

# 基于蜂王进化遗传算法的特征匹配方法

王彪<sup>1)</sup> 何亦征<sup>2)</sup> 王金岩<sup>2)</sup> 沈春林<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>(南京航空航天大学自动化学院,南京 210016) <sup>2)</sup>(中国航空工业第一集团615所,上海 200233)

**摘要** 提出了一种新颖的基于蜂王进化遗传算法的特征匹配方法,采用改进版 Harris 角点检测器提取出特征点,设计了一种新的染色体编码方法对特征点间的匹配关系进行编码,并相应为其开发了有效的交叉和变异操作,考虑5种匹配约束条件,利用蜂王进化机制和线性排队选择以及优胜替换,迅速获得全局最优解。实验结果表明该方法实现了快速、准确的角点匹配。

**关键词** 计算机视觉 特征匹配 遗传算法 蜂王进化 对极几何

**中图分类号**: TP391.4 **文献标识码**: A **文章编号**: 1006-8961(2005)08-1005-07

## Feature Matching Based on Queen-bee Evolution

WANG Biao<sup>1)</sup>, HE Yi-zheng<sup>2)</sup>, WANG Jin-yan<sup>2)</sup>, SHEN Chun-lin<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>(College of Automation Engineering, Nanjing University of Aeronautics and Astronautics, Nanjing 210016)

<sup>2)</sup>(The 615 Research Institute, China Aviation Industry Corporation I, Shanghai 200233)

**Abstract** The paper presents a novel feature matching method based on Queen-bee evolution. The features are the corners extracted by using the improved Harris corner detector. Aiming at their corresponding relationship, a new chromosomal encoding is proposed and for it effective crossover and mutation operators are developed. To evaluate the encoding chromosomes, five matching constraints are considered. By taking advantage of the queen-bee evolution scheme, the linear ranking selection, and the elitist replacement, the global optimal solution can be achieved quickly. The experimental results show that the proposed approach perform corner matching accurately and quickly.

**Keywords** computer vision, feature matching, genetic algorithms, queen-bee evolution, epipolar geometry

## 1 引言

特征匹配是计算机视觉领域中一项非常基本、非常困难的任务,是众多研究工作者一直以来潜心研究的问题,但每种匹配方法都有其各自的特点,不能适用于所有情况,在具体应用中必须区别对待。由于在基于点映射的图像配准技术研究中,涉及到在两幅未校准图像间匹配特征点,因此尝试利用一种新颖的遗传算法开发新的特征匹配方法。

以往大量的匹配方法基本可以看作是特征空间、相似测量和搜索策略3个部件的不同组合。也就是采用哪种搜索策略,根据哪些测量标准,对哪些

图像基元进行匹配。

匹配基元有多种选择,如边缘、轮廓、直线、角点、区域等等<sup>[1-6]</sup>。总体上说,使用轮廓线或者直线与使用点特征相比,具有更多信息可供匹配参考,其缺点在于需要边缘提取、轮廓线闭合及图像分割等过程,算法较复杂;而使用点特征的主要优势之一在于几何变换可以表达成解析形式,形成高效计算方案。实际上具体采用哪种特征类型还与景象的内容紧密相关,本文研究的景象包含许多人造物体如建筑物,有许多角点特征可用,因此本文将探讨角点的匹配方案,以实现快速、鲁棒、精确的匹配算法。

相似测量对特征点间的相似性及其匹配结果进行误差评测,传统上,习惯于采用基于互相关技术或

**基金项目**:教育部博士点基金(20030287008);航空基金(02F15001,01C15001)

**收稿日期**:2004-04-14;改回日期:2004-12-24

**第一作者简介**:王彪(1975~),男,讲师。1997年于南京航空航天大学获航空动力装置控制工程专业学士学位,2000年于南京航空航天大学获航空发动机专业硕士学位,2004年于南京航空航天大学获导航、制导与控制专业博士学位。现主要从事计算机视觉、电子测控与仿真、飞行控制等方面的研究。E-mail:wangbiao@nuaa.edu.cn

者类似方法实现,如误差平方和(SSD)等<sup>[2,7,8]</sup>,目前匹配方法基本上都采用这种方法,因为这种度量具有简单易懂、易实现的特点。实际上,相似测量与采用的匹配基元有密切的联系,因为测量标准由根据这些基元特征提炼出来的匹配约束转化而来,测量的是这些特征之间的相似性,因此采用的匹配约束会因基元类型而有所不同。

搜索策略根据上述相似测量标准在特征空间中搜索正确的基元匹配关系,是组合优化问题,以往较多使用传统优化方法如爬山法,其致命缺点是在多极值情况下易收敛于局部最优解。于是有些研究利用遗传算法寻找全局最优解<sup>[9-12]</sup>,而且可以搜索更大的解空间,具有对初始值不敏感等优点,但其收敛速度较慢,为此本文利用遗传算法的全局搜索能力开发新的特征匹配方法,以提高其收敛速度。另外,还采用一种新颖的基于蜂王进化(queen-bee evolution)<sup>[13]</sup>的遗传算法,提出一种新的染色体编码,并为其开发相应的遗传操作(交叉与变异)。

## 2 利用遗传算法进行特征匹配

假定角点已经从两幅图像中独立提取出来,将采用基于蜂王进化的遗传算法解决这些特征点间的匹配问题。要采用遗传算法解决实际问题,必须模拟自然进化的4层结构:基因、染色体、个体与种群,第一步就是对问题的可行解进行合适的编码,使其成为进化过程中的一个染色体或个体。

### 2.1 解的遗传编码

从两幅图像中分别提取出的角点构成两个特征集合,匹配的目的在于两个集合间建立起元素的对应关系,因此每一种对应关系或映射就是匹配问题的一个候选解,如何表达这种映射就决定了染色体的编码方式。例如,文献[11]、[12]提出了一种称为匹配矩阵(match matrix)的2维编码方式,但随着特征点数目的增加,匹配矩阵的尺寸会迅速增大。因此,这里采用一种更为直观的整数编码方式,以适合于搜索更大的特征点空间。

排列编码(permutation encoding)用于表达组合优化问题已经得到广泛应用<sup>[14]</sup>,特征匹配非常类似于二次分配问题,如果两个特征集合的尺寸相同,并且形成一一对应,那么可以简单地用某一集合内特征的编号排列表达它们间的匹配关系,但实际问题没有那么简单。为了描述方便,将两幅图像中的一

幅图像称为图像1,另一幅称为图像2。一般情况下,特征匹配可以表达为寻找图像1中 $M$ 个特征点与图像2中 $N$ 个特征点间的映射问题,也就是说两个特征集合的尺寸并不相同。即使尺寸相同,一个集合中总有一些特征在另一集合中没有任何匹配点,因此不能形成一一映射。原则上讲,图像1中每个特征点在图像2中都有 $N$ 个候选匹配点或者没有匹配点;但按照匹配唯一性假设,图像1中任何特征点在图像2中的正确匹配点都不能多于一个,因此可以采用排列编码,但需要进行一定的修改才可以得到一般匹配关系的遗传编码表达。假设从1开始分别对两个集合中的特征点进行编号,并定义排列编码的长度为 $M$ ,不失一般性,图像1的特征点按其编号由小到大排序,对应于排列编码的每个位置,位置上的值或者为图像2的特征编号(1~ $N$ ),称为说话基因,或者为0表示没有匹配点,称为哑基因,从而两个集合间的每种映射关系都可以由图像2的特征编号与哑基因的组合表示,其中每个说话基因在一个具体排列内是唯一的。但由于图像1中可能有多个特征点在图像2中没有匹配点,所以这种编码中可能有多个哑基因存在,即不是真正意义上的排列,与这区分称本文提出的编码为部分排列编码,前者针对一一映射提出的编码称为全排列编码。简言之,部分排列编码的特点在于,一方面,在一个染色体内可能有多个哑基因存在;另一方面,在一个染色体内包含的说话基因可能只是全部可用基因的一个子集。于是,一个染色体就构成了一个个体,一定数量的部分排列就组成进化中的种群,配合有效的遗传操作运算(选择、交叉与变异),这种编码方式能够更有效地解决大量特征点的匹配问题。

从解决优化问题的观点出发,对本文提出的解决方案的直接定义就是为图像2中的特征点找到一个最优的排列,使得某一给定目标函数得以最小化。

### 2.2 匹配约束与评估函数

如何把匹配约束转化成评估函数决定着所实现的遗传算法的最终性能,匹配唯一性假设已经很自然地嵌入到了部分排列编码中(不考虑哑基因),即排列中的每个说话基因都是唯一的。难点在于在后面的交叉与变异操作中如果不加入其他限制,操作结果很可能破坏唯一性条件产生出无效染色体。

一个很容易想到的匹配约束是对特征点的灰度进行相似测量。难点在于要处理的两幅图像是从任意两个视点,甚至是不同时刻拍摄的,因此除了平移

外还存在着旋转、比例、剪切、拉伸、透视等变换,两幅图像在局部灰度模式上可能有很大的不同,如果直接利用灰度值对特征点进行相似性测量,会造成很多误匹配。更进一步,直接利用灰度进行匹配有着本质上的弱点:最小的 SSD 代价并不一定代表正确的匹配,而且无论采用什么措施都不能从根本上对其加以改善,因此,这里并不直接利用灰度相似性对候选匹配点进行评估,而是通过设置阈值为图像 1 的每个特征点从其  $N$  个候选匹配点中挑选出一个子集,另外,本文还预设了一个圆形搜索区域,从而大大缩小了搜索空间。

对极几何无疑是特征匹配中强有力的约束,但对于未校准的图像无法事先知道外极线的情况,所以不能应用其缩小搜索空间,但基本矩阵与外极方程以代数形式表达出双目图像间严格的几何关系。从理论上讲,如果用于估计基本矩阵的匹配点都是正确的,那么这些匹配点应该全部落在各自的外极线上,因此可以据此验证匹配的正确性<sup>[11]</sup>。本文采用广泛应用的标准化八点法<sup>[15]</sup>估计基本矩阵,但通常给定的匹配点数目多于 8 对,再加上匹配点的精度问题,使得各匹配点到其外极线的距离并不为零,而是最小二乘意义上的最优值<sup>[16]</sup>:

$$r^2 = \frac{1}{K} \sum_{i=1}^K (d^2(\tilde{p}_{1i}, \mathbf{F} \tilde{p}_{2i}) + d^2(\tilde{p}_{2i}, \mathbf{F}^T \tilde{p}_{1i})) \quad (1)$$

式中,  $K$  为给定匹配点的数目,  $(p_{1i}, p_{2i})$  为第  $i$  对给定匹配点,  $\tilde{p}_{1i}, \tilde{p}_{2i}$  为点  $p_{1i}, p_{2i}$  的齐次坐标,  $\mathbf{F}$  表示由给定匹配点估计出的基本矩阵,  $d$  为匹配点到其外极线的距离。于是,通过式(1)将对基本矩阵的估计与特征点的匹配问题有机地结合起来,使两个过程在迭代进化过程中交换信息。

尽管对极几何对于匹配点的验证是一个强有力的约束,但是如果两个以上候选匹配点落在同一对共轭外极线上,就无法区分,因为外极线条件只是匹配关系的 1 维约束,必须增加其他约束对上述匹配结果进行验证。理论上讲,如果给定匹配点都是正确的,那么据此估计出的两幅图像间的变换也是正确的,进而变换后的像素点应该恰好与其对应点位置重合,所以变换后的像素点与其对应点位置上的偏差也可以用于评价匹配结果的正确性:

$$d^2 = \frac{1}{K} \sum_{i=1}^K \left[ (x_{1i} - x'_{2i})^2 + (y_{1i} - y'_{2i})^2 \right] \quad (2)$$

式中,  $(x_{1i}, y_{1i})$  为图像 1 中点  $p_{1i}$  的坐标,  $(x'_{2i}, y'_{2i})$  为图像 2 中点  $p_{2i}$  变换后的坐标。

于是,可以把上述两项约束转化为对染色体评价的适应度函数:

$$f = \exp(- (r^2 + d^2) / \sigma^2) \quad (3)$$

式中,常数  $\sigma$  用于调整 2 维指数函数的宽度。

### 2.3 选择与替换操作

选择操作被应用于每一代种群中的所有个体,保证那些更满足匹配约束条件的个体,即优良个体,有更多的生存或繁殖机会,这里有两个选择过程需要区分一下。

为交叉繁殖进行的选择,即通常所说的选择操作,用于从当前种群中选择出可以作为双亲进行繁殖的个体。在标准遗传算法中,这一过程按照个体适应度对当前种群中所有个体进行随机选择,但在基于蜂王进化的遗传算法中,蜂王,即当前种群中最优良的个体,必须作为双亲之一,选择操作只能在其余的个体即雄蜂中进行(图 1),因此双亲必由蜂王与一只被选中的雄蜂组成。若给定由一只蜂王与  $n$  只雄蜂组成的种群,而且每对双亲可以产生两个子女,那么为了在进化过程中保持种群尺寸不变,选择操作需要挑选出  $n/2$  只雄蜂作为双亲之一。这里可采用的选择操作都是传统遗传算法中的标准选择方法<sup>[17-20]</sup>,这里选用线性排队选择法(linear ranking selection)。

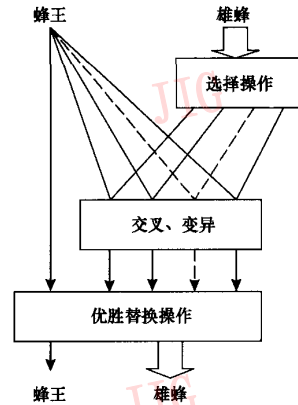


图 1 选择与替换操作

Fig. 1 Selection and replacement

为生存进行的选择,称为替换操作,是从当代种群(包括双亲与子女)中选择出生存者进入下一代种群的过程。这里采用称为优胜替换(elitist replacement)的方案,即保留当代种群中最优良的个体(称为优胜者),不进行交叉与变异操作就直接进入下一代,从而保证了每一代中最优良的个体都会生存下去。但一般情况下优胜者在下一代中不是一

定会参与再生产过程的,这取决于选择操作。不过,如图 1 所示,由于采用了基于蜂王进化的遗传算法,因此种群中的优胜者也就是蜂王,必定在下一代中参与再生产。

### 2.4 交叉操作

交叉操作是遗传算法区别于其他优化方法的本质特征,目前有许多种针对全排列编码的交叉方法,关键差别在于生产过程中力图保留哪一方面的基因

组合信息,这里选用部分映射交叉 (partially mapped crossover)<sup>[21]</sup>,因为它可以较好地保留基因位置组合信息,即匹配关系,但需要对其进行修改以适应本文研究的应用。

部分映射交叉按单个位置进行基因交换,保留基因位置信息,并带有少许基因突变。在文献[21]中,以双点操作风格实现,本文实现其变种——多点均匀交叉,如图 2 所示。

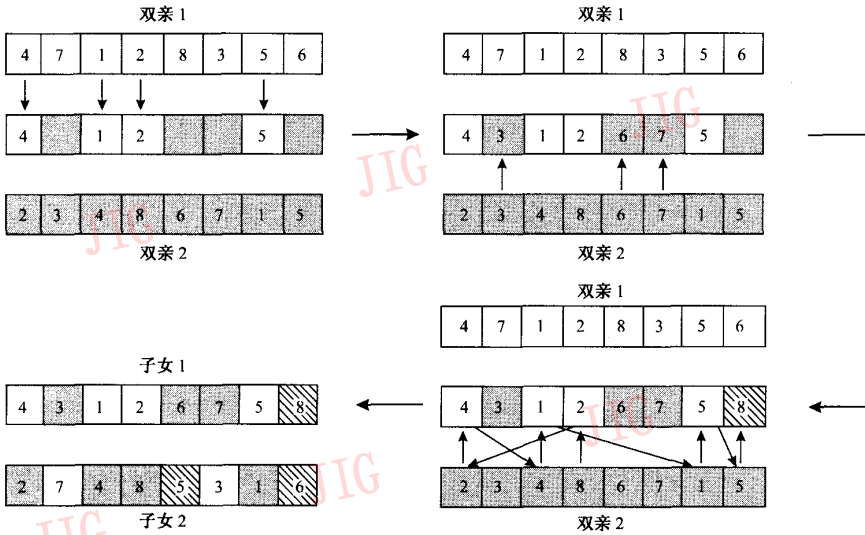


图 2 多点均匀部分映射交叉操作

Fig. 2 Multi-point uniform partially-mapped crossover

(1) 首先沿着子女染色体随机均匀选取多个位置,如图 2 中箭头所示各位置,然后这些位置上的基因从双亲 1 染色体中相同位置上映射继承;

(2) 其余位置上的基因从双亲 2 染色体内相同位置上映射继承。显然,如果双亲 2 染色体中待映射的基因已经在子女染色体中存在(如图 2 中基因 5),那么就不能再映射,否则基因的唯一性被破坏,因此需要用其他基因替换待映射的重复基因;

(3) 确定替换基因,替换基因在双亲 2 染色体中的位置与重复基因在子女染色体内的位置相同,这一替换过程可以不断重复直到在双亲 2 染色体内找到一个合适的替换基因为止;

(4) 交换两个双亲染色体的角色,生成子女 2 染色体。有两点需要注意,其一、在双亲 1 染色体内选中位置上的基因没有任何变化的映射到子女染色体内,因此这些基因的位置信息被完整地保留下来;其二、在从双亲 2 染色体内映射基因时,有时不得不进行基因替换,结果导致子女染色体内某些位置上

的基因(如子女 1 中的基因 8 与子女 2 中的基因 5)不同于任何双亲,即发生基因突变,所以总的说来,子女染色体内的基因是双亲基因部分映射的结果,只不过产生基因突变的情况较少而已。

针对本文提出的部分排列编码,需要对上述交叉操作增加额外的约束条件,以防止它们产生无效解。第 1 个约束条件是,在任一染色体内可以同时存在多个哑基因,也就是说,在交叉生产过程中,即使在子女染色体内某一位置上已有哑基因存在,但在另一位置上依然可以再从双亲染色体继承另一哑基因;第 2 个约束条件是,在交叉生产过程中,如果子女染色体内的说话基因有冲突发生(即重复现象),那么必须进行基因替换即突变操作,以生产出有效的个体;第 3 个约束条件是,用于替换的基因必须根据灰度相似性及视差极限确定的有效基因子集中选取,以保证产生的个体有效;第 4 个约束条件是,在遗传过程中,说话基因的优先权要高于哑基因,以免产生全部由哑基因组成的染色体。

## 2.5 变异操作

变异操作可以防止过早成熟收敛现象的发生,针对全排列编码已有多种方法提出,本文选用交换式变异操作 (swap mutation)<sup>[22]</sup>,对其修改后使用。原始的交换式变异首先在染色体位串中随机选取两个位置,然后把两个位置上的基因对调,从而改变基因的绝对位置信息,引入新基因组合信息。但对于部分排列编码来说,这种操作不是很有效,甚至会产生无效解,比如,两个位置上的哑基因进行交换,或者交换后的两个说话基因对各自的位置而言并不是有效基因时,那么这些操作都是无意义的,因此需要对上述变异操作强加其他约束,引导其产生有效解,并提高其性能。

改进后的交换式变异操作方法首先对当前种群中所有染色体的每个位置进行变异概率检查,如果某个染色体内的位置  $m_1$  通过了这一检查,那么该位置上的基因  $n_1$  将会与另一基因进行交换;然后,从该位置的有效因子集中随机选取一个替换基因  $n_2$ ;接着在该染色体内寻找基因  $n_2$  所在的位置,如果找不到,即基因  $n_2$  在当前染色体内不存在,那么就直接用基因  $n_2$  替换基因  $n_1$ ,于是对当前染色体增加一个新基因;如果找到基因  $n_2$  所在的位置  $m_2$ ,并且基因  $n_1$  也可以放在位置  $m_2$  上,那么就把两个位置上的基因进行交换;而如果基因  $n_1$  不在位置  $m_2$  的有效因子集内,那么就用哑基因替换位置  $m_1$

上的基因  $n_1$ ,于是在染色体内就删除一个说话基因。总之,通过改进后的交换式变异操作,可以实现增加一个新基因,删除一个现存说话基因,或者交换两个现存基因。

值得注意的是,在基于蜂王进化的遗传算法中,由于交叉操作对蜂王基因的利用率过高,容易造成提早成熟现象的发生,所以在当前种群中同时采用了两种变异概率检测,对其中的一部分个体进行与传统遗传算法相同的正常变异概率检测,这部分个体在种群中所占的比率,称为正常变异比率 (normal mutation rate),而对其余的个体进行强变异概率检测 (strong mutation probability),即提高这部分个体的变异机率。

## 3 实验结果

图 3 显示出两幅分辨率为  $600 \times 600$  的航拍照片 (自牛津大学科学工程系机器人研究组视觉几何小组的网页: <http://www.robots.ox.ac.uk/~vgg/data> 下载),图中的标记“+”指示出采用改进版 Harris 角点检测器<sup>[23,24]</sup>自动提取出的角点,其数目在两幅图像中各不相同:图 3 (a) 中为 24 个,图 3 (b) 中为 26 个,另外,从图 3 中直接观察发现,每幅图像中都有一些角点在另一幅图像中没有匹配点,所有这些都将增加匹配工作的困难。



(a) 左侧图像



(b) 右侧图像

图 3 本文特征匹配算法的匹配结果

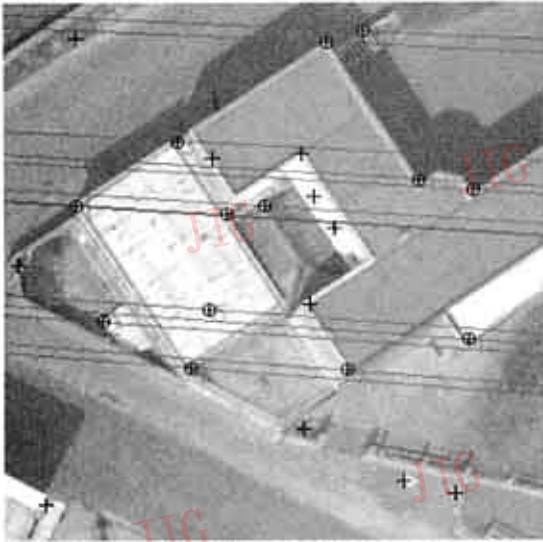
Fig. 3 The matching result of our approach

本文所提方法有 7 个控制参数,分为与遗传算法无关和相关两类,第 1 类只有圆形搜索区域半径  $R_d$  和灰度区域窗口尺寸  $S_w$  两个参数;第 2 类则包含有:种群尺寸  $S_p$ ,交叉概率  $P_c$ ,正常变异概率  $P_{mn}$ ,强变异概率  $P_{ms}$ ,以及正常变异比率  $r_m$ 。通过初步实验确定: $R_d$  取图像尺寸的八分之一, $S_w = 7 \times 7$ ,  $S_p = 50, P_c = 0.8, P_{mn} = 0.01, P_{ms} = 0.3, r_m = 0.5$ 。

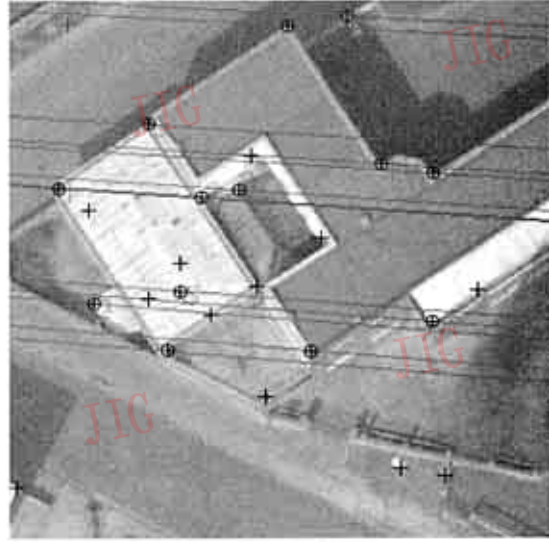
在这些参数设置情况下对图 3 中角点的匹配结

果仍然在图 3 中给出,标记“o”表示已匹配的角点,并且同一对匹配点在各自己的图像内赋予相同的编号。图 4 中显示的是图 3 中匹配点对应的外极线,可由以下同时估算出的基本矩阵计算得到。

$$F = \begin{bmatrix} -7.1836e-8 & 5.7997e-6 & 3.0021e-3 \\ -5.2319e-6 & 1.5311e-6 & -0.063769 \\ -3.3439e-3 & 0.063207 & 1 \end{bmatrix} \quad (4)$$



(a) 左侧图像



(b) 右侧图像

图 4 根据图 3 中匹配点估算出的外极线

Fig. 4 The epipolar lines estimated via the result in Fig. 3

各对匹配点到其对应外极线距离的平方和均值,即式(1)为  $r^2 = 1.4359$ ,因此每点到其外极线的平均距离为 0.84731 个像素 ( $\sqrt{r^2/2}$ ),表明它们的匹配关系是较精确的。

上述实验中算法收敛所需的循环迭代次数平均约为 10 次,当然,随着特征点数目的增多,进化收敛所需要的代数也会增多,而且对不同的图像也会稍微有所差别。

### 4 结论

本文提出了一种新的基于遗传算法的特征匹配方法,通过对问题的仔细分析,设计出了一种新的染色体编码方式——部分排列编码,实现对两幅图像间特征点对应关系的遗传表达,构成染色体。在染色体评估中,考虑了 5 种匹配约束条件,即匹配唯一

性、灰度相似性、视差极限、对极几何,以及对对应点位置的偏差,再利用基于蜂王进化的遗传算法进行寻优,从而快速、准确地找到两幅图像间正确的特征点匹配关系。在实现遗传操作过程中,针对本文提出的部分排列编码,实现一种多点均匀风格的部分映射交叉操作,和一种改进的交换式变异操作,并采用了线性排队选择法和优胜替换方案,从而保证问题的有效解决。

在匹配条件假设中,本文采用的是通用立体相机布局,并把特征匹配与对极几何估计集成到一个循环迭代过程中,使两者在进化迭代过程中交换信息,互相促进,因此本文的匹配方法适用于未校准图像间的匹配任务,并且在给出匹配结果的同时还可以给出基本矩阵的估计值。

在进一步研究中,将考虑对角点的一些特征进行利用,如角点灰度的对比度等,以其代替原来的直

接 SSD 测量,进一步提高算法的可靠性。另外,还需要探索更多的可用于全排列编码的交叉和变异操作方法,并对其进行改进,以便为本文提出的部分排列编码寻找更合适的遗传操作。再有,从对算法的描述与讨论过程来看,尽管文中采用的只是角点特征,但实际上对其他点特征也是适用的,这将在进一步工作中测试。

### 参考文献 (References)

- Zheng Q, Chellappa R. A computational vision approach to image registration [J]. *IEEE Transactions on Image Processing*, 1993, 2(3): 311 ~ 326.
- Hsieh J-W, Liao H-Y M, Fan K-C, *et al.* Image registration using a new edge-based approach [J]. *Computer Vision and Image Understanding*, 1997, 67(2): 112 ~ 130.
- Li H, Manjunath B S, Mitra S K. A contour-based approach to multisensor image registration [J]. *IEEE Transactions on Image Processing*, 1995, 4(3): 320 ~ 334.
- Coiras E, Santamaria J, Miravet C. A segment-based registration technique for visual-IR images [J]. *Optical Engineering*, 2000, 39(1): 282 ~ 289.
- Liang Z-P, Pan H, Magin R L, *et al.* Automated image registration by maximization of a region similarity metric [J]. *International Journal of Imaging System Technology*, 1997, 8(6): 513 ~ 518.
- Ventura A D, Rampini A, Schettini R. Image registration by recognition of corresponding structures [J]. *IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing*, 1990, 28(3): 305 ~ 314.
- Maintz J B A, Viergever M A. A survey of medical image registration [J]. *Medical Image Analysis*, 1998, 2(1): 1 ~ 37.
- Smith P, Sinclair D, Cipolla R, *et al.* Effective corner matching [A]. In: *Proceedings of the 9th British Machine Vision Conference [C]*, Southampton, 1998, 2: 545 ~ 556.
- Da Silva J D S, Simoni P O, Bharadwaj K K. Multiple correspondences in stereo vision under a genetic algorithm approach [A]. In: *Proceedings of the 13th Brazilian Symposium on Computer Graphics and Image Processing [C]*, Gramado, Brazil, 2000: 52 ~ 59.
- Luo L J, Clewer D R, Bull D R, *et al.* A hierarchical genetic disparity estimation algorithm for multiview image synthesis [A]. In: *Proceedings of International Conference on Image Processing [C]*, Vancouver, BC, Canada, 2000: 768 ~ 771.
- Chai J, Ma S. An evolutionary framework for stereo correspondence [A]. In: *Proceedings of the 14th International Conference on Pattern Recognition [C]*, Brisbane, Australia, 1998: 16 ~ 20.
- Ruichek Y, Issa H, Postaire J-G. Genetic approach for obstacle detection using linear stereo vision [A]. In: *Proceedings of the IEEE Intelligent Vehicles Symposium 2000 [C]*, Dearborn (MI), USA, 2000: 261 ~ 266.
- Sung H J. Queen-bee evolution for genetic algorithms [J]. *Electronics Letters*, 2003, 39(6): 575 ~ 576.
- Bierwirth C, Mattfeld D C, Kopfer H. On permutation representations for scheduling problems [A]. In: *Proceedings of Parallel Problem Solving from Nature [C]*, Lecture Notes on Computer Science, Springer-Verlag, Berlin Heidelberg, New York, 1996, 1141: 310 ~ 318.
- Hartley R I. In defence of the 8-point algorithm [A]. In: *Proceedings of the 5th International Conference on Computer Vision [C]*, Cambridge, Massachusetts, USA, 1995: 1064 ~ 1070.
- Luong Q-T, Deriche R, Faugeras O D, *et al.* On determining the fundamental matrix: Analysis of different methods and experimental results [R]. R2273, INRIA, Sophia-Antipolis, France, April 1993.
- Goldberg D E, Deb K. A comparative analysis of selection schemes used in genetic algorithms [A]. In: *Foundations of Genetic Algorithms [M]*, Rawlins G J (ed.), San Mateo, CA: Morgan Kaufmann, 1991: 69 ~ 93.
- Blickle T, Thiele L. A comparison of selection schemes used in genetic algorithms [R]. TIK-Report Ver. 2, Lausanne, Switzerland: Swiss Federal Institute of Technology, 1995.
- Zhang B-T, Kim J-J. Comparison of selection methods for evolutionary optimization [J]. *Evolutionary Optimization*, 2000, 2(1): 55 ~ 70.
- Wieczorek W, Czech Z J. Selection schemes in evolutionary algorithms [A]. In: *Proceedings of XI International Symposium on Intelligent Information Systems [C]*, Sopot, Poland, 2002: 185 ~ 194.
- Starkweather T, McDaniel S, Mathias K, *et al.* A comparison of genetic sequencing operators [A]. In: *Proceedings of the 4th International Conference on Genetic Algorithms [C]*, Morgan Kaufmann, 1991: 69 ~ 76.
- Brizuela C A, Aceves R. Experimental genetic operators analysis for the multi-objective permutation flowshop [J]. *EMO 2003. Lecture Notes on Computer Science*, 2003, 2632: 578 ~ 592.
- Harris C, Stephens M. A combined corner and edge detector [A]. In: *Proceedings of the Fourth Alvey Vision Conference [C]*, Manchester, 1988: 147 ~ 151.
- Schmid C, Mohr R, Bauckhage C. Evaluation of interest point detectors [J]. *International Journal of Computer Vision*, 2000, 37(2): 151 ~ 172.