

## 基于免疫克隆选择的块匹配运动估计\*

刘芳<sup>1+</sup>, 潘晓英<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>(西安电子科技大学 计算机学院, 陕西 西安 710071)

<sup>2</sup>(西安电子科技大学 智能信息处理研究所, 陕西 西安 710071)

### Block Motion Estimation Based on Immune Clonal Selection

LIU Fang<sup>1+</sup>, PAN Xiao-Ying<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>(School of Computer Science and Engineering, Xidian University, Xi'an 710071, China)

<sup>2</sup>(Institute of Intelligent Information Processing, Xidian University, Xi'an 710071, China)

+ Corresponding author: Phn: +86-29-88203529, Fax: +86-29-88201023, E-mail: f63liu@163.com, <http://www.xidian.edu.cn>

Liu F, Pan XY. Block motion estimation based on immune clonal selection. *Journal of Software*, 2007,18(4): 850-860. <http://www.jos.org.cn/1000-9825/18/850.htm>

**Abstract:** Motion estimation is a key technique in video compress and coding. Based on the analysis of the character of motion vector, a novel block motion estimation based on immune clonal selection (BMEICS) is proposed in this paper with some strategies like prediction of initial search point, Gray encoding and effective stop criteria. BMEICS synthesizes the character of block motion estimation and that of global search, diversity, and no prone to premature in immune clonal selection. It speeds up the process of motion estimation while maintaining the average with little loss. Experimental results show that BMEICS obtains almost the same as the full search algorithm with fewer search points, and outperforms the existing fast block-matching algorithms for most sequences in terms of speed and quality. Furthermore, BMEICS is applicable to all types of video sequences in spite of the degree of motion.

**Key words:** motion estimation; block-matching; immune clonal selection; sum of absolute difference; search window

**摘要:** 运动估计是视频压缩编码中的关键技术.从运动矢量的特点出发,采用搜索点预测、Gray 码编码以及有效的迭代终止准则等策略,提出了基于免疫克隆选择的块匹配运动估计.该方法将块匹配运动估计问题的性质与免疫克隆选择算法所具有的全局搜索特性、解的多样性和不易早熟的特点相融合,在能够获得接近全搜索方法所得到的平均峰值信噪比的前提下,使得平均搜索点数大为降低.仿真实验结果表明,在大多数序列上,该算法都比已有的快速搜索算法具有更高的性能和更少的平均搜索点数.同时,该算法适用面广,对大运动和小运动序列都能得到较好的效果.

---

\* Supported by the National Natural Science Foundation of China under Grant Nos.60133010, 60372045 (国家自然科学基金); the Defense Pre-Research Project of the 'Ninth Five-Year-Plan' of China under Grant No.51406020104DZ0124 (国家“九五”国防预研基金); the Key Science-Technology Project of Higher Education of China under Grant No.0202A022 (国家教育部重点项目); the National Research Foundation for the Doctoral Program of Higher Education of China under Grant No.20030701013 (国家教育部博士点基金)

Received 2005-07-23; Accepted 2006-04-03

关键词: 运动估计;块匹配;免疫克隆选择;绝对误差和准则;搜索窗

中图分类号: TP18 文献标识码: A

运动估计是视频压缩编码中的关键技术.通常在一个压缩编码方案中,运动估计占总计算量的 60%~80%.因此,寻找一种简便、快速、高效的运动估计算法已成为视频编码领域的一个研究热点.目前,已经出现了很多运动估计算法,如块匹配法、小波变换法、基于模型的运动估计法等等.其中:基于块匹配的运动估计(motion estimation,简称 ME)因具有简单、实用的特点而得到广泛的应用,并且被大多数视频编码标准所采纳,例如 MPEG-1,MPEG-4,ITU-T,H.261,H.263 以及 H.264<sup>[1]</sup>等.实际传输的数据不是压缩了的像素数据,而仅仅是传输运动矢量和预测误差,这样可以极大地降低实际传输的比特数.

## 1 块匹配运动估计

在块匹配算法(block-matching algorithm,简称 BMA)<sup>[2]</sup>中,首先将图像分割成  $N \times N$  的宏块 MB(macro block),假设块内像素作相同的运动,且只作平移运动,然后用当前图像  $x$  的每一宏块 MB 在下一帧  $x+1$  的一定范围内搜索最优匹配.宏块的运动矢量  $mv$  定义为该宏块从帧  $x$  到帧  $x+1$  的位移.它是一个二维矢量,分别表示宏块的水平 and 垂直位移.同时,该位移的大小即可说明宏块运动的剧烈程度.图 1 为块匹配运动估计示意图.

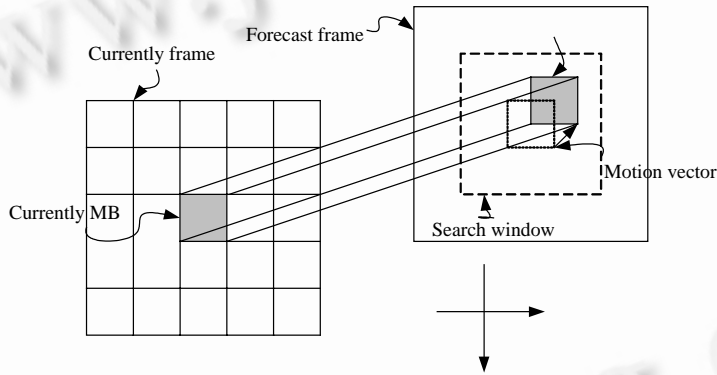


Fig.1 Diagram of block matching motion estimation

图 1 块匹配运动估计示意图

块匹配方法的实现效果取决于 3 个因素:搜索范围、匹配准则和搜索模式.搜索范围可以根据运动的剧烈程度进行调整以获得精确的匹配,在各种视频编码标准中一般取  $15 \times 15$  的搜索窗;匹配准则是决定搜索精度的重要因素,最常用的运动矢量块匹配准则有均方误差准则(mean of the square error,简称 MSE)、绝对帧间差平均准则(mean of the absolute frame difference,简称 MAD)、绝对帧间误差平均准则(mean of the absolute frame error,简称 MAE)或绝对误差和准则(sum of absolute difference,简称 SAD)等.其中,由于 SAD 没有乘法运算,计算复杂度较小,得到了普遍应用.其数学表达式定义如下:

$$SAD(x_i, y_i) = \sum_{m=1}^M \sum_{n=1}^N |f_k(m, n) - f_{k-1}(m + x_i, n + y_i)| \quad (1)$$

其中:  $(x_i, y_i)$  为位移矢量;  $f_k$  和  $f_{k-1}$  分别为当前帧在  $(m, n)$  处和预测帧在  $(m + x_i, n + y_i)$  处的灰度值;  $M$  和  $N$  为宏块的宽和高.若在某一个点  $(x_i, y_i)$  处  $SAD(x_i, y_i)$  达到最小值,则该点为最佳匹配点.

不同的块匹配算法有着不同的搜索模式,简单而且可靠的搜索算法是全搜索法(full search,简称 FS),它对搜索范围内的每一个像素点进行匹配运算,以得到一个最优的运动矢量 MV(motion vector).但 FS 运算量太大,实时性不好.后来,人们提出了许多快速搜索算法,这些算法大体上可以分为以下几类:第 1 类是采用均匀分布点模式的搜索算法,比较有代表性的有 3 步法(TSS)和交叉法(CS)等.这类运动估计算法的初始步长太大,当搜索中心不是最优点时,有可能使搜索跳出较可能的区域而去搜索距离较远的点,导致搜索方向的不确定,有可能搜索到

局部最优值,同时,在对小运动进行估计时,效率较低;为了克服此类算法的缺点,第 2 类算法利用了运动矢量具有的中心偏移特性.典型的算法有 4 步法(FSS)和菱形法(diamond search,简称 DS)等.此类算法着眼于提高小运动估计的性能,进一步减少运动搜索的复杂度,减少陷入局部最优的可能性,但在估计大运动时误差仍然较大;第 3 类算法利用运动矢量的空间相关性,一种典型的算法是预测菱形搜索法(PDS).该类算法旨在选择一个反映当前块运动趋势的预测点作为初始搜索点,以进一步提高搜索速度和结果的准确性.

在以上各类算法的基础上,近年来,研究者对其进行了大量的研究,并取得了许多卓有成效的成果,例如六边形搜索法(hexagon-based search,简称 HEXBS)<sup>[3]</sup>、新交叉菱形搜索法(new cross-diamond search,简称 NCDS)<sup>[4]</sup>、方向菱形搜索法(directional diamond search,简称 DDS)<sup>[5]</sup>、增强六边形搜索法(enhanced hexagon search,简称 EHS)<sup>[6]</sup>和交叉菱形六边形搜索法(cross-diamond-hexagon search,简称 CDHS)<sup>[7]</sup>等.这些算法大多都是在综合各类基本算法优点的基础上对菱形搜索法(DS)的改进,在保证一定搜索精度的情况下减少了搜索点数.另外,还有一些将运动矢量时空特性以及搜索模式相结合的研究,例如文献[8,9]等,都取得了一定的效果.但是,无一例外地,这些改进的快速算法都是基于单峰误差曲面假设(unimodal error surface assumption,简称 UESA)而提出来的,即假设匹配误差随着离全局误差最小点的距离的增加而单调增加,但这样的假设在现实的视频序列中通常并不成立.因此,这种特定的搜索模式导致了目前的快速块匹配方法容易陷入局部极小值,尤其是在较复杂的运动情况下.

本文在研究各种快速块匹配运动估计算法的基础上提出了一种新的基于免疫克隆选择的块匹配运动估计算法.该算法以视频运动具有高度时空相关性为基础,综合了现有块匹配算法的各种优点,并将免疫克隆选择算法所具有的全局搜索特性、解的多样性和不易早熟的特点与运动矢量的性质相融合,同时采取有效的迭代终止准则,可在保证其估计精度接近全搜索的前提下,大幅度减少其平均搜索点数.

## 2 免疫克隆选择机理和算法

人工智能(artificial intelligence)自 1956 年作为一门单独的学科问世以来,已经取得了许多重要成果,如神经网络、进化计算等.人工免疫系统是受免疫学启发,模拟免疫学功能、原理和模型来解决复杂问题的自适应系统.它借鉴脊椎动物免疫系统的作用机理,特别是高级脊椎动物(主要是人)免疫系统的信息处理模式,为问题的求解提供新颖的方法.1958 年,Burnet 等人提出了著名的抗体克隆选择学说,其中心思想为:抗体是天然产物,以受体的形式存在于细胞表面,抗原可与之选择性地反应.当抗原侵入机体时,相应的抗体与其反应,使免疫细胞分化和增殖,形成免疫细胞克隆.其中,一些细胞克隆分化为抗体生成细胞,进行一次免疫应答以最终清除抗原,而另一些将成为记忆细胞以准备二次免疫应答.在这一过程中,克隆的父代与子代间只有信息的简单复制,而没有不同信息的交流,无法促使抗体种群进化.为了在人工智能中借鉴这一机理,焦李成<sup>[10]</sup>等人构造了适用于人工智能的克隆算子,如免疫算子、记忆算子及遗忘算子等,提出一类新的智能算法.

其中,免疫克隆选择算法<sup>[11]</sup>是依靠编码来实现与问题本身无关的搜索,并表现出更好的解决问题的潜力.在免疫克隆选择算法中,克隆的实质是在进化过程中,在每一代候选解的附近,根据亲合度的大小进行克隆,产生一个变异解的群体,从而扩大了搜索范围(即增加了抗体的多样性);同时实现全局搜索和局部搜索,有助于防止进化早熟和搜索陷于局部极小值;另外,通过克隆选择来加快收敛速度.进一步可以认为:克隆是将一个低维空间( $n$  维)的问题转化到更高维( $N$  维)的空间中解决,然后将结果投影到低维空间( $n$  维)中,从而获得对问题更全面的认识.免疫克隆选择算法的操作过程如下所示:

$$A(k) \xrightarrow{\text{clonw}} A'(k) \xrightarrow{\text{immune genic operation}} A''(k) \xrightarrow{\text{selection}} A(k+1) \quad (2)$$

## 3 基于免疫克隆选择的快速块匹配方法

### 3.1 运动矢量分布特性及预测

对于一般的视频序列,由统计结果可以发现:宏块中的运动矢量具有中心偏移性,即大多集中于搜索窗口的中心附近.在视频序列中,静止和小运动块的数量很多,运动矢量的这种性质如图 2 所示.其中:图 2(a)、图 2(b)分

别为序列中相邻的两帧图像;图 2(c)为图 2(a)中各宏块的运动矢量示意图,图中的箭头代表块的位移方向,箭头的长短为各块位移的相对大小,坐标值为各块的位置;图 2(d)为运动矢量大小的统计结果,从图 2(d)中可以看出:该帧图像中大部分块的运动矢量都很小,且均集中在搜索窗中心的附近.另外,在搜索窗中心附近的某个点处形成了一些较小的峰值,分析原图像序列即可发现,这是由于序列中人物的嘴巴运动而产生的.也就是说,在大多数情况下,当前宏块的运动矢量与其相邻宏块的运动矢量有着相近的大小和方向,即运动矢量存在着很强的空间相关性.

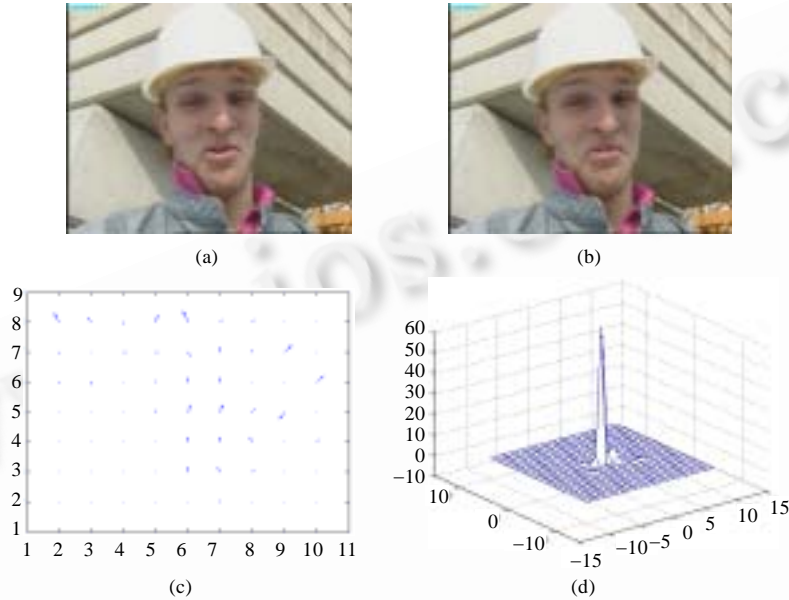


Fig.2 Distribution diagram of motion vector

图 2 运动矢量分布性质示意图

文献[9]中指出,运动矢量除了具有这种空间相关性之外,还存在时间相关性.因此,选取预测运动矢量的一种方法为:采取当前宏块的左边、上边、右上边的块以及前一帧中与当前宏块位置相同宏块的运动矢量平均值(以四舍五入取整)作为预测运动矢量,如图 3 所示. $MV$  为当前宏块的预测运动矢量, $MV_1, MV_2$  和  $MV_3$  分别是其左边、上边和右上边宏块的运动矢量,前一帧中同位置宏块的运动矢量以  $MV_4$  表示.图 3(a)~图 3(d)分别为当前宏块处于图像边缘时, $MV_1, MV_2$  和  $MV_3$  的取值情况;图 3(e)为图像内部块各  $MV_i$  的取值;图 3(f)为  $MV_4$  的取值.

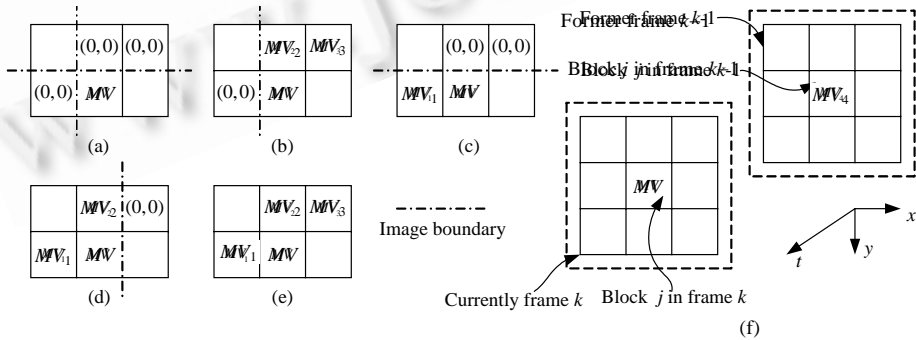


Fig.3 Motion vector prediction

图 3 运动矢量预测

### 3.2 算法策略分析

在本文提出的块匹配方法中,我们设定宏块大小为  $16 \times 16$ ,搜索窗为  $15 \times 15$ .匹配准则采用绝对误差和,匹配条件为  $SAD(x_i, y_i) \leq \epsilon$ ,  $\epsilon$  是预先指定的参数,由要求的精度和先验经验决定.本文根据块匹配这个具体问题,并根据人工免疫系统中的相关定义,将抗原对应于块匹配问题的匹配函数  $SAD(x_i, y_i)$  和一些约束条件、抗体对应优化运动矢量、抗原和抗体之间的亲合度是该运动矢量与函数  $SAD(x_i, y_i)$  的匹配程度.同时,定义搜索窗中心为坐标原点,中心以右为  $x$  轴正向,中心以下为  $y$  轴正向建立坐标系.

#### 3.2.1 初始抗体个数和位置的选择

算法中的抗体对应宏块的运动矢量,即搜索点相对搜索窗中心的坐标.在免疫克隆选择算法中,一般采用初始抗体随机产生,但在块匹配估计这个具体问题中,可根据运动矢量的性质来选择初始抗体,以提高结果的精确度以及收敛速度.根据运动矢量所具有的中心偏移性和时空相关性,选定预测运动矢量及周围的 8 个点作为初始抗体.如图 4 所示,空心小圆点代表所选定的初始抗体(边上的数字代表搜索次序),左图为预测运动矢量为  $(0,0)$  的情况,右图为运动矢量  $MV$  不为 0 的情况(图中的例子  $MV=(3,-1)$ ).

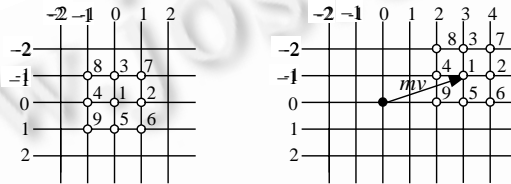


Fig.4 Initial antibodies position distribution

图 4 初始抗体位置分布

#### 3.2.2 抗体编码

采用对搜索窗内的点  $(x, y)$  相对于搜索窗中心的位移进行编码,而不是根据实际位置进行编码.编码方式采用 Gray 码,此种码相邻的码字只有 1 位不同,在变异操作中容易移到相邻位置,这样找到的匹配点坐标可以直接作为运动矢量.单个坐标编码长度为  $\lceil \log_2 W+1 \rceil = 4$ ,总的编码长度为  $L=8$ .所以抗体  $C_i$  为

$$(x_i, y_i) \xrightarrow{\text{encode}} t_{i,3}, t_{i,2}, t_{i,1}, t_{i,0}, g_{i,3}, g_{i,2}, g_{i,1}, g_{i,0} \quad (3)$$

其中:  $t_{i,j} = \text{Gray}_j^i(x_i - x_0)$ ,  $g_{i,j} = \text{Gray}_j^i(y_i - y_0)$ ;  $(x_0, y_0)$  为搜索窗中心点坐标;  $t_{i,3}, g_{i,3}$  是符号位.

#### 3.2.3 亲合度函数

亲合度函数用于对各个抗体的优劣程度进行评估,可采用与绝对误差和相关的函数作为亲合度函数,保证误差越小的抗体亲合度值相应越高.抗体  $C_i = \{x_i, y_i\}$  与抗原之间的亲合度函数可取

$$F(C_i) = \frac{1}{1 + \sum_{m=1}^M \sum_{n=1}^N |f_k(m, n) - f_{k-1}(m + x_i, n + y_i)|} \quad (4)$$

#### 3.2.4 克隆操作

对选定的  $k$  个抗体  $C_j$  进行克隆操作  $T_c^C$ .

$$T_c^C(C_j) = C_j \Theta I_j, \quad j = 1, 2, \dots, k \quad (5)$$

其中,  $I_j$  为  $q_j$  维全 1 行向量.

$$q_j = \text{Int} \left[ Nc \times \frac{F(C_j)}{\sum_{s=1}^k F(C_s)} \right]$$

其中:  $\text{Int}[\ ]$  为上取整函数;  $Nc$  为克隆规模.

### 3.2.5 免疫基因操作

免疫基因操作主要包括交叉和变异,本文采取仅包含变异操作的单克隆选择算法.在 BMA 问题中,抗体是由两个坐标上的编码组合而成的,截取几位进行交叉并没有实际意义;而变异是针对位进行的,对  $x,y$  坐标来说是相互独立的.另外,最优匹配点一般位于亲合度高的点的周围,对位进行变异有利于快速找到最优解.鉴于我们采用的编码方式为 Gray 码编码,而 Gray 码的特点是相邻数之间只有一位不同,因此,本文的变异操作具体为以一定的概率  $p_m$  选择一个抗体,且随机地对其中的某一位进行变异.

### 3.2.6 克隆选择操作

在对抗体进行克隆以及变异操作之后,需要选择抗体进入下一代.设原抗体为  $A_i(k),B_i(k)$ 为对应的  $A_i(k)$ 经过克隆、变异操作后亲合度最大的抗体,则有

$$p_k(A_i(k+1) = B_i(k)) = \begin{cases} 1, & F(A_i(k)) < F(B_i(k)) \\ \exp\left(-\frac{F(A_i(k)) - F(B_i(k))}{\alpha}\right), & F(A_i(k)) \geq F(B_i(k)) \text{ 且 } A_i(k) \text{ 不是目前种群的最优抗体} \\ 0, & F(A_i(k)) \geq F(B_i(k)) \text{ 且 } A_i(k) \text{ 是目前种群的最优抗体} \end{cases} \quad (6)$$

$\alpha > 0$  是一个与抗体种群多样性有关的值.一般地,多样性越好,  $\alpha$  取值越大;反之则越小.

### 3.2.7 迭代结束条件和追加搜索

为了减少迭代次数,同时充分利用 BMA 的局部搜索特性,迭代结束条件可根据如下原则来确定:a) 迭代次数达到最大值:在 BMEICS 中,我们取迭代次数最大值为  $I_m=4$ ,这是根据块匹配具体问题通过实验所取得的一个经验值.当迭代达到此值时,可取此代中的最优解作为最终结果;b) 若某代中含有抗体满足匹配条件,则结束迭代.迭代次数对结果的影响如图 5 所示.

图 5 是采用测试序列 Football 和 Mother and daughter 来进行迭代次数实验的结果,这两个序列分别为包含剧烈运动以及微小运动的典型序列,比较有代表性.可以看到:在进行 4 次迭代之后,峰值信噪比(peak signal noise ratio,简称 PSNR)的变化将趋于缓和,虽然会有很小幅度的增加,但变化不大.同时,随着迭代次数的增大,搜索点数则趋于线性增加.因此在 BMEICS 中,我们取迭代次数的最大值为 4.

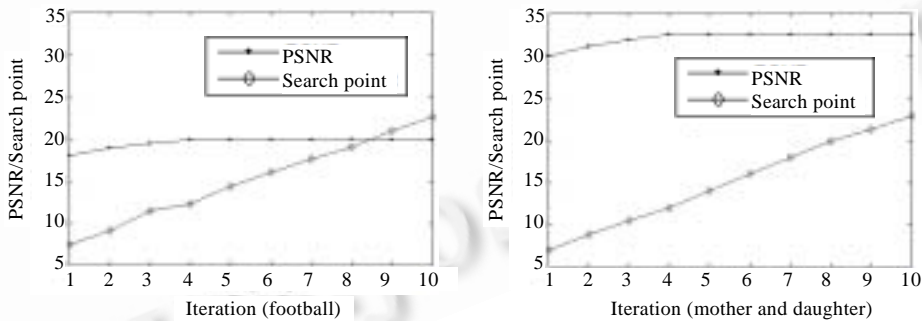


Fig.5 The relation between iteration times and results in BMA

图 5 BMA 问题中搜索算法迭代次数对结果的影响

在 BMA 问题中,考虑到图像数据的空间联系性,可加入追加搜索:搜索每一代中的最优解周围的 8 个点,计算  $SAD(x_i,y_i)$ ,如果有满足匹配条件的点,则搜索结束;否则,进行新一轮的迭代.在本文的算法中,只要满足(a)和(b)条件中的任意一个,则认为满足终止条件,迭代结束.

## 3.3 基于免疫克隆选择的块匹配运动估计

根据以上分析,本文算法具体步骤如下:

Step 1. 确定预测运动矢量  $W_i$ .

Step 2.  $I=0$ ,确定  $W_i$  中心及周围的 8 个点作为初始抗体,按照图 4 中抗体所标点的顺序,并根据式(4)计算抗体  $C_i$  的亲合度  $F(C_i)$ ,同时判断是否满足匹配准则: $F(C_i) \geq 1/1+\epsilon$ ,若满足,则 goto Step 6,else goto Step 3.



Step 3. 将抗体  $C_i$  根据式(3)进行编码.

Step 4. 选择亲合度高的  $k$  个抗体分别进行如下操作.

Step 4.1. 克隆操作.对选定的  $k$  个抗体根据式(5)分别进行克隆操作.

Step 4.2. 免疫基因操作.对生成的抗体分别以不同的概率进行变异.

Step 4.3. 克隆选择操作.根据式(6)的原则进行克隆选择操作,得到新抗体群.

Step 4.4. 对新抗体群中的抗体  $C_i$  根据式(4)计算亲合度  $F(C_i)$ ,并判断是否满足匹配准则: $F(C_i) \geq 1/1+\epsilon$ ,若满足,则 goto Step 6,else goto Step 5.

Step 5.  $I=I+1$ ;若  $I \leq I_m$ , goto Step 3;else goto Step 6.

Step 6. 结束.当前最优抗体所对应的点即为最佳匹配点,得到该宏块的运动矢量.

## 4 实验结果及分析

### 4.1 算法时间复杂度及参数选择分析

在仿真实验中,为避免大量的乘法运算,选用绝对误差和 SAD 匹配准则,计算一次 SAD 意味着 256 次减法运算、256 次取绝对值运算以及 256 次加法运算,记其计算量为  $p$ .计算一次预测运动矢量  $MV_i$  需要 4 次加法运算和 1 次除法运算,其计算量仅约为  $0.006p$ .亲合度值  $F(C_i)$  的计算是在 SAD 的基础上增加 1 次加法和 1 次除法,其影响可忽略不计.因此在 BMEICS 中,可用计算运动矢量所需的平均搜索点数来反映算法的时间复杂度.

本文在块匹配运动估计搜索模式中引入了克隆选择算法,取得了较好的效果.但克隆选择算法中的种群规模、克隆规模以及变异概率的不同取值,将会对结果产生影响.为了得到适合于块匹配运动估计的值,我们对参数的选取作了一些分析.很显然,快速块匹配的目的是为了在保证一定搜索精度的同时降低时间复杂度,而采取较大的种群规模及克隆规模必然会增加搜索点数,因此,应尽量使两者取值较小.预先设定种群规模  $N=9$ ,克隆规模  $N_c=5$ .在此种情况下,应考虑变异概率的大小对算法性能的影响.

以序列 Football 和 Mother and daughter 为例,选取这两个序列的第 40 帧分别进行运动矢量的计算,并记录所需的搜索点数,同时恢复出下一帧的图像并计算峰值信噪比,以  $psnr$  以及平均搜索点数作为衡量算法性能的标准.图 6 给出了当变异概率  $p_m$  发生变化时对算法性能的影响(为消除克隆选择策略中固有随机性对算法结果的影响,文中每个实验均运行 50 次,并取其结果的平均值).

如图 6 所示,随着变异概率  $p_m$  的增大,峰值信噪比  $psnr$  逐渐增大,达到某个峰值之后又逐渐下降;平均搜索点数则随着  $p_m$  的增大而增加.当变异概率较小时,搜索空间不够大,不一定能得到最优解,相应的  $psnr$  和搜索点数都较小;而当变异率很大时,虽然搜索空间已经增大,但也有可能破坏了现有的较优个体,同样无法达到最优解,且此时搜索点数会相应增加.因此,可选取  $psnr$  的峰值点所对应的变异率作为适合 BMEICS 中的变异概率,此时,平均搜索点数在 12~13 之间.

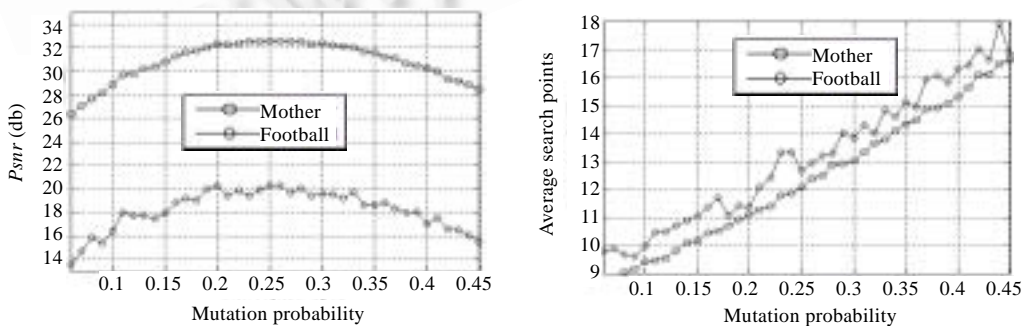


Fig.6 Performance's variation by  $p_m$

图 6 变异概率  $p_m$  对算法性能的影响

另外,考虑当变异概率  $p_m=0.25$  时克隆规模大小对算法性能的影响(如图 7 所示),同样对序列 Football 和 Mother and daughter 的第 40 帧进行实验.经过实验发现:克隆规模对峰值信噪比的影响并不十分明显;而平均搜索点数则随着克隆规模的增大而急剧上升.因此,可选择该算法的克隆规模为  $N_c=5$ ,此时,既能得到较高的峰值信噪比,且平均搜索点数较少.

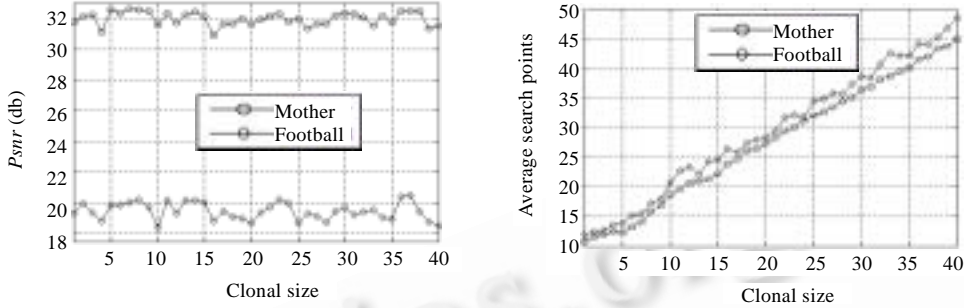


Fig.7 Performance's variation by  $N_c$   
图 7 克隆规模  $N_c$  对算法性能的影响

#### 4.2 实验结果分析

为了验证基于免疫克隆选择块匹配运动估计的性能,本文采用 5 个标准测试序列进行了一些实验.其中:Tennis 序列包含了相机缩放快速运动;Mobile 序列中背景和前景物体同时运动,且大多为平移运动;Foreman 序列中包含了各个方向的运动;Football 为存在剧烈运动的序列,同时包含了相机的平移和转换;Mother and daughter 序列运动极其缓慢,且背景几乎静止.对  $16 \times 16$  大小的宏块,使用绝对误差和作为匹配准则,搜索窗大小为  $15 \times 15$ .采用预测帧的峰值信噪比  $psnr$  作为算法的性能量度,同时,用计算运动矢量平均所用的搜索点个数来反映算法的时间复杂度.

##### 4.2.1 峰值信噪比 $psnr$

对各个测试的视频序列,分别用算法 FS,DS,NCDS,HEXBS,EHS,CDHS 以及本文所提出的算法 BMEICS 计算得到的运动矢量,再根据这些运动矢量,直接由上一帧恢复出当前帧的图像,然后逐帧计算出  $psnr$ .表 1 所示为各序列共 100 帧的平均峰值信噪比.

Table 1 Average  $psnr$  to different sequences  
表 1 各算法对不同序列的平均  $psnr$

Video sequence	$psnr$ (db)						
	FS	DS	NCDS	HEXBS	EHS	CDHS	BMEICS
Tennis	34.18	33.48	33.54	33.76	33.82	33.94	33.97
Mobile	36.42	35.85	35.92	36.07	36.15	36.26	36.21
Foreman	29.71	28.28	28.73	29.19	29.37	29.54	29.59
Football	20.02	18.75	18.13	18.94	19.39	19.76	19.85
Mother and daughter	32.63	31.89	32.11	32.24	32.46	32.45	32.51
Average	30.59	29.65	29.69	30.04	30.24	30.39	30.43

从表 1 可以看出:在这些测试序列的结果中,FS 的平均  $psnr$  最大,说明根据 FS 所得到的运动矢量进行图像补偿的结果最理想;同时,算法 BMEICS 对大多数序列的平均  $psnr$  值都比已有算法有不同程度的提高,且比较接近 FS 所得到的值.虽然对于 mobile 序列,由 BMEICS 所得到的  $psnr$  值要稍逊于 CDHS 所得到的结果,但 BMEICS 在其他序列上所得的  $psnr$  值均优于 CDHS 所得到的结果.因此从总体上说,算法 BMEICS 具有良好的估计精度.另外,表 1 还显示出:本文算法对于包含剧烈运动的序列 Football 以及只包含微小运动的序列 Mother and daughter 都能得到较好的结果,其峰值信噪比接近 FS 算法得到的结果,说明 BMEICS 普遍适用于包含各种运动形式的序列.



#### 4.2.2 平均搜索点数

选取各测试序列的前 50 帧,并分别用 FS,DS,HEXBS,CDHS 以及 BMEICS 这 5 种算法进行运动矢量的搜索,表 2 给出了各算法中运动矢量的平均搜索点数.

**Table 2** Average search points comparison by different algorithms

表 2 各算法对测试序列的平均搜索点数对比结果

Video sequence	Average search points				
	FS	DS	HEXBS	CDHS	BMEICS
Tennis	225.00	16.91	14.32	12.18	12.61
Mobile	225.00	15.27	12.69	11.87	12.08
Foreman	225.00	19.36	13.98	13.08	11.98
Football	225.00	24.86	18.23	14.67	12.25
Mother and daughter	225.00	15.05	13.66	13.26	12.01
Average	225.00	18.29	14.58	13.01	12.19

运动估计快速算法大多是通过减少搜索点个数来提高搜索速度的,因此,搜索点数的多少便成为衡量算法时间复杂度的一个重要依据.从表 2 可以看出:FS 会对搜索窗中的每一个像素点进行匹配,对于  $15 \times 15$  的搜索窗,即要进行 225 次比对,再从中选取误差值最小的点作为运动矢量;DS 算法通过菱形搜索模板,有效地减少了搜索点个数,平均只需要搜索 18 个点左右即可;六边形搜索法 HEXBS 在菱形搜索算法的基础上,以六边形模板替换原有的菱形搜索模板,进一步提高了搜索效率;交叉菱形六边形搜索法 CDHS 则根据不同问题选取不同的搜索模板,在原有算法的基础上进一步减少了搜索点数;本文算法 BMEICS 通过引入免疫克隆选择算法的随机搜索策略,同时考虑到块匹配问题的特性,将其中心偏移性、时空相关性等性质结合到免疫克隆选择算法当中,有效地减少了搜索点个数,降低了算法的时间复杂度.虽然在某些序列(如 tennis 序列)上,BMEICS 要比 CDHS 的平均搜索点数稍多,但相差并不大,且 BMEICS 在其他序列上能够减少较多的搜索点数;同时,该算法具有较好的稳定性,对于不同的测试序列,其搜索点数变化不大,因此,可认为 BMEICS 算法具有普遍性.

同样,通过分析包含剧烈运动的 Football 和包含微小运动的 Mother and daughter 序列发现:BMEICS 算法无论对于哪种序列,平均搜索点数相对于现有算法都有不同程度的减少.究其原因,是 BMEICS 中引进了免疫克隆选择算法,其特定的搜索机制能够较快地得到大运动序列的运动矢量,而且,初代抗体的选定以及按次序搜索对于小运动序列的搜索速度又能得到很好的保证.

图 8 是 Foreman 序列共 100 帧图像进行运动估计时宏块平均搜索点数的对比图,同时给出了 DS,HEXBS,CDHS 以及 BMEICS 这 4 种算法的结果.从图中我们可以看到,算法 BMEICS 的平均搜索点数集中在 12 附近,而其他算法会根据不同的帧偏移较大.虽然算法 HEXBS 和 CDHS 对某些帧中的宏块平均搜索点数会比 BMEICS 少,但其全部平均值显然没有 BMEICS 的结果小.因此,可以认为 BMEICS 的计算时间复杂度相对较低.

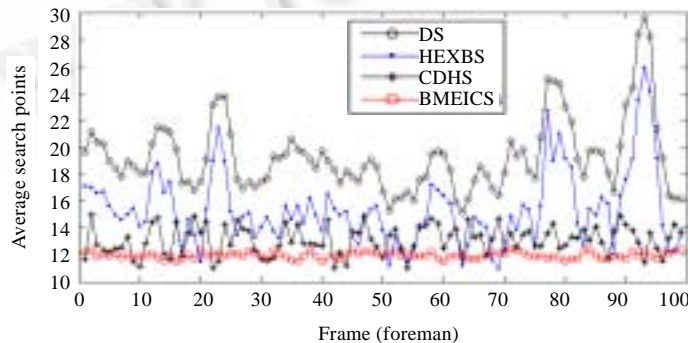


Fig.8 Average search points comparison for macro block in foreman sequence

图 8 Foreman 序列每帧宏块平均搜索点数对比

为对本文算法的补偿结果有一个较为直观的感受,图 9 和图 10 分别给出 Football 序列中的第 1 帧图像和 Mother and daughter 序列中第 33 帧图像的运动补偿结果.其中图 9 和图 10 中:(a)为原图;(b),(c),(d)分别为 FS,DS 和 BMEICS 进行运动补偿后的效果图.两种序列各有特点,Football 中的运动非常剧烈,空间细节较多;而 Mother and daughter 属于运动较缓慢的序列,其运动主要体现在 mother 头的缓慢移动上.对于包含剧烈运动的 Football 序列,BMEICS 算法明显优于 DS 算法,它能够在视觉上达到与 FS 补偿结果相当的效果,而 DS 在运动员的运动细节上处理得有偏差,且有比较明显的块效应;对于只包含较小运动的 Mother and daughter 序列,各种算法补偿后的图像只含有较小的偏离,DS 所得到的结果偏离稍大,但在总体视觉效果上没有太大的影响.



Fig.9 Motion compensation images for the first frame in football

图 9 Football 序列第 1 帧图像的运动补偿结果图

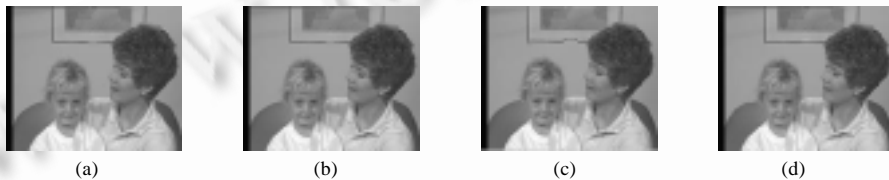


Fig.10 Motion compensation images for the 33rd frame in mother and daughter

图 10 Mother and daughter 序列第 33 帧图像的运动补偿结果图

通过分析以上仿真结果可知:FS 能够找到最优运动矢量,但由于其需要进行匹配的点数太多,计算速度较慢,难以满足实时性的要求.因此,必须在保证搜索精度较高的前提下,尽量提高搜索速度.而本文所提出的 BMEICS 算法可以较好地满足这种要求,不失为一种可行的运动估计搜索算法.

## 5 结 论

本文将免疫克隆选择算法引入到块匹配运动估计中,充分利用了其全局搜索特性、解的多样性和不易早熟的特点,并将运动矢量本身所具有的特性结合到搜索策略当中.该算法具有以下几个特点:(1) 初始搜索点的选择是根据运动矢量的具体特性来决定的,并将这些搜索点作为初代抗体.这样,对于运动极其平缓的情况在第一代就能得到运动矢量.同时,在对第一代抗体进行计算时,按照某个特定的次序进行搜索,对于其运动矢量为(0,0)的宏块,只需搜索 1 个点即可得到结果.(2) 采用 Gray 码进行编码,在进行变异操作中容易移到相邻点,符合运动矢量的特性并体现局部搜索特性,可加快搜索速度.(3) 在搜索机制中引入免疫克隆选择算法.通过克隆操作,产生一个变异解的群体,从而扩大了可能是最优解的搜索范围;并通过克隆选择操作,将变异群体中的个体与原个体进行比较,获得新一代的群体,保证了其全局搜索特性.(4) 采用了有效的迭代终止准则.当已有个体满足匹配条件或迭代次数已达到最大值时即停止,在保证结果正确性的前提下提高了搜索速度.仿真实验结果表明,此种方法具有良好的性能,以较少的搜索点数达到了与全搜索相当的效果.

## References:

- [1] Wiegand T, Sullivan GJ, Bjontegaard G, Luthra A. Overview of the H.264/Avc video coding standard. IEEE Trans. on Circuits and Systems for Video Technology, 2003,13(7):560-576.
- [2] Wang Y, Ostermann J, Zhang YQ. Video Processing and Communications. Beijing: Tsinghua University Press, 2003.

- [3] Zhu C, Lin X, Chau LP. Hexagon-Based search pattern for fast block motion estimation. IEEE Trans. on Circuits and Systems for Video Technology, 2002,12(5):349–355.
- [4] Cheung CH, Po LM. A novel cross-diamond search algorithm for fast block motion estimation. IEEE Trans. on Circuits and Systems for Video Technology, 2002,12(12):1168–1177.
- [5] Jia HJ, Zhang L. Directional diamond search pattern for fast block motion estimation. Electronics Letters, 2003,39(22):1581–1583.
- [6] Zhu C, Lin X, Chau L, Po LM. Enhanced hexagonal search for fast block motion estimation. IEEE Trans. on Circuits and Systems for Video Technology, 2004,14(10):1210–1214.
- [7] Cheung CH, Po LM. Novel cross-diamond-hexagonal search algorithms for fast block motion estimation. IEEE Trans. on Multimedia, 2005,7(1):16–22.
- [8] Chung KL, Chang LC. A new predictive search area approach for fast block motion estimation. IEEE Trans. on Image Processing, 2003,12(6):648–652.
- [9] So H, Kim J, Cho W-K, Kim Y-S. Fast motion estimation using modified diamond search pattern. Electronics Letters, 2005,41(2):62–63.
- [10] Jiao LC, Du HF. Development and prospect of the artificial immune system. Acta Electronica Sinica, 2003,31(10):1540–1548 (in Chinese with English abstract).
- [11] Du HF. The research and application of immune clonal computation and artificial immune network. Research Report, Xi'an: Xidian University, 2003 (in Chinese with English abstract).

#### 附中文参考文献:

- [10] 焦李成,杜海峰.人工免疫系统进展与展望.电子学报,2003,31(10):1540–1548.
- [11] 杜海峰.免疫克隆计算与人工免疫网络研究与应用.研究报告,西安:西安电子科技大学,2003.



刘芳(1963 - ),女,湖南华容人,教授,博士生导师,主要研究领域为智能信息处理,模式识别.



潘晓英(1981 - ),女,博士生,主要研究领域为进化计算,智能信息处理.