

文章编号 1004-924X(2007)01-0106-06

基于生物信息学中双 DNA 序列比对 算法的图像立体匹配及其实现

谢少荣¹, 王东红², 罗 均¹, 龚振邦¹

(1. 上海大学 机电工程与自动化学院, 上海 200072; 2. 广西财经学院, 广西 南宁 530002)

摘要:提出了一种基于生物信息学中双 DNA 序列比对算法的图像立体匹配新方法。图像立体匹配和生物信息学中双 DNA 序列比对的实质都是在匹配准则下搜索最佳匹配基元, 因而新颖地将双序列比对算法引入图像立体匹配。首先介绍了基于动态规划的双序列比对算法原理及其用于图像立体匹配的实现方法, 然后根据左右摄像机的最大视差是一个有限定值, 进行了算法改进, 极大地减少了计算量, 并给出了 VC6.0 中的实现流程, 最后采用 4 组不同的图像对进行了实验验证。该方法具有较低的计算复杂度和适宜于并行计算的特点, 生成的视差图效果表明双序列比对算法为图像立体匹配提供了一个实用有效的方法。

关键词: 立体匹配; 立体视觉; DNA 序列; 双序列比对; 对应点

中图分类号: Q-334; TP391 **文献标识码:** A

Novel stereo matching algorithm based on pair-wise DNA alignment algorithm in bioinformatics and its implementation

XIE Shao-rong¹, WANG Dong-hong², LUO Jun¹, GONG Zhen-bang¹

(1. School of Mechatronics Engineering and Automation, Shanghai University, Shanghai 200072, China;
2. Guangxi University of Finance and Economics, Nanning 530002, China)

Abstract: A novel stereo matching algorithm based on pair-wise DNA alignment algorithm is presented. The essential of both stereo matching and pair-wise DNA alignment in bioinformatics is that the correspondence points are searched by matching criteria, so the pair-wise DNA alignment algorithm is introduced to design a new stereo matching algorithm. Firstly, the principle of the dynamic programming and implementation of the proposed algorithm are presented. Then, this algorithm is significantly improved to reduce the calculation drastically, because there is a maximum possible disparity whose value can be derived from the field of view of the cameras, the physical distance between the two cameras, and the focal length of the cameras. The flow of the algorithm is designed in detail with VC6.0. Finally, the disparity maps of several different test images by means of this algorithm are shown, the advantages are low computer complexity and parallel processing. The results show that the proposed algorithm is useful and effective.

收稿日期: 2006-04-10; **修订日期:** 2006-06-06.

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (No. 50405046 和 No. 60605028); 上海市科委资助项目 (No. 045107031); 上海市优秀青年教师培养计划资助项目 (No. 04Y0HB094); 上海大学优秀青年教师后备人选科研项目

Key words: stereo matching; stereo vision; DNA sequence; pair-wise alignment algorithm; correspondence points

1 引言

基于立体视觉恢复景物的深度信息,在机器人避障导航、运动目标跟踪、识别和生物医学等领域有着广阔的应用前景。显然,由景物深度信息 z 与视差(Disparity) d 的关系($d = BF/z$, 式中 B 为基线距离; F 为相机焦距)不难看出,若两个相机的相对位置及焦距已知,由视差图(Disparity map)能很容易地计算出场景中景物的深度信息,其关键在于如何快速、准确寻找同一场景在相机拍摄的左右两幅图像上的对应点^[1-2],即立体匹配问题。因此,立体匹配一直是计算机视觉领域的一个热点研究问题,国内外广大研究人员已经提出了很多匹配算法,归纳起来,主要可分为基于区域^[3-4]、基于特征^[5-7]和基于相位^[8-10]3类方法,其实质都是在匹配准则下搜索最佳匹配基元。这些方法都各有其优缺点:基于特征的匹配是对图像对的特征区域进行匹配,其优点是速度快、能得到比较精确的匹配,但只能得到稀疏的视差图,无法处理特征不明显的场景图像;基于区域的匹配可以直接产生致密的视差图,但其主要缺点是计算复杂度大;基于相位的匹配,是利用具有局域频率特征的相位信号作为匹配基元进行匹配,具有从粗到精的多分辨率特性,也可以进行每个像素的匹配,但一般只能得到景物的粗糙结构,有时还需进行特殊处理。

无独有偶,在现代生物信息学中,通过序列比较,在已知结构和功能的序列数据库中找到与新测定序列具有相似性的同源序列,从而以足够的可信度确定新序列的结构和功能信息,因而寻求更快更灵敏的生物序列相似性比对算法也一直是生物信息学的研究热点。经过 40 多年的发展,双序列比对算法已基本实现,序列比对的未来发展方向是基因组比较,双序列比对是其重要基础。该比对方法具有较低的计算复杂度和适宜于并行计算的特点^[11-15]。

图像立体匹配和序列比对的实质相同,都是在匹配准则下搜索最佳匹配基元。因此,本文新颖地将生物信息学中双 DNA 序列比对算法引入

图像立体匹配,该方法具有较低的计算复杂度和适宜于并行计算的特点。

2 生物信息学中双 DNA 序列比对算法

序列比对是生物信息学的核心研究内容之一。在生物学研究中,通过判断两个序列是否具有足够的相似性,从而判断两者是否具有同源性,常常需要进行序列比对,根据同时进行比对的序列数目分为双序列比对和多序列比对。经过 40 多年的发展,双序列比对问题已基本解决。本文正是拟将双序列比对算法引入图像立体匹配。

DNA 序列由 A、T、C、G 四种碱基组成,从而一个 DNA 序列就可视为由这 4 个字母组成的字符串。双序列比对算法,就是根据给定的计分函数计算在待比对的两个字符串中插入空格“-”的适当位置和数量,从而得到两个序列之间的最大相似性排列,也就是实现了最优比对。插入空格“-”的数量可视为左右两幅图像中对应点间的视差。例如两条 DNA 序列 TGCGT 和 ATGGT,希望通过对每条字符序列插入空格,得到使两条序列的匹配字符数最大的最佳比对,具体算法过程如下:

用 s 表示待比较的前一序列, t 表示后一序列, $S(i, j)$ 表示得分矩阵中 s 的第 i 个字符和 t 的第 j 个字符的最佳对列的分数, g 表示一个间隔分数,表示 s 中第 i 个字符与 t 中第 j 个字符匹配的分。在生物信息学中,当正确匹配时,分数加 2; 误匹配时,分数减 1, 间隔罚分 g 取 -1。

给定计分函数:

$$S(i, j) = \max \begin{cases} S(i-1, j) + g \\ S(i, j-1) + g \\ S(i-1, j-1) + P(i, j) \end{cases}, \quad (1)$$

由式(1)可以看出,从三个方向可以到达矩阵元素 (i, j) : 对角线方向元素、同一行或同一列的元素。在得分矩阵中,到达位置为 (i, j) 的某一个元素有三种可能的路径: 通过位置 $(i-1, j-1)$ 的对角方向,没有空位罚分; 通过列 j 的垂直

方向和通过行 i 的水平方向,空位罚分取 g 。再取 3 个分值中的最大值作为该矩阵元素的得分,进行递归计算,实现动态规划。

对于边界初始分数取值为:

$$S(i,0)=S(0,i)=g * i, \quad (2)$$

依据上述计分函数所得得分矩阵如表 1 所示:

表 1 双 DNA 序列比对得分矩阵

Tab.1 Score matrix of pair-wise DNA alignment algorithm

$t \backslash s$	-	A	T	G	G	T
-	0	-1	-2	-3	-4	-5
T	-1	-1	-1	0	-1	-2
G	-2	-2	0	3	2	1
C	-3	-3	-1	2	2	1
G	-4	-4	-2	1	4	3
T	-5	-5	-2	0	3	6

然后从得分矩阵的右下角 ($i = m, j = n$) 开始,通过动态规划回溯法,追溯序列比对的最优结果,其路径见表(1)中箭头所示。若箭头为对角线,则在比对后的序列中两个碱基相对应;若箭头为水平方向,则在 s 序列的相应位置插入一个空格 '-';若箭头为垂直方向,则在 t 序列的相应位置插入一个空格 '-'。比对结果有两种情况:

s -T G C G T 和 - T G C G T
 t A T G -G T A T G G - T

表 2 改变误匹配罚分值后的得分矩阵

Tab.2 Score matrix when mismatch is -2

$t \backslash s$	-	A	T	G	G	T
-	0	-1	-2	-3	-4	-5
T	-1	-2	-1	0	-1	-2
G	-2	-3	0	3	2	1
C	-3	-4	-1	2	2	1
G	-4	-5	-2	1	4	3
T	-5	-6	-3	0	3	6

显然,后一种结果不是最优的,主要原因在于有误匹配,因此通过加大误匹配时的罚分值能改进上述比对。误匹配时,按分数减 2 计算的得分矩阵如表 2 所示。

表 2 中箭头所示回溯路径即为最优比对结果。

3 基于双序列比对算法的立体匹配方法

假设左右两幅图像是由两个完全相同的摄像机同时拍摄同一场景所得,且两个图像平面位于同一个平面上,两摄像机坐标系的 x 轴平行,光轴相互平行,这样场景中的同一特征点在两个摄像机图像平面上的成像位置只具有水平视差,而且外极线与图像行平行。因此,可以将两幅图像中的同一标号行像素看作是一对字符串,其特征是图像行像素的灰度或 RGB 值,将双序列比对算法应用于在一对外极线上寻找最佳视差值,插入空格的数量即为对应点的视差。如图 1 所示,场景由白色方块和黑色背景组成。左图像中的一极线上的像素灰度值为(0,0,0,0,0,255,255,255,0,0),同时在右图像中相应极线上的像素灰度值为(0,0,0,255,255,255,0,0,0,0)。应用第 2 部分中的比对算法得到的最优比对结果为:

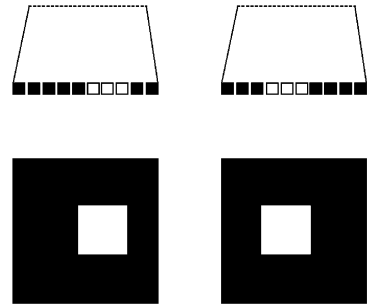


图 1 图像的字符串表示

Fig. 1 Intensity (brightness) values of a grayscale image (or RGB values of a color image) can be interpreted as the characters of the strings

0 0 0 0 0 255 255 255 - - 0 0
 0 0 0 - - 255 255 255 0 0 0 0

显然,从左图像中的第 4 个像素开始,增加了 2 个像素视差。

实际图像易受噪声、光照的影响,会造成左右两幅图像中对应像素点的灰度值或 RGB 值有些差异,为了保证该匹配算法的稳定性、容错性,可视实际情况设定匹配/误匹配的灰度值或 RGB 值的差异阈值。

4 算法改进

从序列比对的实际意义出发,如果两个序列较为相似,那么最优比对只需沿得分矩阵的对角线(左上至右下),在其上下一定范围内进行规划就可以得到。对于表 1 和表 2,假定最大视差值为 1,则不需要计算全部的动态规划表,如表 3 所示,只计算对角线及其上/下移一个位置的元素。因此,可将计算复杂度从 $O(mn)$ 缩减至 $O(dm)$ 或 $O(dn)$,取 $m、n$ 中较大者。在实际图像立体匹配中,摄像机的视场、两个摄像机间的物理距离和摄像机的焦距长度都是一定的,所以其最大视差是一个有限的定值,因而也可利用上述改进算法来大大减少搜索空间,缩小计算量。

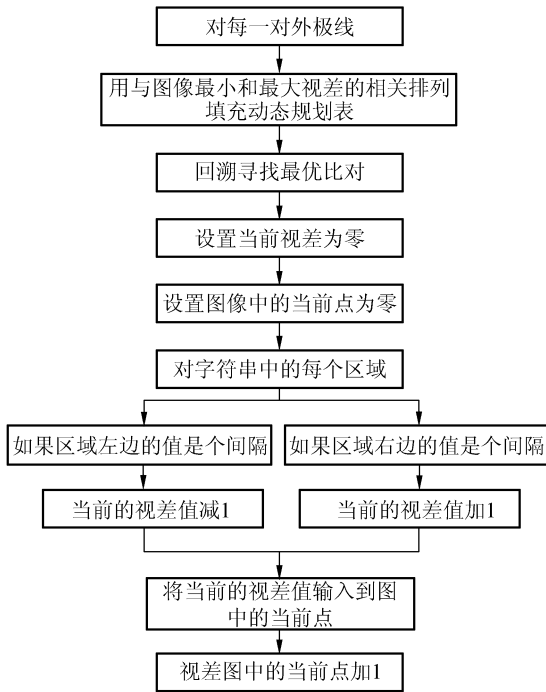


图 2 基于双序列比对算法的立体匹配流程图

Fig. 2 Flow of a novel stereo matching based on pair-wise alignment algorithm

表 3 限定了动态规划范围的得分矩阵

Tab. 3 Score matrix limited by dynamic programming range

	<i>i</i>	A	T	G	G	T	
<i>j</i>	0	0	1	2	3	4	5
0	0	-1					
T	1	-1	-1	1			
G	2		-2	0	3		
C	3			-1	2	2	
G	4				1	4	3
T	5					3	6

经以上设计,基于生物信息学中双序列比对算法的图像立体匹配新方法在 VC6.0 中的实现流程如图 2 所示。

5 实验结果

为了便于和其他算法进行横向比较,检验序列比对算法的立体匹配效果,本文选用了立体匹配实验常用的一对下载自德国波恩大学计算机视觉研究小组的网页 <http://www-dbv.informatik.uni-bonn.de> 的合成图像对 corridor,图像大小是 256×256 ,如图 3 所示,在 P4/1.6 GHz/256 MB 的 PC 机上实验,匹配后所得视差图如图 4 所示,视差图中灰度值越小(亮度小)的点表示视差越小,即深度越大;灰度值越大(亮度大)的点表示视差越大,即深度越小,例如视差图中的球、圆锥和走廊尽头的墙壁,其灰度是由浅到深,深度信息相当明显。图中上部分的文本框是输入信息,包括左右原图像、视差范围、匹配分数、补偿间隔等。

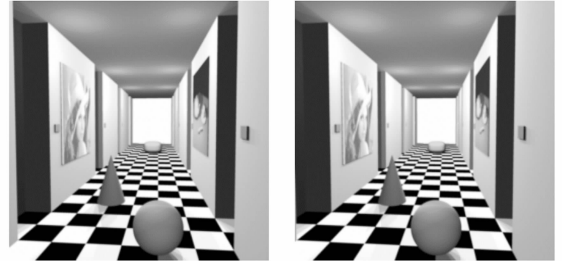


图 3 corridor 原始像对

Fig. 3 Original images

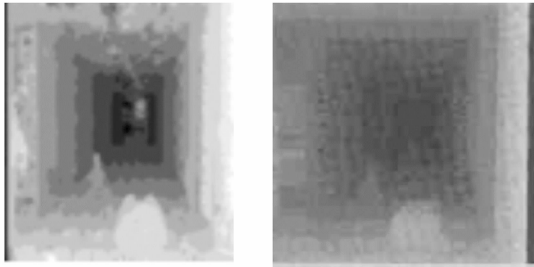


图 4 用本文算法得到的视差图

Fig. 4 Our disparity map

与采用基于遗传算法和基于 Hopfield 网络的实验结果(如图 5 所示)相比较,本文算法生成

的视差图效果明显优于这两者,非常清楚地把图像对中的各个景物按深度信息分开了层次。在硬件条件相当的情况下,基于 Hopfield 网络的匹配时间是 39.7 s,而本文算法的运行时间是 1.56 s,比基于区域的灰度相关算法的运行时间减少了 30~50 倍。对实际图像(如图 6(a)和(b)所示)匹配的效果如图 6(c)所示,计算产生的视差图密度大,定位精度高。综上所述,本文算法是一种匹配质量高、速度快的图像立体匹配算法。



(a)遗传算法 (b)Hopfield 网络
(a)Genetic algorithms (b)Hopfield network

图 5 其他算法所得 corridor 的视差图
Fig. 5 Other disparity maps

左图像 右图像



(a) (b)



(c)

图 6 实际图像对及其视差图

Fig. 6 True images and disparity map

本文提出的基于序列比对的立体匹配算法已实际应用于远距离场景中动态目标深度信息的实

时获取。图 7 和图 8 分别是目标距离为 54 m 和 57 m 处的获取情况。像对白框所标示的动态目标正在向左侧路边靠近,图像对上方的文本框中是实时获取的深度信息显示。



图 7 目标距离 54 m
Fig. 7 Object of 54 m



图 8 目标距离 57 m
Fig. 8 Object of 57 m

根据实际应用情况,每对像对只取动态目标周围 50×50 的区域进行匹配,处理速度为 10 pixel/s,完全能满足机器人动态避障的应用要求。

6 结 论

本文将生物信息学中已成功实现的双序列比对算法引入图像立体匹配,该方法具有较低的计算复杂度和适宜于并行计算的特点。实验证明该算法给立体匹配提供了一个既具有低计算复杂度又能生成致密视差图的实用方法,匹配质量高、速度快。

参考文献:

- [1] BOGDAN G. Point matching under large image deformations and illuminatin changes[J]. *IEEE Comput. Soc.*, 2004, 22(6):674-689.
- [2] 朱明,鲁剑锋,胡硕. 采用 DSP 的电视测量跟踪器的研制[J]. 光学精密工程,2005,13(Supp.):232-235.
ZHU M,LU J F,HU S. Development of TV measuring and tracking system by using DSP[J]. *Opt. Precision Eng.*,2005,13(Supp.):232-235. (in Chinese)
- [3] KANADE T, OKUTOMI M. A stereo matching algorithm with an adaptive window: theory and experiment[J]. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intel.*, 1994,16(9): 920-932.
- [4] SUN CH. A fast stereo matching method[C]. *Digital Image Computing and Applications*, 1997: 95-100.
- [5] CANDOCIA F, ADJOUADI M A. Similarity measure for stereo feature matching[J]. *IEEE Trans. Imag. Proces.*, 1997, 6(10): 1460-1464.
- [6] 姜凯,陈海霞,刘立峰,汤建华. 基于模板抽样的快速图像匹配算法[J]. 光学精密工程,2004,12(3):311-315.
JIANG K,CHEN H X,LIU L F,TANG J H. Fast image matching algorithm based on template sampling[J]. *Opt. Precision Eng.*,2004,12(3):311-315. (in Chinese)
- [7] 徐瑞鑫,刘伟宁. 基于自适应模板的实时跟踪算法[J]. 光学精密工程,2002,10(4):365-369.
XU R X,LIU W N. Adaptive model-based real time tracking algorithm[J]. *Opt. Precision Eng.*,2002,10(4):365-369. (in Chinese)
- [8] FROHLINGHAUS T, BUHMANN J M. Regularizing phase-based stereo[C]. *Proceedings of the International Conference on Pattern Recognition*, 1996, 451-455.
- [9] CRESPI B, ALEX G. Analog computation for phase-based disparity estimation: continuous and discrete models [J]. *Mach. Vision Appl.*, 1998, 11(2): 83-95.
- [10] 叶海加,陈昱,邢渊. 双目 CCD 结构光三维测量系统中的立体匹配[J]. 光学精密工程,2004,12(1):71-75.
YE H J,CHEN G,XIANG Y. Stereo matching in 3D measurement system using double CCD structured light[J]. *Opt. Precision Eng.*,2004,12(1):71-75. (in Chinese)
- [11] 张敏. 生物序列比对算法研究现状与展望[J]. 大连大学学报,2004, 25(4): 75-79.
ZHANG M. Current and prospect of bio-sequence alignment algorithm[J]. *J. Dalian Univ.*, 2004, 25(4): 75-79. (in Chinese)
- [12] 王宏漫,欧宗琰. 进化算法在 DNA 序列比对中的应用[J]. 数据采集与处理,2002, 17(4): 463-466.
WANG H M, OU Z Y. Evolution algorithm for sequence alignment[J]. *J. Data Acquis. & Proces.*, 2002,17(4): 463-466. (in Chinese)
- [13] DAVID R P. A versatile divide and conquer technique for optimal string alignment[J]. *Inform. Proces. Lett.*, 1999, 70:129-139.
- [14] HIRSCHBERG D. A linear space algorithm for computing maximal common subsequences[J]. *Comm. ACM*, 1975,18(6):341-343.
- [15] 唐玉荣,汪懋华. 基于动态规划的快速比对算法[J]. 生物数学学报,2005, 20(2):207-212.
TANG Y R, WANG M H. Fast sequence alignment based on dynamic programming[J]. *J. Biomath.*, 2005, 20(2):207-212. (in Chinese)

作者简介:谢少荣(1972—),女,湖北天门人,博士,副教授,主要研究方向为计算机视觉和智能控制等。E-mail:srxie@263.net