

基于混合遗传算法的对极几何估计

胡明星, 袁保宗, 唐晓芳
(北方交通大学信息所, 北京 100044)

摘要: 在未定标系统中, 对极几何约束给出了图像间的全部信息, 成为解决许多视觉问题的关键环节. 本文提出了一种基于混合遗传算法的对极几何估计方法, 它利用每个基因代表一个匹配点, 每条染色体作为对极几何估计最小子集. 此方法在很大程度上减小了出格点对估计过程的影响, 能够较好地汇聚到全局(或近似全局)最优解. 模拟数据和真实图像的实验结果都表明, 本文所给出的方法能够有效地检测和删除错定位和误匹配点, 提高了对极几何估计的鲁棒性和精度.

关键词: 对极几何; 基础矩阵; 混合遗传算法

中图分类号: TN391. 41 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112 (2003) 10-1482-05

A Method of Epipolar Geometry Estimation Based on Messy Genetic Algorithm

HU Mingxing, YUAN Baozong, TANG Xiaofang
(Institute of Information Science, Northern Jiaotong University, Beijing 100044, China)

Abstract: Two perspective images of single scene taken by uncalibrated perspective cameras are constrained by the epipolar geometry, which is the key to many problems of computer vision. This paper addresses the problem of robust estimating the epipolar geometry employing a new method based on messy genetic algorithm, which use each gene to stand for a pair of correspondences, and take every chromosome as a minimum subset for epipolar geometry estimation. The method would eventually converge to a globally optimal solution and is relatively unaffected by the outliers. Experiments with both synthetic data and real images show that our method is more robust and precise than other typical methods because it can efficiently detect and delete the bad corresponding points, which include both bad locations and false matches.

Key words: epipolar geometry; fundamental matrix; messy genetic algorithm(mGA)

1 引言

在未定标系统中, 从同一目标不同视点获得的两幅图像之间, 存在着一定的几何约束关系, 即对极几何关系. 如果图像点已经匹配, 那么对极几何约束是我们能得到的唯一信息, 并已经被广泛地应用到运动估计^[1]、3D 建模^[2]、立体图像匹配^[3]和摄像机自定标^[4]等许多领域.

对极几何估计方法可以分为线性和非线性两类. 线性算法主要有 Longuet-Higgins 的 8 点算法^[5]和 Hartley 的改进 8 点算法^[6]: 前者计算简单, 易于实现, 但对噪声异常敏感; 后者则通过在计算前对二维规范化处理, 减小了噪声对实验结果的影响. 非线性算法主要包括 M 估计法 (M Estimator Algorithm, MEA)^[7], 事件删除法 (Case Deleted Algorithm, CDA)^[8], 最小中值法 (Least Media of Squares, LMedS)^[9]等. 前二种通过加入权值, 引入判据, 运用迭代算法实现最优解的搜索, 但容易陷入局部最小值; 而 LMedS 通过随机抽样和方差估计, 提高了全局

的搜索能力. 但以上算法大多是建立在图像噪声为高斯白噪声的前提下; 然而在许多实际应用中, 图像中不只受噪声干扰, 而且包括由错定位和误匹配引入的出格点, 特点是当出格点大于 50% 时, 这些算法往往难以获得满意的结果.

本文利用混合遗传算法 (Messy Genetic Algorithm, mGA) 来实现对极几何估计. 遗传算法是利用自然选择和进化思想的启发性寻优算法, 有较好的全局优化特性, 而 mGA 的可变长染色体编码方案, 在求解非线性问题时表现出了很好的效果. 本文正是利用这些优良特性, 实现在庞大的解空间中搜索, 并最终获得较好的全局(或近似全局)最优解. 通过模拟数据和真实图像实验表明, 此方法鲁棒性好; 与其他方法相比, 显著地降低了出格点的影响, 从而提高了对极几何估计的精度.

本文的结构如下: 第 2 节简要介绍对极几何和几种文献中的鲁棒性的估计方法; 第 3 节详细阐述基于 mGA 的对极几何估计方法; 模拟数据和真实图像的实验结果将在第 4 节中给出; 最后做出结论, 给出分析.

2 对极几何估计关系

在透视投影模型下, 三维空间点 M 在左右图像上的投影分别为 m, mc ; 两摄像机光心分别 C, C_c, C, C_c 相连的直线与左右图像的交点 e, e_c , 称为对极点. 直线 $l_m = 3e, m_4$ 称为点 mc 在左图像上的对极线, 直线 $l_{mc} = 3e_c, m_4$ 称为点 m 在右图像上的对极线. 对极几何约束关系可以描述为: 一幅图像上的点在另一幅图像上的匹配点位于该点的对极线上, 在代数上这一几何关系表示为一个 3×3 的基础矩阵 F . 从而得出基础矩阵 F 的基本关系式

$$m_c^T F m = 0 \tag{1}$$

设左图像有 n 个点 $m_i (i = 1, \dots, n)$ 与右图像 mc 个点对 m_c 相对应, 齐次坐标分别为 $m_i (x_i, y_i, N)$, $m_c (x_c, y_c, N)$. 又设

基础矩阵的各元素为 $F = \begin{bmatrix} f_1 & f_2 & f_3 \\ f_4 & f_5 & f_6 \\ f_7 & f_8 & f_9 \end{bmatrix}$, 将 m_i, m_c 及 F 代入式(1)可得到下列方程式组:

$$z_i^T f = 0 \tag{2}$$

其中 $f = (f_1, f_2, f_3, f_4, f_5, f_6, f_7, f_8, f_9)^T$, 且 $z_i = (x_c x_i, x_c y_i, x_c N - y_c x_i, y_c y_i, y_c N - x_c x_i, x_i N - y_i N^2)^T$.

根据基础矩阵 F 的定义, 所有的解向量 f 之间只差一个未知系数, 为了避免多余解的出现, 可以添加一个约束条件 $f_9 = 1$. 这样只需 8 个匹配点对就可以求得方程组(2)的一个解, 当匹配点对数大于 8 时, 就必须求解一个超定方程. Longuec Higgins^[5] 用线性最小均方估计方法给出了特征矩阵的解. 但这种算法精度不高, 并且结果不稳定.

8 点算法的一个替代方法是 M2 估计法^[7], 它通过式(3)来减少出格点对运算结果的影响, 而不是采用余差平方 $r_i^2 (r_i = m_c^T F m_i)$ 的形式

$$\min_i E Q(d_i) = \min_i E Q(w_{E_i} r_i) \tag{3}$$

其中 $d_i = w_{E_i} r_i$ 为 Sampson 距离, $w_{E_i} = \left(\frac{1}{r_x^2 + r_y^2} + \frac{1}{r_x^2 + r_y^2} \right)^{\frac{1}{2}}$ 为 Sampson 加权算子, 其中

$$r_x = f_1 x_c + f_4 y_c + f_7 N \quad r_y = f_2 x_c + f_5 y_c + f_8 N$$

$$r_{xc} = f_1 x + f_2 y + f_3 N \quad r_{yc} = f_4 x + f_5 y + f_6 N$$

而函数 Q 可通过用以表达高斯误差的特定密度函数得到的; 通常情况下, 密度函数已经事先取定, 则 Q 可以看成是一个加权平方距离值 $Q(d_i) = (C d_i)^2$, 用来减少出格点对估计参数的影响. 实验表明 M2 估计法对定位不准造成出格点, 鲁棒性较好, 但对于假匹配的鲁棒性较差, 当我们采用迭代方法进行计算时, 此算法对初始状态十分敏感, 容易陷入局部最小值.

Torr 和 Murray 给出了事件删除算法 (Case Deleted Algorithm, CDA)^[8], 其核心是监督删除数据对运算结果的影响, 通过迭代运算不断剔除质量较差的匹配点. 具体地说, 在迭代的每一步中, 首先估计得到基础矩阵, 然后判断每对匹配点给对极几何估计造成的影响, 并剔除那对最坏的匹配点. 实验表明 CDA 的汇聚性能要优于 M2 估计法, 并且结果也更加准确. 但

当出格点数目较大时, 计算结果误差很大.

1995 年, Zhang 提出了最小中值法 (LMedS)^[9], 与 M2 估计法不同, LMedS 不能归结为加权的最小均方问题, 因为无法写出规范化的直接公式. 最小中值法的实质是, 选择不同的匹配点组成数据子集用于计算基础矩阵, 每得到一个关于基础矩阵的可行解后, 计算所有匹配点数据相当其的对极距离, 那么最好的可行解, 就是使得对极距离中值最小的那组. LMedS 提高了全局搜索能力, 并在一定程度上减少了出格点造成的干扰. 但当出格点所占比例较大时, 运算结果迅速恶化.

3 基于 mGA 的对极几何估计

从第 2 节中中的分析可以看到几种鲁棒的估计方法, 与线性算法比起来, 可以获得更好的结果; 但对于由错位或误匹配等引入的出格点较多的情况, 它们都难以得到令人满意的结果. 而从另一个角度来看, 对极几何估计最终往往可以归结为无约束的最优化问题, 可见遗传算法也将是解决其的有力工具.

3.1 基因表示

由于基础矩阵本身存在一个常数系数和秩为 2 的约束, 则其自由度为 7, 所以 7 点是计算基础矩阵的最小数目. 设给定匹配点对总数为 n , 则我们选定正常指定下染色体长度为 7, 每个基因代表一个匹配点对.

如图 1 所示, 对于每一个基因 (locus, value), locus 取 0 到 6 中任意整数; value 取匹配点对的索引值 $i_k I P \{i | i \in [1, n]\}$. 当进行基础矩阵估计时, 通过索引表取出对应的匹配点对用于计算. 以图 1 中的染色体为例, locus 为 0 的基因中, value 取值为 $n-1$, 即代表选择了匹配点对 (m_{n-1}, m_{n-1}) 来作为进行对极几何估计时的一对匹配点.

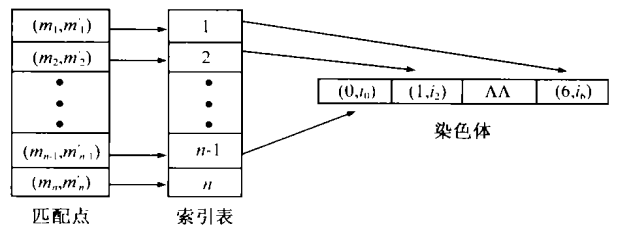


图 1 基因表达示例

3.1.2 适应度函数

由索引表得到 7 个匹配点对 (m, mc) 后, 我们可以通过 7 点算法进行基础矩阵计算. 具体方法为: 根据式(1)通过匹配点对得到数据矩阵 Z

$$Z = \begin{bmatrix} x_{c1}x_1 & x_{c1}y_1 & x_{c1}N & y_{c1}x_1 & y_{c1}y_1 & y_{c1}N & x_1N & y_1N & N^2 \\ s & s & s & s & s & s & s & s & s \\ x_{c7}x_7 & x_{c7}y_7 & x_{c7}N & y_{c7}x_7 & y_{c7}y_7 & y_{c7}N & x_7N & y_7N & N^2 \end{bmatrix} \tag{4}$$

可见 Z 为一个 9×7 的数据矩阵, 则方程 $Z^T = 0$ 存在着两组非零解. $f_j = (f_{j1}, f_{j2}, f_{j3}, f_{j4}, f_{j5}, f_{j6}, f_{j7}, f_{j8}, f_{j9})$, $j = 1, 2$. 这就定义了一个满足 7 对匹配点的参数族: $A F_1 + (1 - A) F_2$, 其中 $A F_j$

$$= \begin{bmatrix} f_{j1} & f_{j2} & f_{j3} \\ f_{j4} & f_{j5} & f_{j6} \\ f_{j7} & f_{j8} & f_{j9} \end{bmatrix}$$

引入秩为 2 的约束, $\det |F| = 0$, 则可以推导

出一个关于 A 的一元三次方程

$$\det[AF_1 + (1-A)F_2] = 0 \quad (5)$$

解此方程, 将得到 1 或 3 个实根, 并由此可以计算出基础矩阵 F。

为了比较计算精度, 这里引入 Sampson 距离

$$D_S^2 = \sum (w_s r_i)^2 \sum d_{s_i}^2 \quad (6)$$

其中 w_s 为 Sampson 权重 $w_s = \left(\frac{1}{r_x^2 + r_y^2 + r_{xc}^2 + r_{yc}^2} \right)^{\frac{1}{2}}$ 。则适应度函数可以表示为:

$$D_r = \sum_{i=1}^n K C_i - \sum_{i=1}^n C_i d_{s_i} \quad (7)$$

其中 C_i, K 满足下列等式

$$C_i = \begin{cases} 1 & \text{if } d_{s_i} \leq K \\ 0 & \text{其他} \end{cases} \quad (8)$$

$$K = 11.96D = 11.4826 \left(1 + \frac{5}{n-p} \right) \sqrt{\text{med} | d_{s_i} |} \quad (9)$$

3.1.3 遗传算子

遗传算法主要的操作步骤有父本选择, 交叉, 变异来产生新群体, 以上步骤依次轮流进行, 形成遗传算法的一代代运算。

(1) 父本选择: 选择操作是遗传算法中一个重要环节, 它关系到哪些个体能存活下来, 能对下一代做出贡献。这里我们采用轮赌盘方式来进行选择操作。在轮赌选择中, 两个个体进行遗传操作的概率直接由适应度来决定。因此, 适应度越大的染色体有更大的可能性进入到下一代, 这也正符合适者生存的规则;

(2) 交叉操作: 交叉操作类似于生物中的/ 基因重组, 它将两个父本中优秀的基因片段组合到一起。我们采用一点非等位交叉, 交叉概率为 P_c , 这就使得在交叉后两个染色体的长度存在不相等的情况。这里我们需要强调的是, 在做适应度计算前, 需要把染色体规范成长度为 7 的字符串; 对于过剩指定形式, 规范化后每一个 locus 上对应的 value 值, 选择在染色体链上搜索遇到此 locus 上第一个 value 值; 对于缺省指定形式, 缺少 locus 上的 value 值, 根据随机选择方法加以补足。所以在交叉后, 必须保证规范化后的染色体中, 每个 locus 上对应的 value 值必须互异, 否则无法计算出基础矩阵。 P_c 的大小一般在 0.005~ 0.10 之间变化, 实验中我们把 P_c 固定为 0.080;

(3) 变异操作主要作用是引入新的基因, 防止/ 早熟, 即收敛到某个局部极小点。 P_m 的范围一般选择在 0.005~ 0.11 之间, 实验中我们把 P_m 固定为 0.03。不过, 我们仍需保证变异操作后, 满足类似于交叉操作后的要求, 即使得经过规范化后长度为 7 的染色体中, 任意一个 locus 上对应的 value 值不能相等。

4 实验结论

这一节中, 我们分别采用合成数据和真实图像来估计基础矩阵, 并将遗传算法与其他基础矩阵估计方法相比较, 包括线性算法 (LA), M2 估计算法 (M2Estimator), 事件删除算法

(CDA) 和最小中值法 (LMedS)。

4.1 合成数据实验

实验中, 按以下方法构造三维空间中的摄像机参数。假设摄像机进行了旋转 R 和平移 t, 则空间点 M_i 在左图像中的投影点为 $m_i = K [I | 0] M_i$, 在右图像中的投影点为 $m_c = K [R | -Rt] M_i$, 其中 K 为内部参数矩阵。我们随机生成了 210 个空间点, 则种群数为 $N_p = \frac{210}{7} = 30$, 以保证在种群初始化时每个基因都能出现。

合成数据实验分为两部分:

(1) 六组不同的高斯噪声被加到匹配点坐标值上, 均值为 0, 方差从 0.5 增加到 3.0 (步长为 0.5);

(2) 先在匹配点坐标值上加入均值为 0, 方差为 1.0 的高斯白噪声。然后通过加大定位误差和引入匹配错误造成出格点, 出格点比率从 10% 增加到 70% (步长为 10%)。

并且为了比较基础矩阵的估计精度, 我们使用下面的等式:

$$D = \frac{\sum_{i=1}^N A^{\#} d_{s_i}}{N_{in}} - \frac{\sum_{i=1}^N A^{\#} (w_s r_i)^2}{N_{in}} \quad (10)$$

其中 N_{in} 代表格内点总数, w_{s_i} 为 Sampson 权重, 余差为 $r_i = m_c F m_i$ 。 m_i, m_c 代表经过干扰后的匹配点齐次坐标。 A 为匹配点数据的分类准则

$$A = \begin{cases} 1 & d_{s_i}^2 < (1.96R)^2 \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases}$$

表 1 不同方差下各种算法得到的 Sampson 距离

方差	0.5	1.0	1.5	2.0	2.5	3
LA	0.890	1.678	2.375	2.959	4.052	4.947
M2Estimator	0.429	0.757	0.832	0.963	1.745	1.806
CDA	0.321	0.507	0.627	1.144	1.336	1.525
LMedS	0.361	0.448	0.596	0.697	0.962	0.955
mGA	0.292	0.381	0.408	0.481	0.538	0.576

表 1 给出了实验 (1) 结果, 图 2 则给出了对应的曲线, 其中最底部的一条为 mGA 的结果曲线, 通过上面的图表我们可以看到遗传算法明显优于其他几种算法, 特别在噪声方差较大时, mGA 仍能够保持较小的估计误差, Sampson 距离始终在 0.6 以下。表 2 给出了实验 (2) 中, 不同出格点比率下各种算法得到的 Sampson 距离, 对应的曲线如图 3 所示。我们可以看

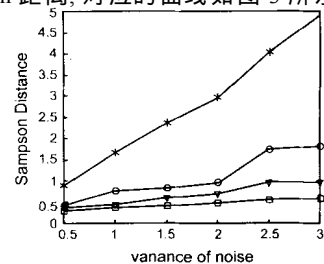


图 2 六组不同的高斯噪声被加到投影匹配点上, 均值为 0, 方差从 0.5, 增加到 3.0 (步长为 0.5)

到:线性算法即使在出格点比率很低时也无法取得可行的结果;M2估计法在出格点比率大于 20% 后,估计结果迅速恶化;事件删除算法和最小中值算法则在出格点比率大于 30% 后,Sampson 距离陡然增加,但后者的估计结果始终略好于前者;而混合遗传算法的估计精度随出格点比率的增加,变化比较平稳,只是当比率大于 60% 后,稍显斜率增加的趋势,但所有的 Sampson 距离都控制在 315 以下。

表 2 不同出格点比率下各种算法得到的 Sampson 距离

出格点比率	LA	M2Estimator	CDA	LmedS	MGA
10%	42.952	1.664	1.363	1.125	0.796
20%	62.213	2.855	1.876	1.564	1.298
30%	75.147	18.712	2.954	2.466	1.625
40%	85.337	25.541	19.283	10.657	1.733
50%	98.926	60.753	31.529	24.175	2.373
60%	105.378	68.443	35.184	29.245	2.516
70%	115.668	72.459	39.221	32.742	3.491

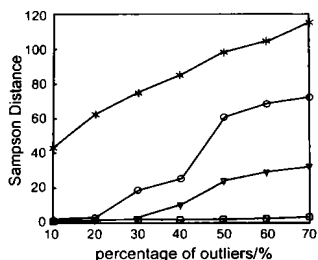


图 3 在不同出格点比率下,各种算法得到的 Sampson Distance,变化范围,10%~70%(步长 10%)

4.1.2 真实图像实验

我们使用同一室内场景的两幅不同图像,来对五种算法进行比较。我们假设得到的匹配点是准确,出格点也被剔除。然后通过噪声干扰和匹配错误造成出格点,使得出格点分别达到 30%,50%,70%,结果如表 3 所示。图 4,图 5,图 6 分别显示了 CDA,LMedS 和 mGA 三种算法在出格点比率为 30% 时的实验结果。通过图表我们可以看出,混合遗传算法即使在出格点比率很高的情况下仍能够获得很好的估计精度,而其他四种方法在出格点比率大于 50% 之后,运算结果都无法令人满意,即使其中最好的最小中值法求得的 Sampson 距离也是遗传算法的十倍左右。

表 3 不同出格点比率下的 Sampson 距离

出格点比率	LA	M2Estimator	CDA	LmedS	MGA
0%	4.057	2.784	0.461	0.480	0.105
30%	57.664	8.541	3.427	1.153	0.191
50%	61.479	9.587	4.399	2.165	0.225
70%	66.315	12.504	6.413	3.208	0.396

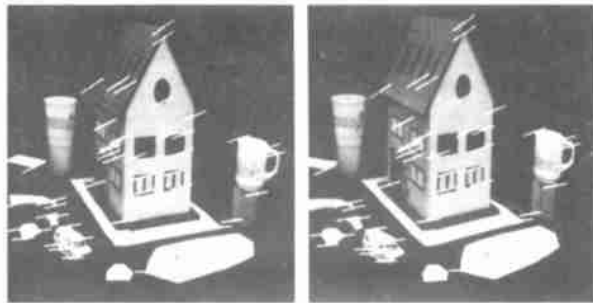


图 4 CDA 求得的对极线

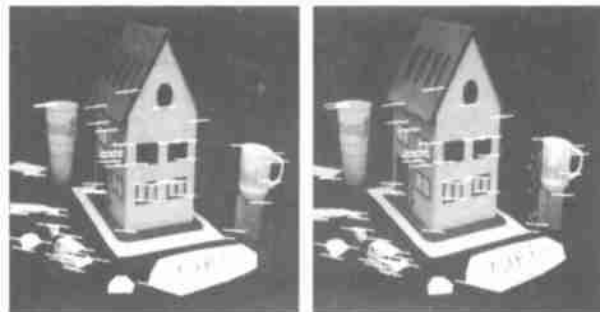


图 5 LMedS 求得的对极线

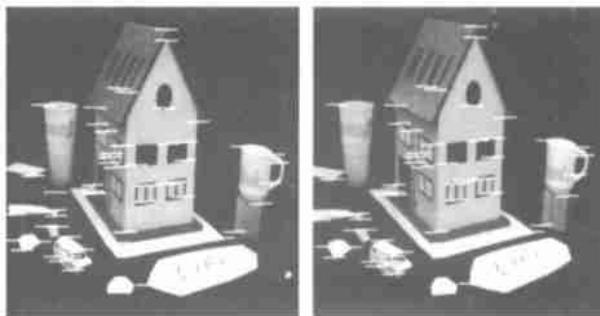


图 6 (a)、(b)mGA 求得的对极线

5 结论

本文中,我们讨论了基于混合遗传算法的对极几何估计方法,它利用匹配点构造染色体,通过种群的一代代进化,来实现在庞大的解空间中寻找全局最优值目的。跟现有的估计方法不同,它鲁棒性好,运算精度高,并且相比之下不易受出格点的影响;特别是在出格点比率较高的情况下,仍能够较好地汇聚到全局最优解上。合成数据和真实图像实验都表明,基于混合遗传算法的对极几何估计方法较其他基础矩阵估计方法有较为明显的优势,它能够有效地检测并剔除由错定位或误匹配造成的错匹配点。

致谢 感谢法国 LIFLA 提供的真实场景数据。

参考文献:

[1] Tomasi C and Kanade T. Shape and motion from image streams under orthography: a factorization method [J]. Int. Journal of Computer V2 sion, 1992, 9(2): 137- 154.

- [2] Wheeler M D, Sato Y and Ikeuchi K. Consensus. Surfaces for Modeling 3D Objects from Multiple Range Images[A]. Proc. of Sixth Int. Conf. on Computer Vision[C]. 1, 1998. 917- 924.
- [3] Fielding G and Kam M. Weighted matchings for dense stereo correspondence[J]. Pattern Recognition, 2000, 33: 1511- 1524.
- [4] Pollefeys M and Gool L V. Selfcalibration and metric reconstruction in spite of varying and unknown internal camera parameters[A]. Proc. of Int. Conf. on Computer Vision[C]. 1998. 332- 337.
- [5] Longuet-Higgins H C. A computer algorithm for reconstructing a scene from two projections[J]. Nature, 1981, 293(10): 133- 135.
- [6] Hartley R. In Defence of the 8point Algorithm[A]. Proc. of the Int. Conf. Computer Vision[C]. 1995. 882- 887.
- [7] Olsen S I. Epipolar line estimation[A]. Proc. of European Conf. on Computer Vision[C]. 1992. 307- 311.
- [8] Torr P and Murray D. Outlier detection and motion segmentation[A]. Proc. of Sensor Fusion VI[C]. Boston, 1993. 432- 443.
- [9] Zhang Z, Deriche R, Faugeras O and Luong Q T. A robust technique for matching two uncalibrated images through the recovery of the unknown epipolar geometry[J]. Artificial Intell. J 1995, 78: 87- 119.
- [10] Goldberg D E. Genetic algorithms in search. Optimization a Machine Learning, Reading[M]. MA, Addison-Wesley Publishing, 1989.

作者简介:



胡明星 男, 1975 年生于黑龙江省伊春, 北方交通大学信息所博士研究生, 目前研究领域为计算机视觉, 虚拟现实, 人机交互技术等. Email: gary_hu@263.net



袁保宗 男, 1932 年生于江苏省吴江, 北方交通大学信息所教授, 名誉所长, 博士生导师, 目前, 他的主要研究方向包括语音信号处理、图像处理、计算机视觉、计算机图形学、虚拟现实以及人机交互技术等.



唐晓芳 女, 1956 年生于北京市, 北方交通大学信息所工程师, IEEE 会员, 主要研究方向为计算机视觉、计算机图形学、虚拟现实技术、数据可视化、信号处理等, 在国内外学术刊物及会议发表论文 20 余篇.