

# 基于遗传算法的图像配准研究及改进

周春燕, 贾 渊

(西南科技大学 计算机科学与技术学院, 四川 绵阳 621000)

**摘要:**应用立体匹配技术,通过像点获取景物的距离信息,使得三维立体再现成为可能。图像的立体匹配是立体视觉中的一个关键问题,也是典型的“病态”问题。为了提高匹配的抗干扰能力以及全局最优性,提出了将改进的遗传算法用于立体匹配。选择图像边缘作为匹配基元,根据遗传算法容易获得全局最优解的特点,将图像的特征点进行染色体编码并重新设计比较了评价函数及相应的遗传操作,使之适合于立体匹配,并将图像的 Rank 变换加入其中,以提高算法的抗噪性。实验表明,该方法具有可行性。

**关键词:**立体匹配; 遗传算法; 边缘检测; Rank 变换

中图分类号: TN911.73

文献标识码: A

文章编号: 1673-629X(2011)08-0046-04

## Research and Improvement of Image Registration Based on Genetic Algorithm

ZHOU Chun-yan, JIA Yuan

(College of Computer Sci. and Tech., Southwest University of Science and Technology, Mianyang 621000, China)

**Abstract:** Using stereo matching technique and the image point distance information can make the three-dimensional representation possible. The stereo image matching is a key problem for stereo vision, and also it's a typical "pathological" problem. In order to improve the matching anti-interference ability and global optimal solution, a new approach to stereo matching using the improved genetic algorithm was proposed. Image edge is used as matching primitive. According to the characteristic that genetic algorithm can easily acquire entirely optimal answers, feature points in the image are encoded as chromosomes. The evaluation function and the corresponding genetic operators are redesigned to fit in the stereo matching. Rank transform of the image is used in order to improve the antinoise ability of the algorithm. Experimental results show that the proposed method is effective.

**Key words:** stereo matching; genetic algorithm; edge detection; Rank transform

## 0 引言

立体视觉的研究工作起始于20世纪60年代中期,是近几十年计算机视觉领域的一个热门研究问题<sup>[1]</sup>。它的基本原理是融合两个或多个视点的信息,以获取不同视角下的同一个物体的图像,通过三角测量原理计算图像像素间的位置偏差(即视差)来获得三维信息<sup>[2]</sup>。

立体视觉包括图像获取、摄像机定标、特征提取、立体匹配、深度确定及内插等几部分<sup>[3]</sup>,其中立体匹配是计算机视觉中最重要也是最难的一部分。它是典型的视觉计算的病态问题,很难实现对图像的无歧义匹

配。依据匹配基元选取的不同,立体匹配方法可以分为区域匹配<sup>[4]</sup>、特征匹配、相位匹配<sup>[5]</sup>三类。其中,特征匹配的鲁棒性更强,可以得到比较精确的结果,同时匹配速率更高。边缘是图像最基本特征,包含着有效的目标边界信息,是立体匹配中常用的特征基元之一。遗传算法是一种模拟大自然中生物进化规律的优化算法,具有良好的全局最优性<sup>[6]</sup>。立体匹配问题,从根本上说是一种优化问题,从而应用遗传算法来实现立体匹配具有一定的可行性。

## 1 边缘检测算法

图像的边缘是指图像局部区域亮度变化显著的部分。图像边缘检测的基本步骤一般包括滤波、增强、检测和定位。Canny边缘检测算子能够有效地抑制噪声,得到尽量精确的边缘位置,是最优的阶梯型边缘检测算法。它是根据对信噪比与定位乘积进行测度,得到最优逼近算子,属于先平滑后求倒数的方法<sup>[7,8]</sup>。

收稿日期: 2011-01-21; 修回日期: 2011-04-21

基金项目: 国家863项目(2008AA10Z211); 校博士基金项目(08zx7101)

作者简介: 周春燕(1985-),女,河北唐山人,硕士研究生,研究方向为机器视觉、图像处理技术;贾渊,博士,副研究员,研究方向为图像处理、机器视觉技术。

具体步骤如下:

- (1) 用高斯滤波器平滑图像;
- (2) 用一阶偏导的有限差分来计算梯度的幅值和方向;
- (3) 对梯度幅值进行非极大值抑制;
- (4) 用双阈值算法检测和连接边缘。

## 2 算法设计

### 2.1 遗传算法概述

遗传算法的起源可以追溯到 50 年代初,其间几个生物学家用计算机来模拟生物系统。到 60 年代后期和 70 年代的早期,由密歇根大学的 John Holland 指导完成的工作才有了今天的遗传算法<sup>[6]</sup>。遗传算法是模拟生物在自然环境中的遗传和进化过程而形成的一种自适应全局优化概率搜索算法。

对于一给定的问题,遗传算法要经过以下的五个步骤:

- (1) 对问题的潜在解的遗传表达。
- (2) 产生潜在解初始群体的方法。
- (3) 起环境作用的用“适应值”评价解的适应程度的评价函数。
- (4) 改变后代组成的各种遗传算子,包括选择、交叉、变异等。
- (5) 遗传算法所使用的各种参数:群体规模、应用遗传算子的概率等。在基本的遗传算法中,群体大小一般取 20 ~ 100,遗传运算终止进化代数一般取 100 ~ 500,交叉概率一般是 0.4 ~ 0.99,变异概率是 0.0001 ~ 0.1。

### 2.2 基于遗传算法的立体匹配设计

在由二维影像恢复三维物体表面信息时,由于从三维物体投影到二维平面图像的操作中丢失了很多信息<sup>[9]</sup>,视觉系统若要得到确定的解就必须依赖一些约束准则。常用的约束条件包括外极线约束、唯一性约束、连续性约束、顺序性约束、视差有限约束、相似性约束、一致性约束、视差变化的梯度有限约束和遮挡约束。本算法是建立在外极线约束,即同名像点在同名极线上,和唯一性约束,即一幅图像上的每个匹配基元只能与另一幅图像上的一个匹配基元相对应这两个约束条件下,对遗传算法进行改进,从而适用于立体匹配。具体方法如下:

#### 2.2.1 遗传信息的表达

染色体是遗传信息的载体,也是遗传信息的表示方式<sup>[10]</sup>。传统的遗传算法中<sup>[11]</sup>,染色体都是应用 0 或 1 的二进制数字串来表征问题的潜在解,立体匹配作为一个优化问题,用染色体来表示其解时,不局限于二进制,这里采用数值来表示。在立体匹配问题中,根据

外极线约束的条件,一对平行的图像,其匹配点只能在对应的行上。因此,采用从上到下,行方向扫描的方式对图像进行处理。假设在处理图像中的第  $H$  行时,左图像中的特征点个数为  $m$ ,右图像中的特征点个数为  $n$ ,分别对特征点集  $P$  和特征点集  $Q$  中的点按从左到右的次序进行编号:  $P = \{p_0, p_1, \dots, p_{m-1}\}$  和  $Q = \{q_0, q_1, \dots, q_{n-1}\}$ 。那么对于特征点集  $P$  中的一个点  $p_i$ ,可能在特征点集  $Q$  中有与之匹配的点  $q_j$ ;也可能没有。根据这个原则,可以将匹配结果表示成如下形式:  $G = g_0, g_1, \dots, g_{m-1}$ 。其中的  $g_i$  对应于  $Q$  中的编号,  $-1 \leq g_i \leq n$ 。若  $g_i = -1$ ,则点  $Q$  中没有点与之匹配,若  $g_i = j$ ,则说明  $Q$  中下标为  $j$  的点与之匹配。比如,左图像的一行有 9 个特征点的话,可能得到如下的染色体:

3	-1	2	0	5	-1	4	6	7
---	----	---	---	---	----	---	---	---

由于像素矩阵的存储是从下标为 0 开始的,所以上述染色体表示  $P$  中的第 1 个点与  $Q$  中的第 4 个点(下标为 3) 匹配,  $P$  中的第 2 个点没有匹配点,  $P$  中的第 3 个点与  $Q$  中的第 3 个点(下标为 2) 匹配,依次类推。

根据唯一性约束条件,  $P$  中的每个点在  $Q$  中有一个与之匹配或者没有匹配,  $Q$  中的点也只能与  $P$  中唯一的一个点匹配或者没有匹配。因此,在染色体设计时,要注意非 -1 的编号不能相同。

#### 2.2.2 适应度函数的构造

像素的 Rank 变换<sup>[12]</sup>(见定义 1),是以一个矩形窗口内的中心像素为基准,与窗口内其他像素的灰度值做比较,统计小于基准像素灰度值的个数,将基准像素的灰度值用这个个数来表示。经过这样的操作后,整个图像被转换成一个 Rank 图像。

定义 1: 设  $f(x, y)$  表示矩形窗口内基准像素  $(x, y)$  的灰度值,  $M(x, y)$  表示以基准像素为中心的窗口中所有的像素集合,则对基准像素  $(x, y)$  做如下的变换:

$$r(x, y) = \sum_{\xi, \eta} \delta(f(x, y), f(x + \xi, y + \eta)) \quad (1)$$

$$\delta(x_1, x_2) = \begin{cases} 1 & x_2 < x_1 \\ 0 & x_2 \geq x_1 \end{cases} \quad (2)$$

经过 Rank 变换后,像素值就转换为一个范围较小的整数。这个整数就是中心像素灰度值在 Rank 窗口内灰度值排序的序号。图像经过 Rank 变换后,就不再采用像素的灰度值来计算对应特征点的相关性,而是采用基准像素在窗口内的灰度值排序的序号进行比较。经过 Rank 转换后,计算对应点相关性时,就加入了行间视差的约束信息,使算法的抗噪能力有所提高。

经过 Rank 变换后,选用基于 NCC 相似性测度函数来构造适应度函数,即全局的能量函数。

假设点  $p_i$  和  $q_j$  的图像坐标分别为  $(x_p, y_p)$  和

$(x_q, y_q)$ ,  $y_p = y_q$ 。适应度函数定义如下:

$$F(A) = \sum_{i=0}^{m-1} C(a_i) \quad (3)$$

其中,  $C(a_i)$  为每个遗传因子, 即每个特征点的适应度函数。它的定义如下<sup>[13]</sup>:

$$C(a_i) = \begin{cases} \frac{\sum_{\langle x, y \rangle \in w_p} I_L(x_p + x, y_p + y) * I_R(x_q + x, y_p + y)}{\sqrt{\sum_{\langle x, y \rangle \in w_p} I_L^2(x_p + x, y_p + y) * \sum_{\langle x, y \rangle \in w_p} I_R^2(x_q + x, y_p + y)}} & g_i \neq -1 \\ K & g_i = -1 \end{cases} \quad (4)$$

式(3)、(4)中,  $I_L(x, y)$ ,  $I_R(x, y)$  分别为左图像和右图像 Rank 变换后的相对灰度值,  $w_p$  为窗口尺寸,  $K$  为常数, 用于惩罚不存在匹配对象的点。

式(4)中,  $C(a_i)$  表示的是左右图像对应点的相关度, 适应度函数  $F(A)$  值越大, 染色体的适应度就越高, 匹配结果就越好。

### 2.2.3 生成初始种群

在生成初始种群的过程中, 根据唯一性约束的要求, 各个染色体中的遗传因子应互不相同(-1 除外)。因此染色体的选择方法是: 产生点集  $Q$  范围内的随机数  $q_j$ , 从左到右依次赋予点集  $P$  中的特征点, 如果  $q_j$  没有与  $P$  中其他点相匹配, 将  $j$  选为染色体的第  $i$  个基因。如果点集  $Q$  范围内的所有点都在  $P$  中有对应的匹配点, 就将染色体中的第  $i$  个基因置为 -1。

### 2.2.4 遗传操作

1) 选择。自然选择的根本规律是适者生存, 并将自己的基因类型和特性传递给下一代。选择算子是为了从当前群体中选出优良的个体, 使它们有生存和繁殖的机会。文中采用的选择算子如下, 设群体规模为  $M$ , 其中一个个体  $i$  的适应值为  $F_i$ ,  $i$  被选为父代的概率为:

$$P_i = F_i / \sum_{i=1}^M F \quad (5)$$

2) 交叉。交叉是遗传算法不同于其他优化算法而独有的一个步骤。通过交叉操作, 父代的遗传因子被随机组合, 繁殖后代。为了更好地保留父代的优良特性, 文中采用部分互补的交叉算子。假设两个父代染色体  $G_1$  和  $G_2$ , 在交叉算子的作用下, 基于“优势遗传”的思想, 生成的后代  $G'_1$  和  $G'_2$  中, 将保存父代中相同的基因, 对于不同的基因, 子代  $G'_1$  和  $G'_2$  随机组合, 形成各自的染色体。例如两个父代的染色体分别为:

$$\begin{aligned} G_1 &= 8 \quad 6 \quad 3 \quad 0 \quad 7 \quad -1 \quad 2 \quad 4 \quad 1 \quad 5 \\ G_2 &= 8 \quad -1 \quad 7 \quad 6 \quad 0 \quad 5 \quad 2 \quad 4 \quad 3 \quad 1 \end{aligned}$$

经过交叉操作后, 两个子代可能为:

$$\begin{aligned} G'_1 &= 8 \quad 0 \quad -1 \quad 7 \quad 5 \quad 6 \quad 2 \quad 4 \quad 1 \quad 3 \\ G'_2 &= 8 \quad 7 \quad 0 \quad 1 \quad 3 \quad 5 \quad 2 \quad 4 \quad 6 \quad -1 \end{aligned}$$

3) 变异。变异是给基因库带来新的遗传因子的一种方法, 能够提高遗传算法的搜索能力。对于一个染色体, 删除随机数目的基因, 再产生点集  $Q$  范围内的随机数并且不重复的编号补充回去。

## 3 基于 Rank 变换和改进的遗传算法的特征匹配实现步骤

(1) 图像的初步处理。采用 Canny 算子, 提取图像对的边缘信息, 并分别以矩阵形式存储。

(2) 种群的产生。确定群体规模, 生成染色体种群, 按式(3)的相关性测度累计函数计算其适应值。确定遗传操作的最大代数及交叉、变异的概率。

(3) 选择操作。对初始种群依据适应度比例的原则, 按式(5)的规则进行选择, 得到新的染色体群体。

(4) 对种群中的个体依据参数进行交叉和变异操作。

(5) 群体更新, 计算适应值。

(6) 如果遗传算法到达规定的终止代数, 则转向步骤(7), 否则返回步骤(3)。

(7) 计算视差。直接从(6)中得到的染色体计算。对于一个遗传因子  $g_i \neq -1$ , 且  $p_i$  和  $q_j$  的图像坐标分别为  $(x_i, y_i)$  和  $(x_j, y_j)$ , 则  $p_i$  点的视差即为  $d = x_j - x_i$ 。

## 4 实验结果

文中采用标准图库中的 pentagon 图像(见图 1)和 plants 图像(见图 2)进行实验操作, 分别采用了基于 SAD, 基于 Rank 变换之后的 SAD 评价函数, 以及基于 NCC, 基于 Rank 变换之后的 NCC 评价函数所得到的匹配结果。(a) 和 (c) 分别为原始图像对的左图像和右图像, (b) 和 (d) 为左图像和右图像的边缘图, (e) ~ (h) 分别为图像对的视差图。

从结果中可以直观的看出, 采用基于 NCC 的评价方法比采用基于 SAD 的评价方法有了很大的改进, 消除了视差图的条纹噪音现象。经过 Rank 变换后能得到更佳的效果。

## 5 结束语

文中首先对图像进行边缘提取, 由于 Canny 边缘检测算子能够有效地抑制噪声, 得到尽量精确的边缘位置<sup>[14]</sup>, 文中采用了此方法。之后根据特征点的位置, 对匹配结果用染色体来表示, 并且初始化种群。在计算适应度函数时, 采用基于不同的相似性测度函数

进行比较,并且加入对图像的 Rank 变换,用得到的 Rank 图像进行操作,提高了算法的抗噪性。在遗传操

作等方面也根据立体匹配的特点进行了相应的改进。实验结果表明,该方法具有一定的实用价值。

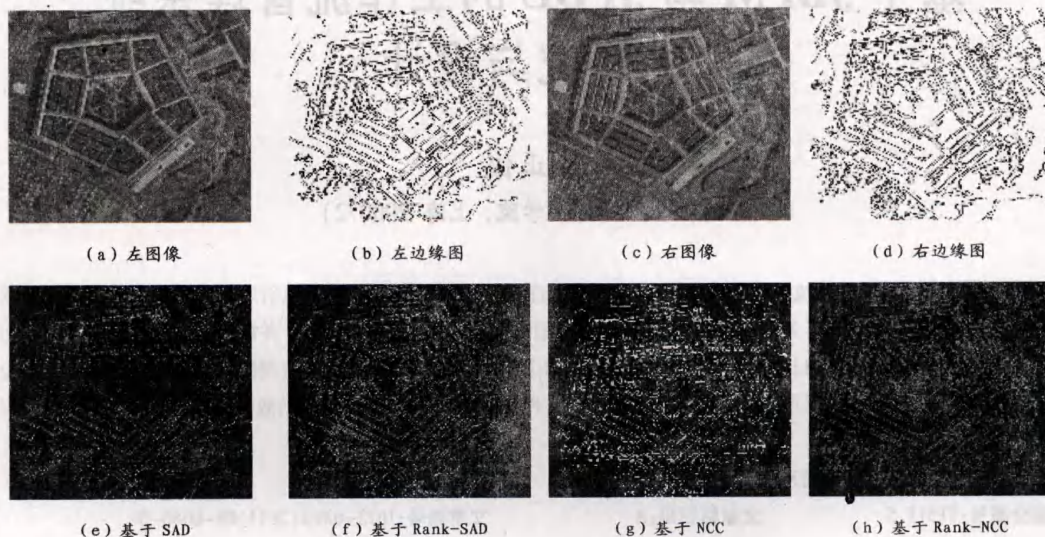


图1 Pentagon 图像的匹配结果

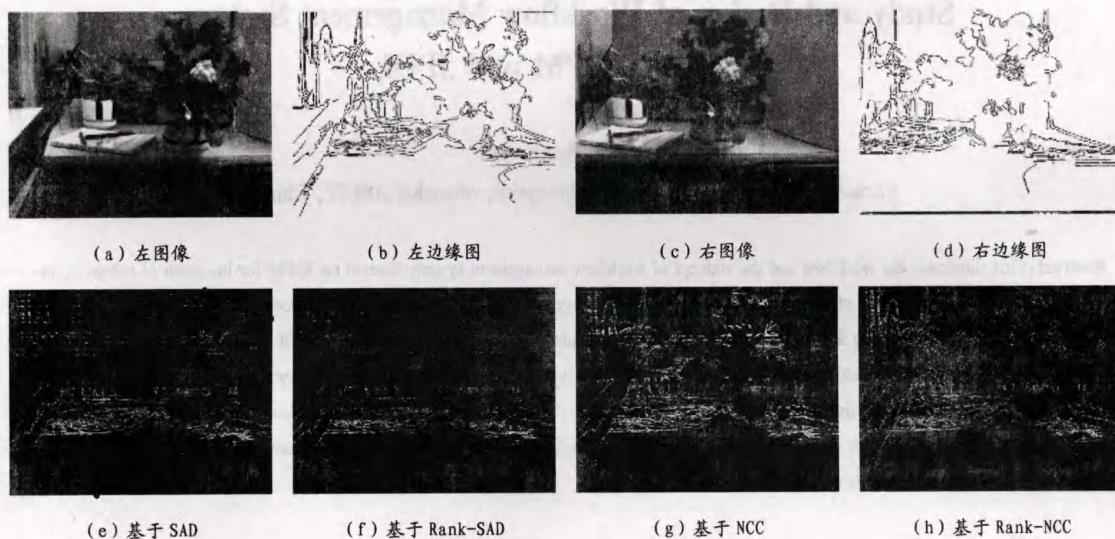


图2 Plants 图像对的匹配结果

#### 参考文献:

- [1] 于乃功,秦永钢,阮晓钢. 立体匹配算法进展[J]. 计算机测量与控制,2009,17(5):817-840.
- [2] 潘华,郭戈. 立体视觉研究的进展[J]. 计算机测量与控制,2004,12(12):1121-1124.
- [3] Barnard S T, Fischler M A. Computational stereo[J]. ACM Computing Surveys,1982,14(4):533-572.
- [4] Sun Changmin. Multi-resolution on Stereo Matching Using Maximum-surface Techniques[J]. Proceedings of Digital Image and Vision Computing:Technique and Application,1999,11(7):195-200.
- [5] 徐奕,周军,周源华. 立体视觉匹配技术[J]. 计算机工程与应用,2003(15):1-5.
- [6] 米凯利维茨. 演化程序-遗传算法和数据编码的结合[M]. 北京:科学出版社,2000.
- [7] 王娜,李霞. 一种新的改进 Canny 边缘检测算法[J]. 深圳大学学报,2005,4(2):149-152.
- [8] 王文豪. 图像边缘检测中边界闭合性的分析与探讨[J]. 计算机与信息技术,2005,32(12):90-91.
- [9] 马颂德,张正友. 计算机视觉—计算理论与算法基础[M]. 北京:科学出版社,1998.
- [10] 王志凌,杨秀丽. 基于局部灰度特征向量及遗传算法的立体对应方法[J]. 科技信息,2007(32):206-207.
- [11] Holland J H. Adaption in Natural and Artificial System[M]. Ann Arbor:The University of Michigan Press,1977.
- [12] 郭龙源,夏永泉,杨静宇. Rank 变换在立体匹配中的应用研究[J]. 系统仿真学报,2007,19(9):2121-2126.
- [13] Seharstein D,Szeliski R. A Taxonomy and Evaluation of Dense Two-Frame Stereo Correspondence Algorithms[J]. International Journal of Computer Vision,2002,47(1):7-42.
- [14] 管虹蕊,丁辉. 图像边缘检测经典算法研究综述[J]. 首都师范大学学报(自然科学版),2009,30:66-69.