

基于混合遗传算法和表面间平均体积度量的深度像匹配

高鹏东^{1),(2)} 彭翔^{1),(3)} 李阿蒙³⁾ 刘则毅⁴⁾

¹⁾(天津大学精密测试技术及仪器国家重点实验室 天津 300072)

²⁾(中国传媒大学高性能计算中心 北京 100024)

³⁾(深圳大学光电子学研究所教育部光电子器件与系统重点实验室 广东 深圳 518060)

⁴⁾(深圳大学理学院数学系 广东 深圳 518060)

摘 要 提出了一种利用改进的遗传算法和表面间平均体积测度进行深度像匹配的方法,与现有基于距离的误差评判不同,该方法通过衡量深度像重叠区域内每个三角形所对应三维空间的大小来指导深度像的配准.另外,遗传算法的使用避免了困扰 ICP 算法的初值选取问题,退火选择、最优个体迁移以及动态的空间退化都保证文中所提出的混合遗传算法比传统的遗传算法具有更快的收敛速度,能够有效地完成深度像的精确匹配.实验结果表明该算法具有较高的配准精度,收敛速度快而且抗噪声能力强.

关键词 遗传算法;表面间平均体积测度;深度像匹配;误差评判

中图法分类号 TP391

Range Image Registration Using a Hybrid Genetic Algorithm and Surface Mean Inter-Space Measure

GAO Peng-Dong^{1),(2)} PENG Xiang^{1),(3)} LI A-Meng³⁾ LIU Ze-Yi⁴⁾

¹⁾(State Key Laboratory of Precision Measurement Technology and Instrumentation, Tianjin University, Tianjin 300072)

²⁾(High Performance Computing Center, Communication University of China, Beijing 100024)

³⁾(Key Laboratory of Optoelectronic Devices and Systems of Chinese Education Ministry, Institute of Optoelectronics, Shenzhen University, Shenzhen, Guangdong 518060)

⁴⁾(Department of Mathematics of Science College, Shenzhen University, Shenzhen, Guangdong 518060)

Abstract A novel approach is presented for precise registration of polygon meshes pair with a new error metric: Surface Mean Inter-Space Measure (SMISM). The method is based on an improved genetic algorithm. Unlike the existing distance-based measures, the SMISM takes on the mean 3-D inter-space associated with each triangle in the overlap region to guide the range image registration. In addition, a hybrid genetic algorithm is able to register range images without need for pre-alignment, which is a key limitation always afflicting the well-known iterative closest point (ICP) method. The proposed hybrid GA, combined with the strategy of simulated annealing (SA) selection, best individual migration and dynamic parametric space degeneration, offers much faster convergence and more precise registration than the traditional GA methods. A set of experiments is designed to demonstrate that the presented method is insensitive to noises and has high precision as well as the fast convergence.

Keywords genetic algorithm; surface mean inters-space measure; range image registration; error metric

收稿日期:2006-07-04;最终修改稿收到日期:2007-05-17. 本课题得到国家自然科学基金(60275012)、广东省普通高校自然科学研究重点项目基金(04Z010)、广东省自然科学基金(031804)和深圳市科技计划项目基金(200341)联合资助. 高鹏东,男,1979年生,博士,主要研究方向为数字几何造型与计算机图形学. E-mail: pd_gao@cuc.edu.cn. 彭翔,男,1955年生,教授,博士生导师,主要研究领域为现代光学测试理论与技术、三维数字成像及造型理论与技术. 李阿蒙,男,1982年生,博士研究生,主要研究方向为计算机视觉与计算机图形学. 刘则毅,男,1958年生,博士,教授,主要研究领域为应用数学与计算机图形学.

1 引 言

随着三维扫描技术的不断发展和普及,真实世界物体的虚拟建模已经成为计算机视觉、计算机图形学和非接触测量等多学科交叉领域的一个研究热点,在电视广告、影视娱乐以及虚拟博物馆的建立、文物的保护和重建等多个方面具有重要的应用价值.然而,由于物体自身复杂的几何形状以及扫描设备的视场限制,不可能在一个视点位置获得实际物体的全部深度信息,因此需要从多个视角对物体进行重复扫描.这样,多视场深度数据的精确匹配就成为三维建模中的关键步骤之一^[1].

多视场深度像匹配的实质就是寻找不同视点深度像间的空间位置变换关系.即确定六个自由度的运动参数,从而把不同视点下的深度像统一到同一个笛卡尔坐标系下.根据输入和输出结果的不同,现有的深度像配准算法可以大致分为以下三类:两个深度像的粗匹配、精匹配以及多视场深度像的匹配.其中,两个深度像的粗匹配就是在没有任何先验知识的情况下,找到一组近似的运动参数,将两个视角下的深度像统一到同一个坐标系下.现有的此类方法基本上都是通过寻找深度像重叠区域的特征对应来完成的,所用的特征包括^[2]曲面的曲率、曲面的朝向(surface orientation)、双切线(bi-tangent curves)、曲面的标识(surface signature)以及平面和特征线等.然而,深度像上的几何特征在一定程度上都是对噪声敏感的,而且精确提取这些特征本身就是一个很困难的工作.另外,由于单独一种特征不可能精确标识所有的三维物体,因此基于特征的粗匹配通常都依赖于具体的应用^[1].

一般来说,粗匹配只是提供深度像配准的一个近似值,而精匹配却可以达到很高的匹配精度.但是精匹配往往需要一个较好的初值,因此两个深度像的精匹配和粗匹配通常是结合起来使用的.目前应用最为广泛的精匹配方法就是由Besl^[3]等以及Chen^[4]等提出的迭代最近点(Iterative Closest Point, ICP)算法及其各种变形^[5].该类方法通过迭代的计算,使得两个深度像上对应点对或者点面的均方误差最小来实现深度像的精确配准.发展至今,此类方法已经得到了很大的改进,但是由于其误差测度是定义在对应点对或者点面距离之上的,因此对应点对中存在的不精确对应问题,使得此类方法受偏离点的影响很大^[6].

深度像精确配准的另一个解决方案就是采用一

种有效的搜索算法直接在几何变换的参数空间中寻找最佳的刚体变换.与ICP算法基于点对对应的搜索不同,该方法期望在允许的时间内,在包含六个变量的参数空间中找到一个足够精确的刚体变换.此类方法中,最有效的应用就是基于遗传算法^[1-2,7-8]或者模拟退火的匹配^[9].尽管有时该方法只是被用来为ICP提供初值^[7-8],但如果加强算法的局部搜索能力,基于遗传算法的深度像匹配同样可以得到和ICP算法一样的精确值^[1-2].

1996年,Brunnstrom等首先将遗传算法用于深度像的空间匹配^[7].但Brunnstrom仅仅是利用遗传算法来寻找最佳的特征对应,从而为后续的ICP算法提供一个初值.因此,该方法还不能称为严格意义上基于遗传算法的深度像匹配.但是,近年来遗传算法在深度像空间匹配上的应用已经取得了新的进展.例如,Robertson等利用一种并行的硬件实现方式^[10],将对应点对距离的均方误差作为适应函数,在六自由度的参数空间中,利用遗传算法解决了自由曲面的精匹配问题.在遗传算子的使用上,Robertson定义了四个变异算子和两个交叉算子,并自适应地调整这些算子的使用概率.实验结果表明在大多数情况下该方法可以有效地避免早熟,而且并行的硬件实现大大缩短了算法的执行时间.

Chow等人提出另一种利用遗传算法进行深度像匹配的方法^[1].在该方法中,Chow利用点对距离的中值作为误差度量,使得算法的鲁棒性大为提高.此外,自适应的变异算子和动态的边界收缩都有利于减小匹配误差,加快算法的收敛.但点对距离的中值作为误差度量,使得该算法只适用于重叠区域超过深度像50%的情况.另外一个重要贡献是Silva等人利用遗传算法完成了多视角深度像的匹配^[2,11].在该方法中,Silva引入了一个重要的概念:曲面交叉测度(Surface Interpenetration Measure, SIM).结合点对距离的均方误差,该方法可以获得较高的匹配精度.此外,爬山法和最优个体迁移的策略也使得Silva所使用的遗传算法比传统的遗传算法具有更快的收敛速度和更强的局部搜索能力.

现有的深度像匹配方法,在误差测度的选择上都没有跳出点对或者点面距离的范畴^[12].即使是Silva的曲面交叉测度(SIM),也需要与点对距离的均方误差配合使用.然而,从几何上来看,如果深度数据是用多边形网格近似表示的曲面,那么两个多边形网格重叠区域间所夹的应该是一个三维空间,而不仅仅是对应点对或者点面之间的距离.因此,本文提出一种新的误差度量概念:表面间平均体积测

度 (Surface Mean Inter-Space Measure, SMISM). 并利用该测度, 结合一种改进的混合遗传算法完成了三角网格的精确匹配. 混合遗传算法中, 退火选择、最优个体迁移以及参数空间的动态退化都有利于匹配精度的提高, 避免算法早熟并且加快算法的收敛. 实验结果表明, 该算法不论对真实的采样数据还是模拟的深度数据都是快速而有效的.

2 表面间平均体积测度

深度像匹配就是要找到输入图像 $S_1 = \{P_i\}$ 和目标图像 $S_2 = \{Q_i\}$ 之间的一个空间位置变换关系 T , 使得某种形式的误差测度 E 在 T 下最小. 其中, 最常用的一种就是由 Besl 等提出的对应点对欧式距离的均值^[3], 如式(1)所示, 式(2)和式(3)是另外两种常用的误差测度^[4,13].

$$\min_T E(T) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \|T(P_i) - Q_i\|^2 \quad (1)$$

$$\min_T E(T) = \text{Median} [\|T(P_i) - Q_i\|] \quad (2)$$

$$\min_T E(T) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N d^2(T(P_i), \bar{S}_i) \quad (3)$$

其中, \bar{S}_i 是 $T(P_i)$ 在深度像 S_2 上所对应的切平面.

与基于点对或者点面距离的误差测度不同, 本文提出一种基于深度像重叠区域间平均体积的误差测度. 如图 1 所示, 本文算法的目的就是要找到一个合适的空间位置变换关系, 使得两个三角网格重叠区域间的三维空间最小. 对于用三角网格表示的深度数据来说, 这种基于表面间平均体积的测度同样非常直观. 此外, 如果采用对应点对的欧式距离作为度量, 即使是某些错误的转换关系也同样可以得到很小的计算误差^[2]. 尤其是当深度像上存在很多小的波浪纹时, 基于点对距离的误差测度就更容易陷入局部最优, 从而导致错误的匹配结果. 图 2 是这种情况一个具体的配准实例.

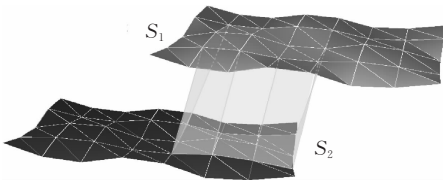


图 1 表面间平均体积测度的示意图

为了量化基于表面间平均体积的误差测度, 我们采用如下的式(4)来近似计算两个三角网格重叠区域中三角形所对应空间的平均体积:

$$\min_T E(T) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N S_{tri} \times d_i \quad (4)$$

其中, N 是深度像 S_2 重叠区域上满足平行条件的三角形个数, S_{tri} 是 S_2 上的三角形及其在 S_1 上对应三角形面积的算术平均, d_i 是两个三角形所有对应顶点距离的平均. 式(4)的定义, 将两个三角形对应点对距离的平均 d_i 作为三棱柱的高, 很好地利用了三角形的平面性质, 该式实际上是对深度像重叠区域间的体积进行了离散化. 虽然它只是图 1 中三角网格重叠区域间平均体积的一个逼近, 但是实验结果表明, 上述的误差测度具有较强的鲁棒性和较高的配准精度.

表面间平均体积测度的具体计算步骤可以总结如下:

1. 根据欧式距离最近的原则, 利用“ $k-d$ 树”找到 S_2 上所有点在网格 S_1 上的对应顶点;
2. $E(T) = 0$; $N = 0$, 对网格 S_2 上的每一个三角形 $tri2$:
 - (a) 对三角形 $tri2$ 上的每一个顶点 q_1, q_2, q_3 , 在网格 S_1 上找到它们的对应顶点 p_1, p_2, p_3 , 并计算对应点对之间的距离 $d(p_i, q_i)$ ($i = 1, 2, 3$) 的值;
 - (b) 若 $\max d(p_i, q_i) / \min d(p_i, q_i) > \text{parallel_threshold}$, $i = 1, 2, 3$, 或者 p_1, p_2, p_3 中有一个点是边界点跳出循环, 继续下一个三角形;
 - (c) 利用海伦公式, 根据边长求出三角形 $\Delta(p_1, p_2, p_3)$ 和 $\Delta(q_1, q_2, q_3)$ 的面积 $S_{tri p_1 p_2 p_3}$ 和 $S_{tri q_1 q_2 q_3}$, 并求出其算术平均 $S_{tri} = \frac{1}{2} (S_{tri p_1 p_2 p_3} + S_{tri q_1 q_2 q_3})$;
 - (d) $E(T) = E(T) + S_{tri} \times \frac{1}{3} (d(p_1, q_1) + d(p_2, q_2) + d(p_3, q_3))$, $N = N + 1$;
3. 若 N 与网格 S_2 上所有三角形数量的比值小于常数 proportion_num

$$E(T) = INF;$$
 否则, $E(T) = \frac{1}{N} E(T)$.

其中, $\text{parallel_threshold}$ 和 proportion_num 是两个经验参数. 理论上, 一个好的配准结果应该使不同深度像重叠区域的表面完全重合. 但是由于采样间距以及物体表面梯度的影响, 由真实采样数据得到的三角网格匹配之后, 在重叠区域内不可能完全重合, 而是得到一个三角形相互交叉的配准结果. $\text{parallel_threshold}$ 的设定就是要求两个网格上相互交叉的三角形应该尽量平行, 即二面角应该尽可能的小, 而不是偏向于垂直交叉. proportion_num 主要是防止局部最优值的产生: 要求在最后的配准结果中, 满足平行条件约束的三角形必须要占到目标网格三角形数量的一定比例之上. 实验中, $\text{parallel_threshold}$ 一般在 $[1.1, 1.5]$ 中取值,

proportion_num 则定义在 $[0.1, 0.2]$ 上. 此外, 如果三角形 *tri* 上的顶点 q_1, q_2, q_3 在网格 S_1 上的对应顶点 p_1, p_2, p_3 重合, 依然采用上述方法来计算三角形 *tri* 所对应的平均体积, 因为此类情况占有满足条件三角形的比例很小, 对最终的误差测度影响不大.

在深度像的匹配中, 不正确的点对对应往往会 导致错误的配准结果, 使得匹配在误差测度的某一个极小值处陷入局部最优^[2]. 即使是经过精确标定的深度数据采集系统, 由于噪声和物体表面梯度的变化, 也不能保证不同视角下采集的深度数据点存在精确的一一对应关系^[6]. 因此, 本文采用俄亥俄州立大学 SAMPL 实验室提供的深度数据验证了 SMISM 的鲁棒性. 如下图 2 所示, 是利用式(1)、(2)以及 SMISM 进行深度像配准的结果比较. 其中, 图 2(a)、(b)是从不同视角采集的深度数据, 图 2(d)

是利用式(1)配准的结果, 在计算误差测度时, 舍弃了包含网格边界点的点对^[14]以及距离最长的 10% 的点对^[15]; 图 2(e)是利用式(2)配准的结果, 也舍弃了包含边界点的点对^[14]; 图 2(f)是利用本文提出的 SMISM 配准的结果. 所有的这些配准结果都是在同一个混合遗传算法的框架下得到的, 该算法将在下一节中详细介绍.

根据 Dalley 等的研究, 好的配准结果将会得到一个互相交叉的表面显示(“splotchy” surface)^[16]. 从图 2 可以看出, 利用表面间平均体积作为误差度量的配准结果要明显优于基于点对距离的配准结果. 由于大佛底座的对称性以及发髻上存在着的大量波浪纹, 如图 2(d)所示, 基于点对距离的配准往往会陷于局部最优而无法得到准确的空间变换关系, 但基于 SMISM 的匹配却可以得到比较精确的配准结果.



图 2 采用三种不同误差测度进行深度像配准的结果比较

3 基于混合遗传算法的网格配准

作为一种常用的优化算法, 遗传算法具有很强的宏观搜索能力, 但是当搜索接近全局最优解时, 遗传算法收敛的速度将会逐渐变慢, 出现“早熟”, 甚至陷入局部最优. 因此, 根据实际需要, 将局部搜索能力强的方法和遗传算法结合起来, 可以有效地促进遗传算法进化后期的计算效率问题. 通常采用的局部搜索算法包括爬山法、模拟退火和梯度法等^[17]. 在此, 本文提出一种结合模拟退火、最优个体迁移以及参数空间动态退化的混合遗传算法, 来加快算法的收敛和提高搜索全局最优值的能力. 下面将详细介绍基于混合遗传算法的网格配准中所用到的各种技术细节.

3.1 基因和染色体的定义

曲面空间位置关系的变换可以做如下的定义:
$$T(S_1) = R_x R_y R_z S_1 + (T_x, T_y, T_z),$$
 其中, R_x, R_y, R_z 是围绕 x, y 和 z 轴的旋转矩阵, T_x, T_y, T_z 是 x, y 和 z 轴上的平移向量^[1]. 本文采用由六个基因 $[\alpha, \beta, \gamma, x, y, z]$ 组成的向量作为遗传算法

的染色体, (α, β, γ) 分别对应绕三个轴的旋转角度, (x, y, z) 则对应三个平移向量. 这样, 种群中的每一个染色体就代表了两个深度像间一种可能的空间位置变换关系.

3.2 适应值函数

在遗传算法中, 适应值函数的大小决定了每一个随机生成的染色体在该环境下的生存能力. 因此, 适应值函数的选择直接决定了群体的进化行为. 与文献[1-2]中基于点对距离的适应值函数不同, 本文采用 SMISM 作为衡量染色体优劣的标准. 即将两个深度像重叠区域三角面片所对应的平均体积作为误差测度, 来计算染色体所代表的空间位置变换关系的好坏. 如上一节所述, SMISM 受两个经验参数 *parallel_threshold* 和 *proportion_num* 的制约. 如果满足平行条件的三角形占全部三角形的比例在预设阈值 *proportion_num* 之上, 就认为该测度值合法并将其作为所对应染色体的适应值; 反之认为该测度非法, 将所对应染色体的适应值设为无穷大.

3.3 混合遗传算法

(1) 退火遗传(Simulated Annealing Genetic Al-

gorithm, SAGA)

制约遗传算法应用的一个重要因素就是其收敛速度. 在算法的初期阶段, 由于群体中存在大量低阶模式, 因此重组为高阶模式的概率较大, 当前最优解的改善速度也较快. 但随着群体多样性的降低, 在算法进化的后期, 即使花费很长的迭代时间, 最优解的改进依然很慢. 而模拟退火虽然在算法的初期收敛很慢, 但在算法的后期, 其最优解的改善却非常明显. 因此, 将二者结合起来, 取长补短, 就是一种新的优化算法——退火遗传算法^[17].

退火遗传的具体步骤可以描述如下:

Begin

初始化大小为 N 的群体 $P_t = P_0$;

初始化控制参数温度 $T_t = T_0$ 以及迭代代数 $t = 0$;

While $T_t > T_{\text{end}}$ do

对群体 P_t 实施交叉操作得到 C_t ;

对群体 C_t 实施变异操作得到 M_t ;

群体扩展 $P^+ = P_t \cup M_t$, 群体大小变为 $2N$;

使用退火选择算子从群体 P^+ 中选择大小为 N 的新一代群体 P_{t+1} ;

修改控制参数 $T_{t+1} = \lambda \times T_t$, $t = t + 1$;

Endwhile

End

与标准遗传算法不同, 新群体 P_{t+1} 中的染色体是从扩展后的群体 P^+ 中选择出来的. 其中, 退火选择的定义如下: 对于 P_t 中的两个父代 p_1, p_2 以及 M_t 中的两个子代 m_1, m_2 , 如果子代优于父代, 则接受子代作为新的染色体; 否则, 并不马上舍弃适应值较差的子代, 而是根据 Metropolis 准则, 以一定的概率

$$p = \exp\left(\frac{E(p_i) - E(m_i)}{K \times T_t}\right) > \text{rand}[0, 1)$$

接受子代作为新种群中的个体. 在迭代初期, 算法以一个较高的概率接受适应值较差的子代. 随着迭代次数的增加, 这个概率逐渐减小, 从而保证退火遗传的最终收敛. 实验中, 两个控制参数的取值为 $\lambda = 0.9$, $K = 0.01$.

和退火的物理过程一样, 温度是 SAGA 一个重要的控制参数. 它不仅是算法结束的条件之一, 而且决定了 Metropolis 准则中, 接受适应值较差的子代作为新种群个体的概率. 在算法初期, 它通常被设定为一个较高的温度值, 随着迭代的不断进行, 温度逐渐降低, 直到低于预设的结束温度为止. 概率 p 也随着温度的降低而逐步减小, 从而有力地保证了算法的最终收敛.

(2) 最优个体迁移(Best Individual Migration)

最优个体迁移的思想来源于多群体粗粒度并行遗传算法^[17], 但是考虑到计算时间的增加, 本文仅用了两个群体, 因此只能称得上是一个简化的并行遗传算法. 其基本思想是: 在得到种群 P_t 之后, 通过采用不同的交叉和变异算子得到两个大小一样的种群 P_{t1} 和 P_{t2} , 然后挑选 P_{t1} 中适应值最优的前 $n\%$ 和 P_{t2} 中前 $(1-n)\%$ 的染色体组成下一代种群 P_{t+1} . 两个不同种群的使用既保证了算法的宏观搜索能力, 又提高了算法的局部寻优能力, 而且最优个体的迁移可以有效地避免算法早熟和改善当前最优解. 但是最优个体迁移也有可能导导致算法发散, 因此迁移的比例应该给予严格控制, 本文 n 的取值定在 $[85, 90]$ 之间.

对于第一个种群 P_{t1} , 为了保证算法的宏观搜索能力, 本文采用了两种不同的交叉和变异算子: 算术交叉和混合交叉以及多重高斯变异和多重均匀变异^[17]. 设 α 是 $[0, 1]$ 中随机产生的一个实数, 则算术交叉可以定义如下:

$$\begin{cases} x'_i = \alpha \cdot x_i + (1-\alpha) \cdot y_i \\ y'_i = (1-\alpha) \cdot x_i + \alpha \cdot y_i \end{cases}$$

其中, x_i, y_i 是两个父代染色体中的基因, x'_i, y'_i 是交叉后子代染色体中的对应基因. 混合交叉的定义为: 对于父代染色体中的每个基因对 (x_i, y_i) , 不妨设 $x_i < y_i$, 则在区间 $[x_i - 0.5 \cdot (y_i - x_i), y_i + 0.5 \cdot (y_i - x_i)]$ 内, 按均匀分布选择两个随机数作为 x'_i, y'_i . 从父代染色体中随机选取若干个基因, 并且给选中的基因加上一个服从高斯分布 $N(0, \sigma^2)$ 的随机扰动, 这种方法称为多重高斯变异. 多重均匀变异只需将随机选取的基因替换成该基因定义域中的一个均匀随机数即可.

对于第二个种群 P_{t2} , 为了加强算法的局部寻优能力, 本文只采用变异算子来计算子代群体, 它们是多重高斯变异和多重非均匀变异^[17]. 与交叉操作的结果不同, 这两种变异算子产生的子代个体与父代不会有很大的区别. 如果子代为优, 则将子代作为新种群中的个体; 否则保持父代个体不变. 这个思路与爬山法非常类似, 都是强调当前个体邻域内的局部搜索. 其中, 多重高斯变异的定义同上, 多重非均匀变异的定义如下: 对于父代中随机选取的若干个基因 x_i , 根据二进制随机数 random 和进化代数 t 来决定变异后的子代基因:

$$x'_i = \begin{cases} x_i + (b_i - x_i)/t^{1/3}, & \text{random} = 0 \\ x_i - (x_i - a_i)/t^{1/3}, & \text{random} = 1 \end{cases}$$

$[a_i, b_i]$ 是基因 x_i 的取值范围. 由上式可知, t 越大, 多重非均匀变异的范围越小. 即当前最优解越接近

于全局最优值,变异的范围越小,就越有利于算法的最终收敛.

(3) 动态的空间退化(Dynamic Space Degeneration)

参数空间的动态收缩是加速遗传算法收敛的一个常用技术^[1,17]. 其基本原理是当算法收敛到一定程度以后,根据种群中染色体的分布缩小参数空间,然后在缩小的参数空间中重新开始一个新的遗传算法,重复此过程,直到满足终止条件为止. 由于在新的参数空间中,变异的范围会相应的缩小,个体的密度也会增大,因此算法就具有更强的搜索能力,从而使得缩小的参数空间比原空间更有可能达到全局最优.

由于遗传算法具有较强的宏观搜索能力,因此当算法初步收敛时,种群中的大部分个体都会分布在全局最优值附近. 但是为了防止提前收敛或者陷于局部最优,空间收缩的控制参数同样需要精心控制. 在大量实验的基础上,本文方法每 20 代进行一次空间退化,并将第 20 代种群中适应值最优的前 75% 的染色体的包络作为新的参数空间,继续寻找最优解.

3.4 终止条件

本文定义了三个条件来判断算法的结束. (1) 当前最优解的绝对误差. 只要当前最优解的适应值小于预设的阈值,就停止迭代并输出最优结果. 对于深度像的匹配问题,如果知道采样数据的空间分辨率,就可以给出表面间平均体积的一个大致估计. (2) 当前最优解的相对误差. 如果连续 5 代最优解的差小于预设的阈值,就认为算法已经收敛. 本文定义该阈

值为 10^{-4} . (3) 退火温度. 温度是退火遗传中一个重要的控制参数,在本文算法中,只要退火温度高于预设的终止温度,算法就继续迭代;否则终止跳出.

3.5 算法流程

图 3 是本文提出的混合遗传算法的完整流程.

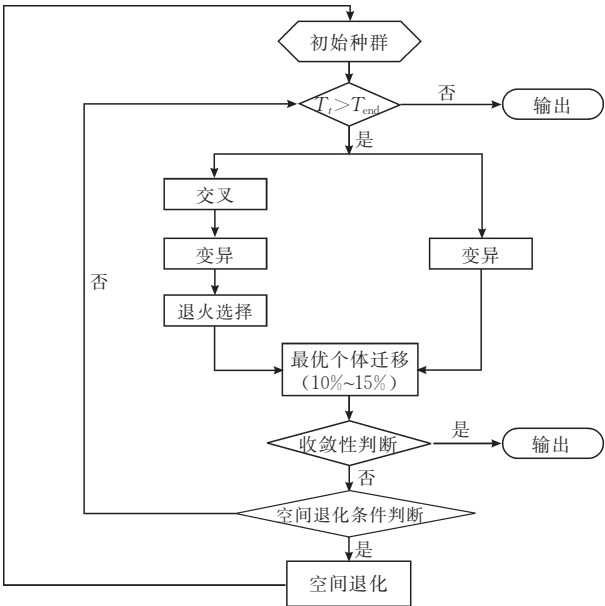


图 3 本文算法的完整流程

4 实验结果

我们采用了两种深度数据来验证本文算法的有效性. 第一种是真实的深度扫描数据,包括俄亥俄州立大学的 SAMPL 数据库和由我们自己研制的扫描设备采集的深度图像^[18]. 其中, SAMPL 数据库是由

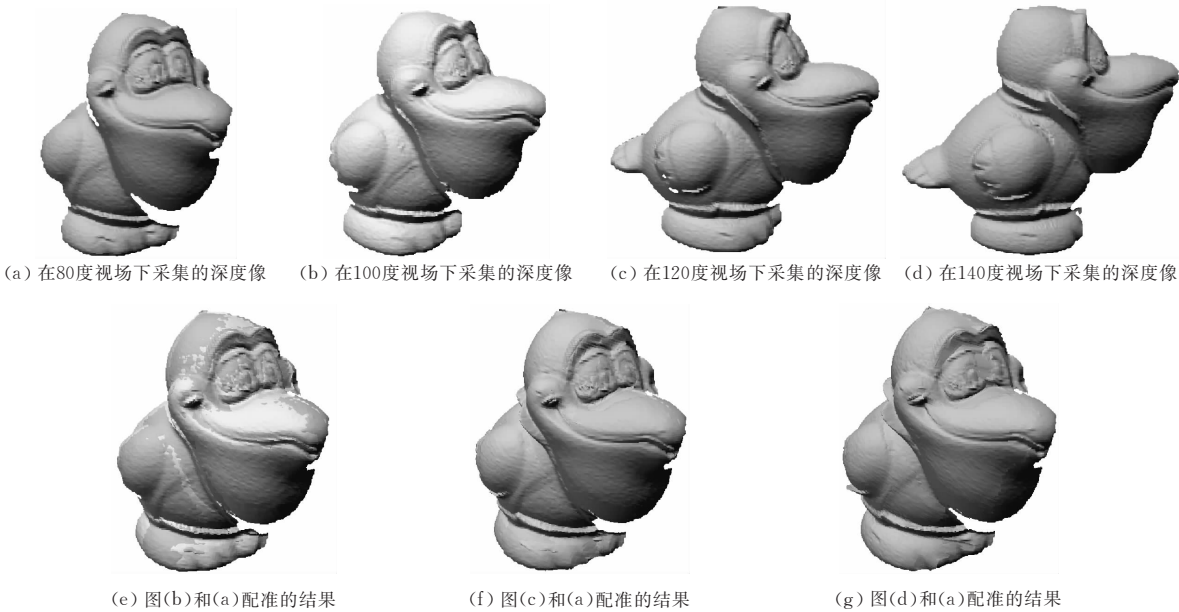


图 4 同一物体不同深度像的配准结果

美能达公司生产的 Vivid 700 扫描得到的,其单幅像的数据量大约在 10000 个点左右,相邻视场的夹角为 20° 左右.图 1、图 4 以及图 5 中的第 1 行采用的都是 SAMPL 数据库中的深度数据.图 5 中的第 2 行是我们自己采集的深度图像,其数据量和分辨率与 SAMPL 数据库中的图像没有显著的区别.

第 2 种如图 5(g)~(i)所示,是模拟数据 $z=3\times\sin(x)\times\sin(y)$ 在不同朝向和位置的图像.使用该模拟数据的目的是为了验证本文提出的 SMISM 在深度像上存在大量波浪纹时的表现.对于这两种不同类型的深度数据,在匹配之前,本文均采用 Turk 的方法对其进行了三角化^[14].

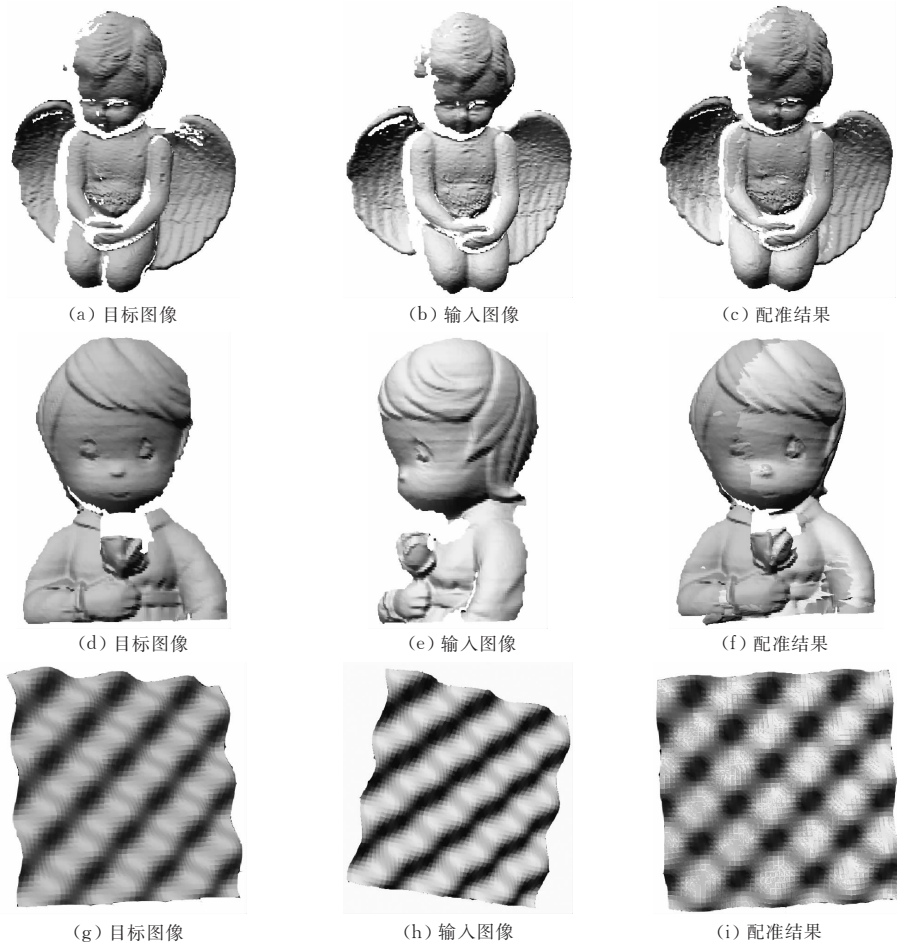


图 5 不同物体深度像的配准结果

由于遗传算法是一种随机的搜索算法,因此本文进行了多次实验来确定遗传算法中的各个控制参数,从而保证了算法的有效性和稳定性.在这些实验的基础上,本文固定种群规模为 100 个染色体.三个旋转变量的定义域为 $[-90, 90]$.为了简化计算,在匹配之前,我们将各个深度像的质心平移至坐标原点,从而确定三个平移变量的取值在两幅深度像三坐标 (x, y, z) 的极小和极大值之间.在退火遗传中,初始和终止温度分别设为 900° 和 0.5° .并行遗传中,第一个种群的交叉概率为 0.9,初始的变异概率为 0.1,并且随着迭代次数的增加,逐渐减小变异概率.

根据来源的不同,本文用到的深度数据又可以分为以下两类:第 1 类如图 4 所示,是从不同视场采集同一个物体得到的深度数据;第 2 类是对不同物

体采集得到的深度像,如图 5 所示.从图 4(g)可以看出,即使对夹角在 60° 的视场中采集的深度数据,本文算法依然可以得到较好的配准结果.而且图 2、图 4 和图 5 还表明,不论对规则曲面,还是自由曲面,本文算法都是有效的,具有很好的普适性.

表 1 是图 4 中各个配准结果的定量比较,包括适应值、迭代次数以及配准误差的均值和标准差.为了防止随机因素的影响,这些数据是 10 次重复实验统计的结果.其中配准误差采用的是点对欧式距离的误差评判,采样点在 $z=0$ 平面上的投影间距为 0.5mm 左右.由表 1 的统计结果可以看出,本文算法的配准误差小于采样间距的 $1/3$.同时,迭代次数和适应值的统计也表明,本文改进的混合遗传算法具有较快的收敛速度,而且稳定性很好.

表 1 图 4 配准结果的定量比较

	适应值/mm ³		迭代次数		配准误差/mm	
	均值	标准差	均值	标准差	均值	标准差
图 4(a)和图 4(b)	0.52968	0.02447	54.67	15.6034	0.06609	0.01996
图 4(a)和图 4(c)	0.75846	0.14939	60	15.7639	0.05758	0.05168
图 4(a)和图 4(d)	0.80196	0.11263	71.8	2.5884	0.16732	0.1337

表 2 是图 2 中各个配准结果的定量比较,包括 3 个不同误差测度在 10 次重复实验下得到的旋转和平移变量的均值和标准差以及这 10 次实验中配准误差的均值和标准差. 本文将 PolyWorks 配准的

结果作为真实值,来衡量匹配结果的好坏. 比较的结果说明本文提出的 SMISM 比另外两种测度要更加鲁棒和准确,这与图 2 中配准结果的视觉比较是一致的.

表 2 图 2 配准结果的定量分析

	真实值	均方误差		中值误差		本文测度	
		均值	标准差	均值	标准差	均值	标准差
α	0.8031	0.252	0.1196	0.5908	0.3055	0.7547	0.1307
β	-19.473	-2.0563	2.1791	-14.9021	2.9422	-18.2095	0.9832
γ	-5.7191	0.4991	0.4909	-3.9175	0.9147	-5.2612	0.6216
x	-12.7847	-1.4864	1.4961	-9.9357	1.6659	-12.0019	0.9375
y	0.7097	-0.2482	0.0393	0.4133	0.3691	0.4473	0.5318
z	-1.2147	0.492	0.0363	-0.6452	0.2659	-0.8424	0.3409
配准误差	0.0078	0.293	0.0866	0.1803	0.1274	0.0789	0.0704

为了验证 SMISM 对噪声的敏感性,本文给图 4 中 80°和 100°视场下的深度像分别加上了不同程度和类型的噪声,这些带噪声深度像的配准结果如图 6 所示. 可以看出,即使是存在噪声的情况,利用本文提出

的误差测度依然可以得到较好的配准结果. 在 $z=0$ 平面上的采样间距为 0.2mm 的时候,图 6 中各个配准结果的均值误差分别为:图 6(a) 0.026712、图 6(b) 0.050835、图 6(c) 0.067975、图 6(d) 0.09583.

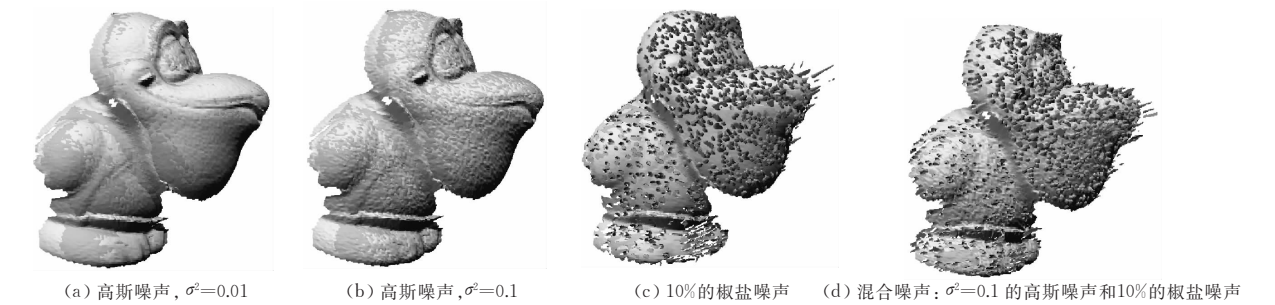


图 6 带噪声深度像的配准结果

5 结 论

本文提出了一种基于表面间平均体积度量的三角网格配准算法. 与现有的匹配算法相比,该算法有以下两个主要贡献:第一,提出了一种衡量匹配误差的新方法:表面间平均体积测度. 作为遗传算法中的适应函数,该测度衡量的是三角网格重叠区域内每一个三角形所对应的空间体积,而不是点对之间的欧式距离. 实验结果表明该测度具有很好的鲁棒性,对高斯和椒盐噪声均不敏感. 另一个贡献是本文所使用的混合遗传算法. 为了加快算法的收敛以及提高最终的匹配精度,本文在遗传算法中加入了模拟退火、最优个体迁移以及动态的空间退化等技术. 大

量的实验结果证明,本文算法不需要初始的变换估计,具有较快的收敛速度和较高的配准精度,抗噪声能力强,运行稳定.

致 谢 作者感谢俄亥俄州立大学 SAMPL 实验室提供的真实采样数据!

参 考 文 献

[1] Chow C K, Tsui H T, Lee T. Surface registration using a dynamic genetic algorithm. Pattern Recognition, 2004, 37 (1): 105-117

[2] Silva L, Bellon Olga R P, Boyer Kim L. Precision range image registration using a robust surface interpenetration measure and enhanced genetic algorithms. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2005, 27(5): 762-776

- [3] Besl P J, McKay N D. A method for registration of 3D shapes. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1992, 14(2): 239-256
- [4] Chen Y, Medioni G. Object modeling by registration of multiple range images//*Proceedings of the IEEE International Conference on Robotics and Automation*. Sacramento, 1991: 2724-2729
- [5] Rusinkiewicz S, Levoy M. Efficient variants of the ICP algorithm//*Proceedings of the 3rd International Conference on 3D Digital Imaging and Modeling*. Québec, 2001: 145-152
- [6] Rodrigues M, Fisher R, Liu Y. Special issue on registration and fusion of range images. *Computer Vision and Image Understanding*, 2002, 87(1-3): 1-7
- [7] Brunnstrom K, Stoddart A. Genetic algorithms for freeform surface matching//*Proceedings of the 13th International Conference on Pattern Recognition*. Vienna, 1996, 4: 689-693
- [8] Lomonosov E, Chetverikov D, Ekart A. Pre-registration of arbitrarily oriented 3D surfaces using a genetic algorithm. *Pattern Recognition Letters*, 2006, 27(11): 1201-1208
- [9] Blais G, Levine M. Registering multiview range data to create 3D computer objects. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1995, 17(8): 820-824
- [10] Robertson C, Fisher R B. Parallel evolutionary registration of range data. *Computer Vision and Image Understanding*, 2002, 87(1): 39-50
- [11] Silva L, Bellon Olga R P, Boyer Kim L. Enhanced, robust genetic algorithms for multiview range image registration//*Proceedings of the 4th International Conference on 3D Digital Imaging and Modeling*. Alberta, 2003: 268-275
- [12] Zhang Hong-Bin, Xie Feng. Registering multi-view range images based on surface distance measure. *Science in China (Technological Sciences)*, Series E, 2005, 35(2): 150-160 (in Chinese)
(张鸿宾, 谢丰. 基于表面间距离度量的多视点距离图像的对准算法. *中国科学, E 辑*, 2005, 35(2): 150-160)
- [13] Masuda T, Yokoya N. A robust method for registration and segmentation of multiple range images. *Computer Vision and Image Understanding*, 1995, 61(3): 295-307
- [14] Turk G, Levoy M. Zippered polygon meshes from range images//*Proceedings of the Computer Graphics, Annual Conference Series, ACM SIGGRAPH*. Orlando, Florida, 1994: 311-318
- [15] Pulli K. Multi-view registration for large data sets//*Proceedings of the 2nd International Conference on 3D Digital Imaging and Modeling*. Ottawa, 1999: 160-168
- [16] Dalley G, Flynn P. Range image registration: A software platform and empirical evaluation//*Proceedings of the 3rd International Conference on 3D Digital Imaging and Modeling*. Québec, 2001: 246-253
- [17] Li Min-Qiang, Kou Ji-Song, Lin Dan, Li Shu-Quan. *The Concepts and Applications of the Genetic Algorithms*. Beijing: Science Press, 2002(in Chinese)
(李敏强, 寇纪淞, 林丹, 李书全. *遗传算法的基本理论与应用*. 北京: 科学出版社, 2002)
- [18] Peng X, Zhang Z, Tiziani Hans J. 3-D imaging and modeling—Part I: Acquisition and registration. *International Journal for Light and Electron Optics*, 2002, 113(10): 448-452



GAO Peng-Dong, born in 1979, Ph. D.. His research interests mainly include digital geometric modeling and computer graphics.

PENG Xiang, born in 1955, professor, Ph. D. supervi-

sor. His research interests cover modern optical metrology and three dimensional imaging and modeling.

LI A-Meng, born in 1982, Ph. D. candidate. His main research interests include computer vision and computer graphics.

LIU Ze-Yi, born in 1958, Ph. D., professor. His research interests mainly include applied mathematics and computer graphics.

Background

The research of this paper is supported by the National Natural Science Foundation of China "Multi-resolution Dynamic 3-D Imaging and Modeling" (No. 60275012), the Key Research Program of Natural Science for University in Guangdong Province (No. 04Z010), the Natural Science Foundation of Guangdong Province (No. 031804), and the Research Project of Science & Technology from Shenzhen Government (No. 200341). The research work reported in this paper focuses on the precise registration of polygon meshes pair.

In Computer Vision and Computer Aided Geometric Design literatures, 3D modeling from physical objects has been one of the most active research realms having many practical applications, such as advertisement, entertainment industry, construction of virtual museums, and so on. Since, a physi-

cal object can not be completely scanned with a single image, multiple scans from different views are required to supply the information needed to construct the 3D model. Therefore, accurately registering these range images corresponding to different views into a single 3D model has been a significant problem. And more attention has been paid to it by researchers all over the world since 90's last century. However, the existing registration methods, based on the point-to-point or the point-to-plane distance, always suffer from all kinds of outliers. This paper presents a new volume-based error metric and a novel hybrid GA to finish the precise registration of two triangular meshes. Comparing to the distance-based measures, a number of experiments have illustrated that the presented method is effective and robust.