

基于遗传算法的种子图象目标点模式匹配

胡少兴¹⁾ 查红彬¹⁾ 马成林²⁾

¹⁾(北京大学视觉与听觉信息处理国家重点实验室, 北京 100871)

²⁾(吉林大学机械科学与工程学院, 长春 130025)

摘要 在完成种子图象目标点坐标提取和由单摄像机、平面镜组成的摄像系统标定之后, 关键问题是如何寻找图象中种子质心的对应点。为了准确寻找到图象中种子质心的对应点, 根据图象中种子区域的分布特点及遗传算法具有简单、通用、鲁棒性和适于并行处理等特性, 提出了一种基于遗传算法的种子图象目标点模式匹配算法, 即首先通过模糊聚类将单帧图象上的像点与虚像点划分为两类点群, 然后通过在这两类点群之间建立遗传机制来进行种子图象点模式匹配。实验证明, 采用该算法进行种子目标点群之间的匹配, 具有快速准确的特点, 并为种子空间点的恢复提供了准确的对应点寻找信息。

关键词 计算机图形学(520·6030) 点模式匹配 聚类分析 遗传算法 种子图象 点群

中图法分类号: TP391.41 **文献标识码:** A **文章编号:** 1006-8961(2003)05-0533-07

A Point-pattern Matching Method of the Seed Images Based on the Genetic Algorithm

HU Shao-xing¹⁾, ZHA Hong-bin¹⁾, MA Cheng-lin²⁾

¹⁾(National Laboratory on Machine Perception, Peking University, Beijing 100871)

²⁾(Department of Machine Science And Engineering, Jilin University, Changchun 130025)

Abstract After the image coordinates of seed objects are computing and camera system composed of the single camera and a mirror are calibrated, searching corresponding points of seed centroids in the single-frame image is a key technique. In this paper, considering the distributing traits of the seeds in the single-frame image and the characteristics of genetic algorithm such as simple, current, robust and so on, a point-pattern matching method of the seed objects in the image based on the genetic algorithm is proposed. Firstly, by the fuzzy clustering method, the image points of seeds are distinguished to two groups, and then the genetic mechanism is established between the two point groups in the image, and the corresponding points are searched in the single-frame image. The experiments show this method can search corresponding points between two point groups of objects very fast and correctly, it is good for calculating the seed position in the space.

Keywords Point-pattern matching, Cluster analysis, Genetic algorithm, Seed image, Point group

0 引言

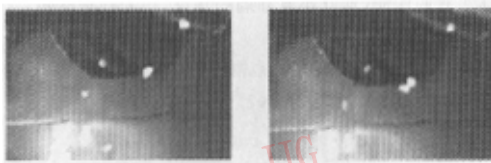
点模式匹配的主要任务是将满足一定几何变换关系的两幅同一场景图象中的点匹配成对, 以便识别和定位物体^[1,2]。在已有文献中, 传统的点模式匹配算法可以找到很多^[3~7], 如 Hopcroft 等使用仿射变换中的不变量-面积比来实现点模式匹配^[3];

Taubin 等开发了利用二阶矩不变量来解决匹配问题的方法^[4]; Umeyama 使用最小二乘法, 通过求解变换参数来间接实现点模式匹配^[5]; Sprinzak 等提出了一种将 n 维点集标准化的方法^[6], 从而实现了使两个点集的标准型之间从原来的仿射变换关系转化为旋转关系; 文献^[7]使用了李群这一数学工具, 将 n 维点模式匹配问题分解为求解变换关系和求解排列阵这两个独立的最优化问题。但上述点模式匹

基金项目: 国家高校“211工程”重点建设项目

收稿日期: 2002-07-15; 改回日期: 2002-10-15

配算法的基本出发点,主要是以两个点集点数相同,且完全互相匹配的情形为前提,其讨论的均是同一物理点在两幅立体图象中投影点的匹配问题.通过分析排种器的排种在由摄像机和平面镜组成的摄像系统中的成像过程可知,每个种子目标在一幅图象上有两个像点,文献[8]将其规定为像点和虚像点,其中,虚像点为种子在平面镜中所成的像,区域较小;而像点为种子真实的像,区域较大.由于受排种器的加工水平、种子形状、大小的限制,种子目标并不是均匀地单粒下落,偶尔还会出现遮挡、重叠,即会导致像点与虚像点的个数不同(见图1),因此传统的点模式匹配方法并不适用.



(a) 种子区域对应 (b) 种子区域不对应

图1 种子图象

本文结合像点与虚像点的分布特点,并根据遗传算法具有简单、通用、鲁棒性和适于并行处理的优点,以及采用的非遍历寻优搜索策略,能保证寻优搜索结果具有全局最优性的优点^[9,10],提出了一种基于遗传算法的种子目标图象点模式匹配算法,即首先通过模糊聚类将图象上像点与虚像点划分为两类点群,然后在两点群之间建立遗传机制,用于进行种子图象点模式匹配.

1 带状轨迹点模糊c-曲线聚类方法

在种子图象上的不同点群间,寻找对应点的前提是,将图象上的点群划分为像点和虚像点两组.分类是根据分类对象的属性或特征的相似性、亲疏程度,用数学的方法把它们逐步地分型划类,最后得到一个能反映个体之间、群体之间亲疏关系的分类系统.传统的分类方法大都采用实体间相似性的距离测量方法^[11],但由于这种方法仅适合空间点呈椭圆分布的情况,若种子下落的空间点呈带状分布,则相似距离分类方法并不适用,因此本文提出了一种带状轨迹点模糊c-曲线聚类方法,用于确定像点与虚像点的分布范围.

1.1 确定聚类中心c-曲线

当排种器的转速、半径以及排种角度一定时,种

子在下落过程中,近似遵循同一轨迹运动^[8].这条轨迹,由于平面镜的加入,因此致使图象中形成了像点和虚像点两条轨迹曲线,一般把像点轨迹称为c-曲线,并把它作为聚类中心;又因种子下落轨迹近似为抛物线,所以可将图象上这些离散的种子点分别拟合为二次曲线,即

$$y = a_0 + a_1x + a_2x^2 \quad (1)$$

$$y' = a'_0 + a'_1x' + a'_2x'^2 \quad (2)$$

式中, a_0, a_1, a_2 为像点曲线的拟合系数; a'_0, a'_1, a'_2 为虚像点曲线的拟合系数.

1.2 带状轨迹点模糊c-曲线聚类算法

根据图象上的像点沿某条轨迹呈带状分布的特点,并采用以像点轨迹曲线为聚类中心的方法对图象上的点进行聚类.

(1) 聚类目标函数

设像点集合为 $X(x_1, x_2, \dots, x_N)$, c-曲线聚类中心集合为 $W_c(w_1, w_2, \dots, w_M)$, 则聚类目标函数为

$$J_m = \sum_{i=1}^M \sum_{j=1}^N (\mu_{j,i})^m \|x_j - w_i\|^2 \quad (3)$$

式中, $\mu_{j,i}$ 代表第 j 个像点聚类后隶属于第 i 类的隶属度 $\mu_{j,i} \in [0, 1], i = 1, 2, \dots, M; j = 1, 2, \dots, N;$
 $\sum_{i=1}^M \mu_{j,i} = 1, j = 1, 2, \dots, N$, 表明每一个样本属于各类的隶属度之和为1; $\sum_{j=1}^N \mu_{j,i} > 0, i = 1, 2, \dots, M$, 表明每一类模糊集不可能是空集;

为了加强 x_j 属于各类隶属度的对比度,在聚类目标函数中添加上参数 $m, 1 < m < \infty, m$ 越大,对比度越大.

显然,模糊聚类结果有无穷多个,由于所要求的是使 J_m 达到最小值的聚类结果,所以将 J_m 对 $\mu_{j,i}$ 求导,并令导数为0,再代入条件

$$\sum_{i=1}^M \mu_{j,i} = 1 \quad (4)$$

可得

$$\mu_{j,i} = \frac{\left(\frac{1}{\|x_j - w_i\|^2} \right)^{\frac{1}{m-1}}}{\sum_{i=1}^M \left(\frac{1}{\|x_j - w_i\|^2} \right)^{\frac{1}{m-1}}} \quad (5)$$

式中, $i = 1, 2, \dots, M; j = 1, 2, \dots, N$.

(2) 带状轨迹点模糊c-曲线聚类算法步骤:

① 给定类别数 M 、参数 m 、容许误差 E_{max} 、令 $k = 1$;

② 初始化聚类中心, $w_i(1), i = 1, 2, \dots, M$, 即为

本文的带状点轨迹曲线;

③ 按式(5)计算第 j 个像素点隶属于第 i 类的隶属度 $\mu_{j,i}(k), i=1,2,\dots,M; j=1,2,\dots,N$;

④ 修正所有聚类中心 $w_i(k+1), i=1,2,\dots,M$. 本文的聚类中心是带状点轨迹曲线,因此,聚类中心的修改方法如下:

a) 将第 i 类隶属度 μ_j , 按大小排序, 取前 $s > 1$ 点;

b) 在 $w_i(k)$ 的曲线上取首尾和中间 3 点, 并与 s 点一起重新拟合二次曲线, 得 $w_i(k+1)$;

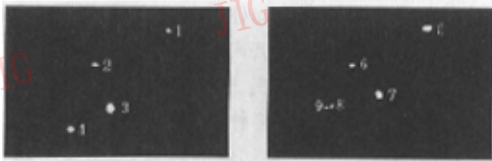
⑤ 计算两条曲线的偏差 e

$$e = \sum_{i=1}^M \|w_i(k+1) - w_i(k)\|^2 \quad (6)$$

如果 $e < E_{max}$, 则算法结束; 否则, $k \leftarrow k+1$, 转到第 3 步. 算法结束后, 若 $\mu_{j,i} > \mu_{j,l}, l=1,2,\dots,M; l \neq i$, 则将 x_j 归入第 i 类.

1.3 实例验证

采用 1.2 节算法对种子区域提取后的图象(见图 2)进行聚类分析. 由于欲将图象中的种子点群分成像点点群和虚像点点群两类, 所以取 $M=2, m=2$, 其聚类样本即为像点和虚像点坐标, 其中, 图 2 中的像点(1,3,5,7)与虚像点(2,4,6,8,9)的质心坐标(以像素表示)见表 1、表 2, 利用式(1)和式(2)确定的二次曲线可得到初始聚类中心, 即像点与虚像点的轨迹曲线(见图 3).



(a) 分割后区域对应 (b) 分割后区域重叠

图 2 种子区域提取图象

表 1 图 2(a)像点与虚像点的质心坐标

| 序号 | 1 | 2 | 3 | 4 |
|----|-----------|-----------|-----------|-----------|
| 坐标 | (586,185) | (435,256) | (477,329) | (374,354) |

表 2 图 2(b)像点与虚像点的质心坐标

| 序号 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 |
|----|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|
| 坐标 | (562,183) | (419,256) | (468,311) | (381,331) | (368,338) |

由于用带状轨迹点模糊 c -曲线聚类算法, 可将连续各帧图象上的像点和虚像点分开, 形成两个带状点群, 因此, 以后种子质心对应点的匹配问题, 可以在这两个点群带之间寻找.

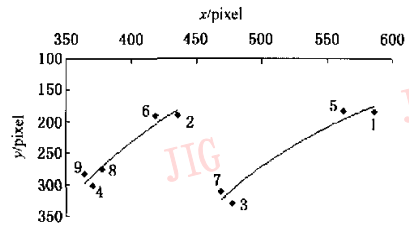


图 3 像点与虚像点的分布

2 基于遗传算法的种子图象点模式匹配

虽然通过模糊聚类分析, 可求出模糊聚类 c -曲线, 但在一幅图象上寻找像点与虚像点对应关系十分困难, 其原因是: 在一幅图象上, 由于两点群之间不存在立体成像的对极几何约束和灰度相似特性, 以往的基于特征、基于灰度和基于相位的匹配算法并不适用^[12~14], 而且由于种子在下落过程中相互遮挡, 被分成两个点群的数量并不一定相同, 这就造成了图象点模式匹配的复杂性, 因此需寻找一种实现速度快、鲁棒性好的算法来解决这一问题.

遗传算法是一类模拟达尔文的自然选择和自然遗传规律的生物进化计算模型, 它是由密歇根大学的 Holland 教授在 1975 年首先提出的, 是一种高效并行随机化全局搜索的问题求解方法^[15].

遗传算法是从任一初始化的群体出发, 通过随机选择、自制、交叉和变异等遗传算子, 使群体中适应性更强的个体有更高的机会参与遗传和生成下一代, 进而使群体一代代地进化到搜索空间中越来越好的区域, 直至到达最优点; 同时它不是直接作用在参变量集上, 而是利用参量集的某种编码, 并且不是从单个点, 而是从一个潜在解的群体开始搜索, 且无须导数或其他辅助信息, 它仅是利用概率转移规则来寻优.

遗传算法的优越性表现在以下几个方面^[8,9,16]:

首先, 由于遗传算法将进化操作应用于一群解搜索空间编码的基因串中, 并在每一代中同时搜索解空间的不同区域, 因而不易陷入局部极值点, 即使在所定义的适应度函数非连续、不规则和有噪声的情况下, 也能以极大的概率找到全局最优解; 其次, 由于其具有的并行性, 遗传算法适于大规模并行分布处理; 此外, 遗传算法易于和神经网络、模糊推理等技术结合而形成性能更优的问题求解方法, 据此提出了基于遗传算法的种子图象像点与虚像点的匹配方法, 实验表明, 采用遗传算法进行种子图象点模式匹

配,具有快速、准确的特点。

2.1 种子图象点模式匹配算法设计

遗传算法的设计涉及编码、遗传算子和适应度函数3部分。由于像点和虚像点是从空间种子的不同角度获取的,所以对应的种子区域将会有很大的差别(见图2)。为此,在种子图象的点模式匹配时,必须借助空间不变量。故本文通过选择种子像点和虚像点的质心坐标作为匹配特征来设计种子图象点模式匹配遗传算法。

2.1.1 染色体编码

编码是应用遗传算法首要解决的问题,也是涉及遗传算法时的一个关键步骤。编码方法除了决定个体的染色体排列形式之外,它还决定了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,另外,编码方法也影响到交叉算子、变异算子等遗传算子的运算方法。

由于种子图象点模式匹配的目的是为了寻找像点与虚像点的对应点,且种子区域的分布,决定着染色体的编码形式,因此在进行染色体编码之前,应首先分析图象中种子区域的分布。通过分析传感器监测种子的下落过程,可以得出种子区域在图象中的分布会出现如下3种情况:一是无重叠(见图4(a));二是某粒种子被另一粒种子完全遮挡,从而导致在像平面上的投影合为一像点(见图4(b));三是几粒种子部分重叠(见图4(c)),其中,第3种情况通过形态学腐蚀分离后,可归于第1种情况处理,下面针对前两种情况进行染色体编码。

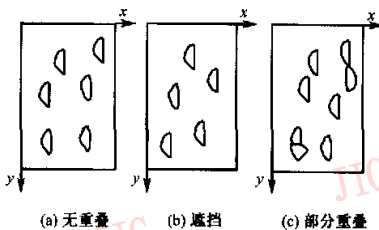


图4 图象中种子区域的分布情况

以像点和虚像点的质心坐标作为输入量,设两组待匹配点集为

$$P = \{p_i = [x_i, y_i, 1] | i = 1, m\}$$

$$Q = \{q_i = [x'_i, y'_i, 1] | i = 1, n\}$$

对于第1种情况,应采用对应匹配关系进行编码,每个染色体由 $n = \max(m, n)$ 个单元构成,每个单元可取从 $1 \sim n$ 的任意一个整数组成。每个染色体取 $1 \sim n$ 的全排列。

例如,考虑如下6个单元的染色体:

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 3 | 5 | 6 | 1 | 4 | 2 |
|---|---|---|---|---|---|

从左数起的单元位置表示点集 P 中点的标号,例如,第6个单元对应着点集的第6个点,而每个单元中所包含的整数表示与 P 点集中当前点相匹配的点集 Q 中点的标号。由此可见,上述的染色体就表示 P 点集中的第1点与 Q 点集中的第3点匹配, P 点集中的第2点与 Q 点集中的第5点匹配,依此类推。

对于第2种情况,每个染色体是从 1 至 n 中所选择的数字,但不是全排列。

例如,考虑如下6个单元的染色体:

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| 3 | 3 | 1 | 6 | 4 | 2 |
|---|---|---|---|---|---|

这里,从左数起的单元位置表示点集较多的大点集中点的标号,而每个单元中所包含的整数表示与大点集中当前点相匹配的小点集中点的标号。由此可见,上述染色体表示,大点集中的第1点与小点集中的第3点匹配,大点集中的第2点也与小点集中的第3点匹配,依此类推,按此方法定义的染色体就代表了点模式匹配问题解空间中的一个候选解。

2.1.2 定义适应度函数

度量个体适应度的函数称为适应度函数,适应度较高的个体遗传到下一代的概率就较大,而适应度较低的个体遗传到下一代的个体的概率就相对小一些。为了找出基于遗传算法的种子图象点模式匹配的适应度函数,首先需分析像点与虚像点之间关系。

通过分析摄像系统的成像过程可知:实际上由于平面镜的作用相当于将种子目标在空间原有的下落位置,经旋转平移变换到新的位置,而图象中虚像点则相当于种子目标新的位置,通过透视变换在像平面上的成像,所以像点与虚像点之间存在仿射变换关系。

种子像点点集 $P = \{p_i = [x_i, y_i, 1] | i = 1, \dots, n\}$, 虚像点点集为 $Q = \{q_i = [x'_i, y'_i, 1] | i = 1, \dots, n\}$, 根据仿射变换有 $Q = R_1 P + T_1$,也就是

$$\begin{bmatrix} x' \\ y' \\ 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} r_{1,1} & r_{1,2} & t_1 \\ r_{2,1} & r_{2,2} & t_2 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x \\ y \\ 1 \end{bmatrix} \quad (7)$$

故点集 P 与点集 Q 对应匹配的条件是,使下列目标函数最小化,得到

$$E = \sum_{i=1}^n |q_i - (R_1 p_i + T_1)|^2 \quad (8)$$

而式(8)寻找对应点的条件是要求两个待匹配点集中点的数目相同,而且需要确定 R_1 和 T_1 ,将式(7)展开得

$$\begin{cases} x' = r_{1,1}x + r_{1,2}y + t_1 \\ y' = r_{2,1}x + r_{2,2}y + t_2 \end{cases} \quad (9)$$

如果每幅图象抓拍了 n 个目标,并且像点与虚像点的坐标分别为 (x_i, y_i) 和 $(x'_i, y'_i), i=1, 2, \dots, n$, 则关于参数 R_1 和 T_1 的线性方程为

$$\begin{bmatrix} x_1 & y_1 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & x_1 & y_1 & 0 & 1 \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ x_n & y_n & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & x_n & y_n & 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} r_{1,1} \\ r_{1,2} \\ r_{2,1} \\ r_{2,2} \\ t_1 \\ t_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x'_1 \\ y'_1 \\ \dots \\ x'_n \\ y'_n \end{bmatrix} \quad (10)$$

其以向量形式可表示为

$$Km = U \quad (11)$$

U 为已知向量。

若令 $t_2=1$, 则当 $2n>5$ 时,可用最小二乘法求出上述线性方程的解。由此可见,由 3 个以上的种子目标点即可求出 $r_{1,1}, r_{1,2}, r_{2,1}, r_{2,2}, t_1$ 等 5 个参数。

为了确定 R_1 和 T_1 ,只要在像点轨迹参数曲线上取 5 点,就可以计算出对应的像点坐标 (x_i, y_i) 和虚像点坐标 (x'_i, y'_i) ,代入式(10),即可求得 R_1 和 T_1 ,由此就可定义如下适应度函数:

设两点集中,点数较多的点集为 P ,所考察的染色体为

| | | | | | |
|-------|-------|-------|---------|-----------|-------|
| l_1 | l_2 | l_3 | \dots | l_{n-1} | l_n |
|-------|-------|-------|---------|-----------|-------|

定义它的误差函数为

$$e_1 = \sum_{i=1}^n |q_i - (R_1 p_i + T_1)|^2 \quad (12)$$

式中, R_1, T_1 分别代表是两点集的仿射变换旋转矩阵和平移向量。 l 代表第 l 个染色体。

因适应度函数是评估当前染色体的优劣程度的,故适应度函数 F 取误差函数的倒数

$$F = 1/e_1 \quad (13)$$

2.1.3 定义遗传算子

(1) 选择算子

选择算子的目的是为了从当前群体中选出优良的个体,以便使它们有机会作为父代生成下一代。本文采用的选择策略是典型的适应度比例方法,设群体的大小为 N ,其中个体 i 的适应度值为 f_i ,则 i 被选择的概率为

$$p_i = f_i / \sum_{j=1}^N f_j \quad (14)$$

(2) 交叉算子

基于点模式下的对应匹配问题的编码可直接采用匹配关系编写,若用简单的一点交叉或多点交叉策略,必然以极大的概率导致产生未能完全遍历所有点的非法解。

例如,两个父代为

```
1 2 3 4 | 5 6 7 8
8 7 6 5 | 4 3 2 1
```

若采用一点交叉,且交叉点随机选为 4,则交叉后产生的两个子代为

```
8 7 6 5 5 6 7 8
1 2 3 4 4 3 2 1
```

显然,这种交叉方法并不适合匹配问题。因此本文选用下列交叉方法,交叉操作按概率 p_c 执行。

在执行交叉操作时,首先随机在染色体串中选择一个交配区域,如两父串及交叉匹配区域选定为

```
A=11|2345|678
B=87|6543|211
```

那么,将 B 的交配区域加到 A 的前面或后面,而将 A 的交配区域加到 B 的前面或提到后面

```
A'=6543|112345678
B'=2345|876543211
```

然后,在 A' 中的自交配区域后依次删除与交配区域相同的匹配点号,其得到的最终两子串为

```
A''=654311278
B''=234587611
```

由于这种方法在两父串相同的情况下仍能产生一定的变异效果,故对维持群体内一定的多样性有一定的作用。

(3) 变异算子

变异操作是以一很小的概率 p_m 进行的,它的引入是为了防止在进化过程中丧失群体的多样性和防止陷入局部极小值。在本文的算法中,变异操作是先通过随机地选取染色体中的某两个单元,然后将其中所包含的标号互换实现的。

(4) 逆转算子

同变异操作一样,以小概率 p_i 进行的逆转操作,其目的也是为了保持进化过程的多样性。在本算法中,逆转算子是先通过随机地选取染色体中的两点,然后将这两点内的子串反序插入到原位置实现的。

2.2 种子图象点模式匹配算法实现步骤

有了前面准备工作,基于遗传算法的种子图象点模式匹配算法的主要步骤如下:

(1)初始化,确定遗传参数,产生初始群体.本文的初始可行解群体由随机法产生,并计算其适应度值,选择群体规模 N ,交叉算子概率 p_c 、变异算子概率 p_m 和逆转算子概率 p_i 等参数;

(2)对当前代进行选择运算,生成可参与遗传的中间群体;

(3)按照概率 p_m 对中间群体中的个体执行变异操作,按照概率 p_c 对中间群体中的个体执行交叉操作,按照概率 p_i 对中间群体中的个体执行逆转操作;

(4)以中间群体更新前一代,并计算各染色体的适应度值;

(5)如果满足算法的停止规则,如达到了指定的迭代步数或适应度值超过一定阈值,则算法停止,否则回到步骤 2.

3 点模式匹配算法验证

为了验证前述匹配算法的正确性,进行了实例验证.

实验对象是选取有代表性的,经过多方法融合技术提取的 3 幅种子目标图象(见图 5),其中染色体长度为每幅图象内两点群中数目最大点集的数目,并考虑算法的速度和精度.实验选取的群体规模 $N=60$,交叉概率 $p_c=0.9$,变异概率 $p_m=0.003$,逆转概率 $p_i=0.003$,算法在迭代 20 次时,收敛于最优解,相应的匹配结果见表 3(其中表中第 1 栏的 I、II、III 分别代表图 5(a)、(b)、(c)的种子点群),同时通过像点与虚像点的仿射变换,求出种子像点与虚像点坐标,其坐标的确定分如下 3 种情况:

(1)当虚像点数等于像点数时,既可以将像点坐标转换为虚像点的坐标,也可以将虚像点坐标转换为像点坐标;

(2)当像点数大于虚像点数时,将像点坐标转换为虚像点坐标;

(3)当像点数小于虚像点数时,转换情况与第 2 种情况相反.

像点和虚像点的仿射变换矩阵和平移向量分别为

$$R_1 = \begin{bmatrix} 0.2216 & -0.2124 \\ 0.5964 & 1.0308 \end{bmatrix}$$

$$T_1 = \begin{bmatrix} 340.9828 \\ -270.6615 \end{bmatrix}$$

相应的坐标转换及匹配结果见表 3,其中像点与虚像点坐标均以像素表示.

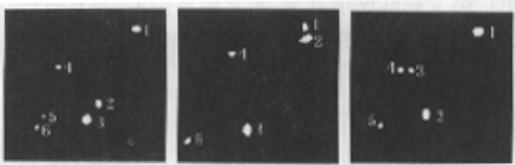
表 3 图 5 种子点群匹配的实验结果

| 种子点群 | 像点坐标 | 像点坐标变换 | 虚像点坐标 | 匹配结果 |
|---------------|-------------|-----------|-------------|------|
| I 图 5(a) | 1 (572,178) | (423,254) | 4 (421,252) | 1-4 |
| | 2 (499,324) | (392,346) | 5 (393,349) | 2-5 |
| | 3 (477,355) | (381,365) | 6 (379,369) | 3-6 |
| II 图 5(b) | 1 (514,177) | (369,231) | 4 (372,229) | 1-4 |
| | 2 (516,201) | (374,228) | 5 (288,400) | 2-4 |
| | 3 (403,378) | (290,404) | | 3-5 |
| III 图 5(c) | 1 (559,183) | (561,187) | 3 (432,257) | 1-3 |
| | 2 (463,344) | (556,185) | 4 (412,256) | 1-4 |
| | | (461,340) | 5 (371,367) | 2-5 |

表 3 列出了种子在下落过程中,由于相互重叠、遮挡在不同角度的成像情况,表 3 中,种子点群 I 为虚像点数等于像点数;种子点群 II 为像点数大于虚像点数;种子点群 III 为像点数小于虚像点数.因此出现了种子点群 I 匹配结果一一对应,种子点群 II 一对多,种子点群 III 多对一的匹配情况.实际上,图 5(a)的虚像点 4 和图 5(c)的实像点 1 是两粒种子在下落过程中遮挡的结果,是两个点.表中第 5 栏为采用本文算法的匹配结果,第 3 栏是像点或虚像点仿射变换的计算结果.表 3 结果不仅验证了基于遗传算法种子图象点模式匹配的正确性,同时因遗传算法的并行性和图象中种子区域点数较少,故匹配速度较快.

再根据文献[8],将匹配点坐标代入,即可得种子的空间点坐标.

$$\begin{cases} (m_{11}-xm_{31})X+(m_{12}-xm_{32})Y+(m_{13}-xm_{33})Z=xm_{34}-m_{14} \\ (m_{21}-ym_{31})X+(m_{22}-ym_{32})Y+(m_{23}-ym_{33})Z=ym_{34}-m_{24} \\ (m'_{11}-x'm'_{31})X+(m'_{12}-x'm'_{32})Y+(m'_{13}-x'm'_{33})Z=x'm'_{34}-m'_{14} \\ (m'_{21}-y'm'_{31})X+(m'_{22}-y'm'_{32})Y+(m'_{23}-y'm'_{33})Z=y'm'_{34}-m'_{24} \end{cases} \quad (15)$$



(a) 像点数等于虚像点数 (b) 像点数大于虚像点数 (c) 像点数小于虚像点数

图 5 经过多种方法融合提取的种子目标图象

4 结论

(1) 基于遗传算法的种子图象点模式匹配算法

就是首先通过分析图象中种子区域的分布特点来给出带状轨迹点模糊c-曲线聚类方法,以实现像点点群和虚像点点群的聚类分割;然后在此基础上,再根据两带状种子点群的分布情况来设计染色体编码方案,并通过两点群间的仿射变换关系来构造适应度函数。

(2)实例应用证明:采用该算法进行种子点群之间的匹配,具有快速准确的特点,其不仅为种子空间点的恢复提供了准确的对应点寻找信息,同时也为立体视觉的点模式匹配提供了一种途径。

参考文献

- 1 张爱武,阎雪平,李明哲等.用于自由曲面视觉测量的立体精匹配方法[J].红外与激光工程,2001,30(2):87~90.
- 2 Wolfson H J, Lam dan Y. Transformation indexing, Geometric Invariance in Computer Vision[M]. Cambridge, Massachusetts, USA; MIT Press, 1992. 355~353.
- 3 Hopcroft J E, Huttenlocher D P, Wayner P C. Affine invariants for model-based recognition. Geometric Invariance in Computer Vision [M]. Cambridge, Massachusetts, USA; MIT Press, 1992, 354~374.
- 4 Taubin G, Cooper D B. Object recognition based on moment (or algebraic) invariants. Geometric Invariance in Computer Vision [M]. Cambridge, Massachusetts, USA; MIT Press, 1992:375~397.
- 5 Umeyama S. Least-squares estimation of transformation parameters between two point patterns[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis. Machine Intelligence, 1991, 13(4):376~380.
- 6 Sprinzak J, Werman M. Affine point matching [J]. Pattern Recognition Letters. 1994,15(4): 337~339.
- 7 Morgera S D, Cheong P L C. Rigid body constrained noisy point pattern matching [J]. IEEE Transactions on Image Processing [J], 1995, 4(5): 630~641.
- 8 胡少兴,马成林,张爱武.近距离目标检测(种子)中摄像机系统的标定方法[J].中国图象图形学报. 2002,7A(2):155~159.
- 9 任平.遗传算法综述[J].工程数学学报,1999,16(1):1~8.
- 10 Davis L. Adaptive operator probabilities in genetic algorithms [A]. In: Proc. 3rd International Conference. Genetic Algorithms[C]. Morgan Kaufmann,1989, 61~69.
- 11 张立华,徐文立.点模式匹配[J].计算机学报,1999,22(7):740~745.
- 12 邹国辉,袁保宗.一种基于对极几何的物体投影重建方法[J].铁道学报,2000,(4):50~53.
- 13 Soucy G, Ferrice F P. Surface recovery from range images using curvature and motion consistency [J]. Computer Vision and Image Understanding, 1997,65(1): 1~18.
- 14 Torr P, Murray D. The development and comparison of robust methods for estimating the fundamental matrix[J]. International Journal of Computer Vision, 1997, 24(3): 271~300.
- 15 Holland J H. Outline for a logical theory of adaptive systems[J]. Journal of the Association for Computing Machinery, 1962, 9(3): 297~314.
- 16 张立华,徐文立.基于遗传算法的点模式匹配算法[J].电子学报,2000,28(10): 36~39.



胡少兴 1972年生,现为北京大学视觉与听觉信息处理国家重点实验室博士后.主要研究方向为计算机视觉与模式识别、三维几何建模、目标跟踪等。



查红彬 1962年生,工学博士,北京大学视觉与听觉信息处理国家重点实验室教授、博士生导师.主要研究方向为计算机视觉、三维几何建模和智能机器人。



马成林 1935年生,吉林大学机械科学与工程学院教授,博士生导师,国务院学位委员会学科评议组成员.主要研究方向为精确农业和智能机械。