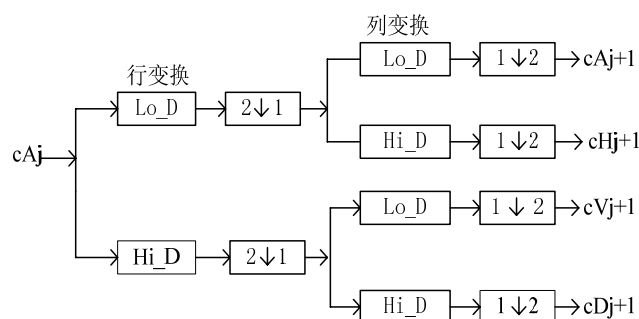


图 2.7 二维小波变换分解示意图

图 2.7 示意可在第 j 层进行信号小波分解；对第 j 层的近似分量 cA_j 进行小波变换，可以得到 $j+1$ 层的分解信号。

(2)Radon 变换^[21]

图像的投影就是图像在某一方向上的线性积分。二维函数 $f(x,y)$ 的投影就是在确定方向上的线积分。例如， $f(x,y)$ 在 x 坐标轴的投影就是在垂直方向上的二维线积分； $f(x,y)$ 在 y 坐标轴上的投影就是在水平方向上的二维线积分。其函数投影示意图如图 2.8 所示：

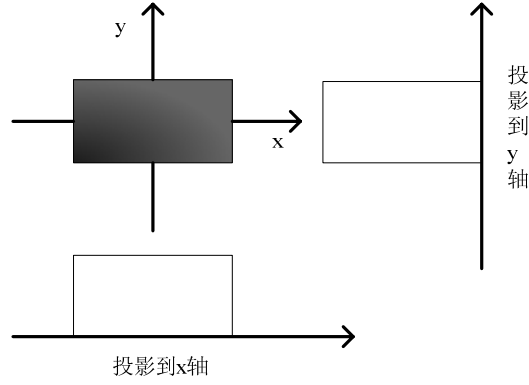


图 2.8 函数水平和垂直投影示意图

对图像进行某一方向上的 Radon 变换，就是将二维图像转变到在指定方向上投影。如图 2.9 所示：

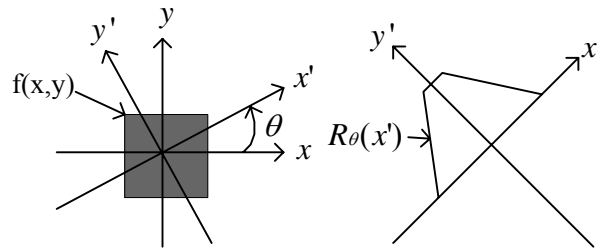


图 2.9 Radon 变换的几何关系示意图

利用 Radon 变换对函数进行变换可以计算沿任意方向上该函数的投影，图像 $f(x,y)$ 在任意方向上的 Radon 变换的投影定义为：

$$R_{\theta}(x') = \int_{-\infty}^{+\infty} f(x' \cos \theta - y \sin \theta, x' \sin \theta + y \cos \theta) dy \quad 2-(9)$$

其中

$$\begin{bmatrix} x' \\ y' \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \cos \theta & \sin \theta \\ -\sin \theta & \cos \theta \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x \\ y \end{bmatrix}$$

(3)算法的基本实现：

算法采用 Matlab^[22]进行运算，实现基于小波变换与 Radon 变换相结合的混纺织物纹理方向的检测与识别分析，算法主要步骤为：

a)对经过灰度变换后的混纺织物灰度图像进行阈值化处理使之成为二值图像，再对二值图像进行图像形态学腐蚀与膨胀运算操作后，得到经过预处理后的混纺织物纹理图像。论文利用Matlab函数SE=strel()建立结构元素。在此结构元素基础上利用函数I1=imerode(I,SE)进行混纺二值图像I的腐蚀；对腐蚀后图像I1进行膨胀处理得到膨胀处理图像I2，其函数为I2=imdilate(I1,SE);

b)对经过预处理后的混纺织物二值图像进行小波变换，得到四个小波分解子图，分别包含原图像的低频分量、垂直分量、水平分量和对角分量。算法采用'bior3.7'小波对图像进行小波变换。

c)对混纺二值图像进行小波变换得到的低频分解子图作Radon变换。利用Matlab函数 $(R, xp) = \text{radon}(I, \theta)$ 来计算分解子图的Radon变换。 R 的各行返回 θ 中各方向上的Radon变换值， xp 则表示 x' 轴中的坐标值。图像 I 的中心点位置为 $\text{floor}((\text{size}(I)+1)/2)$ ，即 x' 轴上 $x'=0$ 的坐标点。

d)对经过Radon变换及小波变换的混纺图像的低频子图结果进行分析和处理，得到混纺织物纹理组织方向及织物结构特征。

2.2.2 混纺织物纹理方向检测

实验选取了具有不同纹理结构的混纺织物图像，经过灰度处理后如图 2.10 所示：

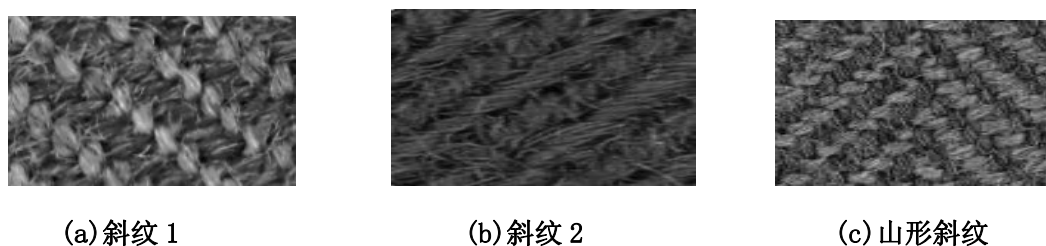


图 2.10 不同纹理结构的混纺织物图像

经过二值化处理后的各混纺织物图像如图 2.11 所示：

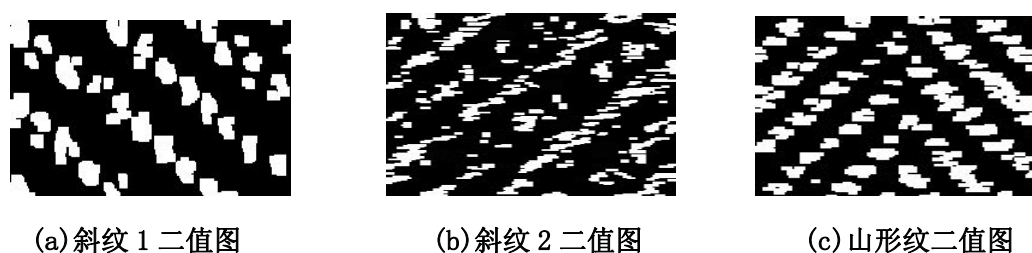
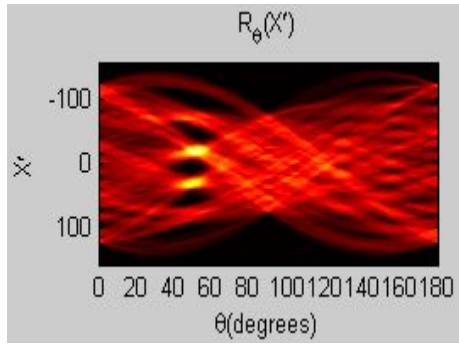
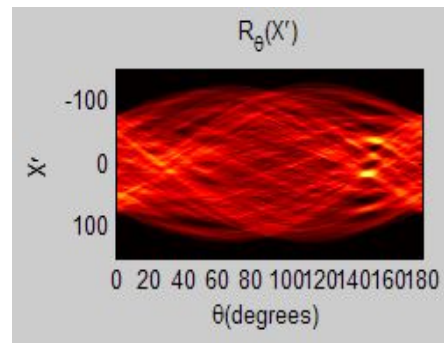


图 2.11 经过预处理后的图像

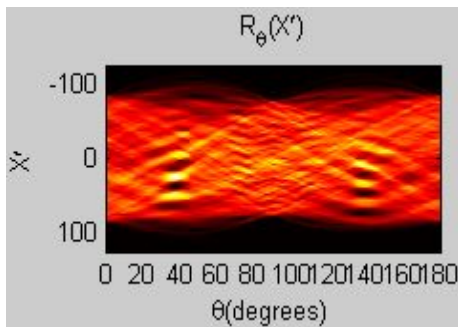
经过小波变换得到的低频子图经 Radon 变换后各图如图 2.12 所示：



(a) 斜纹 1 低频分解子图 Rodan 变换图



(b) 斜纹 2 低频分解子图 Rodan 变换图



(c) 山形低频分解子图 Rodan 变换图

图 2.12 经过小波变换和 Radon 变换后的图像

对测得的混纺织物纹理方向进行如下式 2-(10) 的变换。

$$\alpha = \begin{cases} \theta + \pi/2 & 0 \leq \theta < \pi/2 \\ \theta - \pi/2 & \pi/2 \leq \theta < \pi \end{cases} \quad 2-(10)$$

实验结果如表 2.1 所示：

表 2.1 测得的纹理方向和实际值

织物样本	$\theta (^{\circ})$	$\alpha (^{\circ})$	人工测得的实际值
斜纹 1	50	140	138
斜纹 2	145	55	57
山形	140(左)	50(左)	47(左)
山形	40(右)	130(右)	128(右)

表 2.1 为混纺织物样本图像中存在的有意义的纹理角度测得的结果值， α 是将 θ 代入式 2-(10) 计算得到的纹理直线的实际角度。将实验测得的结果与人工测得的结果相比较，两者结果较相近。下面仅对混纺织物样本 1 进行验证，对经过预处理后的样本 1 二值图像进行小波变换，对得到的低频子图进行角度 θ 为 50° 、 45° 、 55° 的 Radon 变换得到如图所示图 2.13 各图所示：

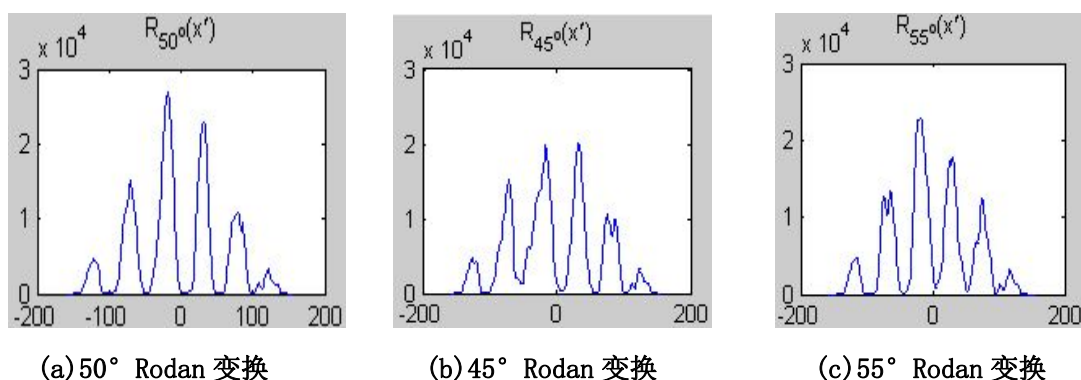


图 2.13 混纺织物样本 1 纹理方向验证图

通过以上分析表明，利用小波变换和 Radon 变换可以较有效地识别出混纺织物纹理的方向等特征信息。图 2.12 表明混纺织物图像经过预处理、小波变换和 Radon 变换后其纹理方向得到了很好的反映，从中可以得到混纺织物纹理方向。图 2.13 是对实验结果进行验证得到的验证图，如果混纺织物纹理方向正确，在该方向上对其二值图像经小波变换得到的低频子图进行 Radon 变换，那么纹理之间值为零的部分在这个方向上投影为零，如果纹理方向不正确，那么投影就不为零，从图 2.13(a)、(b)、(c)对比图中可以发现混纺织物纹理方向为 $\theta=50^\circ$ 具有一定的准确性，说明了实验结果的有效性和准确性。同时斜纹 1 在 $\theta=50^\circ$ 上存在四条主要的纹理，经过小波变换和 Radon 变换其四条纹理能量在 $\theta=50^\circ$ 方向上得到了集中体现，也说明小波变换具有良好的频率特性。

2.2.3 图像旋转和水平纹理提取

根据上一节得到的织物纹理的方向，通过旋转混纺织物图像来简单提取织物纹理结构。设旋转前点 x_0, y_0 的坐标表示为 $x_0 = r \cos b$ ； $y_0 = r \sin b$ 。图 2.14 表示的是旋转示意图，如图 2.14 所示：

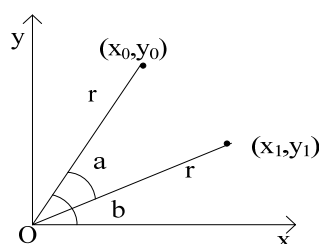


图 2.14 旋转示意图

将旋转 a 角度后，其 x_1, y_1 的值变换为：

$$\begin{aligned}x_1 &= r \cos(b-a) = r \cos b \cos a + r \sin b \sin a = x_0 \cos a + y_0 \sin a \\y_1 &= r \sin(b-a) = r \sin b \cos a - r \cos b \sin a = -x_0 \sin a + y_0 \cos a\end{aligned}\quad 2-(11)$$

式 2-(11)用矩阵表示为:

$$(x_1 \quad y_1 \quad 1) = (x_0 \quad y_0 \quad 1) \begin{pmatrix} \cos a & -\sin a & 0 \\ \sin a & \cos a & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \quad 2-(12)$$

式 2-(11)中, 用图像的中心作为坐标系 xoy 的原点, 把右方向设为 x 轴的正方向, 向上方向设为 y 轴的正方向。它和以图像左上角点作为原点 O' , 向右方向设为 x' 轴正方向, 向下方向设为 y' 轴正方向的坐标系 $x'o'y'$ 之间对应的转换关系如图 2.15 所示:

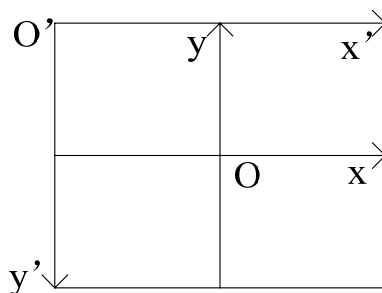


图 2.15 两种坐标系间的转换关系图

假定图像的宽用 w 表示, 高用 h 表示, 则可以得到以下关系式:

$$(x \quad y \quad 1) = (x' \quad y' \quad 1) \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & -1 & 0 \\ -0.5w & 0.5h & 1 \end{pmatrix} \quad 2-(13)$$

式 2-(13)的逆变换表达为 2-(14):

$$(x' \quad y' \quad 1) = (x \quad y \quad 1) \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & -1 & 0 \\ 0.5w & 0.5h & 1 \end{pmatrix} \quad 2-(14)$$

利用上面的坐标转换公式, 可以把图像的旋转变换分成三个步骤来实现:

- (1)把坐标轴 $xO'y$ 变换成 xOy
- (2)把在原坐标轴中的点按顺时针旋转 a 角
- (3)把坐标轴 xOy 变回 $xO'y$

通过上面三个步骤就可以得到变换矩阵，变换矩阵实质上是上面三个矩阵的经过联立的方程如式 2-(15)所示：

$$\begin{aligned} \begin{pmatrix} x_i & y_i & 1 \end{pmatrix} &= \begin{pmatrix} x_0 & y_0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & -1 & 0 \\ -0.5w_{old} & 0.5h_{old} & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \cos a & -\sin a & 0 \\ \sin a & \cos a & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & -1 & 0 \\ -0.5w_{new} & 0.5h_{new} & 1 \end{pmatrix} \\ &= \begin{pmatrix} x_0 & y_0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \cos a & \sin a & 0 \\ -\sin a & \cos a & 0 \\ -0.5w_{old} \cos a + 0.5h_{old} \sin a - 0.5w_{new} & -0.5w_{old} \sin a - 0.5h_{old} \cos a + 0.5h_{new} & 1 \end{pmatrix} \end{aligned} \quad 2-(15)$$

式 2-(15)中 w_{old} , h_{old} , w_{new} , h_{new} 分别表示旋转前图像的宽、高和旋转后图像的宽、高。

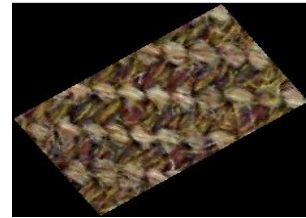
式 2-(15)的逆变换可以表示为式 2-(16)所示：

$$\begin{aligned} \begin{pmatrix} x_0 & y_0 & 1 \end{pmatrix} &= \begin{pmatrix} x_i & y_i & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & -1 & 0 \\ -0.5w_{new} & 0.5h_{new} & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \cos a & \sin a & 0 \\ -\sin a & \cos a & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & -1 & 0 \\ 0.5w_{old} & 0.5h_{old} & 1 \end{pmatrix} \\ &= \begin{pmatrix} x_i & y_i & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \cos a & \sin a & 0 \\ \sin a & \cos a & 0 \\ -0.5w_{new} \cos a - 0.5h_{new} \sin a + 0.5w_{old} & 0.5w_{new} \sin a - 0.5h_{new} \cos a + 0.5h_{old} & 1 \end{pmatrix} \end{aligned} \quad 2-(16)$$

通过前面的小波变换和 Radon 变换知道了混纺织物纹理方向，根据图像旋转原理，通过旋转后的图像如下图 2.16 所示：



(a) 混纺原图像



(b) 混纺原图像旋转后图

图 2.16 混纺织物图像旋转前后图

得到旋转后的图像其纹理方向变为水平，这样可以通过 Matlab 函数来提取其水平方向纹理。提取后如图 2.17 所示：

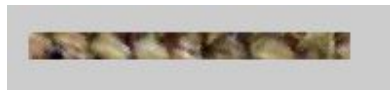


图 2.17 提取的纹理图

从纹理的提取结果可以发现，该方法虽然减少了论文后面研究的颜色聚类样本，同时也一定程度上消除了混纺织物两条纹理结构之间的杂色，但一条纹理中

纹理单元之间的杂色并没有完全消除,如果选用纹理均匀性较好的混纺织物图像可以得到较好的效果。如图 2.18 所示:



图 2.18 混纺织物图像旋转前后图

通过 Matlab 函数提取其水平方向纹理。提取后如图 2.19 所示:



图 2.19 提取的纹理图

从图 2.19 中可以发现如果混纺织物图像有比较规则和均匀的纹理,则提取的效果比较理想,同时又减少了颜色聚类样本数。

2.3 基于二值化的图像预处理

前面研究的基于小波变换的预处理方法,对于均匀性较好的纹理混纺织物其纹理提取效果比较好,但实际中,有时混纺织物纹理复杂,织物结构多样,很难通过纹理的有效提取来达到杂色的去除,根据混纺织物二值化后的图像,对织物结构复杂的混纺图像进行像素点处理,可以较简单,有效地去除杂色。通过保留其二值图像中灰度值为 1 在原图像中对应的区域,除去灰度值为 0 在原图像中对应的区域,来达到去除杂色的目的。实验选取了多种不同组织的混纺织物图像如图 2.20 所示:



图 2.20 混纺样本图

对各实验样本进行灰度变换结果如图 2.21 所示：

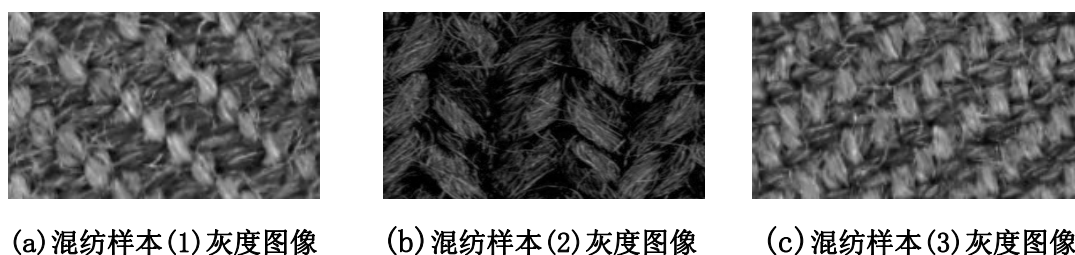


图 2.21 混纺样本灰度图

对得到的灰度图像进行二值化处理结果如图 2.22 所示：

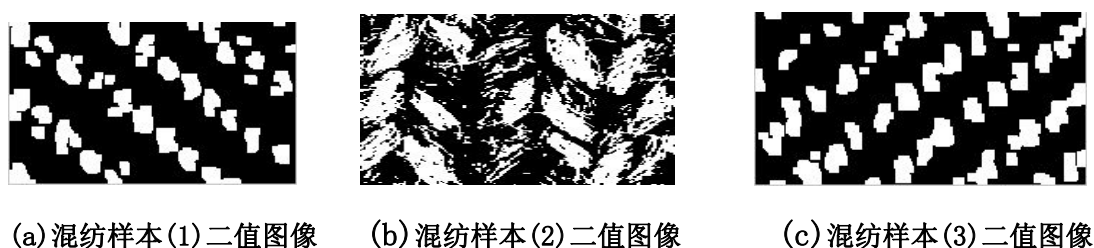


图 2.22 混纺样本二值图

以混纺织物样本图像各自处理后的二值化图像为基准对原混纺织物图像进行像素点处理，其方法为：对原混纺织物图和预处理后的二值图像进行像素点运算，对于各自对应的点，当其二值图像的点的灰度值为 0 时，原混纺织物对应点的 RGB 参数为 255, 255, 255，即为白色。当二值图像的灰度值为 1 时，保留原混纺织物图像对应点的颜色为原色，即保留二值图像中点的灰度为 1 在原混纺织物图中对应点的原色，去除二值图像中灰度为 0 的点在原混纺织物图像中的对应点的颜色，使其颜色统一为白色。这样得到处理化后如图 2.23 所示：

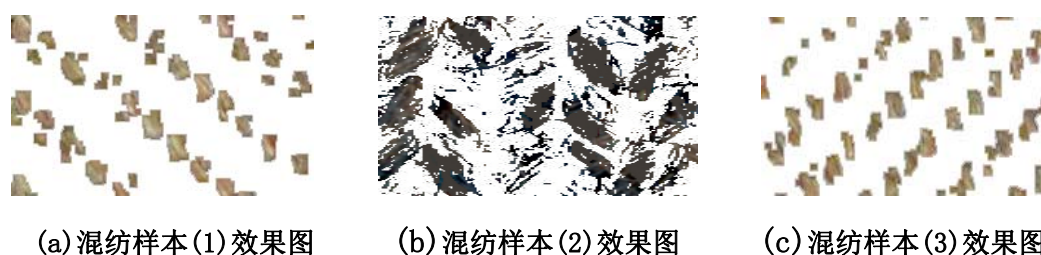


图 2.23 混纺样本去色效果图

从各自的实验效果图 2.23 中可以看到经过处理的混纺织物图像很大程度上去除了一些由于图像摄取设备、周围环境及混纺织物自身组织结构的影响而引入的杂色。同时根据混纺织物固有的特点使处理后的混纺织物图像保留了足够多的颜色信息，不会因此而丢失原混纺织物图像中主要组成颜色。由于这种方法中人

为的引入了白色，在实际混纺中如果有白色，则在测量结果中保留白色，如果没有白色可以人为的去掉白色。

2.4 本章小结

本章首先对混纺织物图像进行了简单的预处理以达到尽可能去除杂色的目的。对于有规则、均匀纹理的混纺织物图像，研究了通过小波变换和 Radon 变换和图像旋转进行适当提取织物纹理达到去除杂色的目的。对于织物结构复杂的混纺织物图像可以利用其二值化图像对原混纺织物图进行像素处理的方法来达到去除杂色的目的，该方法简单，通用性强，即使在混纺织物结构比较复杂的情况下也能较有效地去除杂色，但同时也人为的引入了白色，所以在最后的聚类结果中应该根据实际的混纺织物来决定白色的去留，如果原混纺织物中有白色则保留，如果混纺中无白色则去除。

第三章 颜色空间转换及色差计算研究

3.1 颜色定义

人的颜色视觉的产生是一个复杂的过程，除了光源对眼睛的刺激，还需要人脑对刺激的解释。在自然界中，颜色主要有非彩色和彩色两大类组成。其中非彩色是指黑色、白色和介于这两种颜色之间的灰色。彩色是指除了非彩色以外的各种颜色。现实生活中遇到的大部分的颜色都是彩色，通常所说的颜色即指彩色。依据国际照明委员会（CIE）表示，人们常用明度（亮度）、色相、饱和度^[23]作为颜色的三个基本属性来表示不同的颜色。颜色的三个属性是颜色所固有的又是截然不同的^[24]。

(1)明度：明度是表示物体颜色明亮程度的一个属性，是一个与颜色的浓淡相关的量。在平常生活中最常见的白色就是最亮的颜色，而黑色即是最暗的颜色。

(2)色相：色相是彩色之间相互区别的属性，是一个表示颜色色相属性的物理量。在可见光谱中，不同波长的辐射表现为视觉上的各种色相。

(3)饱和度：饱和度是颜色中一定色相表现的强弱程度，或彩色与同明度无彩色的差别程度。从理想白色到绝对黑体，所代表的一系列无彩色的饱和度最低。

对于颜色的这三个特征，人们常用三维空间的类似球体的模型来表示。图 3.1 所示的三维空间模型中纵坐标表示明度，围绕纵轴的圆环则表示色相，离开纵轴的距离表示饱和度。

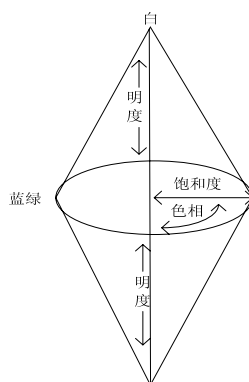


图 3.1 颜色三维空间球体模型图

3.2 颜色空间介绍及参数转换

论文研究基于 CIELAB 均匀颜色空间下根据色差关系进行混纺织物图像颜色的测量，平时广泛使用的 CIERGB 颜色空间适合于显示系统，但不适合于图像处理，因为 CIERGB 颜色空间中 R、G、B 是三个高度相关的分量，三个分量都会随着亮度的变化而变化，且 CIERGB 颜色空间是一个不均匀颜色空间，而色差的计算都是建立在相应的均匀颜色空间下的，所以在 RGB 颜色空间中不能计算色差，因此必须进行颜色空间的转化。通过数学转换，可以从 CIERGB 不均匀颜色空间转换到 CIELAB 均匀颜色空间，从而实现从不均匀颜色空间到均匀颜色空间的转换。

3.2.1 CIERGB 颜色空间

CIERGB 颜色空间主要是一种面向硬件设备的颜色空间。根据人眼的构造，自然界中所有颜色都可以由这三种颜色——红(R)，绿(G)和蓝(B)的不同混合而成。在颜色匹配实验中选择三种颜色，由它们相加混合可以产生任意颜色，那么这三种颜色称为三原色。三原色可以任意选定，但三原色中任何一种颜色不能由其余两种颜色相加组合表示。在平时最常用的就是红、绿、蓝三种原色。

在自然界中每一种色光都可以由单色光合成，如果预先知道各单色光的光谱三刺激值，那么按照颜色混色原理就可以求出该色光的三刺激值。计算方法是将待测光的光谱分布函数 $\varphi(\lambda)$ ，按波长加权光谱三刺激值，得出每一波长的三刺激值，再进行积分，得出该待测光的三刺激值。转换公式如式 3-(1)所示：

$$\begin{cases} R = \int_{\lambda} k\varphi(\lambda)\bar{r}(\lambda)d\lambda \\ G = \int_{\lambda} k\varphi(\lambda)\bar{g}(\lambda)d\lambda \\ B = \int_{\lambda} k\varphi(\lambda)\bar{b}(\lambda)d\lambda \end{cases} \quad 3-(1)$$

这种颜色模型可以表示在笛卡尔坐标系统中，三个坐标轴分别是颜色分量 R、G、B 如图 3.2 所示：

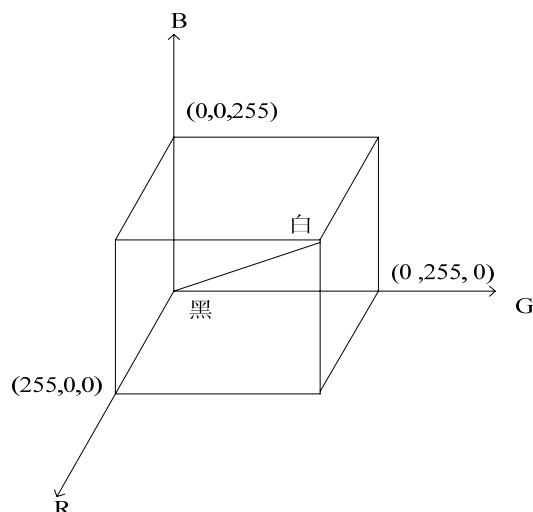


图 3.2 CIERGB 颜色空间坐标图

在笛卡尔坐标系统中这个颜色模型的原点所对应点的颜色是黑色，离原点最远的顶点所对应点的颜色是白色。在这个模型中，从黑到白的灰度值分布在从原点即黑色到离原点最远顶点即白色之间的连线上，而不同的颜色分布在立方体内，这些颜色可以利用从原点到该分布点的矢量表示出来。

在实际中也可以用分量 r 、 g 作为直角坐标绘制出一个直角坐标图，各种颜色位置由其色品坐标来表示，这种坐标图称为 r - g 色品图^[25]如图 3.3 所示：

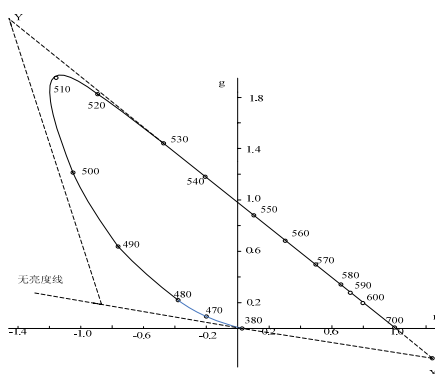


图 3.3 CIERGB 系统色度图

从图 3.3 可以很明显的发现，有些波长的颜色在三角形 RGB 外，所以计算这些颜色时其三刺激值时会出现负值，这样会对数据处理带来很多麻烦。不利于人们对有些问题的深入研究和解决。

3.2.2 CIEXYZ 颜色空间

虽然 CIERGB 颜色空间能准确的表示出颜色，但是从上节图 3.3 中可以看出

对某些颜色计算出来的三刺激值有可能是负值,这样会使很多问题的解决变得既复杂,又难以被理解。为了防止颜色在计算过程中出现负值,所以人们用新的三刺激值 X, Y, Z 来代替 R, G, B 三刺激值,从而解决在计算过程中某些颜色三刺激值时出现负值的情况。

CIEXYZ 颜色空间采用[X]、[Y]、[Z]三种假定原色来代替 CIERGB 颜色空间中[R]、[G]、[B]三种基本原色,并利用匹配等能白光,确定三刺激值的单位。其 CIEXYZ 颜色空间色度图^[25]如图 3.4 所示:

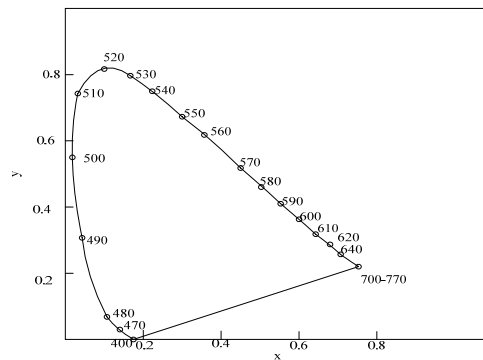


图 3.4 CIEXYZ 系统色度图

CIEXYZ 颜色空间中三刺激值[X]、[Y]、[Z]与 CIERGB 颜色空间中三刺激值[R]、[G]、[B]之间的相互转换的数学关系式为:

$$\begin{cases} [X] = 0.418455[R] - 0.091165[G] + 0.000921[B] \\ [Y] = -0.158657[R] + 0.252426[G] - 0.002550[B] \\ [Z] = -0.082832[R] + 0.015705[G] + 0.178595[B] \end{cases} \quad 3-(2)$$

旧系统的三刺激值与新系统三刺激值的关系如式 3-(3)所示:

$$\begin{cases} R = R_x X + R_y Y + R_z Z \\ G = G_x X + G_y Y + G_z Z \\ B = B_x X + B_y Y + B_z Z \end{cases} \quad 3-(3)$$

用矩阵形式表示为:

$$\begin{pmatrix} R \\ G \\ B \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} R_x & R_y & R_z \\ G_x & G_y & G_z \\ B_x & B_y & B_z \end{pmatrix} \begin{pmatrix} X \\ Y \\ Z \end{pmatrix} \quad 3-(4)$$

从式 3-(4)可以发现只要解出 R_x , G_x , B_x , ..., B_z 九个系数则可以确定两个颜色空间颜色三刺激值间的数学转换关系式。

如果知道 CIEXYZ 颜色空间三原色在 CIERGB 颜色空间的色度坐标值,即:

$$[X]: r_x, g_x, b_x$$

$$[Y]: r_y, g_y, b_y$$

$$[Z]: r_z, g_z, b_z$$

则式 3-(4)可以改写为:

$$\begin{pmatrix} R \\ G \\ B \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} C_x r_x & C_y r_y & C_z r_z \\ C_x g_x & C_y g_y & C_z g_z \\ C_x b_x & C_y b_y & C_z b_z \end{pmatrix} \begin{pmatrix} X \\ Y \\ Z \end{pmatrix} \quad 3-(5)$$

其中:

$$\begin{cases} C_x = R_x + G_x + B_x \\ C_y = R_y + G_y + B_y \\ C_z = R_z + G_z + B_z \end{cases}$$

求式 3-(5)逆矩阵就可以获得 X, Y, Z 的数学表达式:

$$\begin{pmatrix} X \\ Y \\ Z \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} b_{11} & b_{12} & b_{13} \\ b_{21} & b_{22} & b_{23} \\ b_{31} & b_{32} & b_{33} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} R \\ G \\ B \end{pmatrix} \quad 3-(6)$$

其中式 3-(6)中各系数的关系式为:

$$\begin{cases} b_{11} = \frac{g_z b_z - g_x b_y}{C_x \Delta'} & b_{12} = \frac{r_z b_y - r_y b_z}{C_x \Delta'} & b_{13} = \frac{r_y g_z - r_z g_y}{C_x \Delta'} \\ b_{21} = \frac{g_z b_x - g_x b_z}{C_y \Delta'} & b_{22} = \frac{r_x b_z - r_z b_x}{C_y \Delta'} & b_{23} = \frac{r_z g_x - r_x g_z}{C_y \Delta'} \\ b_{31} = \frac{g_z b_y - g_y b_x}{C_z \Delta'} & b_{32} = \frac{r_y b_x - r_x b_y}{C_z \Delta'} & b_{33} = \frac{r_x g_y - r_y g_x}{C_z \Delta'} \end{cases} \quad 3-(7)$$

$$\text{符号 } \Delta' = r_x(g_z b_z - g_x b_y) + r_y(g_x b_z - g_z b_x) + r_z(g_y b_x - g_x b_y) \quad 3-(8)$$

所以只要求得一种颜色在两系统中的三刺激值 $R_0, G_0, B_0; X_0, Y_0, Z_0$, 且由式 3-(8)求出 Δ' , 那么就可以求出 C_x, C_y, C_z 。然后代入式 3-(7)中, $b_{11}, b_{12}, b_{13}, \dots, b_{33}$ 中的九个系数即可求得, 代入式 3-(6)中, 即可得到两颜色空间中三刺激值间的转换关系表达式。CIEXYZ 颜色空间与 CIERGB 颜色空间的转换关系为:

$$\begin{cases} X = 2.768892R + 1.751748G + 1.130160B \\ Y = 1.000000R + 4.590700G + 0.060100B \\ Z = 0.000000R + 0.056508G + 5.594292B \end{cases} \quad 3-(9)$$

用矩阵形式表示为:

$$\begin{pmatrix} X \\ Y \\ Z \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 2.768892 & 1.751748 & 1.130160 \\ 1.000000 & 4.590700 & 0.060100 \\ 0.000000 & 0.056508 & 5.594292 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} R \\ G \\ B \end{pmatrix} \quad 3-(10)$$

根据式 3-(10)就可以从 CIERGB 颜色空间下 R、G、B 参数转换到 CIEXYZ 颜色空间下 X、Y、Z 参数。

3.2.3 CIELAB 均匀颜色空间

由于 CIEXYZ 颜色空间是一个不均匀的颜色空间。在不均匀颜色空间中，两对相同距离的颜色点，并不一定给人以相同的颜色感觉，所以在不均匀的颜色空间中，不能用两颜色点间的距离作为衡量两颜色间差异的标准。

为了解决在不均匀颜色空间中不能计算色差等问题，人们开始致力于均匀颜色空间和建立相应色差式的研究，以便使色差的计算变得更加简单明了，使计算结果与人视觉之间有更好的相关性。

CIELAB 均匀颜色空间相对于其它建立起来的均匀颜色空间均匀性要好些，所以在颜色空间中建立起来的 CIELAB 色差式与人眼视觉之间的相关性也更好。论文采用 CIELAB 均匀颜色空间，其表色系统示意图如图 3.5 所示：

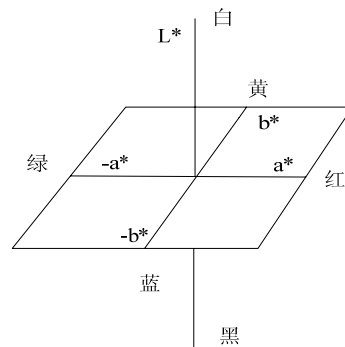


图 3.5 CIELAB 表色系统示意图

颜色参数 L^*, a^*, b^* 可以由式 3-(11)求得：

$$\begin{cases} L^* = 116\left(\frac{Y}{Y_0}\right)^{1/3} - 16 \\ a^* = 500\left[\left(\frac{X}{X_0}\right)^{1/3} - \left(\frac{Y}{Y_0}\right)^{1/3}\right] \\ b^* = 200\left[\left(\frac{Y}{Y_0}\right)^{1/3} - \left(\frac{Z}{Z_0}\right)^{1/3}\right] \end{cases} \quad 3-(11)$$

式 3-(11)中: X_0, Y_0, Z_0 表示的是理想白的三刺激值。

$$X_0 = 94.83, Y_0 = 100.00, Z_0 = 107.38$$

式 3-(11)中: $\frac{X}{X_0}, \frac{Y}{Y_0}, \frac{Z}{Z_0}$ 应满足大于 0.008856, 否则按式 3-(12)进行计算:

$$\begin{cases} L^* = 903.3 \left(\frac{Y}{Y_0} \right) \\ a^* = 3893.5 \left(\frac{X}{X_0} - \frac{Y}{Y_0} \right) \\ b^* = 1557.4 \left(\frac{Y}{Y_0} - \frac{Z}{Z_0} \right) \end{cases} \quad 3-(12)$$

从 3-(11)、3-(12)公式中可以把在 CIERGB 颜色空间下的混纺织物图像参数通过 CIEXYZ 颜色空间转换到 CIELAB 均匀颜色空间下, 即把 RGB 参数通过 XYZ 参数转换到 L^*, a^*, b^* 参数, 从而实现不均匀颜色空间到均匀颜色空间的转换过程。

同样得到了在 CIELAB 颜色空间下的参数, 可以按以下方法从 CIELAB 颜色空间转换到 CIERGB 颜色空间下的参数。

首先从 CIELAB 颜色空间转换到 CIEXYZ 颜色空间下的参数:

$$\begin{cases} f(Y/Y_0) = (L^* + 16)/116 \\ f(X/X_0) = a^*/500 + f(Y/Y_0) \\ f(Z/Z_0) = f(Y/Y_0) - b^*/200 \end{cases} \quad 3-(13)$$

如果 $f(X/X_0) > 24/116$, 则 $X = X_0[f(X/X_0)]^3$;

如果 $f(X/X_0) \leq 24/116$, 则 $X = X_0[f(X/X_0) - 16/116](108/841)$;

如果 $f(Y/Y_0) > 24/116$ 或 $L^* > 8$, 则 $Y = Y_0[f(Y/Y_0)]^3$;

如果 $f(Y/Y_0) \leq 24/116$ 或 $L^* \leq 8$, 则 $Y = Y_0[f(Y/Y_0) - 16/116](108/841)$

如果 $f(Z/Z_0) > 24/116$, 则 $Z = Z_0[f(Z/Z_0)]^3$;

如果 $f(Z/Z_0) \leq 24/116$, 则 $Z = Z_0[f(Z/Z_0) - 16/116](108/841)$;

通过以上公式的转换, 可以从 CIELAB 颜色空间下的参数转换到 CIEXYZ 颜色空间参数, 得到了 CIEXYZ 颜色空间下的颜色参数进而可以转换到 CIERGB 颜色空间, 求出在 CIERGB 颜色空间下的参数。由式 3-(10)可以求其逆运算:

$$\begin{pmatrix} R \\ G \\ B \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 2.768892 & 1.751748 & 1.130160 \\ 1.000000 & 4.590700 & 0.060100 \\ 0.000000 & 0.056508 & 5.594292 \end{pmatrix}^{-1} \begin{pmatrix} X \\ Y \\ Z \end{pmatrix} \quad 3-(14)$$

$$= \begin{pmatrix} 0.4185 & -0.1587 & -0.0828 \\ -0.0912 & 0.2524 & 0.0157 \\ 0.0009 & -0.0025 & 0.1786 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} X \\ Y \\ Z \end{pmatrix} \quad 3-(15)$$

通过式 3-(13)、3-(14)进行变换,可以在 CIELAB 颜色空间得到的结果转换到 CIERGB 空间下,为以后的研究提供方便。

3.3 色差计算

在均匀颜色空间中可以利用色差公式来计算两种颜色在视觉上的颜色差别 ΔE 。色差 ΔE 具有非常重要的工业上的意义。在纺织品印染行业中,为了客观评定纺织产品的颜色质量的好坏,希望通过一个简单的值来表示出色差,但因为颜色固有的特性,它只能用颜色的三个属性来进行综合评定。在 CIELAB 均匀颜色空间下的色差计算表达式为:

1、明度差:

$$\Delta L^* = L_{sp}^* - L_{std}^* \quad 3-(16)$$

2、饱和度差:

$$\Delta C_s^* = C_{sp}^* - C_{std}^* \quad 3-(17)$$

$$\Delta C_s^* = [a_{sp}^* + b_{sp}^*]^{1/2} - [a_{std}^* + b_{std}^*]^{1/2} \quad 3-(18)$$

测试的样品与标准样之间的差值 ΔC_s^* 为负值时,表示标准样比样品颜色鲜艳; ΔC_s^* 为正值时,表示样品的颜色比标准样鲜艳。

3、色度差:

$$\Delta C_c^* = (\Delta a^{*2} + \Delta b^{*2})^{1/2} \quad 3-(19)$$

4、色相差:

$$\Delta H^* = (\Delta C_c^{*2} - \Delta C_s^{*2})^{1/2} \quad 3-(20)$$

5、总色差:

$$\Delta E^* = (\Delta L^{*2} + \Delta a^{*2} + \Delta b^{*2})^{1/2} \quad 3-(21)$$

$$\Delta E^* = (\Delta L^{*2} + \Delta C_c^{*2})^{1/2} \quad 3-(22)$$

$$\Delta E^* = (\Delta L^{*2} + \Delta C_s^{*2} + \Delta H^{*2})^{1/2} \quad 3-(23)$$

通过以上式子可以计算出两颜色间的色差值。下面举例计算两个样本间的色差。

$$\text{样本 1:} \quad X_{sp1} = 18.03 \quad Y_{sp1} = 13.14 \quad Z_{sp1} = 15.04$$

$$\text{样本 2:} \quad X_{sp2} = 17.97 \quad Y_{sp2} = 14.01 \quad Z_{sp2} = 15.13$$

$$\text{理想白:} \quad X_0 = 94.83 \quad Y_0 = 100.00 \quad Z_0 = 107.38$$

$$L_{sp1}^* = 116 \left(\frac{Y_{sp1}}{Y_0} \right)^{1/3} - 16 = 42.97$$

$$L_{sp2}^* = 116 \left(\frac{Y_{sp2}}{Y_0} \right)^{1/3} - 16 = 44.24$$

$$a_{sp1}^* = 500 \left[\left(\frac{X_{sp1}}{X_0} \right)^{1/3} - \left(\frac{Y_{sp1}}{Y_0} \right)^{1/3} \right] = 33.31$$

$$a_{sp2}^* = 500 \left[\left(\frac{X_{sp2}}{X_0} \right)^{1/3} - \left(\frac{Y_{sp2}}{Y_0} \right)^{1/3} \right] = 27.50$$

$$b_{sp1}^* = 200 \left[\left(\frac{Y_{sp1}}{Y_0} \right)^{1/3} - \left(\frac{Z_{sp1}}{Z_0} \right)^{1/3} \right] = -2.19$$

$$b_{sp2}^* = 200 \left[\left(\frac{Y_{sp2}}{Y_0} \right)^{1/3} - \left(\frac{Z_{sp2}}{Z_0} \right)^{1/3} \right] = -0.19$$

$$(1) \text{明度差:} \quad \Delta L^* = L_{sp1}^* - L_{sp2}^* = -1.27$$

$$(2) \text{饱和度差:} \quad \Delta C_s^* = C_{sp1}^* - C_{sp2}^* = (a_{sp1}^{*2} + b_{sp1}^{*2})^{1/2} - (a_{sp2}^{*2} + b_{sp2}^{*2})^{1/2} = 5.88$$

$$(3) \text{色度差:} \quad \Delta C_c^* = (\Delta a^{*2} + \Delta b^{*2})^{1/2} = [(a_{sp1}^* - a_{sp2}^*)^2 + (b_{sp1}^* - b_{sp2}^*)^2]^{1/2} = 6.14$$

$$(4) \text{色相差:} \quad \Delta H^* = (\Delta C_c^{*2} - \Delta C_s^{*2})^{1/2} = 1.76$$

(5) 总色差:

$$\begin{aligned} \Delta E^* &= (\Delta L^{*2} + \Delta a^{*2} + \Delta b^{*2})^{1/2} \\ &= (\Delta L^{*2} + \Delta C_s^{*2} + \Delta H^{*2})^{1/2} \\ &= 6.26 \end{aligned}$$

色差的计算在工业中具有广泛的意义。在纺织行业中主要应用于染整加工生产质量管理和质量控制。主要可以解决以下几个问题:

(1) 计算出颜色的总色差, 从而可以判断生产出来的批次样是否符合客户的要求。

(2) 在得到总色差的同时, 还可以计算出其它分量的色差值 ΔL^{*2} 、 Δa^{*2} 、

Δb^{*2} 、 ΔC^{*2} 、 ΔH^{*2} 。

(3)可以给出在不同条件下的条件等色指数，避免了在视觉判定时，由于判定条件的不稳定而产生误差。

3.4 实验数据

根据以上理论对几个实验样本点颜色参数进行了不同颜色空间的转换，得到了在不同颜色空间下的参数，其结果如表 3.1 所示：

表 3.1 样本颜色点不同颜色空间下参数表

	样本点(1)颜色	样本点(2)颜色	样本点(3)颜色	样本点(4)颜色
R	255	50	245	25
G	255	100	75	50
B	100	35	140	0
X	1265.8	353.2	968	156.8
Y	1431.6	511.2	597.7	254.5
Z	573.8	201.5	787.4	2.8
L	265.7	183.8	194.5	142.4
a	-28.0	-86.3	177.2	-91.4
b	135.9	97.9	-25.6	213.6

颜色样本点的色差关系数值如表 3.2 所示：

表 3.2 颜色样本点色差关系数值表

色差大小	样本点(1)颜色	样本点(2)颜色	样本点(3)颜色	样本点(4)颜色
样本点(1)颜色	0	107.47	270.66	158.93
样本点(2)颜色	107.47	0	291.20	122.99
样本点(3)颜色	270.66	291.20	0	363.42
样本点(4)颜色	158.93	122.99	363.42	0

3.5 本章小结

本章首先简单介绍了颜色的定义，然后详细介绍了不同颜色空间的特点及在

不同颜色空间下的参数转换问题，从而完成从 CIERGB 颜色空间下的参数到 CIELAB 均匀颜色空间下的参数转换计算。最后讨论了在 CIELAB 均匀颜色空间下的色差计算，为第五章利用聚类算法根据色差关系对混纺图像进行颜色聚类测量提供了理论基础。

第四章 基于免疫记忆多克隆选择算法的模糊核层次聚类算法

本章首先介绍了人工免疫系统的相关知识,然后针对免疫克隆选择算法的不足对其进行了适当的改进,最后将该算法应用到对模糊 c 均值聚类算法的改进中,提出了一种基于免疫记忆多克隆选择算法的模糊核层次聚类算法,为下一章利用聚类算法对混纺织物图像进行颜色测量奠定了基础。

4.1 人工免疫算法

4.1.1 生物免疫系统

生物免疫系统是一种在生物不断进化过程中自然形成的抵抗外界抗原的防卫系统,它具有能自动抵抗侵入机体的抗原,保护机体和进行机体免疫的功能,同时还具有多分布性、并行性和自适应性等特性^[26]。计算机研究者们从生物免疫系统找到了许多值得借鉴的特性,并将这些特性成功应用到了计算机许多领域。

生物免疫系统特性有以下几方面组成:

(1)自适应性:生物免疫系统具有能够区分新病毒的能力,一定程度上增强了生物免疫系统抵御外部较差环境的能力。

(2)记忆性:生物免疫系统能达到快速检测并清除已知病毒的能力,这主要是由于生物免疫系统具有一定的记忆功能。在生物免疫过程中利用 B 细胞的记忆功能,当遇到新病毒时能够把新病毒的相关信息保存下来,如果当 B 细胞再次遇到这种病毒时就可以对其进行快速识别、检测和清除,从而达到迅速保护机体的作用。

(3)多样性:由于细胞的遗传和克隆等特征,在免疫细胞不断进行自我复制时,可以发生变异,增加免疫细胞的种类,提高免疫细胞的多样性。正是由于免疫细胞具有多样性,才能保证当出现任何一种抗原时,生物免疫系统都能及时找到可以检测和清除抗原的免疫细胞,从而快速起到抵抗抗原的作用。

(4)分布性:生物免疫系统是一个非常庞大且复杂的系统,在全身都有相应的局部免疫系统的分布,从而形成一个完整的免疫系统。由于抗原的侵入具有分

布性，它能随时侵入机体的各个方面，这也就要求免疫系统具有分布性，这样才能有效抵抗来自各方面抗原的威胁。当抗原侵入机体后，它通过分布在全身局部的免疫系统的互相协作来迅速有效地清除抗原，从而保护机体。

(5)动态性：由于生物体内的淋巴细胞不断地死亡和再生，主要由这些淋巴细胞构成的生物免疫系统也具有了相应的动态性。一般情况下，生物免疫细胞的存活期比较短，取代它们的是不断新产生的淋巴细胞，这就保证了生物免疫细胞具有动态性。

除了上面介绍的几种比较重要的特点外，生物免疫系统还有很多其它方面的特性，如：多层性、不完全匹配性。生物免疫系统是生物体在不断进化过程中形成的，随着进化的进行而逐步完善。

4.1.2 人工免疫算法原理

人工免疫系统是一种基于进化的系统，所以在人工免疫系统的基础上发展起来的免疫算法也具有进化功能。免疫算法的基本思想就是通过利用抗体和抗原两者的相互作用，并对抗体进行相应的克隆、选择等操作，逐步达到对抗体进行优化的目的。免疫算法把待优化的问题与免疫系统中的抗原进行相对应，把待优化问题中的候选解对应于免疫系统中的抗体，用抗体与抗原的亲亲和度的大小来表示候选解的好坏，这样就把免疫算法中对问题的优化过程与生物免疫系统中免疫细胞检测抗原并实现抗体的进化过程联系起来了。

人工免疫算法与生物免疫系统机理的对应关系^[27]如表 4.1 所示。

表 4.1 人工免疫算法与生物免疫系统机理的对应关系

生物免疫系统		人工免疫算法	
免疫学原理	免疫操作	免疫算子	免疫算子含义
克隆选择原理	细胞活化	免疫选择	优质抗体被选择
	细胞分化	个体克隆	被选中的抗体克隆自己
	亲和力成熟	变异	对克隆抗体进行变异操作
免疫调节原理	克隆抑制	克隆抑制	清除变异结果中较差的个体
	维持动态平衡	种群刷新	随机产生抗体加入抗体群

根据表 4.1 中两系统相互之间的对应关系可知,人工免疫算法主要是根据生物免疫过程发展起来的,主要包括以下几大对应关系:

(1)初始抗体的产生关系:设计针对待优化问题的抗体合适的编码方案,并在抗体编码下根据待优化问题的已知条件来生成初始抗体种群;

(2)抗体评价对应关系:根据抗体的亲和度大小对抗体的质量进行评价,评价准则主要是抗体亲和度和个体浓度,评价得出的优质抗体将对其进行进化操作,劣质抗体将会被更新;

(3)克隆选择关系:采用人工免疫算法中的免疫选择、克隆、变异、克隆抑制等相关操作算子来实现生物免疫系统中的对应的各种免疫操作,从而实现对各种问题的优化解决。

4.1.3 人工免疫算法特点及应用

人工免疫算法思想是以生物免疫学为基础,通过模拟生物系统免疫的原理来解决实际中复杂问题的一种智能化算法,它继承了生物免疫系统很多重要的优点和特性^[28]主要有以下几方面:

(1)全局搜索能力强:生物免疫系统利用自身的多种免疫功能生成多种抗体来检测、识别并最终清除抗原。免疫应答中的抗体更新过程是一个全局搜索的进化过程。算法在对优质抗体邻域进行局部搜索的同时利用变异算子和种群刷新算子不断产生新个体,探索可行解区间的新区域,保证算法在完整的可行解区间进行搜索,提高全局收敛性能。

(2)多样性保持功能:人工免疫算法继承了生物免疫系统中的多样性特点,把抗体浓度的大小,作为评定抗体质量好坏的一个重要因素,并通过抑制高浓度抗体,提升低浓度抗体,来保证抗体种群的多样性,从而保证算法的全局搜索能力。

(3)分布式搜索功能:外界抗原具有分布性,所以要求算法也具有分布式和自适应的等特性,能对来自各方面的抗原产生免疫作用。同样通过继承和发展生物免疫系统的建立起来的人工免疫算法也具有分布式搜索功能。

目前,人工免疫系统在实际应用中越来越广泛,解决实际问题的能力也越来越强,与其它学科结合的紧密度也越来越高,主要包括计算机技术、计算智能、

模式识别、控制理论与控制工程等不同学科^[29]。

尽管人工免疫算法技术有了很大的发展，其理论研究也不断地深入，相应方法也越来越多，但是依然存在很多的问题。今后应该重点研究的方向有以下几方面：

(1)需要进一步深入研究人工免疫系统的各种计算原理和理论，在理论方面能有新的突破；(2)对现有的人工免疫系统模型进行适当的改进，以便用来更好的解决实际问题；(3)逐步扩大人工免疫系统应用领域。

4.1.4 克隆选择算法

克隆选择学说最初是由免疫学家 Burnet^[30]于 1958 提出来的，此后其理论不断被研究和发展。克隆选择学说认为，免疫系统是通过抗体不断的进行自我复制和克隆来实现清除抗原和保护机体功能的。在免疫系统中实现抵抗外界抗原，清除抗原功能的细胞称为淋巴细胞，淋巴细胞主要有两种细胞组成：B 细胞和 T 细胞。在免疫过程中能识别、检测抗原和产生抗体的细胞是 B 细胞，T 细胞的作用是能够根据一定的条件促进 B 细胞的生成和限制 B 细胞分化。当抗原侵入机体后，由 B 细胞产生的抗体与抗原进行相互结合，如果两者的结合力超过一定范围的时候，B 细胞就会进行自我克隆功能，产生大量的克隆体。其中一部分 B 细胞克隆体变为记忆细胞，这些记忆细胞能对以前遇到的相同抗原进行迅速的识别、检测和清除，以此达到生物体对抗原进行免疫记忆的功能。而 T 细胞的作用是调整 B 细胞的克隆，当 B 细胞克隆后的浓度超过一定的程度时，T 细胞就会对 B 细胞进行抑制，阻止 B 细胞的过度克隆。在人工免疫系统中，人们从不同的方面对克隆进行了研究，提出了一些常用克隆算法，并在实际中也得到了广泛的应用，代表性的算法是 Castro^[31]等提出单克隆选择算法(SCSA)。其算法流程图如图 4.1 所示：

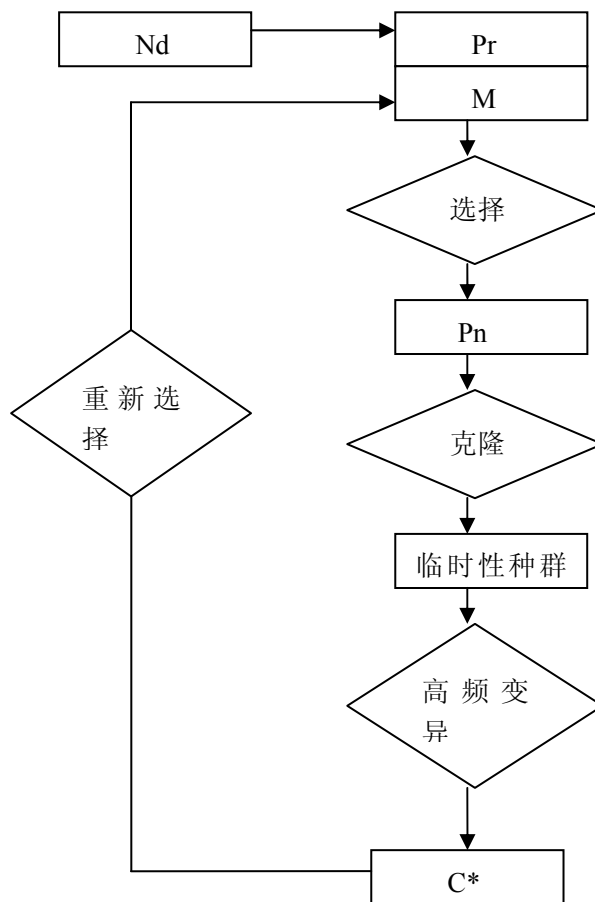


图 4.1 单克隆选择算法流程图

算法主要由以下几个步骤组成：

(1)首先生成待优化问题的可行解的集合 P ，其中 P 有两种集合组成，分别是记忆抗体(M)和保留抗体(Pr)，即： $P=Pr+M$ ；

(2)根据亲和度计算，选取 n 个抗体(Pn)；

(3)复制（克隆）种群中这 n 个最好的个体，生成临时抗体种群(C)，其中克隆规模的大小与亲和度大小成正比。

(4)对克隆临时抗体种群进行高频变异操作，高频变异操作与抗体的亲和度大小相对应，从而得到一个经过变异操作后的抗体种群(C^*)；

(5)重新选择 C^* 中的抗体组成记忆抗体 M 。 C^* 中其他改进的抗体替换 P 中的一些抗体。

(6)利用新产生的抗体替换 d 个旧抗体。亲和度低的抗体更容易被取代。

免疫算法与一般的遗传免疫算法相比不同之处是：一方面用计算抗体亲和度的大小来替换遗传免疫算法基于概率的方法，另一方面通过组成记忆抗体群 M ，

用保留最优解的种群方法来替换遗传算法中只保留单个最优解,从而加强了算法的全局搜索能力;同时通过采用新旧两种抗体的迭代优化,从而加强种群的多样性特性,也有利于提高算法全局搜索能力。

4.2 免疫记忆多克隆选择算法

单克隆选择算法虽然一定程度上解决了遗传算法中局部搜索能力差且常产生进化缓慢甚至停止不前等问题,如果算法中采用较小的变异概率来提高局部搜索能力,但同时也一定程度上降低了该算法的全局搜索能力;如果采用较大的变异概率来提高算法的全局搜索能力,虽然算法的全局搜索能力提升了,但算法收敛的精度却降低了。同时该算法中也没有处理好抗体间的关系,这就很容易导致算法搜索过程中出现缺乏种群的多样性,缺乏抗体选择的随机性,可能使算法陷入收敛到局部最优值而不能收敛到全局最优值等问题;

为了尽可能解决单克隆选择算法的带来的问题和克服其不足之处,对算法进行适当的改进,同时也增强了算法的搜索能力。改进后的克隆选择算法在数据挖掘、模式识别等方面得到了广泛的应用。

4.2.1 算法基本思想

根据人工免疫系统主要原理、思想,结合克隆选择学说等相关理论,对克隆选择算法进行了适当的改进,提出一种改进后的克隆选择算法—免疫记忆多克隆选择算法(MMCSA),一定程度上克服了单克隆选择算法中的不足之处。

算法主要特征有以下几个方面:

(1)多克隆算子:多克隆算子指利用变异、交叉算子来实现不同种群间的信息交流,而且充分利用种群中抗体间的相互关系,增强了种群的多样性,提升了种群的寻优速度。单克隆算法中主要操作算子包括克隆、变异和克隆选择三种算子,而在多克隆选择算法中主要操作算子包括克隆、变异、克隆交叉(重组)和克隆选择四种操作算子。这些多种克隆算子的引入既可以增强抗体种群的多样性,又使寻找种群最优值的速度大大减少,从而缩短算法的运行时间。

(2)多层次方法:生物体的免疫主要由非特异性和特异性免疫两个层次组成。非特异性免疫就是指不针对特定的某一种抗原,能对多种不同类型的抗原起到同

样的抵抗和清除作用，即对抗原的种类没有特别要求，对任何一种出现的抗原都能起到抵抗作用。特异性免疫就是指产生一些淋巴细胞去检测、识别和清除抗原，检测成功后可以长期保存这些抗原的特征信息，当这些相同的抗原再次侵入机体时就能被特异性免疫细胞快速检测出来并对它们进行抵抗和清除功能，达到机体迅速免疫的目的。论文中利用不同的操作算子对死亡抗体群、普通抗体群、记忆抗体群进行相应的算子操作。

(3)自适应特性：生物免疫系统的自适应特性指免疫细胞可以自适应地进行认知从而来识别和检测特种抗原，并保存抗原体的特征信息，如果下次出现相同的抗原体时就可以快速地做出检测和识别。人工免疫算法模仿生物免疫系统的自适应特性，利用尺度收敛操作算子，在寻优过程中对抗体进行自适应的调整；同一代种群中的每个抗体的交叉率、变异率和克隆数根据其亲和度的大小自动进行调整。

(4)免疫记忆：当机体遇到某种抗原后再次遇到同样的抗原时，则其抗体出现的时间会比第一次遇到抗原时产生抗体的时间会大大缩短，同时相应抗体的含量也会大大增加，维持时间也更长。

4.2.2 算法基本函数

首先对算法进行适当的描述，定义如下函数：

定义 4.1 浮点编码与解码公式。

浮点编码公式：浮点数 z_i 与待优化函数的变量 x_i 可以建立如式 4-(1)所对应的关系：

$$z_i = \frac{x_i - p_i}{q_i - p_i} \quad 4-(1)$$

其中 $x_i \in [p_i, q_i]$, $p_i < q_i$, $i = 1, 2, \dots, n$, p_i, q_i 是 x_i 的定义域范围。其两种变量相应的解码公式为：

$$x_i = p_i + z_i * (q_i - p_i) \quad 4-(2)$$

定义 4.2 尺度收敛算子。

进行交叉操作的尺度收敛因子定义为：

$$\theta = 1 - \left(\frac{k-1}{k}\right)^m \quad 4-(3)$$

进行变异操作的尺度收敛因子定义为：

$$\lambda = \frac{\theta}{100} \quad \text{其中 } \lambda \in [0.01, 0.001] \quad 4-(4)$$

式 4-(3)中 m 是一个整数，这里取 $m=8$ ， k 表示迭代次数。

定义 4.3 交叉和变异的自适应调整算子。

为了增强算法的全局搜索能力，同时也保持种群的多样性，防止算法收敛到函数的局部极值点，所以在算法中采用交叉自适应算子来不断更新个体，保持种群的多样性。利用变异自适应算子的目的是使更新的抗体的编码发生变化，以便获得更优质的解。

交叉自适应算子调整公式：

$$P_c = \begin{cases} \frac{P_{c\max} - P_{c\min}}{1 + \exp(J \cdot (\frac{f - f_{avg}}{f_{\max} - f_{avg}}))} + P_{c\min} & , f \geq f_{avg} \\ P_{c\max} & , f < f_{avg} \end{cases} \quad 4-(5)$$

变异自适应算子调整公式：

$$P_m = \begin{cases} \frac{P_{m\max} - P_{m\min}}{1 + \exp(J \cdot (\frac{f - f_{avg}}{f_{\max} - f_{avg}}))} + P_{m\min} & , f \geq f_{avg} \\ P_{m\max} & , f < f_{avg} \end{cases} \quad 4-(6)$$

式 4-(5)、4-(6)中 $J=9.9034$ ， $P_{c\max}$ 、 $P_{c\min}$ 、 $P_{m\max}$ 、 $P_{m\min}$ 分别表示设定的最大和最小的交叉率和变异率，亲和度 f 的值是指抗体在该抗体群中的序号，其序号是按照亲和度大小进行排列得到的。

定义 4.4 抗体的克隆数公式。

$$q_i = n_y \times \frac{i}{\sum_{i=1}^r i} \quad 4-(7)$$

其中 n_y 是该抗体群的克隆总数， r 是该抗体群的种群规模， i 是该抗体在抗体群中的序号 $i=1, 2, \dots, r$ 。

定义 4.5 启发式克隆交叉算子。

根据交叉概率 p_c 挑选出参加交叉的抗体分量 x_i ，并与在记忆抗体群中相对应位置中的抗体分量 x_{mi} 进行相互交叉操作，其公式为：

$$x_i' = x_i \times \theta + x_{mi} \times (1 - \theta) \quad 4-(8)$$

定义 4.6 双超变异算子。

当抗体位于奇数时，采用柯西变异算子：

$$x_i' = x_i + \lambda \times C_{rand} \quad 4-(9)$$

式 4-(9)中 λ 表示为变异尺度收缩因子， C_{rand} 表示一个随机数并且服从柯西分布。

当抗体位于偶数时，则采用超变异算子为：

$$x_i' = 1 - x_i \quad 4-(10)$$

定义 4.7 错位线性交叉算子。

依交叉概率 P_{ic} 选出要参加交叉的抗体分量 x_i' ，然后同在该抗体的其它位置中随机选出的抗体分量 x_{ci}' 进行线性交叉，这样有利于提高种群的多样性。通常交叉概率取为正常交叉概率值的一半。

$$x_i'' = x_i' \times \theta + x_{ci}' \times (1 - \theta) \quad 4-(11)$$

定义 4.8 高斯变异算子。

$$x_i' = x_i + \lambda \times N(0,1) \quad 4-(12)$$

其中 $N(0,1)$ 表示服从高斯分布的随机数，其均值为 0，方差为 1。

定义 4.9 消亡算子。

消亡算子是指用定义域中的值 x_i' 重新替换在死亡抗体群中的抗体分量 x_i ，这样可以保持种群的多样性，其公式为：

$$x_i = rand \times (q_i - p_i), x_i \in [p_i, q_i] \quad 4-(13)$$

4.2.3 算法基本步骤

在多克隆选择算法中，用抗体表示待优化函数的候选解并采用浮点数编码，用抗原表示待优化函数和约束条件。根据抗体亲和度大小将抗体种群分组，对记

忆抗体种群 M 和普通抗体种群 Y 两种抗体种群进行交叉和变异算子操作，在单克隆选择算法中主要采用变异算子，没有采用交叉等多种算子，所以其操作方法比较单一。对记忆抗体种群 M 利用高斯变异算子和错位线性交叉算子实行较小的局部调整，从而来保证抗体群中优秀抗体的稳定性；对普通抗体种群 Y 采用双超变异算子和启发式交叉算子操作加强算法的全局寻优能力。死亡抗体群则死亡再生以补充种群多样性。在抗体种群进化的过程中，采用交叉率和变异率进行自动调整，以便使抗体逐步趋于稳定收敛，得到稳定的解。

算法的主要步骤为：

Step1: 算法初始化。将抗原表示为待优化函数和其约束条件，采用浮点数编码并初始化种群，设定算法参数，计算种群的亲合度大小，设置进化代数 $t=0$ 。

Step2: 判断算法的停止条件。如果满足停止条件就结束算法，否则继续算法的运行，并使进化代数加 1，即 $t=t+1$ 。

Step3: 根据种群亲和度大小按一定比例产生记忆种群 M 、普通种群 Y 、死亡种群 D 。

Step4: 抗体消亡操作。模拟生物克隆选择中 5% 的 B 细胞自然消亡的过程，重新初始化 5% 个抗体来替代死亡抗体，以保证抗体的多样性，直接进入下一代。

Step5: 利用克隆算子、双超变异算子和启发式交叉算子等多克隆选择算子对普通抗体的每一个抗体 $Y(k)$ 进行依次操作，操作后的抗体记作 $Y'(k)$ 。

Step6: 采用克隆算子、高斯变异算子和错位线性交叉算子依次对记忆抗体群中每一抗体 $M(k)$ 进行操作，操作后的抗体记作 $M'(k)$ 。

Step7: 选择操作。分别计算死亡抗体群 $D(k)$ 、普通抗体群 $Y'(k)$ 和记忆抗体群 $M'(k)$ 的亲合度，恢复种群空间，选出高亲和度的抗体构成下一代抗体群。

Step8: 返回 Step2。

4.2.4 实验结果及分析

实验对三个典型函数进行了测试，同时将论文提出的多克隆选择算法与单克

隆选择算法进行了比较。

$$\text{函数 1: } f_1(X) = \sum_{i=1}^n x_i^2 / 4000 - \prod_{i=1}^n \cos(x_i / \sqrt{i}) + 1 \quad -60 \leq x_i \leq 60$$

$$\text{函数 2: } f_2(X) = \sum_{i=1}^n (x_i^2 - 10 \times \cos(2\pi x_i) + 10) \quad -5.12 \leq x_i \leq 5.12$$

$$\text{函数 3: } f_3(X) = 0.5 - \frac{\sin^2(\sqrt{\sum_{i=1}^n x_i^2}) - 0.5}{1 + 0.001 \times \sum_{i=1}^n x_i^2} \quad -10 \leq x_i \leq 10$$

函数 f_1 是一个 Griewank 函数，在 $x_i = 0 (i=1, 2, \dots, n)$ 时取得函数的全局极小值，当 $x_i \approx \pm k \cdot \pi \sqrt{i} (i=1, 2, \dots, n; k=0, 1, 2, \dots, n)$ 取得函数的局部极小值点。

函数 f_2 是一个 Rastrigrin 函数，当 $x_i = 0 (i=1, 2, \dots, n)$ 时取得函数的全局极小值，在函数定义区间 $(-5.12, 5.12)$ 内大约有 $10n$ 个局部极小值点。

函数 f_3 是一个 Schaffer 函数，其函数的全局最大值是 1，当 $x_i = (0, 0, \dots, 0)$ 取得，从图 4.2 测试函数三维特征图(c)函数 f_3 的三维特征图中可以看出在函数最大峰值旁边有一个圈脊对应函数值为 0.990284，所以在函数优化时，比较容易陷入函数这个局部的极大值点。

三个测试函数的三维特征图如图 4.2 所示：

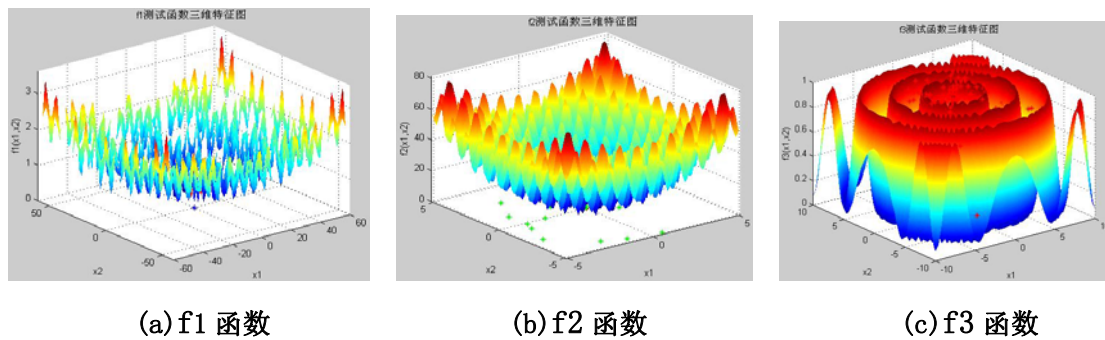


图 4.2 测试函数三维特征图

MMCSA 算法主要选取参数为：抗体种群的规模大小为 $N=100$ 。其中记忆抗体种群规模大小为 $M=N*30\%$ ，死亡抗体种群规模大小为 $D=N*5\%$ ，普通抗体种群规模大小为 $Y=N-M-D$ ，最大停止进化代数为 $G=300$ ，函数的维数大小为 5，总的克隆规模大小为 $nc=4*N$ ，记忆克隆规模大小为 $nm=nc*40\%$ ，则普通抗体克

隆规模大小为 $n_y = n_c - n_m$ ，取最大交叉概率为 $P_{c\max} = 0.8$ ，最大的变异概率为 $P_{m\max} = 0.7$ 。

SCSA 算法主要选取参数为：种群规模大小为 100，最优个数的数目为 100，各抗体群的规模大小为 10，变异概率为 0.01，最大停止进化代数为 $G=300$ ，SCSA 的每一个二进制编码长度为 22 位。

采用满足关系式 $|f^* - f^{best}| \leq \varepsilon$ or $g \leq G$ 作为两种算法的停止条件，其中 f^* 表示目标函数的最优值， f^{best} 为当前进化得到的最优解， ε 表示算法设定的精度， g 为当前进化代数。

在上述准则下各算法在相同环境中独立运行 30 次，结果如表 4.2 所示。表中 max_gen、min_gen、mean_gen 分别表示算法进化需要代数的最大值、最小值、平均值， δ 为运行 30 次所需进化代数的标准偏差， V_{avg} 为函数的平均最优值，Fn 为未收敛次数。

表 4.2 仿真实验数据图

		f1($\varepsilon = 10^{-3}$), n=5	f2($\varepsilon = 10^{-3}$), n=5	f3($\varepsilon = 5 \times 10^{-3}$), n=5
S	max_gen	115	109	116
S	min_gen	95	76	85
C	mean_gen	110.5	92.5	94.7
S	δ	4.76	4.62	4.62
A	Vavg	6.8857×10^{-4}	6.3744×10^{-4}	9.9476×10^{-4}
	Fn	0	0	0
M	max_gen	14	12	8
M	min_gen	7	6	4
C	mean_gen	9.4	10	6.5
S	δ	2.40	5.34	2.36
A	Vavg	6.5792×10^{-4}	3.6540×10^{-4}	9.9370×10^{-4}
	Fn	0	0	0

实验结果说明，多克隆选择算法在三个函数性能上均优于单克隆选择算法，其收敛速度和精度都有很大程度的提高，同时表明该算法具有较强的稳定性。

图 4.3 的(a)、(b)、(c)表示的是这三个函数的某一次优化曲线。由于采用变异方法和启发式算子增加了算法中抗体的多样性，从而加快了收敛到函数全局最优值的速度，同时也提高了算法的全局搜索能力。

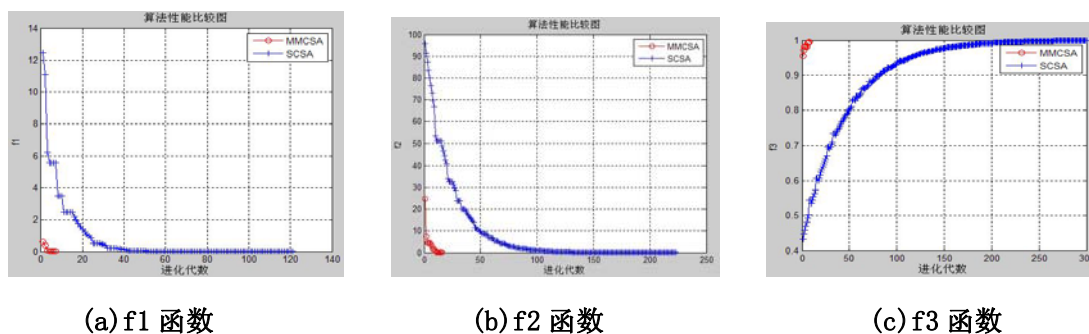


图 4.3 优化过程比较图

表 4.3、4.4、4.5 记录的是三个测试函数独立运行前 10 次的多克隆选择算法和单克隆选择算法当函数收敛时所需要的进化代数次数，纵坐标表示达到函数收敛时两种算法需要进化的代数，横坐标表示第几次独立运行次数。其各自性能比较图如图 4.4、4.5、4.6 所示。

两种算法对函数 f1 进化性能数据如表 4.3 所示：

表 4.3 函数 f1 两算法进化所需代数表

函数 f1	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
SCSA	110	108	112	108	114	113	110	113	114	112
MMCSA	10	9	8	10	9	8	9	10	11	10

两种算法对函数 f1 进化性能比较如图 4.4 所示。

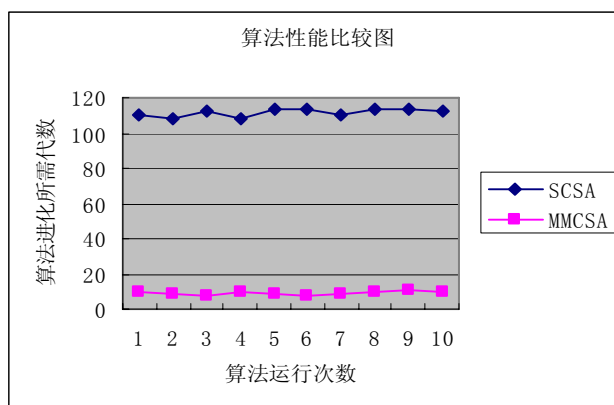


图 4.4 两种算法对函数 f1 进化性能比较图

两种算法对函数 f2 进化性能数据如表 4.4 所示：

表 4.4 函数 f2 两算法进化所需代数表

函数 f2	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
SCSA	95	97	94	96	92	91	90	92	96	94
MMCSA	9	8	10	9	11	10	8	9	9	10

其两种算法对函数 f2 进化性能比较如图 4.5 所示：

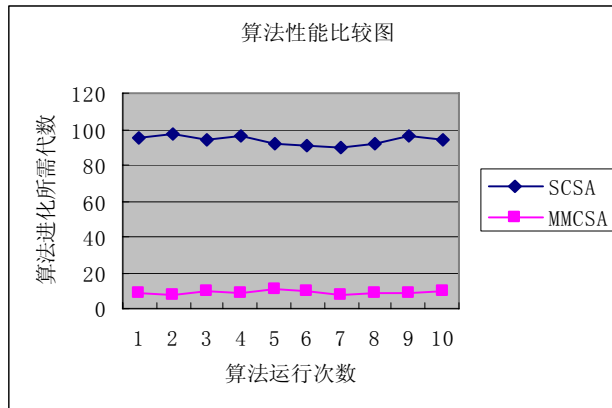


图 4.5 两种算法对函数 f2 进化性能比较图

两种算法对函数 f3 进化性能数据如表 4.5 所示:

表 4.5 函数 f3 算法进化所需代数表

函数 f3	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
SCSA	90	95	96	94	93	90	94	96	92	88
MMCSA	7	6	7	6	7	8	6	7	6	5

两种算法对函数 f3 进化性能比较如图 4.6 所示:

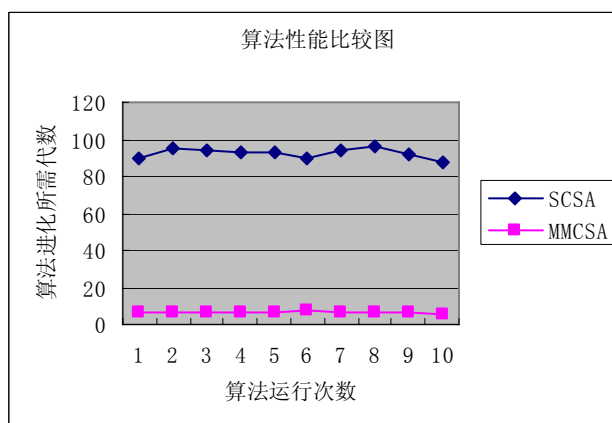


图 4.6 两种算法对函数 f3 进化性能比较图

从以上三个函数的性能比较图中可以直观的发现,单克隆选择算法其稳定性不如免疫记忆多克隆选择算法,而且其所需进化代数要大于免疫记忆多克隆选择算法。

4.3 聚类算法及常用模糊聚类算法分析

4.3.1 聚类算法概念及分类

把由多个数据样本元素所组成的集合根据一定的划分规则划分成为由相类似的样本元素组成的多个集合类别的过程称为聚类^[32]。由聚类算法划分生成的

类是一组数据元素的集合，这些元素与同一个类中的元素之间相似，与不同类中的元素相异。

聚类分析与分类分析的不同之处在于，聚类分析开始输入的是一组原先没有类别记号的元素，并且在聚类分类前并不知道这些元素应划分成几类。聚类分析按照一定的分类规则，把数据元素集合进行合理地划分，以此来确定每个元素所属类别。在具体的聚类过程中由聚类分析工具产生具体的分类规则。

在不同聚类算法中，有的采用欧氏距离，有的采用向量夹角的余弦，也有的采用其他度量方法来描述不同的相似性函数^[33]。如果预先不知道类型数目，或者利用数学估计方法也不能很好的区分不同类型之间的类别概率函数时，就可以采用聚类分析方法来研究和分析。有些聚类分析算法在不知道聚类数目的情况下，可以按照一定的规则自动生成聚类数目 k ，有些也可以利用给出的聚类数目 k 作为聚类算法的结束的条件，这些条件往往因解决不同的问题而不同。

现有的主要聚类算法可以大致分为以下几种聚类方法^{[34][35]}等方法。

1、划分聚类方法

其基本思想是采用使目标函数最小化的方法把数据集合划分成 k 个组，每一个组就是一个类。它要求搜寻所有的可能划分，但实际上搜寻所有可能的划分是不太现实的，所以往往按照某种迭代优化的方法进行聚类划分。该方法的优点是收敛速度比较快，比较容易区分凸形分布大小相近、密度相近的类别，但缺点是难以区分分布形状比较复杂的类别，且事先初始化聚类中心的选择对算法结果影响比较大并且聚类的类别数目能预先进行适当的估算。在实际中比较常用的是 k 平均(k -means)算法和 k 中心点(k -medoids)算法。

2、层次聚类方法

层次聚类算法思想就是把数据集合分层建立簇。其主要有两种层次聚类方法组成：凝聚的层次聚类和分裂的层次聚类。凝聚的层次聚类是按照自底向上方向进行层次分解聚类，而分裂的层次聚类就是按照自顶向下的方向进行层次分解聚类，两者的不同之处在于分类的方向有所区别。

3、基于密度的聚类方法

基于密度的聚类算法是根据数据对象的分布密度规则，连接相邻分布密度比较大的区域。这种方法的优点是可以探索具有任何分布形状的数据并进行聚类，

而且能对不寻常的数据进行有效分析。对空间数据的聚类中用途比较广泛。划分聚类算法往往对不规则的形状的数据集合很难进行处理和分析,但是基于密度的聚类算法却能对此类问题进行有效地分析和处理。

4、基于网格的聚类方法

基于网格的聚类方法主要原理是对数据以空间分类的方向为基础,采用空间的高维网格结构,将空间分类为有限个数目的结构单元以便构成一个可以进行聚类处理的网格数据结构。该方法的优点是数据对象的数目的大小不会影响聚类分析的时间,但每维空间所分类的结构单元数对聚类分析时间有一定的影响,较容易处理任何类型的数据,但造成的结果是聚类合理性和准确率的降低。其优点还在于数据的顺序对聚类分析的影响不大,在低维情况下适用性比较广,但此类算法不适用于高维情况。

5、基于模型的聚类方法

基于模型的聚类方法基本思想就是根据给定的每一个假设的聚类分析模型,去寻找目标数据集使之能够很好的符合这个聚类分析模型。这样一个聚类分析模型可能是数据点在空间中的概率密度分布函数或者其它的函数。它的前提的一个假设是待聚类的数据集是由很多的概率分布所确定的。

4.3.2 硬 c 均值聚类算法

上一节介绍了一些常见的聚类方法,但在实际中受到广泛应用的是基于目标函数的模糊聚类算法。其中模糊 c 聚类算法^[36]又是基于目标函数聚类算法中理论研究比较成熟和应用比较广泛的一种模糊聚类算法。对硬聚类算法的目标函数进行改进就可以得到模糊 c 聚类算法。

给定 $X = \{x_1, x_2, x_3, \dots, x_n\}$ 表示空间中 n 个模式的一组有限的测量数据样本集合, $x_k = (x_{k1}, x_{k2}, \dots, x_{ks})$ 表示测量样本数据 x_k 的特征矢量, x_{kj} 为 x_k 的第 j 维特征上的数据值。对给定的测量数据样本集合 X 的聚类分析就是对样本集合 X 进行 c 划分,得到 c 类聚类结果的过程。

为了得到所有可能的分类中合理的分类结果,所以需要确定聚类准则,然后根据确定的聚类准则对数据样本集合 X 进行划分,得到分类结果。在硬 c 分类中,采用最小平方误差作为聚类准则。

假定 $U = [\mu_{ik}]_{c \times n}$ 为一个聚类划分矩阵, $V = \{v_1, v_2, \dots, v_n\}$ 为聚类中心, 其聚类数目为 c , 那么硬 c 均值聚类的目标函数可以表示为:

$$\begin{cases} J_1(U, V) = \sum_{k=1}^n \sum_{i=1}^c \mu_{ik} (d_{ik})^2 \\ s.t. \quad U \in M_{hc} \end{cases}$$

数据样本集合 X 所对应的硬 c 分类空间表示为:

$$M_{hc} = \left\{ U \in R^{cn} \mid \mu_{ik} \in \{0, 1\}, \forall i, k; \sum_{i=1}^c \mu_{ik} = 1, \forall k; 0 < \sum_{k=1}^n \mu_{ik} < n, \forall i \right\}$$

式中, n 表示数据集中 X 元素的个数, c 是聚类中心个数 ($1 < c < n$)。 d_{ik} 是数据样本点 x_k 与聚类中心 V_i 的失真度, 一般用距离来度量, $V_i \in R^s$ ($1 \leq i \leq c$)。 μ_{ik} 是第 k 个数据样本点属于第 i 个聚类中心的隶属度值, 隶属度值越大说明该数据样本点与该聚类中心的相似程度越高, 也越容易分到该聚类中心确定的类别中。各类中数据样本点与其典型数据样本点的误差平方和用关系式 $J_1(U, V)$ 来表示。

HCM (硬 c 均值算法) 就是求当 $J_1(U, V)$ 为最小值时的分类结果。用数学关系式描述并满足以下约束条件:

$$\sum_{i=1}^c \mu_{ik} = 1 \quad 1 \leq k \leq n$$

$$\min J_1(U, V) = \sum_{k=1}^n \sum_{i=1}^c \mu_{ik} (d_{ik})^2$$

$$\mu_{ik} \in \{0, 1\}, \quad 1 \leq k \leq n, \quad 1 \leq i \leq c$$

$$0 < \sum_{k=1}^n \mu_{ik} < n, \quad 1 \leq i \leq c$$

求 $\min J_1(U, V) = \sum_{k=1}^n \sum_{i=1}^c \mu_{ik} (d_{ik})^2$ 的解。

HCM (硬 c 均值算法) 主要步骤为:

算法初始化: 给出聚类分类别数目为 c , $2 \leq c \leq n$, n 表示数据样本中数据的个数, 设置算法迭代停止精度 $\varepsilon > 0$, 初始化 $V^{(0)}$, 设置迭代计数器 $j=0$;

步骤 1: 计算式 4-(14)更新矩阵 $U^{(j)}$:

$$\mu_{ik}^{(j)} = \begin{cases} 1 & d_{ik}^{(j)} = \min_{1 \leq r \leq c} \{d_{ir}^{(j)}\} \\ 0 & \text{other} \end{cases} \quad 4-(14)$$

步骤 2: 计算式 4-(15)更新矩阵 $V^{(j+1)}$:

$$V^{(j+1)} = \frac{\sum_{k=1}^n \mu_{ik}^{(j+1)} \cdot x_k}{\sum_{k=1}^n \mu_{ik}^{(j+1)}}, i = 1, 2, \dots, c \quad 4-(15)$$

步骤 3: 如果满足 $\|V^{(j)} - V^{(j+1)}\| < \varepsilon$ 则算法停止, 否则设 $j=j+1$, 返回到步骤 1 中。

另外算法还可以采用初始化聚类算法中的隶属度矩阵 $U^{(0)}$, 作为起始和结束条件。其算法步骤跟上述步骤相似, 只不过是采用隶属度函数作为聚类的准则函数。

4.3.3 模糊 c 均值聚类算法

从前一章介绍的硬 c 均值聚类中可以发现其隶属度 μ_{ik} 要么为 1, 要么为 0, 所以不管这种划分合不合理, 每个数据样本总是可以被归并到某个类中。这样的缺点就是不能很好的表示出数据样本与聚类类中心的关系, 而且在实际中也很难找到有这么严格区分的问题。为了能够更好地处理和解决这类问题, 人们引入模糊集的概念, 提出了基于目标函数的聚类方法即 FCM 算法。

模糊聚类算法根据函数隶属度的大小进行合理的划分从而解决聚类的问题, 其实质就是用隶属度函数来表示数据对类中心的归属程度的大小, 以此来判别数据归属于哪一类中。模糊聚类对数据样本中属于各个类别的模糊化程度进行了描述, 更能客观地体现出现实世界中事物之间的相互关系。

模糊集理论是把硬 c 划分中的隶属度函数取值范围 μ_{ik} 从 $\{0, 1\}$ 扩展到了 $[0, 1]$ 闭区间, 从而推导出模糊 c 划分, 这样聚类划分空间变为:

$$M_c = \left\{ U \in R^{cn} \mid \mu_{ik} \in [0, 1], \forall i, k; \sum_{i=1}^c \mu_{ik} = 1, \forall k; 0 < \sum_{k=1}^n \mu_{ik} < n, \forall i \right\}$$

Dunn^[37]把目标函数从硬 c 聚类算法中推广到模糊聚类中, 得出了在模糊聚类算法中的目标函数。同时给出了式 4-(16)来描述模糊 c 均值聚类算法:

$$\begin{cases} J_2(U, V) = \sum_{k=1}^n \sum_{i=1}^c \mu_{ik}^2 (d_{ik})^2 \\ s.t. \quad U \in M_{fc} \end{cases} \quad 4-(16)$$

同时满足以下条件：

$$\begin{aligned} \sum_{i=1}^c \mu_{ik} &= 1 \quad 1 \leq k \leq n \\ \mu_{ik} &\in [0, 1], \quad 1 \leq k \leq n, \quad 1 \leq i \leq c \\ 0 &< \sum_{k=1}^n \mu_{ik} < n, \quad 1 \leq i \leq c \end{aligned}$$

求 $\min J_2(U, V) = \sum_{k=1}^n \sum_{i=1}^c \mu_{ik}^2 d_{ik}^2$ 的解。

随着模糊聚类理论的不断深入研究，Bezdek^[38]又从 Dunn 的目标函数推导出了更一般性的目标函数的数学表达式，得出了模糊聚类的更普遍描述：

$$\begin{cases} J_m(U, V) = \sum_{k=1}^n \sum_{i=1}^c \mu_{ik}^m (d_{ik})^2 \\ s.t. \quad U \in M_{fc} \end{cases} \quad 4-(17)$$

其主要思想是在模糊聚类目标函数中增加了一个模糊加权指数 m ，用来控制矩阵 U 的模糊程度， m 值越大表示目标函数的模糊化程度越高，模糊聚类的目标就是取数学表达式 $J_m(U, V)$ 的极小值： $\min J_m(U, V)$ 。

由于矩阵 U 中各列数据都是独立的，于是又可以得到以下数学表达式：

$$\min\{J_m(U, V)\} = \min\left(\sum_{k=1}^n \sum_{i=1}^c \mu_{ik}^m (d_{ik})^2\right) = \sum_{k=1}^n \min\left\{\sum_{i=1}^c \mu_{ik}^m (d_{ik})^2\right\} \quad 4-(18)$$

既求当满足等式 $\sum_{i=1}^c \mu_{ik} = 1$ 求解式 4-(18) 的极值，这样可以利用 Lagrange 乘法

的方法求在 μ_{ik} 满足约束条件即 $\sum_{i=1}^c \mu_{ik} = 1$ 下 $J_m(U, V)$ 的极值：

$$F = \sum_{i=1}^c \mu_{ik}^m (d_{ik})^2 + \lambda \left(\sum_{i=1}^c \mu_{ik} - 1\right) \quad 4-(19)$$

有极值的条件为：

$$\frac{\partial F}{\partial \lambda} = (\sum_{i=1}^c \mu_{ik} - 1) = 0 \quad 4-(20)$$

$$\frac{\partial F}{\partial \mu_{jt}} = [m(\mu_{jt})^{m-1}(d_{jt})^2 - \lambda] = 0 \quad 4-(21)$$

由式 4-(21)可以得到式 4-(22):

$$\mu_{jt} = [\frac{\lambda}{m(d_{jt})^2}]^{\frac{1}{m-1}} \quad 4-(22)$$

把式 4-(22)代入式 4-(19)可以得到式 4-(23):

$$\sum_{l=1}^c \mu_{lt} = \sum_{l=1}^c (\frac{\lambda}{m})^{\frac{1}{m-1}} [\frac{1}{(d_{lt})^2}]^{\frac{1}{m-1}} = (\frac{\lambda}{m})^{\frac{1}{m-1}} \{ \sum_{l=1}^c [\frac{1}{(d_{lt})^2}]^{\frac{1}{m-1}} \} = 1 \quad 4-(23)$$

$$(\frac{\lambda}{m})^{\frac{1}{m-1}} = \frac{1}{\sum_{l=1}^c [\frac{1}{(d_{lt})^2}]^{\frac{1}{m-1}}} \quad 4-(24)$$

把式 4-(24)代入 4-(22)可以得到式 4-(25):

$$\mu_{jt} = \frac{1}{\sum_{l=1}^c [\frac{d_{jt}^2}{d_{lt}^2}]^{\frac{1}{m-1}}} \quad 4-(25)$$

在计算 d_{ik} 过程中 d_{ik} 的值可能取到 0, 所以应该从其值等于 0 与不等于 0 两种情况来分析, 对于 $\forall k$, 有集合 I_k 和 \bar{I}_k 表达式为:

$$I_k = \{i | 1 \leq i \leq c, d_{ik} = 0\}$$

$$\bar{I}_k = \{1, 2, \dots, c\} - I_k$$

则使 $J_m(U, V)$ 取到极小值时的 μ_{ik} 的值表示为:

$$\begin{cases} \mu_{ik} = \frac{1}{\sum_{j=1}^c (\frac{d_{ik}^2}{d_{jk}^2})^{\frac{1}{m-1}}} & I_k = \emptyset \\ \mu_{ik} = 0, \forall i \in \bar{I}_k, \sum_{i \in I_k} \mu_{ik} = 1 & I_k \neq \emptyset \end{cases} \quad 4-(26)$$

同理, 用相同的方法可以求得表达式 $\min J_m(U, V)$ 取极小值时 $V^{(i)}$ 的值, 令

$$\frac{\partial J_m(U, V)}{\partial V_i} = 0, \text{ 即可求得:}$$

$$V_i = \frac{\sum_{k=1}^n (\mu_{ik})^m x_k}{\sum_{k=1}^n (\mu_{ik})^m} \quad 4-(27)$$

模糊 c 均值聚类算法主要步骤为：

算法的初始化：给出聚类划分的类别数目 c ， $2 \leq c \leq n$ ， n 表示样本中数据的个数，设置算法迭代停止精度 $\varepsilon > 0$ ，初始化 V^0 ，算法迭代的计数器 $b=0$ ；

步骤 1：计算式 4-(28)来更新矩阵 $U^{(b)}$ ：

对于 $\forall i, k$ ，满足 $\exists d_{ik}^{(b)} > 0$ ，则可得到

$$\mu_{ik}^{(b)} = \frac{1}{\sum_{j=1}^c \left[\frac{d_{ik}}{d_{jk}} \right]^{\frac{2}{m-1}}} \quad 4-(28)$$

假设有 $\exists i, r$ ，满足 $\exists d_{ir}^{(b)} = 0$ ，则可得到 $\mu_{ir}^{(b)} = 1$ ，且对 $j \neq r$ ， $\mu_{ij}^{(b)} = 0$

步骤 2：计算式 4-(29)来更新聚类原型 $V^{(b+1)}$ ：

$$V^{(b+1)} = \frac{\sum_{k=1}^n (\mu_{ik}^{(b+1)})^m \cdot x_k}{\sum_{k=1}^n (\mu_{ik}^{(b+1)})^m}, i = 1, 2, \dots, c \quad 4-(29)$$

步骤 3：如果满足 $\|V^{(b)} - V^{(b+1)}\| < \varepsilon$ 则聚类算法停止，得到矩阵 U 和原型 V ，否则使迭代计数器 $b=b+1$ ，重新回到步骤 1。

下面对聚类目标函数加权指数 m 进行简单的描述：

从式 4-(17)很可以看到当 $m=1$ 时，模糊 c 均值聚类算法与硬 c 聚类算法的目标函数相同，所以当 $m=1$ ，模糊 c 均值聚类算法等同于硬 c 聚类算法。

当 $m \rightarrow \infty$ ，随着 m 的增大其模糊聚类算法的聚类结果模糊程度越大。当其值取无穷大时其结果是最模糊的。

模糊 c 均值算法中的矩阵 U 对应于数据样本集合 X 的模糊分类。以下两种方法可以清楚地表示出数据样本集合 X 中元素的划分：

(1)若满足关系表达式 $\|x_j - v_{i_0}\| = \min_{1 \leq i \leq c} \|x_j - v_i\|$ ，则将样本元素 x_j 划分到第 i_0 类。

(2)在模糊划分矩阵 U 中的第 j 列，如果满足关系式 $u_{i_0 j} = \max_{1 \leq i \leq c} (u_{ij})$ ，则将 x_j 划

分到第 i_0 类。

尽管模糊 c 均值算法在很多领域得到了广泛的应用,是目前实用性和理论性都比较强的算法之一,但还是有很多问题需要去研究和解决。主要表现在:

(1)虽然采用加权指数 m 值可以对算法降低噪声等方面具有显著的作用,但目前如何对 m 的值进行有效的选取还没有更好地进行深入的研究。从数学上看,参数 m 的出现不自然也没必要^[39],但是如果不给隶属度乘一个权重,那么从硬聚类准则函数到模糊聚类目标函数的推广则是无效的。参数 m 又称为平滑因子,控制着模式在模糊类间的分享程度^[40]。Chan 和 Cheung^[41]从汉字识别的应用背景得出 m 的最佳取值应在 1.25-1.75 之间。Bezdek 和 Hathaway^[42]等从算法收敛角度着手,得出 m 的取值与样本数目 n 有关的结论,所以在实际应用中 m 大部分都通过人的经验得到,缺乏面向具体问题的选择方法和理论指导。

(2)FCM 聚类分析表示的是一种模糊的分类方法,所以给定数据集合无论在特征空间中是否有规则的数据结构,如果给定算法,就可以得到数据集合的 c 分类。所以在用 FCM 进行算法分析时存在一个假定:其数据集合是可以划分的,这样对数据处理对象具有一定的局限性。

(3)FCM 聚类分析中,需要预先给出类别数 c 。一方面它需要知道数据集合的先知条件,另一方面又缺乏对聚类结果的有效性分析,主要包括分类的准确性和聚类数目的合理性等问题。

(4)现有的 FCM 类型的模糊聚类算法优点是能对数据集合内紧凑性好,类外分离性好的数据集合进行很好的划分,缺点是不能直接划分不规则结构的数据集合。

针对 FCM 算法对初始化值选择比较敏感,并且容易陷入函数局部极值点等不足之处,对 FCM 算法进行了适当改进,提出了一种改进的 FCM 算法:模糊核层次聚类算法。

4.4 模糊核层次聚类算法

从上面分析的 FCM 算法聚类过程可知,聚类的过程实际上是一个对隶属度矩阵 U 和聚类中心矩阵 V 进行迭代优化的过程。FCM 算法具有计算简单并且运算速度快,而且有着较直观的几何意义等优点,但同时 FCM 也有很多缺点,算

法只是用类中心表示类,这样就使得算法在很多情况下对噪声数据比较敏感。需要预先知道模糊聚类的类别数目,但在解决实际问题时,其所需处理的数据样本数非常庞大,对聚类数目进行有效地确定是非常困难的,一般事先很难确定分类数。如果不能对聚类类别数进行很好选择,其最后得到的聚类结果往往是不理想的。FCM 算法对初始聚类中心的选择比较敏感,不同的初始化参数对聚类后得到的划分结果差异往往比较大。因此,初始值的选择好坏对聚类结果具有较大的影响。

针对 FCM 算法对初始化敏感,容易陷入局部极小点,对不规则数据很容易在聚类过程中出现失效或错分的情况的缺点,提出一种改进的 FCM 算法,称为基于免疫记忆多克隆选择算法的模糊核层次聚类算法。主要改进方法是:融入了核聚类方法来解决非线性不可分问题,为了达到聚类的快速性加入了截集算子和采用二叉树分裂方式进行层次聚类,并且利用本章 4.2 节研究的免疫记忆多克隆选择算法来优化目标性能函数,从而达到高性能聚类的目的。

4.4.1 核函数方法

随着支撑向量机^[43]理论不断发展,人们对核函数方法的研究也不断深入,其应用范围也越来越广。核函数方法就是通过利用非线性变换 $\phi(\cdot)$ 把数据样本从初始输入空间 R^p 映射到高维特征空间 R^q ,在高维特征空间中进行研究的一种方法^[44]。如果算法中数据集中各个元素之间的相互关系仅进行数学内积计算,那么可以不需要知道 $\phi(\cdot)$ 的具体数学形式,只需要用具有 Mercer 性质的核函数来代替算法中的内积形式,就可以得到在原输入空间中与之相对应的非线性算法,通过具有 Mercer 性质的核函数使计算变得简单和方便。

定义 4.10 格拉姆矩阵^[45](Gram Matrix): 设给定函数满足数学关系式: $k: X^2 \rightarrow K$ (其中 $K=C$ 或 $K=R$) 和 $x_1, x_2, \dots, x_m \in X$, 则 $m \times m$ 矩阵: $K = (k(x_i, x_j))_{ij}$ 称做 k 对于 x_1, x_2, \dots, x_m 的核矩阵。

定义 4.11 正定矩阵^[45] (Positive Definite Matrix) 对于一个 $m \times m$ 的矩阵 K_{ij} , 假设所有的 $c_i \in C$ 满足: $\sum_{i,j=1}^m c_i c_j k_{ij} \geq 0$, 那么称这个矩阵为正定矩阵。

定义 4.12 正定核^[45] (Positive Define Kernel): 设 x 是一个非空集, 有一个定义在 $X \times X$ 上的函数 k , 假设对全部 $m \in N$ 和 $x_1, x_2, \dots, x_m \in X$ 都生成一个正定 Gram 矩阵, 那么称这个函数为正定核。

式 $(T_k f)(x) = \int_x k((x, x') f(x')) dx'$ 生成算子 T_k , 则函数 k 称为 T_k 的核函数。

定义 4.13 Mercer 核^[46]: 设数据样本集 $x_k \in R^N, k=1, 2, \dots, l$, 通过非线性变换 $\phi(\cdot)$ 映射到特征空间 H 中得到关系式 $\Phi_1(x), \Phi_2(x), \dots, \Phi_l(x)$, 那么输入空间数据样本间的内积运算, 通过映射后特征空间 H 中用 Mercer 核表示为:

$$K(x_i, x_j) = (\Phi(x_i) \cdot \Phi(x_j)) \quad 4-(30)$$

所有的数据样本构成了一个核矩阵 $K_{l,l} = K(x_i, x_j)$, 核聚类方法就是利用 Mercer 核实现两种空间的映射变换, 把样本输入空间形式映射到特征空间形式, 再在特征空间中对样本进行聚类分析和处理。任意函数 K 只要具有 Mercer 条件, 可以得到核函数 K 的特征函数和特征值 $(\phi_i(x), \lambda_i)$, 其核函数可以表示为

$$K(x, y) = \sum_{i=1}^{N_H} \lambda_i \phi_i(x) \phi_i(y), \text{ 式中 } N_H \text{ 表示特征空间的维数, 同样 } \phi(\cdot) \text{ 可以用式 4-(31)}$$

来表示:

$$\Phi(x) = (\sqrt{\lambda_1} \phi_1(x), \sqrt{\lambda_2} \phi_2(x), \dots, \sqrt{\lambda_{N_H}} \phi_{N_H}(x))^T \quad 4-(31)$$

以下是一些比较常见的具有 Mercer 条件的核函数表达式:

- 1、多项式核函数, $K(x, y) = (x \cdot y + 1)^d$, 式中 d 是整数, 为自定义参数。
- 2、高斯核函数, $K(x, y) = \exp(-\beta \|x - y\|^2), \beta > 0$ 是自定义参数。
- 3、神经网络核函数, $K(x, y) = \tanh(-b(x \cdot y) - c)$, 式中 b, c 是自定义参数。

论文采用的是高斯核函数。高斯核函数 $K(x, y) = \exp(-\beta \|x - y\|^2), \beta > 0$ 是一个广泛使用的核函数, 其核函数的特征空间是无穷维的, 如果是有限的数据样本则在该特征空间可以得到线性可分。

假定初始输入空间的数据样本集合已经通过核函数被映射到了特征空间

$\Phi(x_1), \Phi(x_2), \dots, \Phi(x_i)$ ，那么 Euclid 距离 $d_H(x, y)$ 可以用式 4-(32) 来表示：

$$\begin{aligned} d_H(x, y) &= \sqrt{\|\Phi(x) - \Phi(y)\|^2} \\ &= \sqrt{\Phi(x)\Phi(x) - 2\Phi(x)\Phi(y) + \Phi(y)\Phi(y)} \end{aligned} \quad 4-(32)$$

由于在很多情况中是不知道非线性变换 $\phi(\cdot)$ 的具体形式的，因此式 4-(32) 也可以用式 4-(33) 来表示：

$$d_H(x, y) = \sqrt{K(x, x) - 2K(x, y) + K(y, y)} \quad 4-(33)$$

论文采用满足 Mercer 条件的高斯核函数：

$$K(x, y) = \exp(-\beta\|x - y\|^2), \beta > 0 \quad 4-(34)$$

则有 $K(X, X) = 1$ ，式 4-(33) 可改写为：

$$d_H(x, y) = \sqrt{2 - 2K(x, y)} \quad 4-(35)$$

4.4.2 λ 截集因子

在模糊聚类中，对有些数据样本跟某一类的距离要比跟其它类的距离小的多，则在聚类的过程中很容易把它们分到与它距离最近的那类中，但是对于那些隶属度 $\mu_{ik} (i=1, 2, \dots, c)$ 较接近的数据样本而言，其分类一般是比较模糊的。论文主要通过核函数将原数据样本集合映射到高维特征空间中，同时在高维特征空间中加入截集因子 λ ，来解决对于那些隶属度 $\mu_{ik} (i=1, 2, \dots, c)$ 比较接近的情况时的数据样本的归属问题，也同时增强了算法的收敛能力，加快了算法收敛速度。

定义 4.14 设 $A \in X$ 表示 X 中的一个模糊集，并且有 $\lambda \in [0, 1]$ ，如果 A 满足数学表达式： $A_\lambda = \{x | \mu_A \geq \lambda\}$ ，则集合 A 称为 A 的 λ 截集。

设 $X \subset^{s \times n}$ 的划分矩阵 $U = [\mu_{ik}]_{c \times n}$ 和 $\lambda \in [0, 1], 1 \leq i \leq c, Z = [z_{ik}]_{c \times n}$

$$\text{令 } z_{ik} = \begin{cases} \mu_{ik} & \mu_{ik} \geq \lambda \\ 0 & \mu_{ik} < \lambda \end{cases} \quad \text{且 } U_k^\lambda = \{\mu_{jk} | \mu_{jk} \geq \lambda, j=1, 2, \dots, c\} \quad 4-(36)$$

生成模糊 c 划分，则必须符合下列条件：

$$\sum_{i=1}^c \mu_{ik} = 1, 1 \leq k \leq n,$$

设：

$$w_{ik} = \begin{cases} 1, U_k^\lambda \neq \phi, \text{ and } , z_{ik} = \max\{\mu_{jk} \mid \mu_{jk} \in U_k^\lambda\} \\ 0, U_k^\lambda \neq \phi, \text{ and } , z_{ik} = \max\{\mu_{jk} \mid \mu_{jk} \in \bar{U}_k^\lambda\} \\ \mu_{ik}, U_k^\lambda = \phi \end{cases} \quad 4-(37)$$

在 FCM 算法中引入 $\lambda = 0.5 + 1/2c$ ，利用它来加速计算隶属度 μ_{ik} 直到算法结束。如果满足 $\lambda \in [0.5, 1]$ ，则划分矩阵 U 中的数据元素最多的情况下只有一个，所以可以将 4-(37) 改写成：

$$w_{ik} = \begin{cases} 1, U_k^\lambda \neq \phi \wedge z_{ik} \in U_k^\lambda \\ 0, U_k^\lambda \neq \phi \wedge z_{ik} \in \bar{U}_k^\lambda \\ \mu_{ik}, U_k^\lambda = \phi \end{cases} \quad 4-(38)$$

式 4-(38) 中 $\lambda = 0.5 + 1/ac$ ，这里 $a > 0$ 表示一个正的截集因子。在一般情况下数据样本经过聚类后的类别数目为 $c \geq 2$ 。当 $a = 1$ ，则 $\lambda \in (0.5, 1]$ ，当 $a = 2$ ，则 $\lambda = 0.5 + 1/2c$ 。

4.4.3 优化目标函数

通过非线性映射 $\phi(\cdot)$ 把数据样本集合从输入空间变换到高维特征空间 R^q 中，同时在特征空间中利用 Euclid 距离，那么模糊核聚类的目标函数表达式可以表示为：

$$\begin{aligned} J_K(U, V) &= \sum_{j=1}^c \sum_{i=1}^n \tilde{\mu}_{ji}^m d_{Kji}(x_i, v_j) \\ &= \sum_{j=1}^c \sum_{i=1}^n \tilde{\mu}_{ji}^m \|\phi(x_i) - \phi(v_j)\|^2 \\ &= \sum_{j=1}^c \sum_{i=1}^n \tilde{\mu}_{ji}^m (K(x_i, x_i) - 2K(x_i, v_j) + K(v_j, v_j)) \\ &2 \leq c \leq n, m = 2 \end{aligned} \quad 4-(39)$$

采用论文 4.2 节改进的免疫记忆多克隆选择算法对目标函数进行优化。

论文采用高斯核函数 $K(x, y) = \exp(-\beta \|x - y\|^2)$, $\beta > 0$ 。同样按 FCM 算法的

要求，需要模糊核聚类算法的隶属度函数满足式 4-(40)：

$$\tilde{\mu}_{ji} = \frac{\left(\frac{1}{d_{kji}(x_i, \tilde{v}_j)}\right)^{\frac{1}{m-1}}}{\sum_{j=1}^c \left(\frac{1}{d_{kji}(x_i, \tilde{v}_j)}\right)^{\frac{1}{m-1}}} \quad 4-(40)$$

在高维特征空间引入 λ 截集因子 $\lambda = 0.5 + 1/2c$

$$\tilde{z}_{ik} = \begin{cases} \tilde{\mu}_{ik} & \tilde{\mu}_{ik} \geq \lambda \\ 0 & \tilde{\mu}_{ik} < \lambda \end{cases} \quad 4-(41)$$

$$\tilde{U}_k^\lambda = \{\tilde{\mu}_{jk} \mid \tilde{\mu}_{jk} \geq \lambda, j = 1, 2, \dots, c\} \quad 4-(42)$$

$$\tilde{w}_{ik} = \begin{cases} 1, \tilde{U}_k^\lambda \neq \phi \wedge \tilde{z}_{ik} \in U_k^\lambda \\ 0, \tilde{U}_k^\lambda \neq \phi \wedge \tilde{z}_{ik} \in \tilde{U}_k^\lambda \\ \tilde{\mu}_{ik}, \tilde{U}_k^\lambda = \phi \end{cases} \quad 4-(43)$$

则在高维特征空间中的聚类中心表示为：

$$\phi(\tilde{v}_j) = \frac{\sum_{i=1}^n \tilde{\mu}_{ji}^m \phi(x_i)}{\sum_{i=1}^n \tilde{\mu}_{ji}^m}, \quad \forall j = 1, 2, \dots, c \quad 4-(44)$$

计算得到：

$$\begin{aligned} K(x_i, \tilde{v}_j) &= \phi(x_i) \cdot \phi(\tilde{v}_j) \\ &= \frac{\sum_{k=1}^n \tilde{\mu}_{jk}^m K(x_k, x_i)}{\sum_{k=1}^n \tilde{\mu}_{jk}^m} \end{aligned} \quad 4-(45)$$

$$\begin{aligned} K(\tilde{v}_j, \tilde{v}_j) &= \phi(\tilde{v}_j) \cdot \phi(\tilde{v}_j) \\ &= \sum_{k=1}^n \sum_{l=1}^n (\tilde{\mu}_{jk})^m (\tilde{\mu}_{jl})^m K(x_k, x_l) / \left(\sum_{k=1}^n (\tilde{\mu}_{jk})^m \right)^2 \end{aligned} \quad 4-(46)$$

因此在高维特征空间中的隶属度函数表示为：

$$\begin{aligned} \tilde{\mu}_{ji} &= \frac{(1/d_{kji}(x_i, \tilde{v}_j))^{\frac{1}{m-1}}}{\sum_{j=1}^c (1/d_{kji}(x_i, \tilde{v}_j))^{\frac{1}{m-1}}} \\ &= \frac{(1/K(x_i, x_i) - 2K(x_i, \tilde{v}_j) + K(\tilde{v}_j, \tilde{v}_j))^{\frac{1}{m-1}}}{\sum_{j=1}^c (1/K(x_i, x_i) - 2K(x_i, \tilde{v}_j) + K(\tilde{v}_j, \tilde{v}_j))^{\frac{1}{m-1}}} \end{aligned} \quad 4-(47)$$

算法主要步骤:

Step1: 初始化模糊指数 m , 即 $m=2$, 设置算法迭代停止精度 $\varepsilon>0$, 设置聚类划分的类别数目 c , 设置 λ 截集因子为: $\lambda=0.5+1/2c$ 。

Step2: 采用高斯核函数:

$$K(x, y) = \exp(-\beta \|x - y\|^2), \beta > 0 \quad 4-(48)$$

Step3: 初始化聚类中心矩阵 $v_j, j=1, 2, \dots, c$ 。

Step4: 在高维特征空间计算数据样本点 $x_i, 1 \leq i \leq n$ 与聚类中心点 $v_j, 1 \leq j \leq c$ 的核距离。

$$\begin{aligned} d_{kji} &= \|\phi(x_i) - \phi(v_j)\|^2 \\ &= K(x_i, x_i) - 2K(x_i, v_j) + K(v_j, v_j) \end{aligned} \quad 4-(49)$$

计算隶属度 $\tilde{\mu}_{ji}$ 矩阵。

Step5: 进行 λ 截集计算:

$$\text{设 } d_{kip} = \min \{d_{kji} \mid 1 \leq j \leq c\}$$

如果对于某个 s , 满足 $d_{kis} = 0$, 则

$$\tilde{w}_{ji} = \begin{cases} 1, & j = s \\ 0, & j \neq s, 1 \leq j \leq c \end{cases} \quad 4-(50)$$

如果对所有的 $d_{kis} \neq 0$ 且 $\tilde{\mu}_{ji} \geq \lambda$, 则

$$\tilde{w}_{ji} = \begin{cases} 1, & j = p \\ 0, & j \neq p, 1 \leq j \leq c \end{cases} \quad 4-(51)$$

当所有的 $d_{kis} \neq 0$ 且 $\tilde{\mu}_{ji} < \lambda$, 用式 4-(40)、4-(41)、4-(42)、4-(43) 计算聚类划分矩阵 $W = [\tilde{w}_{ji}]_{c \times n}$ 。

Step6: 用非零的 \tilde{w}_{ji} 和式 4-(40)、4-(41)、4-(42)、4-(43)、4-(44) 计算新的特征空间中的中心矩阵 $V^{(L+1)}$ 。

Step7: 若算法满足 $\|V^{(L+1)} - V^L\| < \varepsilon$, 则算法停止, 得到其特征空间中的划分矩阵 W 和中心矩阵 V ; 若不满足停止条件, 则令: $L = L + 1$, 根据式 4-(45)、4-(46)、

4-(47)重新计算和更新划分矩阵 $\tilde{U} = \{\tilde{\mu}_{ji} | 1 \leq i \leq n, 1 \leq j \leq c\}$ 返回 Step5。

算法的流程图如图 4.7 所示：

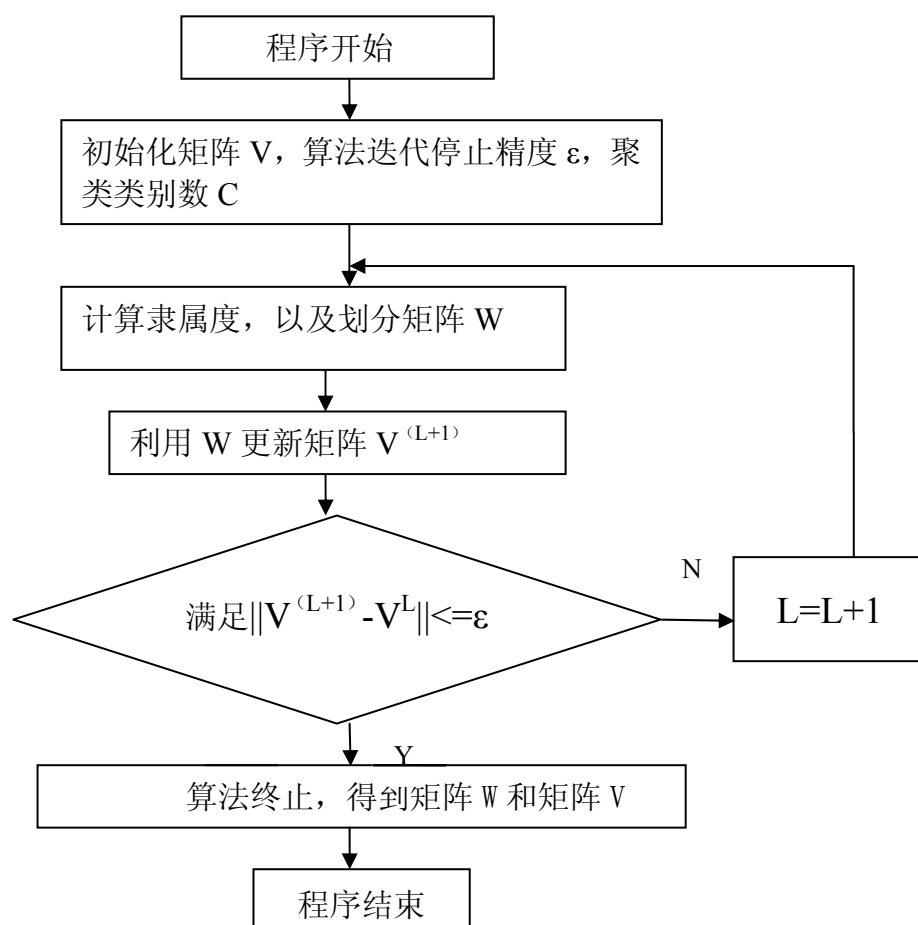


图 4.7 模糊核聚类算法流程框图

4.4.4 层次聚类方法

层次聚类方法是实际应用中一种广泛采用的聚类方法，其相关理论也在不断地发展。按照层次聚类方法的分解的方向的不同可以分为自底向上的凝聚式层次聚类方法^[47]和自顶向下分裂式层次聚类方法^[48]。其中分裂式层次聚类主要思想是先将所有数据对象归属于一个类中，根据某种规则将这个类一分为二，然后对新生成的类重复以上划分方法，直到算法满足某个终止条件来为止。论文采用二叉树分裂算法思想并结合上面改进的模糊核聚类算法，算法中取 $m=2$, $c=2$ ，把二叉树的左右族的聚类中心小于最小值 D_{\min} 或二叉树的最大深度大于最大值 TL_{\max} 作为算法终止条件。为了提高算法的速度，这里选择最大深度为 5，算法终止时对聚类中心按其距离远近进行归并调整。

图 4.8 为基于免疫记忆多克隆选择算法的模糊核层次聚类算法的演示图：

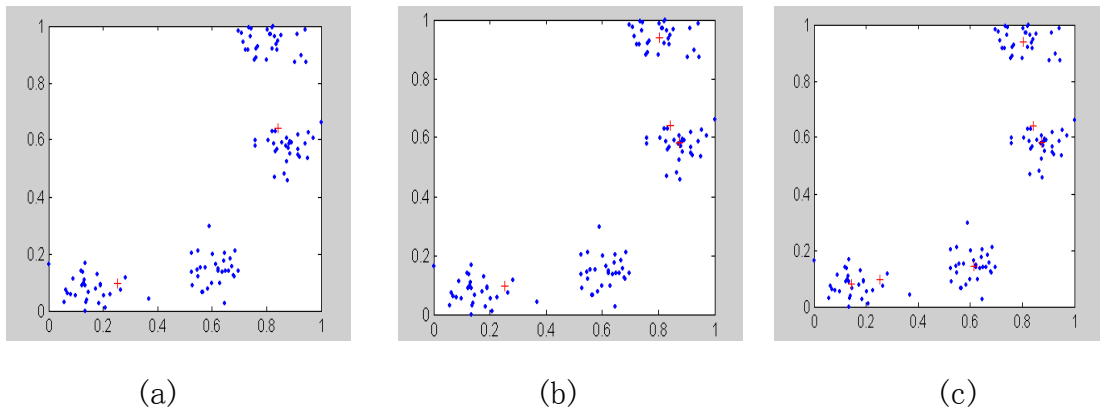


图 4.8 算法聚类过程演示图

4.4.5 实验数据及分析

为了比较 FCM 算法与模糊聚类算法的性能，用 IRIS 数据进行测试。IRIS 数据是一组标准的测试样本集。IRIS 数据样本集由 150 个数据样本点组成，它表示的是一个四维的数据集。每一个数据样本集有四个分量分别表示 IRIS 数据的 Petal Length, Petal Width, Sepal Length, Sepal Width。同时整个数据样本集由三个 IRIS 种类 Setosa, Versicolor, Virginica 构成，每类有 50 个样本构成。实验核函数选用高斯核函数：

$$K(x, y) = \exp(-\beta \|x - y\|^2), \beta > 0$$

其中参数为 $m=2, c=2, \beta = 0.4, \varepsilon = 10^{-5}$ 。

该实验的目的是用基于免疫记忆多克隆选择算法的模糊核层次聚类算法和 FCM 对 IRIS 数据集聚类,比较它们聚类正确度和速度，其结果如表 4.6 所示。

表 4.6 对 IRIS 数据进行聚类的结果

聚类算法	类一	类二	类三	平均迭代次数	耗时(s)
FCM	0	3	13	24.5	0.1620
FKLC	0	1	1	14.4	0.1036

基于免疫记忆多克隆选择算法的模糊核层次聚类算法是对 FCM 算法不足的之处的基础上提出来的，与 FCM 算法相比,该算法以最大隶属度原则为指导，采用前一节改进的免疫记忆多克隆选择算法来优化目标性能函数，在保持模糊聚类优点的同时，提高了收敛速度，防止了陷入局部最优；并运用核函数思想、二

叉树层次聚类提高了分类识别的速度和正确度。试验结果证明它的性能比后者优越。

4.5 本章小结

本章研究了人工免疫系统基本原理，根据克隆选择原理，提出一种免疫记忆多克隆选择算法，仿真结果说明了该算法性能的有效性。然后将该优化算法应用到聚类算法上，来优化聚类算法的目标性能函数；在分析 FCM 算法的基础上提出一种改进的聚类算法——基于免疫记忆多克隆选择算法的模糊核层次聚类算法，实验结果证明了该算法良好的聚类性能，为下章进行颜色测量提供基础。

第五章 混纺织物样本颜色测量

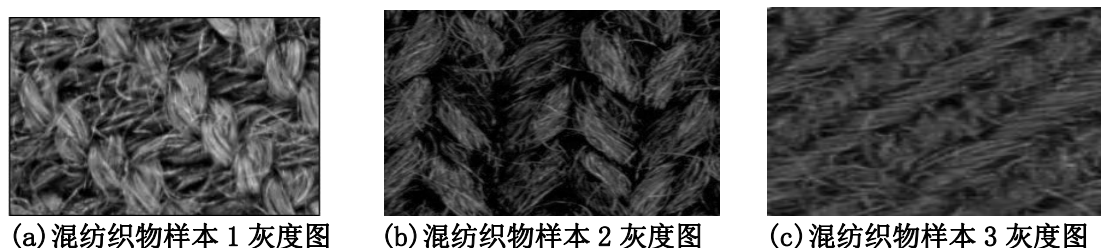
5.1 混纺织物样本图像预处理

论文第二章讨论了混纺织物图像的预处理方法,本章利用第二章的知识和方法对混纺织物样本图像进行预处理。选用不同织物组织结构的混纺织物样本图像对其颜色进行测量,其样本图像如图 5.1 所示:



5.1 混纺织物样本图

利用第二章灰度变换公式对图 5.1 所示的混纺织物样本图进行灰度处理得到灰度图像,如图 5.2 所示:



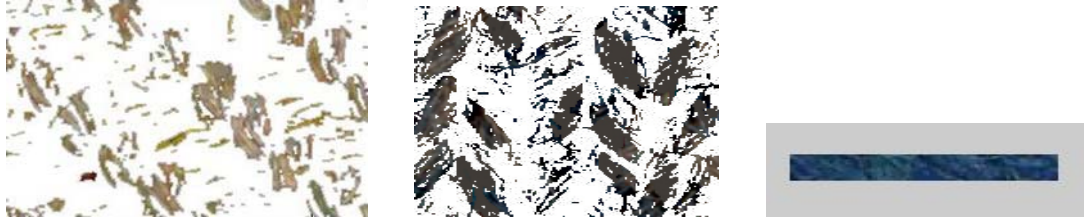
5.2 混纺织物样本灰度图

对得到的灰度图像进行二值化和形态学处理后,如图 5.3 所示:



5.3 混纺织物样本二值图

对混纺织物样本 1 的二值图像和混纺织物样本 2 的二值图像进行基于二值化图像杂色去除方法处理得到图 5.4 中的(a)和(b)所示。对混纺织物样本 3 的二值图像进行基于小波变换的简单纹理提取方法进行杂色去除得到图 5.4 中的(c)所示:



(a)混纺织物样本 1 去杂色图 (b)混纺织物样本 2 去杂色图 (c)混纺织物样本 3 去杂色图

5.4 混纺织物样本去杂色图

5.2 混纺织物样本颜色测量结果及分析

经过上一节图像预处理得到了一定程度上去除杂色的混纺织物图像。处理得到的混纺织物图像是在 CIERGB 颜色空间下用参数 R、G、B 表示的，为了能在均匀颜色空间下利用色差公式计算色差，必须进行颜色空间的转换。根据第三章研究内容，利用颜色空间转换公式从 CIERGB 颜色空间转换到 CIELAB 均匀颜色空间下，即用 L^*, a^*, b^* 表示颜色参数。

第四章研究的模糊核层次聚类算法中数据样本在特征空间中的 Euclid 距离可表示为：

$$\begin{aligned} d_H(x, y) &= \sqrt{\|\Phi(x) - \Phi(y)\|^2} \\ &= \sqrt{\Phi(x)\Phi(x) - 2\Phi(x)\Phi(y) + \Phi(y)\Phi(y)} \end{aligned} \quad 5-(1)$$

在不知道非线性变换 $\phi(\cdot)$ 的具体形式下，式 5-(1)可以表示为：

$$d_H(x, y) = \sqrt{K(x, x) - 2K(x, y) + K(y, y)} \quad 5-(2)$$

论文采用高斯核函数： $K(x, y) = \exp(-\beta\|x - y\|^2)$, $\beta = \frac{1}{2\sigma^2}$ 。

则有 $K(X, X) = 1$ ，所以式 5-(2)可改写为：

$$d_H(x, y) = \sqrt{2(1 - K(x, y))} \quad 5-(3)$$

从式 5-(3)可以看出，只要计算出核函数值就可以求得在特征空间下数据的 Euclid 距离。根据高斯核函数表达式可知计算出 $\|x - y\|^2$ 就可以计算出核函数的值。而 $\|x - y\|$ 一般表示为数据样本在输入空间下的 Euclid 距离。在混纺颜色测量中，根据第三章研究内容从 CIERGB 变换到 CIELAB 均匀颜色空间，得到 L^*, a^*, b^*

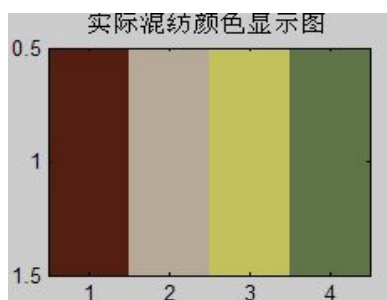
参数, 在 CIELAB 均匀颜色空间下利用色差公式: $\Delta E^* = (\Delta L^{*2} + \Delta a^{*2} + \Delta b^{*2})^{1/2}$ 计算出两颜色的色差。从色差公式可以看到 ΔE^* 实质就是两颜色在 CIELAB 均匀颜色空间下的 Euclid 距离, 把计算得到的色差值根据高斯核函数公式计算出高斯核函数值, 进而根据式 5-(3)计算出特征空间中两点的 Euclid 距离, 根据以上参数结合第四章提出的基于免疫记忆克隆选择算法的模糊核层次算法对混纺织物样本图像进行颜色聚类测量。分别对经过杂色处理后得到的混纺织物样本图 5.4 中的(a)、(b)、(c)进行颜色聚类测量。最后用颜色聚类得到的聚类中心表示一种颜色, 其颜色参数是 CIELAB 均匀颜色空间下用 L^*, a^*, b^* 表示的, 不利于对颜色的进一步处理和管理, 所以再利用第三章中颜色空间的转换公式把颜色参数从 CIELAB 均匀颜色空间变换到 CIERGB 颜色空间下, 即把参数 L^*, a^*, b^* 用 R、G、B 表示。得到的聚类颜色在各颜色空间中的参数如表 5.1、5.2、5.3 所示, 其中实验聚类颜色表示利用第四章改进的聚类算法对混纺织物样本图像进行颜色聚类得到的颜色测量参数, 实际混纺图像颜色表示实际混纺织物样本图像中组成颜色。

对混纺织物样本 1 进行测量其结果如表 5.1 所示:

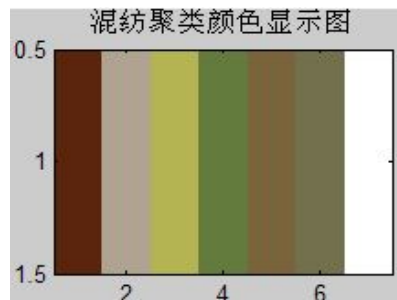
表 5.1 混纺织物样本 1 聚类颜色及实际混纺图像颜色参数表

		L^*	a^*	b^*	x	y	z	r	g	b
实 验 测 量 颜 色	颜色 1	139.15	76.00	90.37	313.39	239.27	74.59	87	33	13
	颜色 2	228.20	20.22	27.13	936.71	933.05	82.04	176	163	145
	颜色 3	234.55	-18.46	105.09	907.42	1007.7	46.88	181	179	82
	颜色 4	202.51	-36.79	79.13	562.5	668.38	35.38	100	123	62
	颜色 5	192.97	13.49	67.85	579.8	584.61	33.57	122	100	59
	颜色 6	198.67	0.31	50.78	601.63	633.78	437.08	115	112	77
	颜色 7	266.28	21.72	11.42	1441.0	1441.0	1441.0	255	255	255
实 际 混 纺 图 像 颜 色	颜色 1	135.50	85.39	64.37	305.48	222.8	102.39	84	30	18
	颜色 2	231.13	20.81	25.95	971.76	967.0	859.88	182	169	152
	颜色 3	240.64	-15.61	101.73	984.13	1.08	531.11	196	192	93
	颜色 4	198.96	-29.10	59.60	548.91	0.64	403.80	95	117	71

以上得到的颜色参数用数值表示虽然可以进行定量分析和处理, 但颜色表现不直观, 图 5.5 是用颜色参数来进行对应颜色的直观显示, 以此来较直观的进行对实验结果的比较和分析, 由混纺织物样本 1 颜色参数表 5.1 对应的颜色参数可以表示为图 5.5 所示颜色:



(a)混纺织物样本 1 实际颜色图



(a)混纺织物样本 1 聚类颜色图

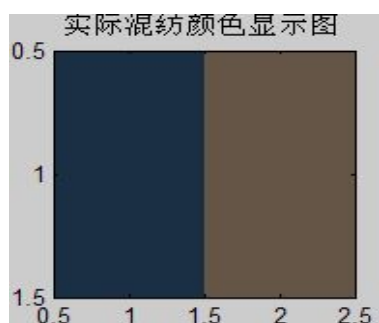
图 5.5 混纺织物样本 1 聚类效果比较图

对混纺织物样本 2 进行测量其结果如表 5.2 所示：

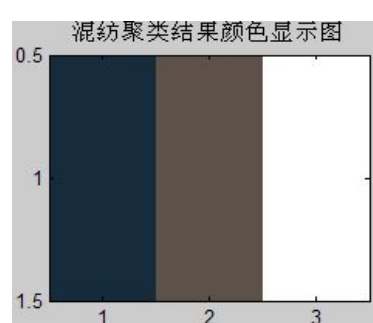
表 5.2 混纺织物样本 2 聚类颜色及实际混纺图像颜色参数表

		L^*	a^*	b^*	x	y	z	r	g	b
实 验 测 量 颜 色	颜色 1	136.66	0.61	-28.29	216.77	227.95	332.49	27	43	59
	颜色 2	178.76	27.95	19.65	495.23	473.35	424.15	97	81	75
	颜色 3	266.28	21.72	11.42	1441.0	1441.0	1441.0	255	255	255
实 际 混 纺 图 像 颜 色	颜色 1	133.00	0.51	-27.86	201.5	211.9	309.9	26	47	68
	颜色 2	181.62	21.29	31.62	504.9	494.4	396.4	100	85	70

由混纺织物样本 2 颜色参数表 5.2 对应的颜色参数可以表示成图 5.6 所示颜色：



(a)混纺织物样本 2 实际颜色图



(b)混纺织物样本 2 聚类后颜色图

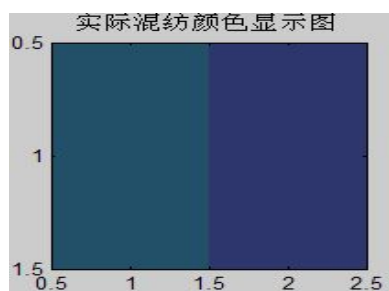
图 5.6 混纺织物样本 2 聚类效果比较图

对混纺织物样本 3 进行测量其结果如表 5.3 所示：

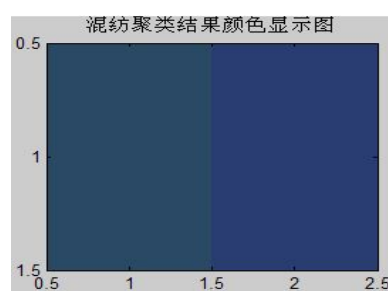
表 5.3 混纺织物样本 3 聚类颜色及实际混纺图像颜色参数表

		L^*	a^*	b^*	x	y	z	r	g	b
实验 测量 颜色	颜色 1	166.79	-9.43	-32.42	357.92	391.31	563.67	41	75	100
	颜色 2	156.52	31.38	-66.45	353.12	328.94	646.79	42	61	115
实际 混纺 图像 颜色	颜色 1	169.44	-22.44	-33.56	355.71	408.56	591.92	35	81	105
	颜色 2	152.06	44.81	-68.75	345.26	304.09	618.48	45	55	110

由混纺织物样本 3 颜色参数表 5.3 对应的颜色参数可以表示成图 5.7 所示颜色：



(a) 混纺织物样本 3 实际颜色图



(b) 混纺织物样本 3 聚类颜色图

图 5.7 混纺织物样本 3 聚类效果比较图

由图 5.5 和 5.6 中可以看出, 由于原混纺图像经过基于二值化预处理后的混纺图像, 虽然去除了很多杂色, 但同时也人为的引入了白色, 在颜色聚类结果图中, 可以看到人为引入的白色也出现在了结果中。在实际应用中, 如果混纺图像中没有白色应该人为的把白色给去掉, 如果有白色即可以保留。而图 5.7 颜色显示可以看到由于混纺织物样本 3 是通过小波变换等技术来进行简单纹理提取得到的, 所以没有人为的引入白色, 在其结果图中没有出现白色。

同样从对混纺织物样本 1 的聚类结果图中可以发现, 其最后得到的聚类颜色结果比实际颜色多了两种(不包括白色), 这主要是因为混纺织物样本 1 中混纺组成颜色较多, 而且织物纹理结构较复杂, 虽然在图像预处理里中很大程度上去除了杂色, 但从混纺织物纹理结构中可以发现, 在织物纹理单元中颜色与颜色之间相互干扰比较严重, 颜色和颜色之间混杂, 很难进行有效区分, 因此在聚类过程中得到主要颜色的同时也往往得到混纺织物图像中颜色间的过度色。而对混纺织物样本 2 和对混纺织物样本 3 的颜色聚类结果可以发现, 对这两个混纺织物样本进行颜色聚类得到了比较好的聚类效果, 其主要原因是因为两个混纺织物样本中颜色间干扰较少, 而且本身的织物组织结构简单, 颜色分布明显, 所以得到了比较好的聚类结果。从三个样本得到的结果图中还可以发现, 其聚类结果与实际混纺图像颜色之间都出现了不同程度的误差, 这误差一方面来自其聚类算法本身, 聚类算法本身就是依据隶属度函数来进行模糊划分数据样本的, 颜色聚类过程具有一定的模糊性和随机性。另一方面来自对混纺织物样本图像本身的结构特点, 如果混纺织物样本织物结构复杂并且颜色种类比较多, 颜色相互间干扰严重, 则聚类结果往往不理想, 如果混纺织物样本, 颜色种类较少, 结构比较简单而且颜色分布和差别比较大的情况下, 其聚类效果比较理想, 这是因为其混纺图像中颜色参数更具有可分离性。

第六章 总结和展望

随着计算机技术的发展,在纺织行业的应用也越来越广泛,主要体现在越来越多的采用计算机进行产品的设计和制造,在化纤生产、纺织品印染等产品生产过程也越来越多的采用计算机进行自动控制。

论文在参考国内外相关文献的基础上对相关内容进行了研究,主要研究内容包括以下几个方面:

(1)对混纺图像进行了预处理,用相关技术尽可能的除去了杂色,一定程度上减少了杂色对颜色测量的影响。

(2)介绍了不同颜色空间的特性,研究了 CIERGB 颜色空间到 CIELAB 均匀颜色空间的参数转换,并对颜色的色差计算进行了研究。

(3)研究了克隆算法的相关理论知识,针对克隆选择算法容易陷入局部最优等不足,对其进行了适当改进,提出了免疫记忆多克隆算法,并对函数进行了测试和仿真,其实验结果说明了该算法全局收敛,速度快等特性。

(4)学习了聚类算法技术和相关知识,针对模糊 c 均值聚类算法的不足进行了适当改进,提出模糊核层次聚类算法。该算法速度快,利用免疫记忆多克隆算法优化性能指标函数,以达全局收敛,增强了算法的聚类能力。

(5)利用改进后的聚类算法和色差关系对混纺织物样本进行了颜色聚类测量,得到了颜色测量结果,并对结果进行了说明。

论文利用改进后的聚类算法对混纺织物图像进行颜色聚类进而达到颜色测量进行了研究,虽然取得了一定成果,但是还存在不少问题需要进一步的改进和解决。后续研究工作主要有:

(1)由于论文研究的是混纺织物图像,为了使实验能对实际混纺生产过程中起到一定的作用,必须保证摄取得到的混纺织物图像颜色跟实际的混纺织物颜色相一致,所以在图像摄取过程中应该严格规定图像摄取条件,尽可能使摄取得到的混纺织物图像颜色不失真。

(2)由于图像摄取设备、环境因素和混纺织物组织结构的影响,在图像摄取过程中不可避免地引入了杂色,如何有效、准确地去除杂色保留有效颜色信息还

需要进行进一步深入的研究。

(3)如果混纺织物中颜色分布比较明显或者颜色之间差别比较大时往往能得到较好的聚类效果,但如果混纺颜色复杂,而且颜色种类多样,最主要当颜色相互间干扰比较严重时,聚类效果往往不理想。所以怎样有效消除颜色之间的干扰,进而提高颜色测量的准确性还需要进一步深入研究。

(4)对人工免疫算法参数选择对算法性能的影响还需要进一步解决,能针对不同问题选择合适的参数。对聚类算法还需进一步的研究和改进,在时间、准确性和有效性方面能得到进一步的提高,从而提高颜色聚类测量的有效性和准确性。

(5)在混纺测量结果的准确性还需要有科学的评价方法,对测量结果进行合理的修正还需要进一步深入研究。

总之,随着我国工业水平的不断提高,作为我国支柱产业的纺织业其工业化水平也在不断地提高,越来越先进的计算机技术应用到产品的生产和企业信息化管理中,对提升我国纺织业在国际市场的竞争力有着积极的作用。

参考文献

- [1]刘娟.颜色测量方法[J].印刷质量与标准化,2008(6):35-37.
- [2]刘建华.物体的颜色测量及配色应用技术[J].仪器与检测,2006(14):56-59
- [3]徐顺成.棉及其混纺针织物节能减排前处理工艺的应用[J].针织工业,2009(4):37-39.
- [4]程素娥.计算机技术在纺织行业中的应用[J].山东纺织经济,2005(2):43-44.
- [5]薛朝华.颜色科学与计算机测色配色实用技术[M].北京:化学工业出版社,2003.
- [6]何清.模糊聚类分析理论与应用研究进展[J].模糊系统与数学,1998(2):89-94.
- [7]倪育才.实用测量不确定度评定[M].北京:中国计量出版社,1997:56.
- [8]腾秀金,邱迦易,曾晓栋.颜色测量技术[M].北京:中国计量出版,2007.
- [9]樊海燕.颜色测量方法及基本原理[J].印刷工业 2004(3) :78-82.
- [10]董振礼,郑宝海,刘建勇.测色与计算机配色[J].北京:中国纺织出版社,2007.
- [11]赵毓高.核聚类算法及其应用研究.西华大学,计算机应用技术 2006.6.7
- [12]李朝健,肖建华.常用聚类算法比较分析[J].开发研究与设计技术 2003(3)P:471-472
- [13]高新波.模糊聚类分析及其应用[M].西安:西安电子科技大学出版社,2004.
- [14]刘建立,左保齐.织物纹理分析中小波基的选择和分解级数的确定[J].丝绸,2008(4):37-39.
- [15]Ravandi S A H, Toriumi K, Matsumoto Y. Fourier transform analysis of plainweave fabric appearance[J].Textile Research Journal. 1995, 65(11):676-683.
- [16]Xu B.I dentifying fabric structures with fast Fourier transform techniques[J].Textile Research Journal,1996,66(8):496-506.
- [17]Kang Tea Jin,Kim Chang Hoon.Automatic recognition of fabric weave pattern by digital image analysis[J].Textile Research Journal. 1999,69(2):77-83.
- [18]沈建强,敢兆丰,邹轩.基于小波变换的织物纹理方向检测方法[J]. 计算机工程,2007(6):182-184.
- [19]杨娜,张斌.基于图像处理技术的织物组织自动识别[J].山东纺织科

- 技,2006(1):37-39.
- [20]孙即祥.图像分析[M]北京:科学出版社,2004.
- [21]张德丰. Matlab 数字图像处理[M]. 北京:机械工业出版社,2009.
- [22]田蕾,董秀芳.matlab 图形图像处理应用教程.北京:中国水利水电出版社,2003.
- [23]荆其诚.色度学[M].北京:科学出版社,1979.
- [24]于汶滂,王崇骏,伍静,陈兆乾.基于全局颜色的图像检索算法与实现[J].计算机科,2004(2):142-144.
- [25]朱昊.基于均匀颜色空间的纺织用图形图像分色算法研究[J].研究与技术,2006.3 30-33
- [26]李涛.计算机免疫学[M].北京:电子工业出版社,2004.
- [27]孙宁.人工免疫优化算法及其应用研究[J].哈尔滨工业大学学报,2006(12): 23-25
- [28]丁永生.计算智能理论、技术与应用[J].北京:科学出版社,2004.
- [29]杜海峰.免疫克隆计算与人工免疫网络研究与应用.西安电子科技大学.
- [30]Burnet F M.Clonal Selection and After, In Theoretical Immunology, G.I.Bell,A.S.Perelson&G.H.Pimbley Jr, MarcelDekker Inc,pp:63-85
- [31]De Castro L N,Von Zuben F J.An evolutionary immune network for dataclustering Proceedings.Sixth Brazilian Symposium on Neural Networks,2000:84-89.
- [32]高新波,谢维信.模糊聚类理论发展及应用的研究进展[J].科学通报,1999,11(44):2241-2247
- [33]刘新朝.聚类算法的研究及其应用.[博士学位论文].湖南:长沙理工大学,2006.3.
- [34]杨小兵.聚类分析中若干关键技术的研究.[博士学位论文].浙江:浙江大学,2005.5.
- [35]雷鸣.模糊聚类新算法的研究.[博士学位论文].天津:天津大学,2006.10.
- [36]贺玲,吴玲达,蔡益朝.数据挖掘中的聚类算法综述[J].计算机应用研究 2007(1):10-13
- [37]Dun J C.A graph theoretic analysis of pattern classification via Tamura's fuzzy relation.IEEETrans.SMC,1974,4(3):310-313

- [38]Bezdek J C .Pattern Recognition with Fuzzy Objective Function Algorithms.
Plenum Press,New York,1981
- [39]Li R P,Mukaidono M.A maximum-entropy approach to fuzzy clustering.
FUZZ-IEEE'95,1995.2227-2232.
- [40]Bezdek J C.Pattern Recognition with Fuzzy Objective Function Algorithms.
Plenum Press,New York,1981.
- [41]Can K P,Cheung Y S. Clustering of clusters. Pattern Recognition,
1992,25(2):211-217.
- [42]Bezdek J C, Hathaway R J,et al. Convergence and theory for fuzzy c-means
clustering:counterexamples and repairs. IEEE Trans. PAMI,1987,17(5):873-877.
- [43]李忠伟.支持向量机学习算法研究[J]哈尔滨工程大学学报,2005.12(1): 7-9.
- [44]张莉,周伟达,焦李成,核聚类算法.计算机学报,2206,6(25):588-590.
- [45]李映.核学习机研究[J].计算机工程与应用,2004,40(17):4-6.
- [46]伍忠东,高新波,谢维信.基于核方法的模糊聚类算法[J].西安电子科技大学学报(自然科学版),2004,31(4).
- [47]单劲松.一种基于层次聚类的流数据挖掘方法.太原师范学院学报(自然科学版),2008(12):72-74.
- [48]沈洁,赵雷,杨季文,李榕.一种基于划分的层次聚类算法.计算机工程与应用
2007,43(31):175-177.

致 谢

本论文的撰写工作是在导师王兆青老师的悉心指导下完成的,王老师对我的科研工作和论文提出了许多宝贵意见,王老师严谨的教学态度和科学的工作方法给了我很大的帮助,在学习上和生活上都给了我很大的关心,使我在很多方面都有了很大的进步,在此衷心感谢三年来王老师对我的关心和指导。

在实验室工作、研究及撰写论文期间,实验室里的很多同学对我论文的完成给予了很多技术上的帮助,在此向他们表达我的感激之情。

另外也感谢我的家人和朋友,他们的理解和支持使我能够在学校专心完成我的学业。

最后,向在百忙中抽出宝贵时间评审论文的各位专家、老师致以真挚的谢意。

攻读硕士学位期间的研究成果

王林吉.王兆青.基于图像二值化处理的混纺图像杂色去除方法研究[J].浙江理工大学学报.2010.1