

自然数编码遗传算法在图像相关匹配中的应用¹

种劲松 王宏琦 周孝宽*

(中国科学院电子学研究所 北京 100080)

*(北京航空航天大学宇航学院 北京 100083)

摘 要 引入遗传算法解决图像相关匹配的耗时问题,利用二进制编码和自然数编码分别设计相关匹配的遗传算法。实验表明在图像相关匹配应用中,自然数编码比二进制编码不仅实用,而且运算速度快。

关键词 遗传算法, 相关匹配, 目标检测

中图分类号 TN911.73

1 引 言

图像相关匹配技术已成为近代信息处理领域中一项极为重要的经典技术。它的应用范围相当广泛,例如:导弹的地形和地图匹配制导、飞机导航、光学和雷达图像的目标跟踪、医疗诊断、气象预报和序列图像的运动估计等。目前序列图像编码的国际标准中,如 H.261, MPEG 等,均采用了该技术^[1]。

图像相关匹配穷尽搜索的总计算量是所采用的相似性测量函数的计算量与搜索位置数之积,即(总计算量)=(相似性测量函数的计算量)×(搜索位置数)。

如何减少总计算量,提高相关处理的速度,对于尺寸较大的图像显得尤为重要。为此,可以一方面设法减少相关算法的计算量,另一方面减少搜索位置的数目。

本文引入遗传算法解决相关匹配的速度问题。遗传算法通过减少搜索位置的数目从而减少相关的总计算量。

2 图像相关匹配算法

设模板 T 的尺寸为 $K \times L$, 搜索图像尺寸为 $M \times N$, 将 T 叠放在搜索图 S 上平移,模板覆盖下的那块搜索子图记为 $S^{(i,j)}$, (i,j) 为这块子图的左上角像素在搜索图中的坐标。则 i 和 j 的取值范围分别为: $1 \leq i \leq M - K + 1$, $1 \leq j \leq N - L + 1$ 。

常用的模板与搜索图像的相似性度量函数有:

最小绝对误差 (MAD) 为

$$\text{MAD}(i, j) = \sum_k^K \sum_l^L |S^{i,j}(k, l) - T(k, l)| \quad (1)$$

经典的归一化互相关函数 (NCCF) 为

$$\text{NCCF}(i, j) = \frac{\sum_k^K \sum_l^L S^{i,j}(k, l) \cdot T(k, l)}{(\sum_k^K \sum_l^L [S^{i,j}(k, l)]^2)^{1/2} \cdot (\sum_k^K \sum_l^L [T(k, l)]^2)^{1/2}} \quad (2)$$

表 1 对上述两种常用的匹配测量方法进行了对比。

¹ 1999-08-31 收到, 2000-05-17 定稿

表 1 匹配准则对比

匹配准则	数学表示	类别	完全匹配值
最小绝对误差 (MAD)	(1) 式	非相似度	0
归一化互相关函数 (NCCF)	(2) 式	相似度	1

令 $P = M - K + 1$, $Q = N - L + 1$, 即有 $1 \leq i \leq P, 1 \leq j \leq Q$, 则进行穷尽法搜索时, 模板要在 $P \times Q$ 个参考位置上做相关计算, 因此求匹配的计算量很大, 但算法简单、可靠, 找到的必然是全局最优点。

3 图像相关匹配中编码方法的选取

将问题的可行解从解空间转换到遗传算法编码空间的过程就称为编码。编码是应用遗传算法时要解决的首要问题, 也是设计遗传算法的一个关键步骤。编码方法除了决定个体的染色体排列形式外, 还决定了个体从搜索空间的基因型变换到解空间的表现型时的解码方法, 同时也影响到交叉和变异操作。编码方法在很大程度上决定了如何进行群体的遗传进化运算以及遗传进化运算的效率。

3.1 二进制编码方法

传统的遗传算法是采用二进制编码来映射问题空间, 即遗传空间的个体 (individual) 或染色体 (chromosome) 通常由二进制位串来表示。

传统的二进制遗传编码的优点^[2]是:

- (1) 简单、通用, 容易产生和操作;
- (2) 在理论上容易处理, 有利于建立数学模型, 例如, 遗传算法的模式定理、收敛性分析就是针对二进制编码证明的;
- (3) 几乎任何问题都可以用二进制来编码, 一般的遗传操作算子诸如交叉和变异都可以直接使用, 而不必专门设计其它复杂的操作算子。

二进制编码方法的缺点:

- (1) 不直观, 因为人们描述问题时往往使用十进制;
- (2) 不便应用于多维、高精度问题: 编码位数会造成解空间过大, 另外, 当权值是实数型时, 若将它们用二进制数编码实际上是用离散值来尽量逼近权值本身。

在图像相关匹配应用中, 采用二进制编码还存在以下缺点:

(1) 不同图像尺寸不同, 因此若采用二进制编码则编码的位数不可事先确定, 例如: 若图像的行数 $M=319$, 模板行数 $K=64$, 则 $P = 319 - 64 + 1 = 256$, 此时 i 的编码为 8 位; 若图像行数 $M=1087$, 模板行数 $K=64$, 则 $P=1087-64+1=1024$, 此时 i 的编码为 10 位。对于二进制遗传算法, 就需要修改程序中染色体编码位数以适应不同大小的搜索空间。

(2) 二进制位交叉和变异后有可能会产生无对应可行解的个体, 这些个体经解码处理后所表示的解为无效解。若图像的行数 $M=319$, 模板行数 $K=64$, 则 $P=319-64+1=256$, 此时 i 的编码为 8 位, 交叉和变异不会产生无效解; 若图像的行数 $M=263$, 模板行数 $K=64$, 则 $P=263-64+1=200$, 此时 i 的编码也为 8 位, 但交叉和变异会产生无效解: 如 201 ~ 255。

3.2 自然数遗传算法

由于图像相关匹配是欲求出目标所在的位置坐标 (i, j) , 而位置坐标为满足 $1 \leq i \leq P$ 和 $1 \leq j \leq Q$ 的整数, 即 i, j 均为自然数, 因此本文想到引入自然数编码方法。自然数编码存在以下好处:

- (1) 对于不同尺寸的图像, 采用自然数遗传编码, 程序不存在对编码位数修改的问题。
- (2) 自然数编码适合于表示范围较大的数。

(3) 自然数遗传编码反映所求问题的特定知识, 不需要进行编码和解码操作, 因此速度快, 提高了运算效率。

自然数编码也存在缺点, 它缺少理论支持, 显然对某些应用问题不必要, 需要设计不同于经典二进制编码方式的遗传操作。

4 相关匹配的遗传算法设计

将遗传算法应用于图像相关匹配时, 算法框图如图 1。图 1 中虚线框为二进制编码遗传算法所必需的步骤, 但在自然数编码遗传算法中不需要。

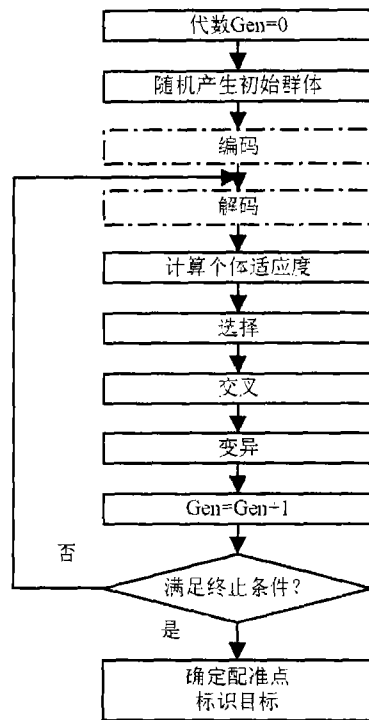


图 1 图像相关匹配遗传算法框图

编码 分别采用二进制编码方法和自然数编码方法。

适应度函数 分别采用 (1) 式和 (2) 式作为适应度函数。采用归一化互相关与最小绝对误差为适应度函数, 二者遗传算法的设计有所不同。这是因为归一化互相关函数是要确定最大值 (即 1), 而最小绝对误差函数是要确定最小值 (即 0)。而遗传算法是用于求最大值的算法, 因此采用最小绝对误差为适应度函数时, 应该使用适应度变换。设最小绝对误差函数为 $f(x)$, 适应度函数为 $F(x)$, 则适应度的变换方法为

$$F(x) = \begin{cases} C_{\max} - f(x), & f(x) < C_{\max} \\ 0, & f(x) \geq C_{\max} \end{cases}$$

本文取 $C_{\max} = 200000$ 。

选择 遗传算法的收敛定理指出保留最优个体(精英策略)的遗传算法全局收敛。因此本文在进行选择操作时, 先进行赌轮法(蒙特卡罗法), 再采用精英策略。

交叉 交叉互换的重要特征是它能产生不同于父体的子体。交叉概率越大, 交叉操作的可能性也越大; 如果交叉率太低, 收敛速度可能降低。无论二进制编码还是自然数编码, 本文实验中均设置交叉概率为 0.8。

二进制编码的交叉采用双点交叉。以 i 和 j 的范围均为 16(即 $P = Q = 16$) 作为例子说明。设双亲个体的二进制编码分别为 (1010 1011) 和 (0110 1101), 将它们分为两组基因: 前四位代表 i 值, 后四位代表 j 值。对于每一组基因, 随机产生交叉点, 各自独立地进行交叉。用 $|$ 表示随机产生的两个交叉点:

个体 1: 1|010 10|11 新个体 1': 1110 1001

个体 2: 0|110 11|01 新个体 2': 0010 1111

二进制产生的两个新个体解码后分别为 (14, 9) 和 (2, 15)。

自然数编码的交叉方式为单点交叉, 交叉点只能固定在两个自然数之间。上例中双亲分别为 (10, 11) 和 (6, 13), 则自然数交叉产生的新个体为 (10, 13) 和 (6, 11)。可见二进制交叉产生的新个体与自然数交叉产生的不同。

变异 对于二进制编码的个体, 其编码字符集为 $\{0, 1\}$, 变异操作就是将个体在变异点上的基因值取反, 即用 0 替换 1, 用 1 替换 0; 对于自然数编码的个体, 设某一变异点处的基因值的取值范围为 $[U_{\min}, U_{\max}]$ 变异操作就是用该范围内的一个随机数替换原基因值。

实验中设置自然数编码的变异概率为 1, 这样每个子代的个体与父代不同, 从而使得在搜索空间中进行充分的取样; 二进制编码的变异概率设置为 0.2, 这是因为: 如果也设置为 1, 即对所有二进制位进行反码, 则变异后的结果为变异前的补码, 即在搜索空间中的取样不是随机的。

5 实验结果及分析

本文实验均在 PII-300、内存为 128MB 的微机上实现。由于内存大, 所有实验程序均在内存中计算, 具有可比性。

图 2 为待匹配的仿真图像, 大小为 319×319 , 图像中左下角飞机为苏 -27, 右上角飞机为米格 -31。图 3 为模板图像, 是 64×64 的米格 -31 飞机。则穷尽算法需要进行 $P \times Q = (319 - 64 + 1) \times (319 - 64 + 1) = 256 \times 256$ 次相关计算, 二进制遗传算法的编码为 $8+8=16$ 位。自然数遗传算法的基因编码为 2 个 $[1, 256]$ 的自然数。图 4 为匹配结果。采用遗传算法得到的配准点与穷尽算法相同。

实验先将人口数固定, 代数由 50 逐渐递减到算法不收敛为止。再将人口数由 80 递减到 30, 通过这样的实验检验算法运算时间及收敛性, 同时确定人口数和代数的合理设置。

采用归一化互相关为适应度函数的实验结果参见表 2。采用最小绝对误差为适应度函数的实验结果参见表 3。

由表 2 和表 3 的实验结果可以看出, 无论是采用归一化互相关为适应度函数, 还是采用最小绝对误差为适应度函数, 自然数遗传算法的运算时间比二进制遗传算法的运算时间普遍快。同时可见, 在某些遗传控制参数设定下, 二进制遗传算法不收敛到最优解, 而自然数遗传算法能收敛到最优解。

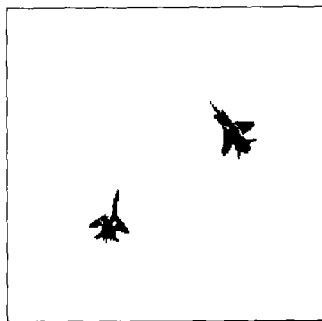


图2 待匹配图像 (319×319)

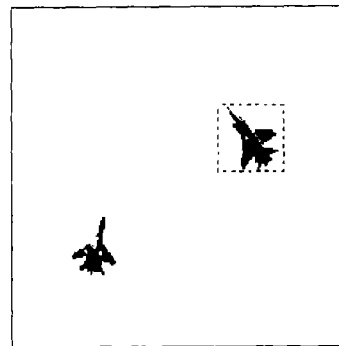
图3 模板图像
(64×64)

图4 匹配结果 (配准点 93, 196)

表2 二进制遗传算法、自然数遗传算法与穷尽算法相关匹配运算时间对比
(采用归一化互相关函数为适应度函数)

人口数	代数	二进制遗传算法 运算时间 (s)	自然数遗传算法 运算时间 (s)	穷尽算法 运算时间 (s)
80	50	2.25	2.14	30.53
80	40	1.82	1.76	
80	30	1.43	1.32	
80	20	非最优解	非最优解	
70	50	1.97	1.93	
70	40	1.6	1.59	
70	30	1.26	1.21	
70	20	非最优解	非最优解	
60	50	1.71	1.65	
60	40	1.37	1.31	
60	30	非最优解	非最优解	
50	50	1.42	1.37	
50	40	非最优解	非最优解	
40	50	非最优解	非最优解	

表3 二进制遗传算法、自然数遗传算法与穷尽算法相关匹配运算时间对比
(采用最小绝对误差为适应度函数)

人口数	代数	二进制遗传算法 运算时间 (s)	自然数遗传算法 运算时间 (s)	穷尽算法 运算时间 (s)
80	50	1.98	1.81	25.21
80	40	1.54	1.49	
80	30	1.21	1.15	
80	20	非最优解	非最优解	
70	50	1.7	1.6	
70	40	1.38	1.31	
70	30	1.04	0.94	
70	20	非最优解	非最优解	
60	50	1.49	1.37	
60	40	1.15	1.10	
60	30	非最优解	非最优解	
50	50	1.2	1.15	
50	40	非最优解	非最优解	
40	50	非最优解	非最优解	

对于上述实验图像,穷尽算法需要 $256 \times 256 = 65536$ 次相关计算。当人口数 = 70, 代数 = 30

时, 遗传算法需要 $70 \times 30 = 2100$ 次相关计算, 它是穷尽算法相关计算次数的 3.2%。实际运算时间需要再加上遗传算法本身的开销。采用归一化互相关为适应度函数时, 由表 2, 当人口数 $=70$, 代数 $=30$ 时, 二进制遗传算法运行时间为穷尽算法运行时间的 4.12%, 自然数遗传算法运行时间为穷尽算法运行时间的 3.96%。可见遗传算法在图像相关匹配应用中大大地提高了计算效率。

6 结 论

遗传算法作为一种优化算法, 用于图像相关匹配时, 算法可行, 并且运行效率较高。同时自然数编码遗传算法与二进制编码遗传算法相比, 程序实用而不必修改, 并且运行时间短。这说明利用遗传算法实现图像相关匹配问题时, 适于使用自然数编码方法。

参 考 文 献

- [1] 余松煜, 张文军, 孙 军, 现代图像信息压缩技术, 科学出版社, 1998, 55.
- [2] Zbigniew Michalewicz, Genetic Algorithm+Data Structure=Evolution Programs. 3rd ed. Berlin, Springer Verlag, 1996, Chap4.

APPLICATION OF NATURAL NUMBER CODING GENETIC ALGORITHM FOR IMAGE CORRELATION MATCHING

Chong Jinsong Wang Hongqi Zhou Xiaokuan*

(*Institute of Electronics, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100080, China*)

(**Beijing University of Aeronautics and Astronautics, Beijing 100083, China*)

Abstract In order to save the computational time of the image correlation matching, genetic algorithm is imported. Both binary coding and natural number coding genetic algorithms are implemented for correlation matching respectively. The results show that natural number coding method not only is practical, but also runs faster than binary coding method in the application of image correlation matching.

Key words Genetic algorithm, Correlation matching, Target detection

种劲松: 女, 1969 年生, 副研究员, 研究领域为图像处理和模式识别。
王宏琦: 男, 1963 年生, 研究员, 从事 SAR 图像应用的研究。
周孝宽: 男, 1936 年生, 教授, 研究方向为图像处理和模式识别。