

# 基于遗传算法的点云数据配准

张晓娟<sup>1</sup>, 李忠科<sup>1</sup>, 王先泽<sup>1</sup>, 吕培军<sup>2</sup>, 王 勇<sup>2</sup>

(1. 第二炮兵工程学院计算机系, 西安 710025; 2. 北京大学口腔医学院, 北京 100871)

**摘 要:** 在光学非接触三维测量中, 复杂对象的重构需要多组测量数据的配准。为此, 提出一种基于遗传算法的线扫描点云数据配准方法。曲面线扫描点云数据同一表面的拓扑结构在不同视图下曲率变化趋势相同, 根据该性质, 利用遗传算法识别两点云数据集的重叠区域, 并求解子集的坐标变换矩阵, 完成配准。实验结果表明, 与 ICP 算法相比, 该方法的运行速度较快, 且配准精度较高。

**关键词:** 遗传算法; 点云数据; 数据配准; 曲率计算; 法矢估计; 法矢调整

## Registration of Point Clouds Data Based on Genetic Algorithm

ZHANG Xiao-juan<sup>1</sup>, LI Zhong-ke<sup>1</sup>, WANG Xian-ze<sup>1</sup>, LV Pei-jun<sup>2</sup>, WANG Yong<sup>2</sup>

(1. Department of Computer, The Second Artillery Engineering College, Xi'an 710025, China;

2. School of Stomatology, Peking University, Beijing 100871, China)

**【Abstract】** In the optical non-contact measurement process, the reconstruction of complex object depends on the registering of point clouds. Aiming at this problem, this paper proposes a registration method of point clouds data based on Genetic Algorithm(GA). At different views, according to the same change trend of curvatures of the topology at same surface about point clouds of scanning beam, based on GA, the overlapping region is identified and transition matrix is directly extracted, and the registration is completed. Experimental results show that the method has better registration performance.

**【Key words】** Genetic Algorithm(GA); point clouds data; data registration; curvature calculation; normal vector estimation; normal vector adjustment

DOI: 10.3969/j.issn.1000-3428.2012.21.057

### 1 概述

利用三维扫描仪对实物模型表面进行扫描测量时, 由于受测量设备测量范围的限制以及被测物体外形的复杂性等影响, 通常单次扫描都无法得到完整的三维几何模型, 而一次只能得到物体某一部分表面的数据。要得到物体完整的形状信息, 需要从不同角度使用多次定位进行测量, 而将各个视角得到的点集合并到一个统一的坐标系下, 这就是点云数据的配准<sup>[1]</sup>, 它是航空航天、医学图像处理、曲面质量检测 and 虚拟现实等领域的一项关键技术。

目前配准算法较多, 其中应用较广泛的是文献[2]提出的最近点迭代(Iterative Closest Point, ICP)算法, 由此也产生了很多变种算法<sup>[3-4]</sup>。常见的配准技术可分为 2 类: 基于外部附近数据的配准(依靠测量设备)和基于内部特征的配准(依靠测量后的数据)。后者是利用三维扫描所获取数据中的特征来计算多视点云之间的变换, 是常用的配准方法。

近年来遗传算法(Genetic Algorithms, GA)作为一种新颖的全局搜索方法已受到研究人员的广泛关注<sup>[5-6]</sup>, 它是一种搜索最优解的优化方法, 可以有效避免陷入局部最优解, 且操作简单, 容易和其他技术结合。因此, 本文提出一种基于遗传算法的线扫描点云数据配准算法, 利用曲率具有平移、旋转和缩放的不变性, 根据扫描线的曲率变化趋势识别欲匹配的 2 个点云配准子集中相重叠区域, 通过重叠区域的数据点集求解变换矩阵, 实现点集的配准。

### 2 采样点的曲率计算

在对采样点的曲率计算前, 需要对点云数据中的各点进行法矢估计, 然而由于点云数据间无拓扑关系, 需要采样点的  $k$  近邻关系建立其邻接关系的数据结构, 这样即可通过其  $k$  个近邻点的信息来反映采样点的几何信息。

#### 2.1 基于测量步距的 $k$ 近邻算法

$k$  近邻搜索的效率对配准乃至后续模型重建有直接的影响,  $k$  近邻搜索的计算方法有很多, 经常使用的是先

**基金项目:** 国家科技支撑计划基金资助项目“口腔颌面修复体个性化设计、加工技术及临床应用评估”(2009BAI81B00)

**作者简介:** 张晓娟(1978—), 女, 博士研究生, 主研方向: 计算机图形学, 软件逆向工程; 李忠科, 教授、博士生导师; 王先泽, 博士研究生; 吕培军, 教授、博士、博士生导师; 王 勇, 高级工程师、博士

**收稿日期:** 2011-12-22 **修回日期:** 2012-02-17 **E-mail:** xiaojuan1200@126.com

求出候选点到其余  $n-1$  个点的欧式距离, 按大小排序, 前  $k$  个点就是候选点的  $k$  近邻。此种方法很简单直观, 然而实际的测量点云数据往往很大, 花费的时间代价太大。因此, 采用一种基于测量步距  $d$  的  $k$  近邻搜索方法, 该方法考虑数据密度、误差及临界搜索半径, 缩小了搜索区域, 提高了搜索速度, 同时又兼顾  $k$  邻近点的取值, 通过改变搜索半径来满足不同的需要, 可实现最优搜索。

由于选取的区域很小, 可将其近似看成二维平面点阵, 相邻两点之间的欧式距离即为步距  $d$ 。通常选取一个估计值作为近邻  $k$  的值, 这个估计值一般是凭借经验而得, 然后通过对选取不同的  $k$  值进行效果检验, 最终确定一个最优的  $k$  值。 $k$  值一般取偶数, 这是考虑到点的对称性。采用基于步距  $d$  的  $k$  近邻搜索算法建立了模型中各点的  $k$  近邻关系后, 点云数据中的点的法矢就可以看作是该点以及其领域  $nbhd(x)$  的最小二乘拟合平面的法矢。

## 2.2 法矢估计及法矢全局协调

本文采用微切平面法来估算法矢, 首先利用上节近邻搜索算法得到点的  $k$  个邻近点, 然后用这  $k$  个点得到一个最小二乘拟合切平面, 最后通过计算此切平面的法矢得到该点的法矢, 即切平面法矢。但得到的散乱点的法矢方向会存在有指向待重建曲面外部的, 有指向待重建曲面内部的, 所以, 需要调整法矢的方向, 使法矢方向统一地指向曲面的同一侧。本文采用文献[7]提出的基于法向距离的调整算法, 其算法根据法向距离阈值, 将点分为非平坦点和平坦点两种, 判断其邻近点是否为平坦点, 针对不同情况采用不同的调整方式。当其  $k$  邻近点都是平坦点时, 无需逐个与已调整过的点进行比较, 可以对所有邻近点一起进行调整。

## 2.3 曲率计算

任何曲面的局部形状都可以用二次曲面  $S(u, v) = (u, v, w)$  描述,  $w = h(u, v) = au^2 + buv + cv^2 + eu + fv$ , 这是局部坐标系下的参数表示。曲面上  $p_i$  点处建立局部坐标, 可由绝对坐标系  $(oxyz)$  变换得到: 原点由  $o$  移至  $p_i$ ,  $u$  和  $v$  取  $x$  和  $y$  轴,  $h$  轴与旋转后的  $z$  轴重合。 $p_i$  点处的法矢和存在的无数条主法矢重合形成的曲线族的曲率就是点  $p_i$  的法曲率, 而法曲率中的极大值  $k_1$  和极小值  $k_2$  称为主曲率, 总是互相垂直的主方向  $T_1$  和  $T_2$  是主曲率  $k_1$  和  $k_2$  所对应的曲线的切线方向。

计算曲面  $S(u, v)$  在点  $p_i$  的一阶偏导和二阶偏导:

$$\begin{aligned} S_{uu} &= (0, 0, 2a) \\ S_{uv} &= (0, 0, b) \\ S_{vv} &= (0, 0, 2c) \end{aligned} \quad (1)$$

得到曲面  $S(u, v)$  的第一及第二基本量:

$$\begin{cases} E = S_u^2 = 1 + e^2 \\ F = S_u S_v = ef \\ G = S_v^2 = 1 + f^2 \end{cases} \quad (2)$$

$$\begin{cases} L = n \times S_{uu} = 2a/\Delta \\ M = n \times S_{uv} = b/\Delta \\ N = n \times S_{vv} = 2c/\Delta \end{cases} \quad (3)$$

其中,  $n$  为前面求得的法矢;  $\Delta = \sqrt{e^2 + f^2 + 1}$ 。

平均曲率为:

$$H = \frac{EN - 2FM + GL}{2(EG - F^2)} = \frac{c + ce^2 + a + af^2 - bef}{\Delta^3} \quad (4)$$

高斯曲率为:

$$K = \frac{LN - M^2}{2(EG - F^2)} = \frac{4ac - b^2}{\Delta^4} \quad (5)$$

主曲率可由平均曲率和高斯曲率得到:

$$\begin{cases} k_1 = H - \sqrt{H^2 - K} \\ k_2 = H + \sqrt{H^2 - K} \end{cases} \quad (6)$$

## 3 基于遗传算法的点云配准

设同一模型的 2 个不同视图下的点云为  $P$  和  $Q$ , 待配准的子集为  $E$  和  $F$ , 并且  $F \subset E$ , 由上节算法估算  $E$  和  $F$  中采样点的主曲率, 分别计算  $F$  中采样点的主曲率与  $E$  中各采样点的主曲率的差值的平方和, 当差值的平方和最小时就表示扫描线的曲率变化的相似度最高。本文提出采用遗传算法来识别出  $E$  与  $F$  中相匹配的扫描线段, 完成点集  $E$  与  $F$  的自动配准。

### 3.1 待配准点集重叠区域的自动识别

遗传算法模拟适者生存、优胜劣汰的自然选择过程, 它以 3 个基本遗传算子选择、交叉、变异等进行设计空间的多点搜索, 从而达到全局优化的目的。

假设  $E$  和  $F$  中分别有  $m$  和  $n$  条扫描线  $\{E_1, E_2, \dots, E_m\}$ 、 $\{F_1, F_2, \dots, F_n\}$ , 因为  $F$  是  $E$  的子集, 所以当第  $E_j$  和第  $F_i$  条扫描线上分别有  $u_j$  和  $v_i$  个采样点时  $n < m$  且  $v_i < u_j$ , 如图 1 所示, 自动识别出  $E$  中与  $F_i$  曲率变化最相似的线段。从染色体的编码方案、适应度函数以及遗传算法的 3 个基本遗传算子出发, 以第  $F_i$  条扫描线为例详述遗传算法的应用。

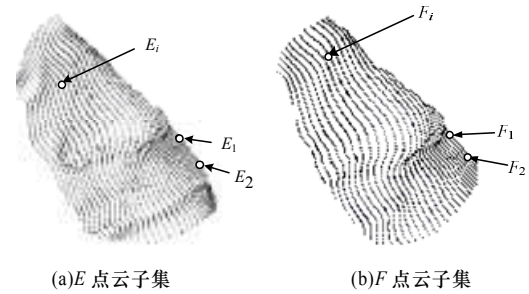


图1 面具线扫描数据点云

#### (1) 染色体的编码方案

第  $F_i$  条扫描线上有  $v_i$  个点,  $E$  子集中所有可能与  $F_i$  相匹配的线可以构成一个求解空间。 $F$  中与  $E_j$  扫描线可能的匹配线段有  $u_j - v_i + 1$  段, 故与  $F_i$  可能匹配的线段在点云子集  $E$  中共有  $G = \sum_{j=1}^m (u_j - v_i + 1)$  段, 对这些可能匹配线段进

行  $L$  位的二进制编码, 其满足  $2^{L-1} < G \leq 2^L$ , 子集  $E$  中每一条与  $F_i$  匹配的线段对应一个染色体个体。

### (2) 适应度函数

本文目的是在可能匹配的  $G$  条线段中找到与  $F_i$  速率变化趋势相似度最高的线段  $G_k$ , 因此, 建立目标函数:

$$T(F_i, G_k) = \sum_{s=1}^{f_i} [(k_{Fs1} - k_{Gs1})^2 + (k_{Fs2} - k_{Gs2})^2] \quad (7)$$

其中,  $k_{Fs1}$  和  $k_{Fs2}$  是  $F_i$  中采样点的极大值主曲率和极小值主曲率, 而  $k_{Gs1}$  和  $k_{Gs2}$  是  $G_k$  中采样点的极大值主曲率和极小值主曲率, 当  $T(F_i)$  越小, 则  $G_k$  与  $F_i$  的相似度趋势越高, 因此, 建立适应度函数:

$$f(G_k) = \frac{1}{1 + T(F_i, G_k)} \quad (8)$$

### (3) 选择操作

采用杰出策略方法进行操作算子的选择, 即将当前最优个体直接传给下一代, 采用轮盘赌选择法<sup>[8]</sup>(基于遗传算法和四元数的)来对其他的染色体进行选择, 轮盘选择法是依据随机产生的种群, 轮盘每次旋转一次就产生一个染色体, 而它被选中的概率与其适应度函数值成正比:

$$P_i = t_i / \sum_{i=1}^G t_i \quad (9)$$

### (4) 交叉操作

为在下一代产生出新的个体而进行的交叉操作, 可提高遗传算法的搜索能力, 有 2 个方面的因素影响交叉操作的效果: 交叉点的位置和交叉概率。为克服过早收敛, 提高群体的多样性, 因此, 交叉概率  $P_c$  是依据选择的 2 个染色体之间的差距而确定<sup>[9]</sup>, 差距越小,  $P_c$  就越小; 反之,  $P_c$  就越大。

设被选择的 2 个染色体  $G_i$  和  $G_j$  上的基因为  $g(G_i, l)$  和  $g(G_j, l)$ ,  $l = 1, 2, \dots, L$ 。  $dis(G_i, G_j) = \sum_{l=1}^L |g(G_i, l) - g(G_j, l)|$  是染色体之间的距离, 则 2 个染色体  $G_i$  和  $G_j$  的交叉概率为:

$$P_c(G_i, G_j) = \frac{1}{1 + e^{-dis(G_i, G_j)}} \quad (10)$$

交叉点的位置与交叉算子相关, 交叉算子常用的有: 一点交叉、两点交叉、多点交叉、顺序交叉、启发式交叉、混合交叉等, 其中一点交叉是最常用的方法, 它随机的设定被选择进行交叉的 2 个个体中的一个交叉点, 而后交换该点后面 2 个个体的结构, 形成 2 个新的个体, 如图 2 所示。

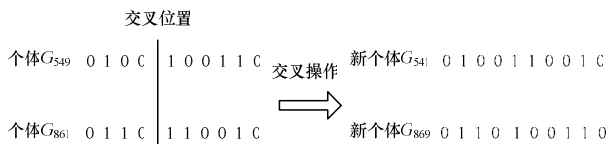


图 2 交叉操作

可以看出, 进行交叉操作后, 位于第 4 个和第 5 个基因位间的交叉点后面的基因位互换了, 生成了 2 个新个体  $G_{341}$  和  $G_{869}$ 。交叉操作的交叉点可随机设定, 对于个体编

码串长为  $L$  的第  $F_i$  条扫描线的交叉点可随机设定在  $1 \sim L-1$  之间, 因此, 可能的交叉点有  $L-1$  个。

### (5) 变异操作

变异操作的目的是为了防止群体过早的陷入局部最优解, 其中最关键的是变异概率  $P_m$  的确定。文献[10]算法中  $P_m$  的确定采用随适应度自动改变而得到, 若种群染色体适应度变化较大时,  $P_m$  减小, 而当适应度趋于一致时,  $P_m$  增加。设种群染色体的最大适应度和平均适应度分别为  $f_{\max}$  和  $f_{\text{avg}}$ , 则染色体  $G_k$  的变异概率为:

$$T = \mu_n - R\mu_m \quad (11)$$

$$P_m = \begin{cases} \frac{\delta \times (f_{\max} - f(G_k))}{f_{\max} - f_{\text{avg}}} & f(G_k) \geq f_{\text{avg}} \\ \delta & f(G_k) < f_{\text{avg}} \end{cases} \quad (12)$$

设  $\delta$  为 0.5, 经过交叉和变异操作后对产生的新的后代需要在染色体的编码解码后, 判定其值是否小于  $G$ , 只有小于  $G$  才合法, 否则重新操作, 此过程为合法性验证。

基于遗传算法的两待配准点集重叠区域的自动识别算法的具体步骤如下:

(1) 计算第  $F_i$  条扫描线上的采样点的个数、 $E$  子集中与  $F_i$  可能匹配的线段数  $G$  及对匹配线段进行  $L$  位的二进制编码。

(2) 建立初始种群  $M_0$ : 首先随机的产生个体  $W$ , 并进行合法性验证, 若合法, 就将其加入初始种群中, 不断重复此过程, 直至种群的规模达到 50。

(3) 对个体进行适应度的计算。

(4) 对种群进行遗传算子(选择、交叉、变异)操作, 产生新种群  $M_1$ 。

(5) 对产生的新种群不断重复步骤 3) 和步骤 4), 出现连续最近 5 代最优染色体适应度无变化时, 适应度最大的染色体即为运行结果。

(6) 自动识别出  $E$  中与  $F_i$  匹配的所有线段  $G_i$ , 构成重叠区域  $C'$ 。

## 3.2 变换矩阵的求解

求解 2 个不同视图中数据点之间的变换, 即坐标旋转变换  $R$  (矩阵) 和平移变换  $T$  (矩阵), 是点云数据配准的本质。

设点集  $M = \{m_1, m_2, \dots, m_m\}$  和  $N = \{n_1, n_2, \dots, n_n\}$ ,  $M \subset N$ , 计算它们的旋转矩阵和平移矩阵。

(1) 分别计算点集  $M$  和  $N$  的质心:

$$\mu_m = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m m_i, \mu_n = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n n_i \quad (13)$$

其中,  $n$  是点集  $N$  中总的采样点数。

(2) 计算点集的正交协方差矩阵:

$$K = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n [(m_i - \mu_m)(n_i - \mu_n)^T] \quad (14)$$

(3) 用  $K$  中的元素  $K_{ij}$  ( $i, j = 1, 2, 3, 4$ ) 构造四维对称矩阵:



$$K_C = \begin{bmatrix} K_{11} + K_{22} + K_{33} & K_{32} - K_{23} & K_{13} - K_{31} & K_{21} - K_{12} \\ K_{32} - K_{23} & K_{11} - K_{22} - K_{33} & K_{12} + K_{21} & K_{13} + K_{31} \\ K_{13} - K_{31} & K_{12} + K_{21} & -K_{11} + K_{22} - K_{33} & K_{23} + K_{32} \\ K_{21} - K_{12} & K_{13} + K_{31} & K_{23} + K_{32} & -K_{11} - K_{22} + K_{33} \end{bmatrix} \quad (15)$$

(4) 计算矩阵  $K_C$  的最大特征值和对应的特征向量:

$$q = [q_0, q_1, q_2, q_3]^T \quad (16)$$

(5) 由特征向量  $q$  计算其旋转矩阵为:

$$R = \begin{bmatrix} q_0^2 + q_1^2 - q_2^2 - q_3^2 & 2(q_1q_2 - q_0q_3) & 2(q_1q_3 + q_0q_2) \\ 2(q_1q_2 + q_0q_3) & q_0^2 + q_2^2 - q_1^2 - q_3^2 & 2(q_2q_3 - q_0q_1) \\ 2(q_1q_3 - q_0q_2) & 2(q_2q_3 - q_0q_1) & q_0^2 + q_3^2 - q_1^2 - q_2^2 \end{bmatrix} \quad (17)$$

(6) 计算平移变换:  $T = \mu_n - R\mu_m$ , 两视角下的待配准点云利用遗传算法识别出的重叠区域, 经过旋转和平移变换后, 就得到了最终的配准结果。

#### 4 实验与结果分析

为验证本文算法的可行性和有效性, 在 Windows 平台上(CPU 主频 2.8 GHz, 内存 1 GB), 基于 VC++2008 和 OpenGL 实现本文算法。以微笑的面部数据为模型, 对点云数据进行如下处理: 在原模型截取的部分点集分别为  $P$  和  $Q$ , 且  $P$  和  $Q$  有重叠区域, 如图 3(a)和图 3(b)所示。为模拟实际测量数据时可能存在的误差, 对  $Q$  点集中采样点坐标加上范围为  $[-0.5, 0.5]$  的随机误差, 然后对  $X$ 、 $Y$ 、 $Z$  方向进行平移变换。在点集  $P$  和  $Q$  中选择子集分别为  $E$  和  $F$ , 如图 3(c)和图 3(d)所示。子集  $F$  中的第  $F_1$  扫描线  $v_1 = 40$ , 子集  $E$  中有扫描线 31 条、采样点 5 424 个, 则与  $F_1$  扫描线可能匹配的线段有  $G = 5\ 424 - 40 \times 31 + 31 = 4\ 215$  条, 二进制编码位  $L = 13$ , 初始种群  $M_0 = 50$ , 优化出的目标函数和个体为:  $T(F_i, G_k) = 0.105\ 23$ , 个体: 0 000 010 000 101,  $G_k = 133$ 。同理,  $F$  子集中其余 17 条扫描线在  $E$  中的匹配线段也可以采用同样的方法得到。本文方法的配准结果如图 3(e)所示, 曲面重构结果如图 3(f)所示。

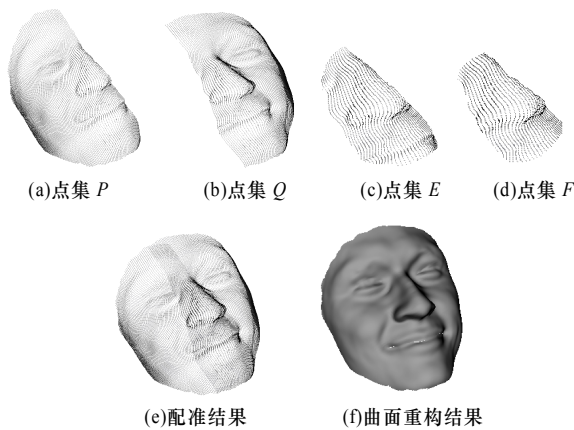


图3 微笑面部的配准结果

实验同时对 ICP 算法和本文方法进行比较, 主要在算法运行时间和算法配准偏差及收敛方面的性能进行比较。本文算法与 ICP 算法相比较, 运行速度明显提高了, 采用 ICP 算法对面具模型点云进行配准时, 两待配准点集配准

时所用的时间约为 3.8 s, 而采用遗传算法进行配准时, 所用的时间仅为 2 s。转换误差更小, 配准精度大幅提高, 主要原因是采用了遗传算法中的编码方案和适应度函数操作获得了更加精准的旋转参数和平移参数。采用遗传算法的收敛速度在初始阶段比 ICP 算法快, 随着迭代次数的增加, 配准偏差呈现出均匀减少的趋势, 且迭代总次数比 ICP 算法至少减少 5 次以上, 使得最终的解算精度和效率得到明显提高。

#### 5 结束语

本文基于遗传算法, 通过参数编码、建立适应度函数以及交叉变异等一系列过程实现了点云数据配准的关键环节, 根据曲面扫描点云数据同一表面拓扑结构在不同视图下曲率变化趋势相同的性质, 采用遗传算法自动识别出两点云数据集的重叠区域, 并在此基础上求解 2 个子集的坐标变换矩阵, 完成配准任务。该方法迭代次数少、配准精度, 且完成时间短, 配准完成的点云轮廓平滑完整, 重构的曲面能够很好地反映物体的形貌。该算法适合扫描得到的点云数据是线扫描数据, 且两待配准点集具有重叠区域的配准。目前主要的点云配准算法都是点云数据的两两配准, 即面向局部的配准, 因此, 下一步将把研究层面拓展到多个点云的配准和融合上, 完成全局配准。

#### 参考文献

- [1] 熊邦书. 三维散乱数据的预处理与曲面重建算法研究[D]. 西安: 西北工业大学, 2004.
- [2] Besl P J, McKay N D. A Method for Registration of 3-D Shapes[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 1992, 14(2): 239-256.
- [3] 张丽艳. 逆向工程中模型重建关键技术研究[D]. 南京: 南京航空航天大学, 2001.
- [4] 柯映林. 离散数据的几何造型技术及其应用研究[D]. 南京: 南京航空航天大学, 1992.
- [5] 陈国良, 王煦法, 庄镇泉, 等. 遗传算法及其应用[M]. 北京: 人民邮电出版社, 2005: 241-257.
- [6] 谷小青, 易当祥, 刘春和. 遗传算法优化神经网络拓扑结构和权值[J]. 广东工业大学学报, 2006, 23(4): 64-69.
- [7] 贺美芳. 基于散乱点云数据的曲面重建关键技术研究[D]. 南京: 南京航空航天大学, 2006.
- [8] 王小平, 曹立明. 遗传算法——理论、应用与软件实现[M]. 西安: 西安交通大学出版社, 2002: 18-50.
- [9] 郭子华, 庄镇泉. 基于遗传算法的地图矢量化算法[J]. 中国科学技术大学学报, 1998, 28(4): 476-481.
- [10] Srinivas M, Patnaik L M. Adaptive Probabilities of Crossover and Mutation in Genetic Algorithm[J]. IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, 1994, 24(4): 656-667.

编辑 金胡考