

# 基于隐含相似性的光学和 SAR 图像配准方法

李孟君 李智勇 陈天泽

(国防科技大学电子科学与工程学院, 长沙 410073)

**摘要** 异质图像配准是多源图像融合的关键步骤之一, 通常需要精确提取和匹配图像的同名特征, 这种同名特征在成像机理差异巨大的光学和 SAR 图像中进行提取和匹配十分困难, 利用相同场景图像中的隐含相似性可以有效避开这一难点。为了对光学和 SAR 图像进行配准, 提出了一种基于隐含相似性的光学和 SAR 图像配准方法, 该算法首先选用高梯度幅值像素作为隐含特征点集, 然后通过像素迁移来构建相似测度准则函数, 并用遗传算法对准则函数解空间进行全局优化搜索来获取配准解, 这样就将图像配准问题归于模型参数优化求解过程。实验结果表明, 该方法有效可行, 配准图像能达到像素级配准精度。

**关键词** 合成孔径雷达 隐含相似性 遗传算法 图像配准

中图法分类号: TP751 文献标识码: A 文章编号: 1006-8961(2009)11-2322-06

## Optical Image and SAR Image Registration Via Implicit Similarity

LI Meng-jun, LI Zhi-yong, CHEN Tian-ze

(School of Electronic Science and Engineering, National University of Defense Technology, Changsha 410073)

**Abstract** The registration of heterogeneous images is one of the most important steps of multi-resource image fusion. Heterogeneous image registration algorithms need to extract and match the invariant feature precisely, which can be difficult due to huge differences between optical and SAR imaging principles. This problem can be avoided by introducing implicit similarity existing in the same scenes. The algorithm in this paper constructs the implicit features by large scale pixels and then similarity criterion function is constructed using pixels migration. The registration results can be obtained by optimizing criterion function through genetic algorithm (GA)'s global optimum solution. Experimental results show the registration accuracy of this algorithm achieves pixel level.

**Keywords** synthetic aperture radar (SAR), implicit similarity, genetic algorithm (GA), image registration

## 1 引言

随着空间技术的迅速发展, 获取同一地区的来自不同传感器、具有不同空间分辨率、覆盖不同电磁波谱段的多源遥感图像数据已变得越来越容易。这些多源遥感数据中, 由于 SAR 图像和可见光图像有着很强的互补优势, 因而实现两种图像的信息融合, 将可以富集两种图像关于地物的互补信息, 有助于完整、客观地探测目标特性。作为多源数据融合

(包括图像融合、变化检测、目标识别等)的前提步骤, 图像配准的基本任务就是将这些不同时间、不同视角、不同传感器获得的两幅图像进行几何对准。

现有的配准方法主要有基于区域的方法和基于特征的方法两大类<sup>[1]</sup>。其中基于区域的方法通常直接采用灰度图互相关或者将提取的互信息等作为匹配测度, 但这类方法在由异质传感器造成的灰度差异较大的情况不能适用; 而基于特征的方法则是从两幅图中提取出共性特征再进行匹配。常用特征包括特征点、边缘、轮廓、链码等。其匹配过程也随

收稿日期: 2008-05-07; 改回日期: 2008-09-23

第一作者简介: 李孟君 (1983 ~ ), 男, 国防科技大学信号与信息处理专业硕士研究生。主要研究方向为遥感信息处理。

E-mail: limiji606@163.com

特征选择的差异而不同,常用匹配方法有二值相关、距离变换、结构匹配、链码相关、不变矩、松弛法等。但这类算法的前提是两幅图像中必须共同存在,并且能够精确提取出这些同名特征结构。然而,在进行光学和 SAR 图像配准过程中,由于二者的成像机理完全不同,例如 SAR 图像中由于存在固有的斑点噪声,可能会生成一些虚假特征,从而给后续的同名匹配造成较大误差,最终将影响配准结果。

Keller 等人在研究多态医学图像配准过程中,提出了利用隐含相似性配准的思想<sup>[2-3]</sup>,其基本依据就是利用图像共同场景中存在的物理结构,这种结构在不同传感器中可能表现为不同的灰度属性,但结构间仍然存在某种意义上的相似,若把包含这类隐含相似特性的点集提取出来,并根据这种相似性构建度量准则,即可最终实现异源传感器图像的配准。

Keller 在对准则函数进行优化搜索的过程中,选用牛顿迭代法却遇到一个问题,即牛顿法虽然能快速收敛到一个局部最优值,但无法得到全局最优解,这将导致如果初始参数不是在全局最优解附近,那么就无法得到真正的配准解。本文针对这个问题提出了一种解决方法,即采用遗传算法(GA)来进行优化搜索,以取得全局最优。

## 2 隐含相似性配准思想

多源图像配准过程一般可以归为以下 4 个基本要素:基本模型(变换模型)、图像描述(特征描述)、评估准则(匹配策略),以及优化过程(匹配搜索)<sup>[4]</sup>。其中,准确的图像描述和适当的相似度量准则对配准尤为重要。配准问题也可以归结为一个求解变换模型参数解的过程。从匹配准则的角度来说,配准的数学模型可以描述为<sup>[5]</sup>

$$\min_{f, T} J = \sum_k [I_1(x(k)) - f(I_2(T(x(k))))]^2 \quad (1)$$

其中,  $T$  为变换模型,  $I_1, I_2$  是两幅灰度图像,  $x(k)$  代表图像中的第  $k$  个点坐标矢量,  $f \circ I$  表示对图像灰度进行的某种映射,  $J$  为准则函数。对于基于特征的配准来说,在灰度图像中提取同名点集  $\sum x_1(k), \sum x_2(k)$  后,则模型可以简化为

$$\min_T J = \sum_k [x_1(k) - x_2(k)]^2, x_2(k) = T \circ x_1(k),$$

一般可用最小二乘法求最优解  $T$ 。而对于基于区域

的配准,则其坐标点集为整个区域,  $f \circ I$  可以描述为灰度映射的确定性或统计形式。这类研究方法包括区域相关、交互信息<sup>[6-7]</sup>、协相关<sup>[8-9]</sup>等。

在基于特征的图像配准方法中,提取的常用特征(如点、线、矩、曲率、边缘、轮廓等)和梯度模值之间有着密切的联系,这些特征所处的位置一般都是梯度模值比较大的地方。这种现象在异质遥感图像中也普遍存在。对于提取出的梯度模值较大的点集,其物理意义可看作是涵盖了大量不同的结构特征和少量别的无关因素(如孤点大噪声等)在某种程度上的综合。

对于具有相同场景的不同图像,由于这类特征存在着某种意义上的相似,因此,只需对这种隐含特征之间的相似性度量定义一个定性的评估准则,则可以依据其来获取配准解。为了说明这些富含大量结构信息的点集与图像之间的定性关联,本文将引入像素迁移<sup>[5]</sup>的概念。像素迁移可定义为:从一幅图像中提取部分像素点构成坐标点集,并按参数模型变换到另一幅图像中,其对应的坐标点集即为目的点集。其过程如图 1 所示,由图 1(a)到图 1(b)只是普通的旋转和缩放迁移,由图 1(a)到图 1(c)则是比较复杂的迁移了。

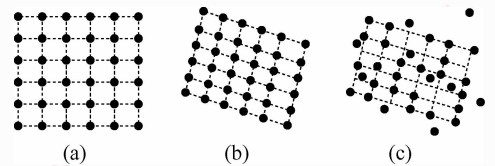


图 1 像素迁移过程

Fig. 1 Pixel migration process

## 3 相似度评估准则构造

由于隐含特征蕴藏在梯度模值最大的点集当中,且其相似性度量准则的构造也以此为根据,因此可利用一幅图像中梯度模值最大的点的坐标集通过像素迁移到另一幅图像梯度模值最大点的坐标集,直到坐标集的对应位置的梯度模值最大时,则此次迁移最为有效。由于每次迁移对应一个梯度均方和(SSG)值,且对应一组参数变换,因此,SSG 取得最大值时,其相似度也为最大,其对应的参数即为所求的配准解。和前述准则函数的构造方法不同,本文方法是利用物理结构受照度影响较小的梯度信息作为背景,以隐含的特征点集经模型变换后的梯度模

值的平方和最大为准则。其数学模型可写成

$$\max_{\mathbf{P}} J = \sum_{S_2 \in I_2} |\nabla I_1(S_2(\mathbf{P}))|^2 \quad (2)$$

其中,  $S_2$  为图像  $I_2$  中的最大梯度点集,  $\mathbf{P}$  是表示模型变换的参数矢量,  $\mathbf{P} = (p_1, p_2, p_3, p_4, p_5, p_6)$ , 常用的变换有仿射、投影、二项式等。  $|\nabla I_1(S_2(\mathbf{P}))|$  为图像  $I_1$  中对应点的梯度模值。配准过程可归结为在单幅图像中对一组参数变量进行迭代优化的问题, 而另一幅图像的最大梯度位置坐标仅仅作为优化过程的初始映射原象。算法的基本步骤如下:

(1) 定义  $S_2$  为图像  $I_2$  中梯度较高模值所在坐标的特征点集;

(2) 定义  $S_1$  为图像  $I_1$  中的点集;

(3) 定义  $S_1(\mathbf{P})$  为  $S_2$  经模型变换矢量  $\mathbf{P}$  变换后迁移到图像  $I_1$  中的点集;

(4) 最优化目标准则函数, 即

$$F(S_1(\mathbf{P})) = \sum_{(x_i, y_i) \in S_1(\mathbf{P})} |\nabla I_1(x_i, y_i)|^2$$

其中,  $\mathbf{P}$  为模型参数变换矢量,  $\nabla I_1(x_i, y_i)$  为图像  $I_1$  中点  $(x_i, y_i)$  的梯度值。其过程示意如图 2 所示。

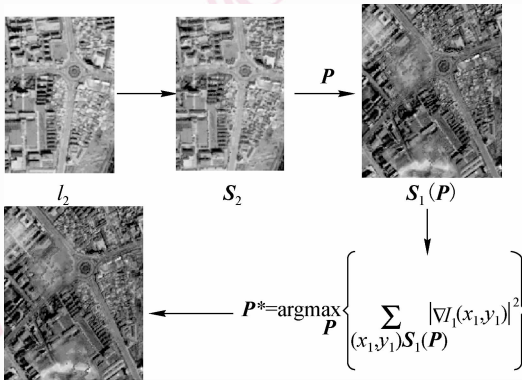


图 2 算法示意图

Fig. 2 The sketch map of registration algorithm

将最大的 SSG 值作为匹配准则非常适合异质传感器图像的配准。异质图像很容易出现在一幅图像中存在某种区域特征, 而在另一幅图像中则可能根本不存在, 由于本文算法计算只需在单幅图像进行优化迭代, 而无需考虑两幅灰度图像的复杂关系, 这种情况只会影响到 SSG 目标函数最终的最大值大小, 而不会影响取最大值时的位置, 即对最优参数矢量  $\mathbf{P}$  值无影响, 因此, 如果两幅异源图像存在足够多的相同场景结构信息, 并且高梯度点集足够涵盖到这些结构时, 那么 SSG 就可以作为其相似性度

量的有效准则。

## 4 准则函数的优化求解

在对准则函数(式(2))进行优化搜索时, 还应该设定一些相应的约束条件, 以避免迁移过程中发生越界、萎缩等不良现象, 因为这些现象将导致不能得到真实解。最极端的情况就是出现多个点映射到一个梯度很大的点上, 虽然 SSG 值可以取最大, 但得出的解是病态的。文献[2]、[3]采用牛顿迭代优化方法来对模型参数解进行迭代, 牛顿迭代法的优点是它的收敛速度快、计算量小。然而, 通过实验发现, 由于待求的 SSG 值随参数矢量  $\mathbf{P}$  的变化非常复杂, 并且存在大量密集局部极值点, 因此使用传统的方法很容易就陷入局部最优。传统的优化算法的前提是必须先完成粗配, 在此基础上再进行局部寻优。图 3 为 SSG 值随参数  $p_2$  小范围变化的取值情况, 其他 5 个参数的取值固定不变, 设置  $p_2$  的变化步长为 0.001。由此可以看到, 在单一参量变化范围内, SSG 值出现了急剧的振荡, 如果综合 6 个参量, 则 SSG 将会更为复杂, 且对求取全局最优也将非常困难。本文采用智能优化算法中的遗传算法来对 SSG 值进行全局寻优。

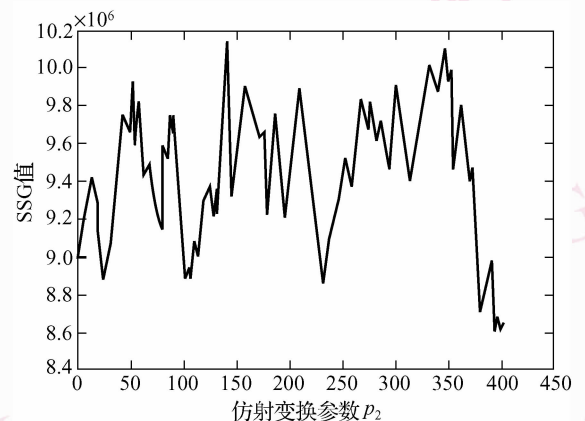


图 3 SSG 值随某个参量变化

Fig. 3 SSG changed by a parameter

## 5 使用遗传算法对 SSG 进行寻优

遗传算法是一种基于“适者生存, 优胜劣汰”的高度并行、随机和自适应的优化算法, 它将问题的求解表示成染色体(个体)的适者生存过程, 它是通过染色体群(种群)的一代一代不断进化, 包括选择、

交叉和变异等操作,使其最终收敛到“最适应环境”的个体来求得问题的最优解或满意解。遗传算法是一类随机优化算法,但它不是进行简单的随机比较搜索,而是通过对染色体的评价和对基因进行操作,以及有效地利用已有信息的指引,向有希望改善优化质量的状态进化。它的两个最显著特点是隐含并行性和全局空间搜索。

本文利用遗传算法的空间全局搜索能力较强这一特点,直接以 SSG 作为个体的适应值,在可行解空间中搜寻最适应个体,也即全局最优解。

算法求解 SSG 的最优步骤如下:

(1) 确定变换模型以及模型参数变量的个数,一般包括仿射变换模型、投影变换模型、二项式变换模型等。本文采用仿射变换模型来进行求解,参数变量数为 6 个,即

$$\begin{cases} x_1 = p_1 x_2 + p_2 y_2 + p_3 \\ y_1 = p_4 x_2 + p_5 y_2 + p_6 \end{cases}$$

$$\mathbf{P} = [p_1 \quad p_2 \quad p_3 \quad p_4 \quad p_5 \quad p_6]^T$$

(2) 提取图像  $I_2$  中梯度值在所有梯度模值中的前 20% 的坐标点集,作为每次迁移的初始映射原象。

(3) 划分解空间,确定参数矢量  $\mathbf{P}$  中各个变量的范围和个体染色体长度,并按预定规模进行种群

初始化。

(4) 进行遗传迭代,直到达到终止条件或者预定代数:

① 对后代染色体进行交叉、变异操作,其中交叉算子为随机配对、两点交叉,而变异算子则按概率对基因位进行变异;

② 对染色体进行译码,并按参数模型将其变换到图像  $I_1$  的梯度图中,将计算得到的 SSG 值作为个体的适应值,如果该值超出图像  $I_1$  的 2 维数组索引的最大范围,则加惩罚值,并依该适应值按保留最优策略进行后代选择;

③ 达到最大迭代次数或者后代种群不再进化则终止,否则返回①。

## 6 实验结果与分析

本文实验采用具有相同场景结构的光学和 SAR 图像(如图 4 所示)进行配准,其中光学图像大小为  $150 \times 200$  pixels, SAR 图像大小为  $200 \times 350$  pixels。由于 SAR 图像的分辨率高于光学图像,因此本文将光学图像作为  $I_1$ ,提取  $S_1$  后再在 SAR 图像中进行优化搜索。



(a) 原始光学图像



(b) 原始 SAR 图像

图 4 原始图像

Fig. 4 Original image

本文变换模型采用仿射变换,各基因编码参数范围以及最小分辨率如表 1 所示。其中最小分辨率由编码参数范围和编码长度共同决定。遗传算法编码采用二进制格雷码,染色体总长为 48 bits,群体大小为 500,初始种群随机产生,最大运行代数为 250 代,交叉概率为 0.6,变异概率为 0.05。

表 1 各基因编码参数范围及分辨率

Tab. 1 Range and resolution of each gene

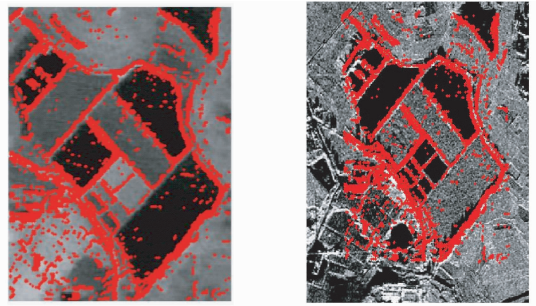
仿射变换参数	参数范围	分辨率
$p_1$	[0.7, 1.6]	0.003 5
$p_2$	[-0.5, 0.5]	0.007 8
$p_3$	[-100, 100]	0.39
$p_4$	[-0.5, 0.5]	0.007 8
$p_5$	[0.7, 1.6]	0.003 5
$p_6$	[-100, 100]	0.39

在 CPU 为 AMD3800+, 内存为 512 M 的硬件条件下,采用 Matlab 运行本算法,运行时间 831 s,获得的配准结果如图 5 所示。其中图 5(a)为从光学图像中提取的由前 20% 梯度模值最大的点集构成的变换原始点集。这些点集包含了场景中明显的边缘结构、部分孤立噪声点以及其他隐含结构。经过遗传算法在 SAR 图像中迭代搜索后,得出了最优的一组参数,而原始点集则按此参数变换后覆盖到 SAR 图像中(如图 5(b)所示)。由图 5 可知,经过变换后的点集与 SAR 图像中的结构完全吻合。图 5(c)为光学图像经仿射变换后再进行双线性插值的结果。图 5(d)为配准镶嵌图。为进一步考察孤立的噪声点对算法的影响,本文还在光学和 SAR 图像中分别添加了椒盐噪声,其加噪后结果及仿射变换结果(如图 5(e)、(f)所示)。实验证明,孤立的噪声点对配准结果影响不大,只是影响最终的 SSG 值。另外,作者还分别使用前 7%, 10%, 15% 的最大梯度点集进行实验,均能获得相同的配准结果。

本文实验采用均方根误差(RMSE)来衡量配准误差,对于本文使用的仿射变换模型, RMSE 可定义为

$$RMSE = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n [(p_1 x_i + p_2 y_i + p_3 - \hat{x}_i)^2 + (p_4 x_i + p_5 y_i + p_6 - \hat{y}_i)^2]}{n}} \quad (3)$$

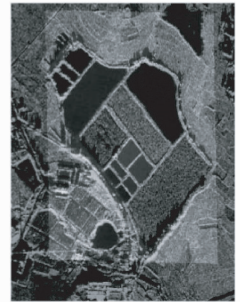
式中,  $(x_i, y_i)$  为光学图像中的控制点,  $(\hat{x}_i, \hat{y}_i)$  为



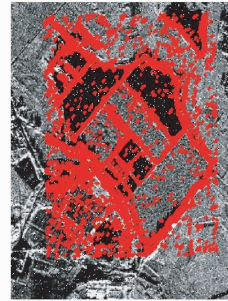
(a) 前20%最大的梯度模值点集  $S_1$  (b) 按最优解叠加到SAR图像中



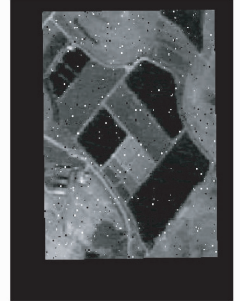
(c) 光学图像仿射变换结果



(d) 配准镶嵌图



(e) 加椒盐噪声结果



(f) 加噪后的仿射变换结果

图 5 SSG 配准结果图

Fig. 5 SSG registration results

SAR 图像中的对应控制点。本文采用手工方法选取两幅图像中交叉位置的 10 组控制点(CP)的对应点作为同名匹配点。控制点坐标如表 2 所示。

表 2 两幅图像同名控制点的参考坐标

Tab. 2 Coordinates of corresponding control points in the pair of images

控制点序号	光学图像控制点坐标	SAR 图像控制点坐标
1	(6, 5)	(56, 16)
2	(44, 38)	(115, 66)
3	(51, 74)	(127, 118)
4	(68, 56)	(150, 93)
5	(111, 107)	(216, 168)
6	(95, 124)	(195, 193)
7	(61, 116)	(140, 181)
8	(71, 127)	(153, 195)
9	(82, 139)	(171, 214)
10	(75, 148)	(162, 226)

求解出的  $P$  为  $[1.45 \quad 0.02 \quad 8.61 \quad 0.02 \quad 1.51 \quad 45.21]^T$  (保持精度到小数点后 2 位), 代入式(3), 求得的  $RMSE = 1.7688$  pixels。考虑到手工选取的同名控制点本身就存在  $1 \sim 2$  pixels 的误差, 因此可以认为, 本文方法精度已经达到一般的配准要求, 是一种有效可行的方法。

## 7 结 论

和基于特征的配准方法相比, 基于隐含相似性的配准方法的最大优点在于获取图像特征描述子的过程大为简化, 并且无需特别关注特征集的精度, 其相似性度量准则也非常简单。这在光学图像和 SAR 图像的配准中是非常重要的。其不足之处是遗传算法在计算适应值时, 其初始点集往往很大, 而且求种群中每个个体的 SSG 值的计算量较大, 耗费时间也比较长。另外, 在进行优化搜索时, 还必须让设定的编码范围涵盖到配准解, 这就需要对配准参数有个大致的估计, 否则将无法得到配准解。

### 参考文献 (References)

1 Brown L G. A survey of image registration techniques [J]. ACM

Computing Surveys, 1992, **24**(4): 325-376.

- 2 Keller Yosi, Averbach Amir. Implicit similarity: A new approach to multi-sensor image registration [A]. In: Proceedings of the IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition[C], Madison, Wisconsin, USA, 2003: 543-548.
- 3 Keller Yosi, Averbach Amir. Multisensor image registration via implicit similarity[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2006, **28**(5): 794-801.
- 4 Zitova B, Flusser J. Image registration methods: A survey [J]. Image and Vision Computing, 2003, **21**(11): 977-1000.
- 5 Yao Jian-chao, Goh Kian-liong. A refined algorithm for multisensor image registration based on pixel migration[J]. IEEE Transactions on Image Processing, 2006, **15**(7): 1839-1847.
- 6 Viola P, Wells W M. Alignment by maximization of mutual information [J]. International Journal of Computer Vision, 1997, **24**(2): 137-154.
- 7 Maes F, Collignon A, Vandermeulen D, et al. Multimodality image registration by maximization of mutual information [J]. IEEE Transactions on Medical Imaging. 1997, **16**(2): 187-198.
- 8 Roche A, Malandain G, Ayache N. Unifying maximum likelihood approaches in medical image registration[J]. International Journal of Image System Technology, 2000, **11**(1): 71-80.
- 9 Roche A, Pennec X, Malandain G, et al. Rigid registration of 3D ultrasound with MR images: A new approach combining intensity and gradient information [J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2002, **20**(10): 1038-1049.