

以基因演算法解算 CSG 模型與影像之最佳套合

林志交¹ 曾義星²

摘要

本文探討如何應用基因演算法(Genetic Algorithms, GA)來進行模型與影像的套合,研究重點在於適應函式(Fitness Function)的設計及收斂結果的評估,期能藉其優異的全域搜尋能力來改善牛頓法需要良好近似值的缺點。方法乃針對欲套合的建物模型,合理地給予各模型參數範圍,根據基因演算法的群族式搜尋概念,將一群初始模型依已知的內、外方位投影至航照像片,利用投影的模型邊緣線與建物影像邊緣線像元間之不符值平方和為最小的目標下設計一套適應函式,並同時考量每條邊緣線環域(Buffer)內的點數及線段長度以評估各模型之適應性,經過一系列再生、交配、與突變的演化過程後,擁有最高適應值的模型即為套合結果。實驗結果顯示基因演算法在本文所採用的適應函式下,確實能廣域搜尋得近似最佳解(Near-optimal Solution)。

關鍵詞：模型式建物萃取、建構實體幾何、模型影像套合、基因演算法

1. 前言

應用模型式建物萃取(Model-based Building Extraction, MBBE)是獲取三維城市資訊最有效的方法之一,在整個模型式建物萃取過程中,發展一套模型與影像的最佳套合演算法為其關鍵。Sester and Förstner[1989]最早提出利用房屋模型與影像套合以求得模型三維資訊。方法為根據模型投影邊緣線與影像中萃取出的房屋邊緣直線的對應關係,利用叢集法則(Clustering Algorithm)將模型參數的穩健估值(Robust Estimation)結果作分類,此理論開啓了模型式建物萃取法的應用領域,然而此方法只能用於單張影像的套合上,且只能求得模型的平移參數,並不適用解算大量的模型參數。

Lowe[1991]以電腦視覺(Computer Vision)的觀點,利用最小二乘法套合模型投影邊緣線與影像的邊緣像元,藉以求得模型姿態參數與影像方位元素,其研究建立了最小二乘模型影像套合法(Least-squares Model-image Fitting, LSMIF)的理論基礎。而 Veldhuis[1998]則以實驗證明 LSMIF 為最嚴謹及精確的套合演算法。然而 LSMIF 裡的觀測函式為非線性,在以牛頓漸進法等傳統最佳化方法疊代求解時,必須給予各模型參數良好的起始值,且演算過程易陷入區域最佳解(Local Optimal Solution),因此應用上相當依賴人工近似套合的結果[林文祺, 2001; 周宏達, 2001]。

基因演算法最初是由 Holland[1975]所提出,之後有許多學者利用它解決工程及數學上的最佳

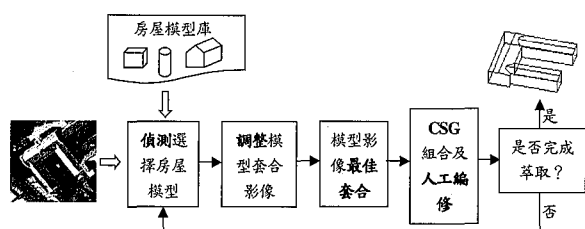
¹ 國立成功大學測量工程學系碩士班研究生

² 國立成功大學測量工程學系副教授



化問題。此法基於自然界物競天擇的概念，將搜尋的參數編碼(Coding)成染色體(Chromosome)，經由模擬生物上基因的再生、交配、與突變來演化出適應值較高的個體(Individual)，以達到最佳化的目標。其特點在於擁有平行搜尋、不需對函數微分、且避免陷入區域最佳解的能力[Goldberg, 1989]。因此本文希望能利用可求取最佳值的利器—基因演算法來改善牛頓漸進法需要良好近似值的缺點。

本研究利用基因演算法實行模型與影像作最佳套合，其乃架構於 Tseng and Wang [2001]的模型式建物萃取法上，如圖一。套合過程先由 CAD 互動式系統求得模型近似參數值，利用此近似值，合理地給予各模型參數範圍。在設定完參數範圍後，尚需訂定各個基因演算機制的內容如：交配方式與交配率、突變率、與取代方式等。藉由所設計的適應函式來判斷各模型的適應值，再經過一系列再生、交配、與突變的演化過程後，擁有最高適應值的模型即為套合結果。本文以矩形和屋脊形基本元件模型來驗證基因演算法套合理論，並將套合結果與傳統航測立體製圖及 LSMIF 法之成果進行比較，以說明本法之實驗精度與可行性。



圖一：模型式建物萃取之作業流程

2. 基因演算法理論

基因演算法乃是遵循自然界生物演化的法則所發展出一種演算方式，其使用時需先決定一些機制：如染色體的基因類型、適應函式、演化終止

規則及基本運算如選擇(Selection)、交配(Crossover)、突變(Mutation)等。以下敘述各個機制的運作原理。

1. 染色體編碼

依據問題最佳解的定義轉成最佳化數學模式的描述後，此數學模式的變數即為基因演算法所搜尋的參數。通常在使用上，是將參數以標準的二進位型式編碼成位元字串(Bit String)，此字串就代表著一個基因組，若是問題有多個參數，所有參數的基因組連結在一起就成爲一條染色體。染色體的編碼並不限於二進位型，其亦有其它編碼方式，包括整數型、符號、及實數型等。

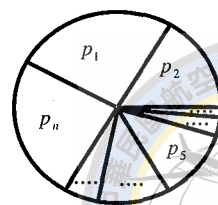
2. 適應函式

以基因演算法解算最佳化問題時，最重要的即是定義問題所需的適應函式，此適應函式依照最佳化目標與參數限制範圍下做適當的定義，在演化過程中，適應函式必須能評估染色體表現的優劣程度，也就是適應值越大的個體，其產生子代的機率越大。

3. 基本運算

a. 選擇：

選擇為基因基本運算中的第一個運算，其乃模擬自然界中「適者生存」的淘汰機制，用意是將具有高適應值的個體保留下來，使其能經由後續的複製、交配、突變等運算的作用；以淘汰較差的個體。一般最常被使用的方法為輪盤選擇法(Roulette Wheel Method)，其概念是將每一個個體被選擇的機率 p_i 依據個體編號在輪盤上劃分出許多扇形區域；如圖二。



圖二：輪盤示意圖

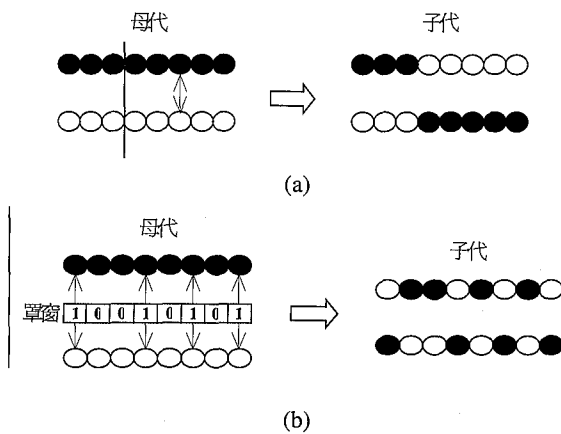
個體適應值越大則所屬的區域面積也越大,經由隨意選擇而成爲下一世代個體的機會也越大,其

$$p_j = \frac{f_j}{\sum_{i=1}^N f_i}, \quad j = 1, 2, \dots, n \quad (1)$$

其中 f_j : 第 j 個個體的適應值; N : 族群大小。

b. 交配 :

交配乃基因演算法中最爲重要的運算,其主要目的就是將兩個親代的染色體做最有利的互換,期望產生適應值更高的子代,然而對應到不同最佳化問題與不同編碼長度,便產生許多不同的交配方式可供利用。單點交配(Single-point Crossover)及均勻交配(Uniform Crossover)爲一般二進位基因運算上常見之交配方式,如圖三所示。

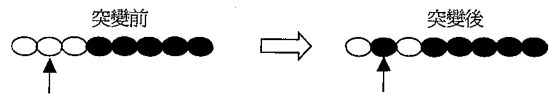


圖三：幾種常見的交配方式示意圖 (a)單點交配 (b)均勻交配

c. 突變 :

經由交配的個體往往只能繼承親代的基因,很容易因爲環境的變化而使得適應能力消失,因此藉由突變的運算可以讓個體有機會得到較優良的基因組,也使得演算過程能避免提早收斂的問題。一般使用的突變方式是對染色體上的每個基因做是否突變的判斷,突變時將此位置的基因由 0 變 1 或是由 1 變 0,如圖四。突變的判斷是以亂數產生器的數值與設定的突變率做比較,若是小於突變率

則做突變的運算。



圖四：突變方式示意圖

4. 控制參數與終止規則

a. 終止規則 :

一般來說,有兩種終止演化的方式,一爲規定演化代數(Generation)的上限,在演化前限制演化的代數,不論演化的情形爲何,在到達演化代數時,即終止演化,所得最佳解即爲演化成果,然而這樣的方式較沒有彈性,而且此上限值並不易制定。另一方式爲設定一個門檻值,以判斷每一代演化後最佳解的適應值是否高於所訂定之適應值門檻,若是高於門檻值則停止演化。雖然此作法較有準則,但在演化過程中可能因爲基因提早收斂而無法達到此門檻值。所以通常將兩者並用於終止規則上,以使基因演算法能在有效時間內結束演化。

b. 族群大小 :

通常以 P_{size} 表示,代表每個世代中的個體數量。在每一世代演化過程中,族群(Population)大小通常是固定不變的,即基因演算法中每一世代所處理的個體數目均爲定值。越大的族群表示要處理越多的可能解答,所花費的時間也越長,而找出全域最佳解的機率也跟著越大,相反的,越小的族群會使解分布的情形較不廣泛,但每一代計算時間則會較快速。因此在選擇族群大小時,必須盡量兼顧到效率與成本,以使演算法本身能更有效用。

c. 交換率 :

通常以 P_c 表示,代表一個族群中,被選擇進行交配的個體與整個族群的比例,也就是說在每一代之中,會有 $P_c * P_{size}$ 個染色體個體經過交配的運算,較高的交換率能使基因演算時較廣泛地搜尋求解空間,以減少搜尋至局部解的機會,但若是交配

率太大，則會使電腦花費太多搜尋時間於不需要的求解空間上，因此適當的決定交換率可使演化結果有較佳的品質。

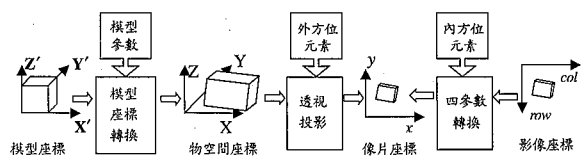
d. 突變率：

通常以 P_m 表示，代表一個族群中，被選擇進行突變的基因個數與整個族群內基因個數的比例，因此在每一代之中，會有 $P_m * P_{size} * \lambda$ (λ ：染色體長度)個基因個數經過突變的運算，而突變是確保求解空間的各點皆有被搜尋的機會。通常突變率是很小的，如果突變率太高，會使基因受到太多的隨機擾動，使子代開始失去與母代的相似性；但過低的突變率則會使基因較難有機會得到優良的個體，而不易找得全域最佳解。

3. 適應函式及參數之設定

3.1 模型定義與坐標轉換

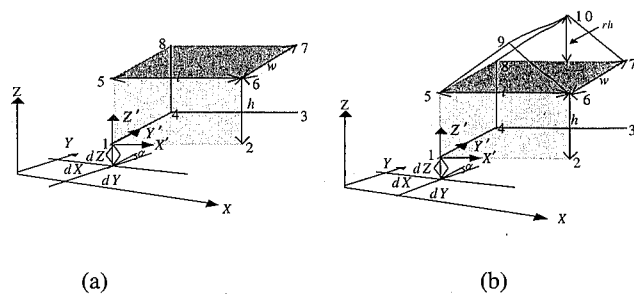
評估模型與影像之套合與否乃依據模型邊緣投影線與影像中房屋邊緣線像元的吻合度。然而需經過一系列的坐標轉換步驟，才能在像片空間中進行套合，所涉及的坐標轉換如圖五所示：



圖五：坐標轉換關係圖

模型或基本元件是建立在模型坐標系統上，當轉換至物空間坐標系時，可以用一組參數表達其間的轉換關係。依參數功能可分為兩類：形狀參數 (Shape Parameters) 如：長 (l)、寬 (w)、高 (h)；與姿態參數 (Pose Parameters)：繞 Z 軸的方位角 (α)、 X 軸位移 (dX)、 Y 軸位移 (dY)、 Z 軸位移 (dZ)，如圖六(a)。不同類的元件可能有不同的形狀參數，

例如屋脊形元件就比矩形元件多了一個參數：屋脊高 (rh)，如圖六(b)。姿態參數則適用於表達元件在物空間的位置與方位，所有元件都使用相同的姿態參數。由於大部分建物在一般情形下並不會出現翻轉或傾斜的現象，因此繞 X 軸與繞 Y 軸的兩個旋轉角可視為零常數而不加入模型參數，然而在特定情況下仍可設定其參數以反映建物現況，例如某些因地震而傾斜的建物，可再加入這兩個旋轉角參數。



圖六：元件模型參數與角點編號示意圖 (a)矩形元件 (b)屋脊形元件

圖六中各模型角點的物空間坐標可以經由模型參數表達，且由於像片外方位為已知，我們可以根據共線式得到各角點的像片坐標，按照角點編號得模型於像片上的線框模型 (Wire-Frame Model)。而邊緣線像元則應用 Förstner[1994]提出的特徵萃取法 (Feature Extraction, FEX) 取得，此乃由於在大部分的建物影像中，FEX 對於邊緣線像元的萃取成果與雜訊排除的效果較其它方法優良。經由已知的像片-影像轉換參數，邊緣線像元即可轉換至像片坐標系中進行與模型邊緣投影線之最佳套合計算。

3.2 適應函式之設計

適應函式之意義就是比對影像萃取出邊緣線像元與模型邊緣投影線的吻合程度，兩者越吻合適應值越高，若適應值達到最高則表示兩者完全相

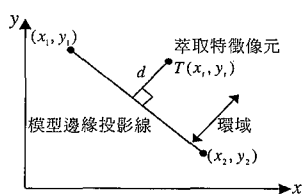
同，也是基因演算法最後期望收斂的值。

3.2.1 最佳化目標

每條線的最佳化目標是以數學式描述模型邊緣投影線與萃取出來的邊緣線像元之差異量，此差異量可用點到直線之垂直距離 d 公式來描述，如圖七及式 2 所示。

$$d = \frac{|(y_1 - y_2)x_i + (x_2 - x_1)y_i + (y_2x_1 - y_1x_2)|}{\sqrt{(x_1 - x_2)^2 + (y_1 - y_2)^2}} \quad (2)$$

式 2 中 (x_1, y_1) 、 (x_2, y_2) 是房屋模型邊緣線角點的像片坐標，圖七中 T 是影像特徵萃取像元， $T(x_i, y_i)$ 是其像片坐標。



圖七：點到直線之垂直距離及環域示意圖

對每個影像上可見的模型邊緣線設定搜尋環域(buffer)，只有在環域內之特徵像元才會納入距離公式 2 計算。本文中，buffer 大小乃取 1 ~ 3.2 pixels 間，相當於像片上 0.025 ~ 0.08 mm，其意義乃是希望將此範圍搜尋到的像元均視為邊緣線像元。

以矩形元件為例，特徵像元與模型邊緣線的垂直距離可視為是七個模型未知參數的非線性函數，如式 3：

$$d_{ij} = F_i(dX, dY, dZ, l, w, h, \alpha) \quad (3)$$

其中 i ：模型線段編號；

j ：線段 i 環域內的像元編號。

特徵像元與模型邊緣線間的距離應為零。藉由調整模型參數使這不符值(d_{ij} 值)之平方和為最小的概念下，則對於每一條邊緣線而言可訂定其最佳化目標如式 4：

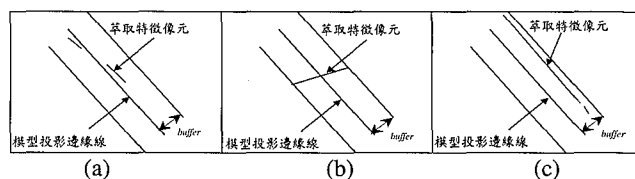
$$\sum_{j=1}^n d_{ij}^2 = \sum [F_i(dX, dY, dZ, l, w, h, \alpha)]^2 \rightarrow \min \quad (4)$$

其中 n ：環域內像元總數。

經由釐定了每一條線段的最佳化目標後，便可以此準則設計每一條線的適應值分數計算方式。

3.2.2 適應函式

基因演算法採取全域搜尋的方式，因此造成了模型投影至影像時會產生多種情況，如圖八所示。在單純採用最小二乘準則時，如果適應函式的定義沒有考慮每條線段環域內的點數，則適應值的分數會因某些情況而過高，如圖八(a)所計算得到的距離平方和將是三者中最小，然而我們真正希望搜尋結果卻是圖八(c)。因此搜尋錯誤的情形將增加而使最佳套合不可行。



圖八：全域搜尋時，模型投影邊緣線與特徵像元之可能關係 (a)只搜尋到雜訊點 (b)投影邊緣線與影像邊緣線交叉 (c)搜尋到影像邊緣線

因此本研究的適應函式在幾經測試後，決定考量每條線環域內的點數、邊緣線段長度、與環域內像元至邊緣線之距離平方和三者的效應[林志交，2002]。以矩形房屋而言，從基因演算族群中得到一組模型參數後，將此參數所表示的模型投影至已知方位的像片並經過自我隱藏線分析，即可以得九條可見線段在像片坐標中的位置以及線段長度 L_i 。利用式 2 得到在 buffer 內每個特徵像元 j 到邊緣線 i 的距離平方值 d_{ij}^2 ，並經由 L_i 計算得到其理想像元數 $n_i^{Max} = \lceil L_i / m \rceil$ (影像像元大小 = $m \times m$ (mm))。由於共軛影像均可加入計算，假如至少有兩張影像，則此模型投影至左右像後，共有 18 條可見線段，我們將這 18 條線一條一條的去計算其分數，先利用線段所有 buffer 像元點的距離平

方和 d_j^2 與其點數 n_i 可以求得每條線段的適應值分數 s_i 如式 5：

$$s_i = 1 - \left(\frac{\sum_{j=1}^{n_i} d_j^2}{n_i} \right) / \text{buffer}^2 \quad (5)$$

所有 buffer 像元點的距離平方和之平均值越低，代表 s_i 越高，其最大值為 1，然後再利用每條線段的 n_i 與 n_i^{Max} ，以判別式 6 來求得每線段加權後的適應值分數 s_i^* 。

$$\begin{cases} s_i^* = s_i \times \frac{n_i}{n_i^{\text{Max}}} \times s_{i_{\text{max}}}, & 3 < n < n_i^{\text{Max}} \\ s_i^* = s_i \times s_{i_{\text{max}}}, & n \geq n_i^{\text{Max}} \\ s_i^* = 0, & n \leq 3 \end{cases} \quad (6)$$

其中 $s_{i_{\text{max}}}$ ： L_i 的參數 ($= L_i / \sum_{i=1}^{18} L_i$)，表示每條線段所能貢獻的最大適應值分數。

將適應函式整理如下：

$$\text{MAX. } F(x) = \sum_{i=1}^{18} s_i^* \quad (7)$$

其中 x ：表示模型參數向量；

Max：表示 18 條線段的適應值分數，越大則越可能是所要搜尋的解答。

3.3 基因演算法於模型與影像

套合之參數設定

3.3.1 模型參數範圍

在此所界定的參數範圍是依近似套合的參數值，加減一固定數值形成一個可能的求解範圍，而近似套合可透過人機互動模式達成。由於參數值有長度及角度單位，在此分別以公尺及角度 (degree) 為單位。根據周宏達[2001]對於十棟建物的套合測試中，近似參數的給予應在 2m 及 2 度的範圍內，本文加大此範圍來測試基因演算的搜尋能力，測試的範圍主要有四個：±3(a 組)、±5(b 組)、±8(c

組)、±10(d 組)。各參數範圍的設定即利用近似套合所得的參數值為中心，前後各加上測試的範圍值即為參數範圍，例如：所得近似的模型方位角參數 $\alpha = 5.5$ 度，則以 d 組設定其參數範圍後為[-4.5, 15.5]。本文所有實例均先以 d 組範圍作測試，如果搜尋結果不理想，就將範圍改成 c 組；以此類推。

3.3.2 基因參數設定

本文採用二進位型編碼方式，在考量計算的精確度下，每個參數之染色體位元數為 8 位元，如圖九所示。為了加速演算法的收斂速度，於演算流程中加入優生學(Elitism)的策略。經測試後，以加入親代前 10% 個體於子代之策略表現最佳，因此本文實驗均採此方式。另外為了加強搜尋過程中所需解組合的變化度與考量適應函式的收斂速度，決採用均勻交配的方式。由於適應值是相對性的指標，不同套合例間難以訂定一個收斂標準，因此本文採用設定最大演化代數的方式來終止演化，根據實驗，此演化代數在所設計的適應函式與參數範圍考量下設定為 200 ~ 1000 代之間。至於其它參數如 P_{size} 、 P_m 與 P_c ，乃根據 Goldberg[1989]所建議的一般使用範圍：[30, 200]、[0.6, 1.0]和[0.001, 0.1]。

10010011 11011011 10100010 10110010 10110111 11110011 01010011
l w h α dX dY dZ

圖九：矩形房屋參數所對應的染色體字串

3.4 遮蔽問題之處理

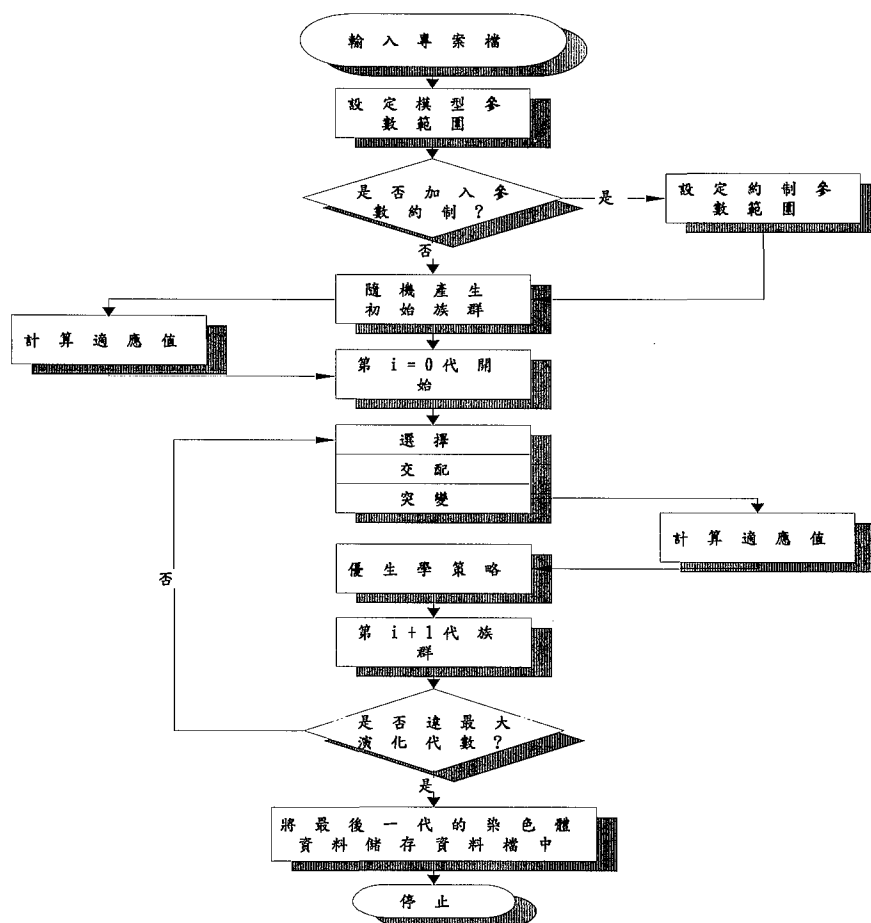
攝影時，由於物體間的遮蔽影響、陰影等因素，將導致建物萃取會有部分參數無法解算或甚至失敗[周宏達，2001]。此時可利用其它方法(如地面觀測)觀測得模型參數值，以輔助設定基因演化時的搜尋範圍，方法為視未知參數觀測量獲得之可能

誤差大小來定義未知數於一極小範圍。本文中，就模型高程與高度參數而言，可能誤差假設為 0.5m。在計算適應值時，每一個經過自我遮蔽分析的投影模型雖然已經排除了自我遮蔽線段的適應值計算，但是真實影像中常常會有被其它物體遮蔽的情形，因此實際上套合時，必須在演化前以人為方式判斷並移除受其它物體遮蔽的線段。使演化時能只以影像上的可見線段來參與適應值計算，如此

呈現的演化成果也較合理與正確。

3.5 套合流程

綜合以上所述，本文採用的演算流程如圖十。在模型與影像套合作業開始前，需將資料如模型近似參數、以及局部邊緣線萃取影像等，整理成專案檔的型式輸入程式中。



圖十：基因演算法應用於模型影像套合之流程圖

4. 實驗成果與分析

本研究採用實驗影像為 1:5000 之航測像片，像片經掃描成像元尺寸為 $25\mu\text{m}$ 的數位影像，每一像元對應於地面尺寸約為 0.125m。涵蓋範圍為台

南市成功大學成功校區周圍約五百公尺區域(共兩條航帶，各航帶為三張像片)。像片左右重疊約為 60%，航帶間重疊則約為 30%。

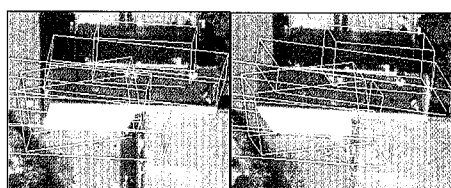


4.1 套合過程之檢視

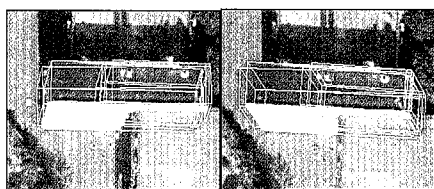
為了評估建物模型與影像套合過程中各模型參數的收斂性，本節以兩個不同類型元件的套合實驗來說明。

1. 建物一 (矩形元件) 套合實驗：

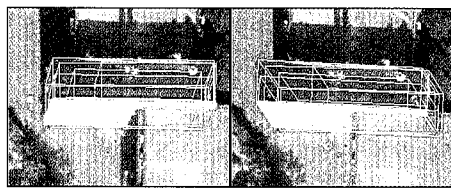
本實驗以模型參數近似值 ± 10 (m or degree) 為演化時之參數範圍。然而套合演算時，由於建物底部無法萃取出較完整的邊緣線像元，使得套合成果不佳。在經由實驗觀察後，將 h 、 dZ 等高度參數給予較小的範圍 (± 5 (m)) 則能使套合成功。圖十一為本模型在 500 代內的演化情形，圖十二則為適應值之收斂曲線。



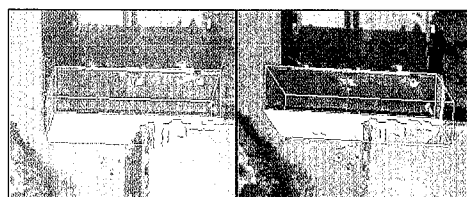
(a)



(b)

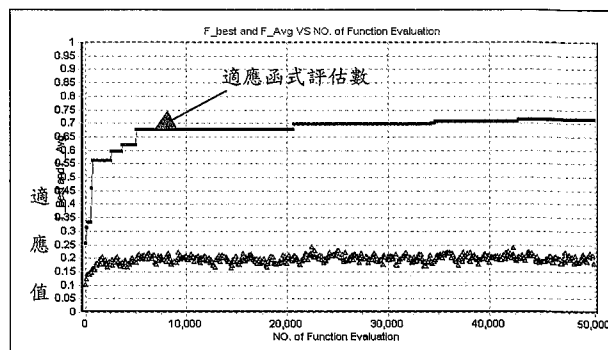


(c)



(d)

圖十一：建物一演化情形(100 個族群大小) (a)第 1 代適應值前 5 名之模型 (b)第 300 代適應值前 5 名之模型 (c)第 500 代適應值前 5 名之模型 (d)500 代時最佳套合結果

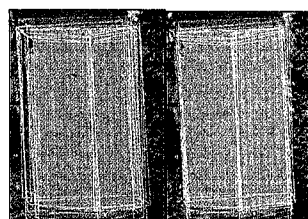


圖十二：建物一之平均適應值與最佳適應值收斂曲線

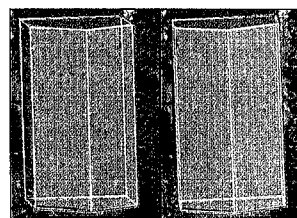
從上兩圖可看出，基因演算法能快速收斂至最佳解附近，但是其局部搜尋能力卻較為不足。約經過 5000 個模型的適應值評估後(圖十二箭頭所指處)，演化的最佳模型已接近收斂的適應值，而之後的適應值增加則非常緩慢。

2. 建物二 (屋脊形元件) 套合實驗：

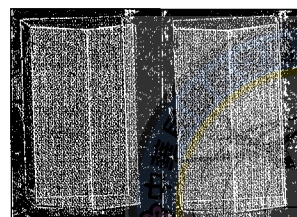
本實驗套合時發現，由於影像上的萃取線段有太多的紋理線段干擾，因此在設定參數範圍時，只有 a 組能成功搜尋至最佳模型參數值。圖十三為 200 代內的演化情形。



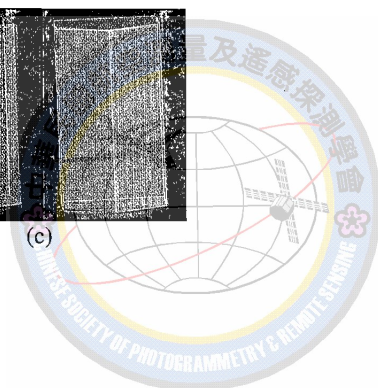
(a)

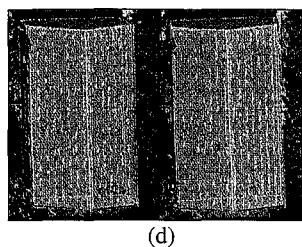


(b)



(c)





(d)

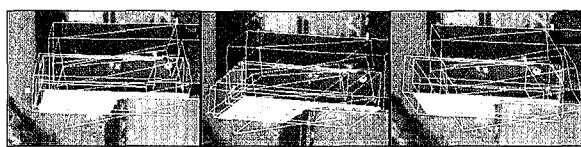
圖十三:建物二之屋脊形元件演化情形(100 個族群大小)

(a)第 1 代適應值前 5 名之模型 (b)第 50 代適應值前 5 名之模型 (c)第 200 代適應值前 5 名之模型 (d)200 代時最佳套合結果

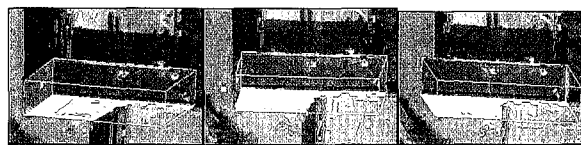
由於本例之參數測試範圍比較小，因此演化開始時，適應值前 5 名之模型已相當靠近最佳套合位置，而在第 50 代時則前 5 名模型只有細微不同，在 200 代時前 5 名模型已完全相同且套合至建物邊緣線像元上。由本實驗也可看出以基因演算法套合時，在局部搜尋上確實需要花費較多之演化代數。

4.2 不同像片數之套合成果

由於重疊像片均可加入適應值分數的計算，也就是說適應值可由更多線段的適應值分數組成。理論上，越多線段則套合之可靠度會越好，為比較以不同像片數實行基因演算套合之做法與成果，本實驗於建物一加入同一航帶之重疊影像以供套合(圖十四最左邊之影像)，其 1000 代的演化過程如圖十四所示。



(a)



(b)

圖十四:(a)第 1 代適應值前 5 名之模型(b)第 1000 代時最佳套合結果

由圖中可看出，模型與影像套合成果相當良好。然而為比對兩張套合和三張套合的結果差異，可利用兩者的屋頂角點坐標以計算其與人工量測結果的差異量，如表一。

表一:建物一以兩張與三張像片套合結果與檢核點之比較

角點編號	X 差值(m)		Y 差值(m)		Z 差值(m)	
	三張套合	兩張套合	三張套合	兩張套合	三張套合	兩張套合
5	-0.0091	0.0693	0.0971	-0.0598	-0.6502	-0.7286
6	0.0734	0.1551	0.1332	0.0125	-0.6462	-0.7246
7	-0.0209	-0.0696	0.0254	0.0737	-0.6662	-0.7446
8	-0.0555	-0.1073	-0.0808	-0.0686	-0.7522	-0.8306
平均	-0.0030	0.0119	0.0437	-0.0105	-0.6787	-0.7571
差值 RMS	0.0474	0.1063	0.0926	0.0589	0.6800	0.7583

在平面坐標上，並不能說明孰優孰劣，這是因為影像上有很多邊緣線段影響套合，使得兩張套合與三張套合之線段可能不同，而人工量測的線段也可能與套合的線段不同，因此此差量可反映三者所對應線段之差異。在高程坐標上，以三張套合之結果較兩張套合更接近人工量測，檢視圖十四後可看出，由於建物側面(箭頭指示處)之線段加入套合計算，使得高程參數的決定更精確。航測像片常有陰影與遮蔽問題，多張重疊像片可提供多種視角，增加建物邊緣線出現的機會。然而應用時，會因適應函式計算量之增加而使演化時間緩慢，且所需代數也可能因為萃取影像的加入而增加。

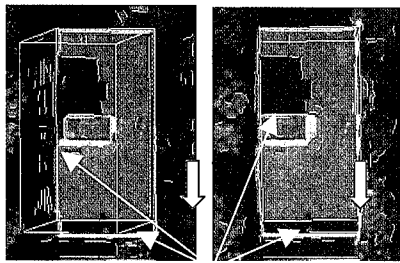
4.3 遮蔽影像之套合分析

本實驗以建物三(矩形元件)為例，各模型參數的測試範圍與近似值如表二，其中 h 與 dZ 參數乃利用模型立體量測所獲之參數值來設定範圍。我們以未移除遮蔽線段與移除遮蔽線段兩種結果來討論，如圖十五。



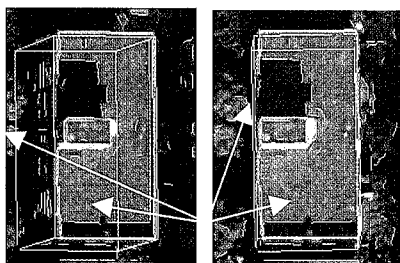
表二：建物三套合實驗之模型參數近似值與測試範圍

參數	模型近似參數	測試的參數範圍(左：下界，右：上界)	
l (m)	11.028	3.0	23.0
w (m)	23.805	13.805	33.805
h (m)	18.000	17.5	18.5
α (deg.)	95.000	85.0	105.0
dX (m)	169558.489	169548.489	169568.489
dY (m)	2543918.817	2543908.817	2543928.817
dZ (m)	21.282	20.5	21.5



(a)

遮蔽線段參與適應值分數計算



(b)

遮蔽線段未參與適應值分數計算

圖十五：最佳套合結果於 (a)未移除遮蔽線段方式 (b) 移除遮蔽線段方式

由於影像上被遮蔽的線段(細箭頭所指處)參與適應值分數之計算，且影像上有一條與建物邊緣線平行之陰影線(粗箭頭所指處)，所以產生套合錯誤之情形(圖十五(a))。圖十五(b)則顯示正確套合結果，因此也驗證了，利用移除線段之方法可使基因演算法在影像遮蔽情況下，仍能正確搜尋得模型參

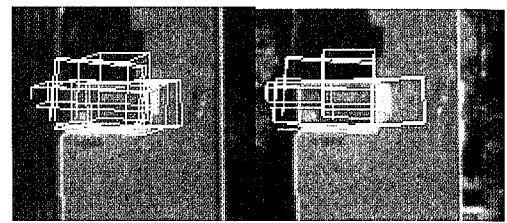
數使模型與影像套合。

4.4 套合實例

為了證明本方法之適用性，我們再對其餘建物作套合實例。

1. 建物四 (矩形元件) 套合實驗：

圖十六為建物四模型與影像套合的演化情形。



(a)



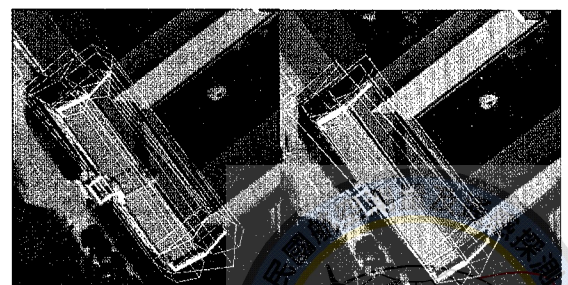
(b)

圖十六：建物四之演化情形 (a)第 1 代適應值前 5 名之模型 (b)200 代時最佳套合結果

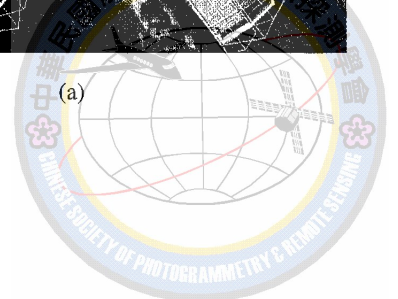
本建物為一較小之模型，且與建物三位於同一局部影像內，因此在套合時必須注意參數範圍之設定，在幾經測試後，只能於 a 組範圍得到較佳之套合結果，由圖中可看出其尚有不錯之套合結果。

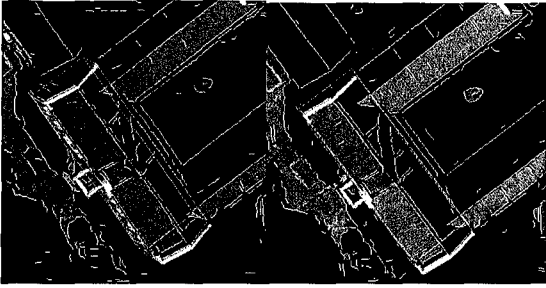
2. 建物五 (屋脊形元件) 套合實驗：

圖十七為建物五模型與影像套合的演化情形。此模型套合至影像上之情況還算良好。



(a)



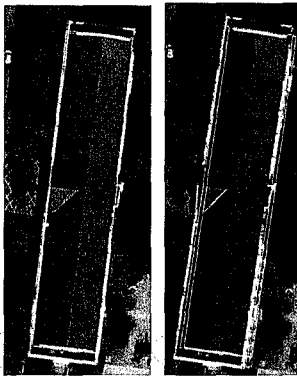


(b)

圖十七：建物五之演化情形 (a)第 1 代適應值前 5 名之模型(b)400 代時最佳套合結果

3. 建物六 (矩形元件) 套合實驗：

本例經過四個參數範圍的測試後，結果並不甚理想。此乃由於影像內有兩個元件存在，因此另一元件萃取出的邊緣線段(如圖十八標示處)將干擾搜尋而使套合錯誤，如圖十八。我們可看出，模型邊緣線套合到另一個建物上，因此造成模型參數不正確，且由於兩個建物的邊緣線相當接近，即使以 a 組為測試範圍仍無法正確搜尋至所需的模型參數。



圖十八：建物六於 300 代後最佳套合結果

4.5 精度分析

本節對以上所套合之實例做一分析如下：

利用人工量測屋角點以算出本法與 LSMIF 法所得房屋角點之差異量比較，比較成果如表三。

由表中可看出，基因演算法的精度比得上 LSMIF 法，然而其比 LSMIF 法更仰賴良好之萃取線段。值得強調的是，空間中建物的邊緣線段很多，有時候很難確定哪一條線段才是正確的邊緣線，以上表格的差值乃參照人工量測之結果，而人工量測屋角點時，所量測的位置因人而異，且不一定符合邊緣線萃取的成果，然而從大部分差值看來，本文所提方法確實可應用於模型與影像之最佳套合，唯使用時，必須仔細考量每個基因機制與參數設定是否適合於模型-影像之套合計算環境，若能對此再詳加研究，可使基因演算之套合過程更加有效、精確、以及強健。

5. 結論與建議

本文嘗試利用基因演算法，改進以往運用傳統最佳化方法需要良好起始值的缺點，利用設計的適應函式，能確實評估演化族群中每一個模型的適應能力，藉以求得最佳的模型參數。使用基因演算法不需給予起始值且不需對非線性式子做偏微分，因此計算上較簡單，然而卻不像最小二乘法一樣有嚴

表三：基因演算法與最小二乘法之房屋角點差異量(與人工量測角點之差)比較

建物編號	角點編號	X 差值(m)			Y 差值(m)			Z 差值(m)		
		LSMIF	GA	LSMIF-GA	LSMIF	GA	LSMIF-GA	LSMIF	GA	LSMIF-GA
一	平均	0.2032	0.0119	-0.1913	-0.0495	-0.0105	0.0389	-1.0275	-0.7571	0.2704
	差值 RMS	0.2517	0.1063	0.2365	0.1492	0.0589	0.1325	1.0284	0.7583	0.2704
二	平均	0.2440	-0.148	-0.3920	0.3085	-0.0472	-0.3556	0.3562	-0.8142	-1.1704
	差值 RMS	0.5903	0.7107	0.4354	0.6551	0.6899	0.4615	0.3826	0.8261	1.1704
三	平均	0.2305	0.3624	0.1319	-0.0085	-0.1073	-0.098	-0.3300	-0.6	-0.2700
	差值 RMS	0.2379	0.4335	0.2227	0.1223	0.3654	0.2492	0.3391	0.6051	0.2700
五	平均	0.4050	0.3198	-0.0852	0.3010	0.1239	-0.1771	-0.4525	1.7214	2.1739
	差值 RMS	0.4687	0.5686	0.2491	0.3631	0.4085	0.2569	0.4574	1.7227	2.1739

謹的收斂準則與精度評估公式，只能仰賴適應函式所提供的資訊來反應解的好壞。

由於女兒牆、陰影線、以及萃取不全的線段所影響，因而容易造成套合線段錯誤。而建物底部或一邊被遮蔽的情形，在航空影像上非常多見，因此處理建物遮蔽的情形為必須面對的問題，基因演算法利用其它方式獲取的觀測量來對參數加以約制，然而不像最小二乘套合法有嚴謹的加權平差公式，本文以一小範圍來限制這些參數的搜尋空間，並利用人工移除被它物遮蔽的線段之方式來使適應值計算不會受到非建物萃取線段的影響而造成錯誤。此為目前以基因演算法作模型與影像套合的一個瓶頸，未來期能以更有效的方式解決此問題。

基因演算法能在短時間內廣域的搜尋至最佳解附近，然而其局部的搜尋能力卻較差，常常演化許多代，仍在最佳解附近徘徊，因此其局部搜尋能力有待改善，關於改善基因演算法效率的方式已有許多文獻探討，然而本文並不作此討論。且其所需的計算時間過長、不易掌控為其主要缺點。然而拜電腦科技的進步，將可大幅縮短計算分析所需之時間，在解答的呈現上則可應用視覺化程式系統的輔助，將使得使用上更加人性化與便利。

致 謝

本研究承蒙行政院國家科學委員會研究計畫 (NSC 90-2211-E-006-103 及 NSC 91-2211-E-006-092) 支持得以順利完成，謹申謝忱。

參考文獻

邱式鴻，1996。Förstner 特徵物萃取法精確性的探討，第十五屆測量學術及應用研討會論文集，

台北市，第 667-676 頁。

林文棋，2001。半自動化建物萃取之建物模型建置與操作，國立成功大學測量工程學系碩士論文。

林志交，2002。基因演算法於模型影像套合計算之應用，國立成功大學測量工程學系碩士論文。

周宏達，2001。以最小二乘法進行參數式模型與影像之最佳套合，國立成功大學測量工程學系碩士論文。

Förstner, W., 1994. A Framework for Low Level Feature Extraction, Computer Vision-ECCV '94, Vol. 2, Springer-Verlag, pp. 383-394.

Goldberg, D. E., 1989. Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning, Addison-Wesley Pub. Com. Inc., USA.

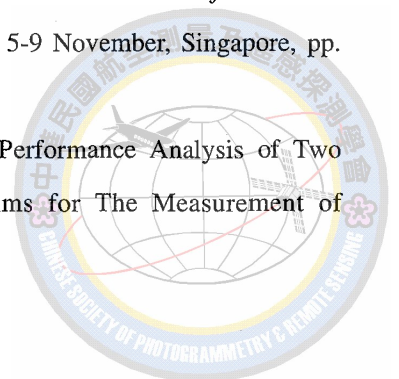
Holland, J. H., 1975. Adaptation in Natural and Artificial Systems, Ann Arbor: The University of Michigan Press.

Lowe, D.G., 1991. Fitting Parameterized Three-Dimensional Models to Images, IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence, 13(5), pp. 441-450.

Sester, M. and Förstner, W., 1989. Object Location Based on Uncertain Models, Mustererkennung 1989, Informatik Fachberichte 219, Springer-Verlag, pp. 457-464.

Tseng, Y. H. and Wang, S., 2001. Experiments on CSG Model-based Building Extraction from Aerial Images, 22nd Asian Conference on Remote Sensing, 5-9 November, Singapore, pp. 1091-1096.

Veldhuis, H., 1998. Performance Analysis of Two Fitting Algorithms for The Measurement of



Parameterized Objects, IAPRS Commission 3,

Working Group 4, vol. 32, pp. 400-407.



CSG Model-image Fitting Using Genetic Algorithms

Chih-Chiao Lin¹ Yi-Hsing Tseng²

ABSTRACT

The previously proposed Least-squares Model-image Fitting (LSMIF) algorithm for Model-based building extraction (MBBE) is an iterative solution using Newton's method, which needs good initial approximations of the unknown parameters. This thesis, therefore, tailored a Genetic Algorithms (GA) to be a new model-image fitting method for MBBE, which does not need good approximations. We focus on the design of fitness function and the assessment of fitting results. In the approach, the initial population is generated randomly in the predefined parameter domain. Consequently, this population of primitives are transformed to object coordinate system with pose and shape parameters and projected to photo coordinate system with the known exterior orientation parameters. We propose a fitness function, which take the number of edge pixels in the buffer, the length of projected edge line into consideration as well as the sum of the perpendicular distances from the edge pixels to the projected edge lines. After a series of reproduction, crossover, and mutation operators, the solution is found by keeping the evolved model with highest fitness value in each generation. Our experiments show that GA can correctly and globally find the near-optimal solution.

Key Words : Model-based Building Extraction, Constructive Solid Geometry, Model-image Fitting, Genetic Algorithms.

¹ Master, Department of Surveying Engineering, National Cheng Kung University

² Associate Professor, Department of Surveying Engineering, National Cheng Kung University

