

文章编号: 1004-4140 (2008) 02-0008-07

自适应遗传算法配准三维数字样品模型及其 CAD 模型

胡栋材, 赵歆波, 张定华, 李明君, 孔永茂

(西北工业大学 现代设计与集成制造技术教育部重点实验室, 西安 710072)

摘要: 通过包围盒的初始匹配和浮点数编码自适应遗传算法的精确匹配, 实现了三维数字样品模型及其 CAD 模型的配准。初始匹配决定精确匹配空间变换参数的范围; 精确匹配在搜索变换矩阵的 6 个变换参数过程中, 采用最小二乘法构造目标函数; 遗传算法中引入种群多样性指标; 在遗传操作的交叉算子和变异算子中引入该指标, 并将该指标用于交叉概率和变异概率两个参数的调整, 有效地克服了遗传算法的早收敛问题。实验结果表明该方法较好地解决了三维数字样品模型及其 CAD 模型的配准问题, 且算法稳定, 易于实现。

关键词: 工业 CT; 配准; 自适应遗传算法; 种群多样性

中图分类号: TP 391.9

文献标识码: A

在对工业产品进行锥束 CT 扫描时, 可以获得一系列 CT 切片, 从而构成三维数字样品模型。由于设备坐标系与工业产品装夹角度和定位精度等综合误差因数的影响, 重构得到的三维数字样品模型与其 CAD 模型之间不可避免地存在空间位置和角度的差异, 这会给后续检测带来影响, 因此必须进行模型配准, 即确定三维数字样品模型及其 CAD 模型之间的空间变换关系。

遗传算法是一种借鉴生物的自然选择和遗传进化机制的一种随机化搜索算法, 它通过对群体施加选择、交叉、变异等一系列遗传操作, 从而产生新一代的群体, 并逐步使群体进化到包含或接近最优解的状态。遗传算法主要特点是优化求解过程与梯度信息无关, 适用于处理传统搜索方法难于解决的复杂和非线性问题。但是传统的遗传算法存在两个严重的缺点, 即易发生过早收敛和在进化后期搜索效率较低, 这导致搜索得到的结果往往不是全局最优解, 而是局部最优解^[1-3]。

本文首先描述了三维模型配准的数学描述, 然后采用包围盒的初始匹配确定精确匹配的空间变换矩阵范围, 最后采用浮点数编码的自适应遗传算法进行精确匹配。仿真实验结果表明, 该方法较好地解决了三维数字样品模型及其 CAD 模型之间的配准问题。

1 三维数字样品模型及其 CAD 模型之间配准问题的数学描述

对工业产品进行锥束 CT 扫描时, 由于装夹角度和定位精度等因素的影响, 重构出的三维数字样品模型与其 CAD 模型之间不可避免地会存在空间位置和角度上的差异, 因此需要

收稿日期: 2008-01-10。

基金项目: 航空科学基金资助项目 (2006ZD53047); 西北工业大学研究生创业种子基金资助项目 (200720)。

找出一种空间变换关系来配准三维数字样品模型和 CAD 模型。其基本思想是：寻找决定这种空间变换关系的 3 个平移参数 Δx , Δy , Δz 和 3 个旋转参数 α , β , γ , 通过这 6 个参数确定坐标变换矩阵, 使三维数字样品模型经过坐标变换之后, 确保与 CAD 模型之间达到最佳匹配效果, 从而把三维数字样品模型中存在的偏差校正过来^[4-6]。坐标变换矩阵为:

$$T = \begin{bmatrix} R & 0 \\ P & 1 \end{bmatrix}, \quad P \in R^3, R \in R^{3 \times 3}$$

其中, R 为旋转矩阵,

$$R = \begin{bmatrix} \cos \beta \cos \gamma & -\cos \beta \sin \gamma & \sin \beta \\ \cos \alpha \sin \gamma + \sin \alpha \sin \beta \cos \gamma & \cos \alpha \cos \gamma - \sin \alpha \sin \beta \sin \gamma & -\sin \alpha \cos \beta \\ \sin \alpha \sin \gamma - \cos \alpha \sin \beta \cos \gamma & \sin \alpha \cos \gamma + \cos \alpha \sin \beta \sin \gamma & \cos \alpha \cos \beta \end{bmatrix}$$

P 为平移向量, $P = [\Delta x \ \Delta y \ \Delta z]$, α , β , γ 为三维数字样品模型绕 x , y , z 轴的旋转角, Δx , Δy , Δz 为模型沿 x , y , z 方向的平移量。

从三维数字样品模型上选取 N 个点 P_i (这 N 个点尽可能分散), 根据最小二乘法原理, 构造目标函数

$$f = \sum_{i=1}^N \|P_i \cdot T - Q_i\|^2 \quad (1)$$

式中, Q_i 为 $P_i' = P_i \cdot T$ ($i=1, 2, \dots, N$) 在对应 CAD 模型面上的最近距离的点。当达到最佳匹配时, 目标函数值最小, 即该匹配问题的数学模型描述为: 搜寻一个变换矩阵 T , 使目标函数式 (1) 达到最小值。

2 初始匹配问题

将待配准模型与 CAD 模型置于同一坐标系中, 分别确定出两个模型的包围盒以及包围盒的 8 个顶点, 然后在待配准模型包围盒与 CAD 模型包围盒中分别找到 3 对对应顶点 $\{P_1, P_2, P_3\}$ 和 $\{Q_1, Q_2, Q_3\}$, 这 3 点对对应关系如图 1 所示。

通过对齐这 3 对基准点, 实现待配准模型和 CAD 模型的初始配准^[7]。构造如下的单位矢量:

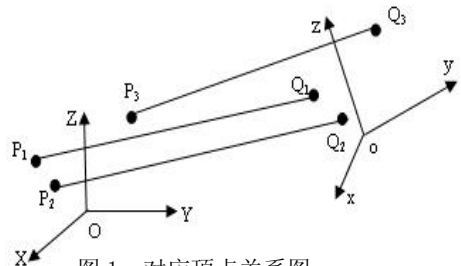


图 1 对应顶点关系图

$$v_1 = \frac{\overline{P_2 - P_1}}{|\overline{P_2 - P_1}|}, w_1 = \frac{\overline{Q_2 - Q_1}}{|\overline{Q_2 - Q_1}|} \quad (2)$$

$$\begin{cases} v_3 = v_1 \times \frac{\overline{P_3 - P_1}}{|\overline{P_3 - P_1}|} \\ w_3 = w_1 \times \frac{\overline{Q_3 - Q_1}}{|\overline{Q_3 - Q_1}|} \end{cases} \quad (3)$$

$$\begin{cases} \mathbf{v}_2 = \mathbf{v}_3 \times \mathbf{v}_1 \\ \mathbf{w}_2 = \mathbf{w}_3 \times \mathbf{w}_1 \end{cases} \quad (4)$$

则, 待配准模型中的任一点 \mathbf{P}_i 变换到对应点 \mathbf{Q}_i 的平移和旋转矩阵分别为:
旋转矩阵

$$\mathbf{R} = [\mathbf{w}_1 \quad \mathbf{w}_2 \quad \mathbf{w}_3] \cdot [\mathbf{v}_1 \quad \mathbf{v}_2 \quad \mathbf{v}_3]^T \quad (5)$$

平移矩阵

$$\mathbf{T} = \mathbf{Q}_1 - \mathbf{R} \cdot \mathbf{P}_1 \quad (6)$$

经过以上的初始匹配后, 三维数字样品模型及其 CAD 模型之间的偏差范围已不大, 平移变量的变化范围确定在 $[-1, 1]$ 之间, 旋转角度范围在 $[-5^\circ, 5^\circ]$ 之间, 据此可将这 6 个匹配变量的变化范围确定下来。

3 基于实数编码自适应遗传算法的精确匹配

3.1 种群多样性的评价指标

在遗传算法中, 种群只有保持一定的多样性才能进化。在种群规模一定的情况下, 种群多样性越大, 种群就越有可能产生出更优子代, 一旦种群丧失多样性, 种群个体空间相互趋同, 则过早收敛现象越容易发生。种群在进化过程中发生过早收敛的主要表现为: 种群适应度暂时较大的一些个体相互重复或趋同, 它们有较大的概率参与下一代的选择复制操作, 且它们之间交叉后的子代也不会与父代有太大的变化, 这导致遗传算法搜索寻优过程十分缓慢, 降低搜索效率。由于种群空间分布不同的个体的适应度也不相同, 同时, 遗传算法的搜索方向靠个体的适应度值来引导, 适应度的计算是不可避免的。本文采用计算出来的个体适应度值分布的离散程度来表征种群的多样性程度。

设第 i 代种群由个体 $x_i^1, x_i^2, \dots, x_i^N$ 构成, 适应度分别为 $f_i^1, f_i^2, \dots, f_i^N$, 个体平均适应度 $\bar{f}_i = \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N f_i^j$, 最优个体的适应度为 f_{\max} , 将适应度大于 \bar{f}_i 的个体的适应度再作平均得 \bar{f}_i' ,

定义 $\omega = \frac{f_{\max} - \bar{f}_i'}{f_{\max} - \bar{f}_i}$, 则指标 ω 可用来表征第 i 代种群的多样性程度。从定义可以看出: ω 的取值范围为 $[0, 1]$; ω 越大种群的多样性程度越高。

3.2 基于实数编码的遗传操作

选择算子、交叉算子、变异算子是遗传算法中极其重要的算子, 遗传算法的效率和全局优化性来自交叉操作和变异操作。Michalewicz^[8]在 1992 年提出了一种实数 (或浮点数) 编码的遗传算法 (FGA), 本文在该方法的基础上, 对交叉算子和变异算子略作改进, 在交叉算子和变异算子中引入种群多样性的评价指标, 使其具有自适应性。

3.2.1 选择算子

本文采用轮盘赌选择算子, 该方法中个体的选择概率与适应度值成比例。设群体大小

为 n ，个体 i 的适应度值为 f_i ，则个体 i 被选择的概率 P_{si} 为：

$$P_{si} = f_i / \sum_{i=1}^M f_i \quad (7)$$

概率 P_{si} 反映了个体 i 的适应度在整个群体的个体适应度总和中所占的比例，个体适应度越大，被选择的概率就越高。

3.2.2 交叉算子

本文交叉操作采用非均匀算术交叉操作，并将种群多样性评价指标 ω 引入到交叉系数 α 中，使交叉系数 α 能随种群多样性评价指标 ω 自适应调整。本文采用的交叉算子定义为：第 t 代的两个个体 X_A^t 和 X_B^t 进行交叉操作后，产生的 $t+1$ 代的两个新个体 X_A^{t+1} 和 X_B^{t+1} 为：

$$\begin{aligned} X_A^{t+1} &= \alpha X_A^t + (1.0 - \alpha) X_B^t \\ X_B^{t+1} &= \alpha X_B^t + (1.0 - \alpha) X_A^t \end{aligned} \quad (8)$$

式中， $\alpha = 0.5\lambda^{\omega^\beta}$ ， λ 决定了 α 的取值范围， ω 为种群多样性指标， λ 和 β 为决定 ω 影响程度的参数（本文后面计算取 $\lambda = 0.8, \beta = 0.7$ ）。从上式可以看出， α 的取值随种群多样性指标 ω 的减小而减小，使种群在进化初期增大算法的搜索空间，在进化后期加快算法的收敛速度。

3.2.3 变异算子

本文变异操作采用非均匀变异操作，为使变异操作具有自适应调整能力，定义交叉算子为：第 t 代个体 $\mathbf{X}^t = (X_1^t, \dots, X_n^t)$ 的第 k 个分量 γ 进行变异操作后的新个体为：

$$X_k^{t+1} = \begin{cases} X_k^t + \Delta(\omega, V_k^t - X_k^t), & \text{当 } \theta \leq 0.5 \\ X_k^t - \Delta(\omega, X_k^t - U_k^t), & \text{当 } \theta > 0.5 \end{cases} \quad (9)$$

式中： θ 为 $[0, 1]$ 之间的随机数； ω 为种群的多样性指标； U_k^t 和 V_k^t 是分量 V_k^t 定义域的左右边界； $\Delta(\omega, y)$ 是 $[0, y]$ 范围内的一个随机数，要求这个值随着 ω 的减小而趋于 0，保证这个算子在开始阶段一致地搜索整个搜索空间，在后阶段进行局部搜索。取

$$\Delta(\omega, y) = y(1 - r^{\omega^b}) \quad (10)$$

式中， r 为 $[0, 1]$ 范围内的一个随机数， b 是一个系统参数，它决定随机扰动对 ω 的依赖程度（本文后面计算中取 $b = 0.5$ ）。

3.3 自适应交叉概率和变异概率

在传统的遗传算法中，交叉概率和变异概率等控制参数与种群的进化过程无关，在进化过程中保持恒定不变。采用不变的控制参数很容易导致过早收敛，陷入局部极值点。本文根据种群多样性的评价指标 ω ，自适应地动态调整交叉概率和变异概率，实现方法是：当种群的多样性程度下降时，即种群趋于收敛时，增大交叉概率 P_c 和变异概率 P_m ，破坏种群的稳定性，克服过早收敛；当种群的多样性程度上升时，即种群趋于发散时，减小交叉概率 P_c 和变异概率 P_m ，使个体趋于收敛，增加算法的收敛速度。

利用前面提到的种群多样性指标，我们提出在遗传算法进化过程中自适应调整算法的

控制参数, 即交叉概率和变异概率在进化过程中随 ω 的增大而减小。交叉概率 P_c 和变异概率 P_m 的自适应调整算子表示为:

$$\begin{aligned} P_c &= 0.5 \left(2.0 - \frac{f_t^i - f_{t, \min}}{f_{t, \max} - f_{t, \min}} \frac{1}{1.0 + \exp(-k_c \omega)} \right) \\ P_m &= 0.1 \left(1.0 - \frac{f_t^i - f_{t, \min}}{f_{t, \max} - f_{t, \min}} \frac{1}{1.0 + \exp(-k_m \omega)} \right) \end{aligned} \quad (11)$$

式中, k_c 和 k_m 为 >0 的常数 (后面的计算中取 $k_c = 2.5$, $k_m = 2.0$)。由于 $\omega \geq 0$, 所以 P_c 的取值范围在 $[0.5, 1]$ 之间, P_m 的取值范围在 $[0, 0.1]$ 之间。在进化过程中, P_c 和 P_m 随 ω 的取值自适应的调整, 当种群个体趋于发散时 (即 ω 增大时), P_c 、 P_m 减小, 种群的收敛速度增大, 当种群个体趋于收敛时 (即 ω 减小时), P_c 、 P_m 增大, 种群的探测能力增强。

3.4 算法实现步骤

本文采用的基于浮点数编码的自适应遗传算法实现精确匹配的算法步骤如下:

1) 初始化种群。指定种群规模 m_Popsiz 、最大进化代数 m_Maxgen 和终止准则 ε 。根据初始匹配确定的空间变换参数的范围, 随机产生初始种群, 该种群由 6 个空间变换参数的染色体表示。

2) 计算初始种群的适应度。寻找三维数字样品模型初始匹配后的 N 个点 \mathbf{P}_i^0 到 CAD 模型面的最近距离点 \mathbf{Q}_i^0 , 由初始种群的第 j 个个体 6 个染色体构造变换矩阵 \mathbf{T}_j , 计算初始种群第 j 个个体的适应度 $f_0^j = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \|\mathbf{P}_i^0 \cdot \mathbf{T}_j - \mathbf{Q}_i^0\|^2$, 统计初始种群的最优个体, 由该个体构造初始矩阵 \mathbf{T}_0 , 并计算点 \mathbf{P}_i^0 初始变换后的点 $\mathbf{P}_i^1 = \mathbf{P}_i^0 \cdot \mathbf{T}_0$ 。

3) 种群自适应遗传进化。根据 3.2 节和 3.3 节介绍的自适应遗传算子和自适应遗传概率, 产生新一代种群。

4) 计算第 k 代种群适应度。计算第 k 代种群第 j 个个体的适应度 $f_k^j = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \|\mathbf{P}_i^k \cdot \mathbf{T}_j - \mathbf{Q}_i^k\|^2$, 统计第 k 代种群的最优个体, 由该个体构造变换矩阵 \mathbf{T}_k , 并计算点 \mathbf{P}_i^k 变换后的点 $\mathbf{P}_i^{k+1} = \mathbf{P}_i^k \cdot \mathbf{T}_k$ 。

5) 终止检验。若满足终止条件 $\|f_k - f_{k-1}\| \leq \varepsilon$, 则停止搜索, 否则转入步骤 (3), 直至进化到最大进化代数 m_Maxgen 。

4 应用实例

为验证上述方法的准确性, 选用一个叶片类似的模型进行仿真计算。对三维数字样品模型引入初始参数 $T_1 = 3.2$, $T_2 = 2.5$, $T_3 = 2.8$; $\alpha = 12^\circ$, $\beta = 8^\circ$, $\gamma = 11^\circ$ 。通过包围盒的初始匹配后, 模型之间的偏差范围已不大, 平移变量的变化范围确定在 $[-1, 1]$ 之间, 旋转角度范围在 $[-5^\circ, 5^\circ]$ 之间; 然后采用浮点数编码的自适应遗传算法精确匹配。自适应遗传算法中, 种群大小为 20, 最大进化代数为 30, 终止准则 $\varepsilon = 0.0001$ 。初始匹配后, 平均距离

误差 $\text{err} = 0.031\ 679$ ，自适应遗传算法精确匹配后，平均距离误差 $\text{err} = 0.000\ 869$ 。

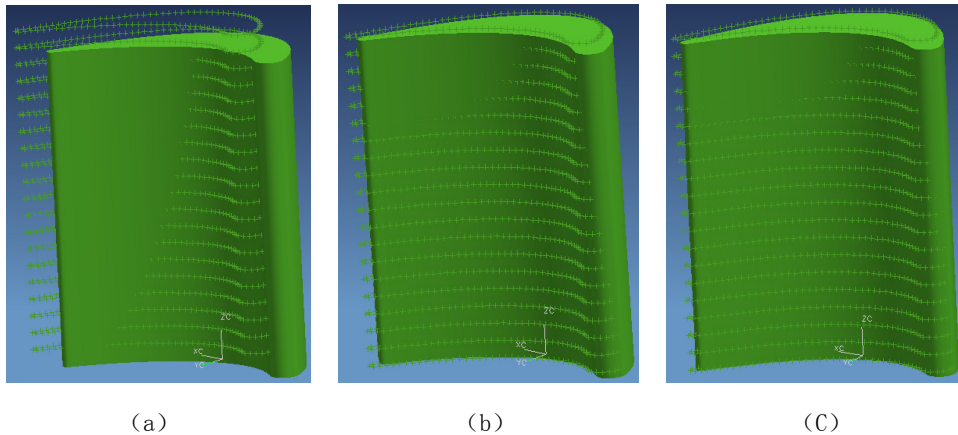


图2 模型匹配前后的空间位置关系

实验结果如图2所示，三维数字样品模型及其CAD模型的初始情形如图2(a)所示，采用包围盒初始匹配算法匹配后的空间位置关系如图2(b)所示，采用基于浮点数编码的自适应遗传算法的精确匹配后的空间位置关系如图2(c)所示。

5 结论

本文针对三维数字样品模型及其CAD模型之间配准问题，提出了基于包围盒的初始匹配和基于浮点数编码的自适应遗传算法的精确匹配算法。通过叶片类复杂零件进行仿真实验验证算法的可行性，实际计算结果表明，本方法能够准确地配准三维数字样品模型及其CAD模型，具有较高的精度，且算法易于实现，计算稳定。

参考文献

- [1] 吴浩扬, 朱长纯, 常炳国, 等. 基于种群过早收敛程度定量分析的改进自适应遗传算法[J]. 西安交通大学学报, 1999, 33(11): 27-30.
- [2] 王成栋, 张优云. 基于实数编码的自适应伪并行遗传算法[J]. 西安交通大学学报, 2003, 37(7): 707-710.
- [3] 王蕾, 沈庭芝, 招扬. 一种改进的自适应遗传算法[J]. 系统工程与电子技术, 2002, 24(5): 75-78.
- [4] 刘晶, 张定华, 毛海鹏. 基于复形法配准工业产品CT切片模型和CAD模型[J]. 计算机应用研究, 2004, 7: 248-252.
- [5] 严思杰, 周云飞, 彭芳瑜, 等. 大型复杂曲面零件加工余量均布优化问题的研究[J]. 华中科技大学学报, 2002, 30(10): 35-37.
- [6] 彭芳瑜, 严思杰, 周云飞, 等. 基于能量法的大型叶片毛坯曲面重构[J]. 计算机应用, 2002, 7: 47-49.
- [7] 刘晶, 张定华, 毛海鹏, 等. 基于SUV_ICP算法配准CT切片重构模型与CAD模型[J]. 计算机工程与应用, 2004, 24: 195-204.
- [8] Michalewicz Z, Janikow C Z, Krawczyk J B. A modified genetic algorithm for optimal control problems[J]. Computers Math Applic, 1992, 23(12): 83-94.

Registration of Three Dimension Digital Model and CAD Model Based on the Method of Adaptive Genetic Algorithm

HU Dong-cai, ZHAO Xin-bo, ZHANG Ding-hua, LI Ming-jun, KONG Yong-mao

Key Laboratory of Contemporary Design and Integrated Manufacturing Technology, Ministry of
Education, Northwestern Polytechnical University, Xi'an 710072, China

Abstract: To match the three dimension digital model and the CAD model, a new method is proposed, which consists of the surrounding box -based initial registration and the float data coded adaptive genetic algorithm -based accuracy registration. The initial registration can ensure the ranges of the spatial transform parameters for the accuracy registration. In the accuracy registration, the goal function is constructed by the method of the least squares. In order to overcome the premature convergence, an index that is related with the diversity of the population is defined. The index is used to define the crossover operator and mutation operator in the genetic algorithm, and to adjust the probabilities of the crossover and mutation adaptively. The result showed that the method can properly match the three dimension digital model and the CAD model, and the algorithm is steady and reliable.

Key words: industry CT; registration; adaptive genetic algorithm; diversity of population

作者简介: 胡栋材 (1981—), 男, 西北工业大学现代设计与集成制造技术教育部重点实验室硕士研究生, 主要从事锥束 CT、计算机图形图像处理方面的研究, Tel: 029-88493232-116, E-mail: dongcaihu@mail.nwpu.edu.cn。