

一种视频编码的遗传块匹配算法

单 勇, 马祥杰, 孟相如

(空军工程大学 电讯工程学院, 陕西 西安 710077)

摘 要:块匹配算法是视频编码的关键技术,算法的效率直接影响了视频传输的质量。目前有许多较好的搜索算法提高了块匹配算法的效率。而遗传算法是一种随机化搜索算法,它能在搜索过程中自动获取和积累有关搜索空间的知识,并自适应地控制搜索过程以求得最优解。文中通过对遗传算法进行改进,将其应用于低比特率视频编码的块匹配算法中,经过实验仿真,在保持较好性能的基础上提高了搜索效率。

关键词: 视频编码;块匹配;遗传算法

中图分类号: TN76 **文献标识码:** A **文章编号:** 1009-3516(2002)05-0044-04

块匹配算法对于降低视频比特率是非常有效的,因此广泛使用于不同的视频编码中。在大多数的视频编码标准(如 H. 263、MPEG-1、MPEG-2)中,基于块的运动估计技术是关键的部分。由于它的重要性,人们在研究快速搜索上投入了大量的工作。全局搜索算法(Full Search Algorithm, FSA)通过搜索所有的块可以找到最优解(如最佳运动矢量),但是庞大的计算使它很难应用于实时视频压缩中,为了减少块匹配过程的计算复杂度,在参考文献[1,5]中介绍了几种不同的快速搜索算法,这些算法中大部分基于这样一种假设:在搜索空间中仅仅存在一个极小值。然而一般来说,搜索空间中存在大量的局部最小值,这些搜索算法往往丢掉了最优解,采用了次优解。因此,这些快速搜索算法的性能劣于 FSA。

本文提出的遗传搜索算法在性能不变的基础上大大减少了计算的复杂度,它可以应用于实时系统。

1 算法介绍

令 S 为一个解空间,在 S 中的所有搜索点都有它们各自的适应度。寻找具有适应度最大的点最直接的方法是搜索所有的点,对它们的适应度进行比较。然而,这样的计算量将会非常的庞大。为了减少计算的复杂度,需要一种有效的搜索算法。遗传进化算法的框图如图 1 所示。

1.1 遗传编码

当遗传算法(Genetic Algorithms, GAs)在 S 中进行全局适应度最大值的搜索时,使用包含 N 个搜索点的种群 P ,其中 N 代表种群的大小。在 P 中的每个搜索点作为一个染色体(Chromosome),它由一串基因组成。种群 P 通过一些遗传操作进化到另一个种群 P' ;高适应度的染色体被保留在下一代种群中的概率比较高,而适应度低的染色体将被适应度高的所代替,因此,种群中的染色体的质量在不断的提高。经过一段时间的进化过程,全局最优解就会出现在成熟的种群中。

在视频编码应用中,解空间 S 是一组运动矢量。

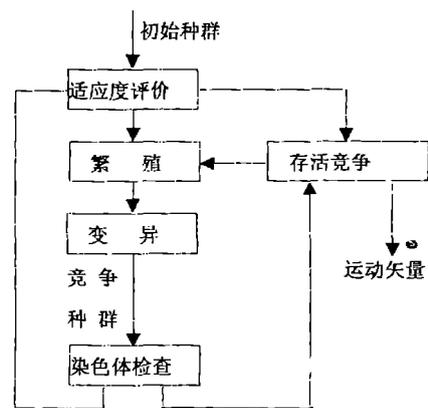


图 1 遗传进化结构图

收稿日期:2002-01-10

基金项目:陕西省自然科学基金项目(2001-X32.)

作者简介:单 勇(1976-),男,河南睢县人,博士生,主要从事程控交换与 ISDN 技术研究。

种群中第 i 个染色体定义为

$$C_i = \begin{bmatrix} m_i \\ n_i \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} a_{i,k-1} & a_{i,k-2} & \cdots & a_{i,1} & a_{i,0} \\ b_{i,k-1} & b_{i,k-2} & \cdots & b_{i,1} & b_{i,0} \end{bmatrix}, i = 0, 1, \dots, N-1 \quad (1)$$

其中 (m_i, n_i) 代表运动矢量, k 为每个矢量偏移的码字长度, 它的值取决于搜索范围, 若搜索范围是从 $-w$ 到 $w-1$ 的 $2w$ 个像素时, k 取值为 $\lceil \log_2(2w) \rceil$ ($\lceil \cdot \rceil$ 代表取整), (m_i, n_i) 矢量的基因值为

$$a_{i,j} = \left(\left\lceil \frac{m_i + 2w}{2^j} \right\rceil - 0.5 \right) \bmod 2 \quad (2)$$

$$b_{i,j} = \left(\left\lceil \frac{n_i + 2w}{2^j} \right\rceil - 0.5 \right) \bmod 2, j = 0, 1, \dots, k-1 \quad (3)$$

$$m_i = \sum_{j=0}^{k-1} a_{i,j} \cdot 2^j - 2a_{i,k-1}w \quad (4)$$

$$n_i = \sum_{j=0}^{k-1} b_{i,j} \cdot 2^j - 2b_{i,k-1}w \quad (5)$$

1.2 群体初始化

在进化前先形成一个初始种群, 初始染色体从搜索空间中心点附近的固定位置选取, 第 i 个初始染色体的候选运动矢量为

$$m_i = \Delta \cdot \bar{m}_i \quad (6)$$

$$n_i = \Delta \cdot \bar{n}_i \quad (7)$$

其中

$$\Delta = \left[\frac{w}{2 \max(\bar{m}_{N-1}, \bar{n}_{N-1})} \right] \quad (8)$$

$$\bar{m}_i = (-1)^l ((i-l(l+1))) \cdot ((\lceil 2\sqrt{i} \rceil - 0.5) \bmod 2) + \lceil 1/2l \rceil - 0.5 \quad (9)$$

$$\bar{n}_i = (-1)^l ((i-l(l+1))) \cdot ((\lceil 2\sqrt{i} \rceil - 0.5 \bmod 2) - \lceil 1/2l \rceil - 0.5), l = \lfloor \sqrt{i} \rfloor - 0.5 \quad (10)$$

1.3 适应度目标函数

每个染色体的适应函数定义为

$$f_i = U_{\hat{d}_L - d_i} \cdot (\hat{d}_L - d_i) + \delta_{\hat{d}_L - d_i}, i = 0, 1, \dots, N-1 \quad (11)$$

d_i 是染色体的匹配误差, L 为保留数, \hat{d}_L 是 d_i 的所有 N 个值中第 L 个最小匹配误差, U 为单位阶跃函数, δ 为单位冲激函数。为了产生竞争的种群, 保留数 L 决定了最多能选择多少个染色体作为繁殖阶段的个体。从公式(11)可以看出, 匹配误差小的染色体具有大的适应度。在当前种群中, 适应度越高的染色体被选择作为竞争种群个体的概率越大。由于单位阶跃函数 $U_{\hat{d}_L - d_i}$ 的值为 0 或 1, 所以计算适应度时不需要进行乘法运算。

1.4 选择

繁殖的方法采用转轮法, 它是一种正比选择策略, 能够根据与适应度成正比的概率选出新的种群, 对于每个染色体 C_i 的产生范围 r_i 为

$$\left[\frac{\sum_{l=0}^{i-1} f_l}{\sum_{l=0}^{N-1} f_l}, \frac{\sum_{l=0}^i f_l}{\sum_{l=0}^{N-1} f_l} \right), i = 0, 1, \dots, N-1 \quad (12)$$

这是一个左闭右开的区间, f_l 是种群中第 l 个染色体的适应度。当每个染色体的生成范围确定后, 随机产生 N 个实数 α_i ($0 \leq \alpha_i \leq 1, i = 0, 1, \dots, N-1$), 当 α_i 属于某个区间 r_j 时, 即 $\alpha_i \in r_j$ 时, 第 j 个染色体 C_j 就被选中, 一个染色体可以被选中多次。因为 α_i 是随机产生的, 所以将被选出的 N 个染色体放于匹配池中。

与传统的方法相比, 这种方法的优点是被选出的染色体可以直接排序, 不需要增加排序的过程, 因此多余的控制可以减少。不足之处在于要进行 N 次除法以计算 r_j , 计算的复杂度可能要比传统的方法高一些。

1.5 变异

繁殖过程结束后, 在匹配池中的个体经过处理成为新一代种群的候选染色体。假定当前处理的个体为 $[m_i, n_i]^T$, 其中 m_i, n_i 的定义见式(1), 在第 j 代种群中, $a_{i,z}$ 和 $b_{i,z}$ 不相同, $z = k - 2 - j$ 。可以进行 8 个变异操作 $\{(\xi_p, \eta_p) | p = 0, 1, \dots, 7\}$:

$$a_{i,z} = a_{i,z} + \zeta_p \quad (13)$$

$$b'_{i,z} = b_{i,z} + \eta_p, p \text{ 是 } 0 \text{ 到 } 7 \text{ 之间的整数。} \quad (14)$$

由于染色体是经过随机选择并放入匹配池中,所以不用产生随机数来决定 p 的取值,只是将其简单的定为 $(i \bmod 8)$ 。变异操作如下:

$$\zeta_p = (-10^m((p+1-m(m+1)) \cdot (1 - (([2\sqrt{p+1}] - 0.5) \bmod 2))) + [1/2m] + 0.5) \quad (15)$$

$$\eta_p = (-10^m((p+1-m(m+1)) \cdot (([2\sqrt{p+1}] - 0.5) \bmod 2)) + [1/2m] + 0.5) \quad (16)$$

$$m = \lfloor \sqrt{p+1} \rfloor - 0.5 \quad (17)$$

经过遗传操作后,当前种群另有 N 个源染色体,匹配池中有 N 个染色体,这 N 个染色体是在存活竞争阶段根据适应度从 $2N$ 个染色体中选择出的。每个染色体最多只能被选择一次,适应度较大的染色体通过反复的遗传进化被挑选出来作为下一代种群中的个体成员。因为算法中的种群不是很大,所以只是简单的从 $2N$ 个染色体中挑选出最佳的 N 个。

从当前种群中选出的适应度最大的染色体有可能是最终解,它也可能被其它染色体所替换。如果某一组解的匹配误差小于预先设定的阈值,或者迭代次数等于最大迭代数 $\lceil \log_2(2w) \rceil$ 时,迭代就会终止。当搜索范围是 $[-16, 15]$ 时,迭代次将小于 5。在算法中,最大遗传代数根据搜索范围来调整,当采用较大的块或较高的帧率时,遗传代数会由于更多的局部最小值而变大。因为没有太多的计算,根据块大小或帧率,本文不调整最大遗传代数。

本文讨论的遗传算法可总结如下:

1) 种群:第 q 代种群 $P_q = \{C_i^{(q)}\}_{i=0}^{N-1}$, $q = 0, 1, \dots$, 每代 N 个染色体,初始种群 P_0 。

2) 繁殖:计算每个染色体 $C_i^{(q)}$ 的适值 $f_i^{(q)}$ 和选择范围 $r_i^{(q)}$ 。为了进行变异,根据 $r_i^{(q)}$ 从 P_q 中随机的选择 N 个染色体。

3) 变异:通过遗传操作 ζ_p 和 η_p 选择出 N 个新的染色体。

4) 存活竞争:将 P_q 和 N 个变异出的新染色体(总数为 $2N$)按照适应度从大到小的顺序排序,选出前 N 个染色体作为新一代的种群 P_{q+1} 。重复以上步骤,直到满足终止条件。

2 实验结果

将本运动估计算法用在 H. 263 中,在计算机上对 Miss America、Sales man、Table Tennis 等标准图像序列进行了模拟实验,并与全局搜索法(FS)、三步搜索法(TSS)进行了比较。在实验中,选取 QCIF 图像格式进行测试,块大小为 16×16 像素,搜索范围是 $(-16, 15)$ 。算法中的各参数为:种群大小 $N = 18$,染色体长度 $k = 5$,最大遗传代数 $G = 4$,保留数 $L = 4$ 。分别对普通帧率(30 帧/s)和低帧率(10 帧/s)进行了测试。结果见表 1、表 2,本算法的性能比 TSS 好且与 FS 相当,而速度与 TSS 相当。

表 1 三种搜索算法性能比较 (30 帧/s)

| 算 法 | PSNR/dB | | | | |
|-----|---------|-------|--------|----------|-------|
| | Miss | Sales | Tennis | Football | Akiyo |
| TSS | 33.12 | 37.10 | 24.29 | 25.89 | 38.93 |
| FS | 37.15 | 37.25 | 25.17 | 26.92 | 39.57 |
| CA | 34.73 | 37.18 | 25.37 | 26.53 | 39.26 |

表 2 三种搜索算法性能比较 (10 帧/s)

| 算 法 | PSNR/dB | | | | |
|-----|---------|-------|--------|----------|-------|
| | Miss | Sales | Tennis | Football | Akiyo |
| TSS | 37.69 | 31.82 | 23.03 | 28.31 | 36.08 |
| FS | 38.28 | 34.05 | 24.51 | 27.65 | 36.53 |
| CA | 38.05 | 33.78 | 23.63 | 27.82 | 36.20 |

3 结论

经过实验,将本算法与传统的 FS、TSS 算法进行了比较,得到了较好的结果,从上述的介绍可以看出本算法有以下两个特点:一是能较准确的找出全局最优解,不易陷入局部最优解;二是采用了一定的措施,使遗传进化剧烈,从而搜索速度较快。由于这两个特点,使得本算法特别适于微处理器来实现 H. 263 系统。

参考文献:

- [1] Jong H M, Chen L G, Chiueh T D. Accuracy improvement and cost reduction of 3 - step search block matching algorithm for video coding. [J]. IEEE Trans, 1994, 4(1): 88 - 90.
- [2] Renxiang Li. A New Three - Step Search Algorithm for Block Motion Estimation [J]. IEEE Trans, 1994, 4(4): 438 - 442.
- [3] Jo Yew Tham, Surendra Ranganath. A Novel Unrestricted Center - Biased Diamond Search Algorithm for Block Motion Estimation [J]. IEEE Trans, 1998, 8(4): 369 - 377.
- [4] Chow K H K, Liou M L. Genetic motion search algorithm for video compression [J]. IEEE Trans, 1993, 3(6): 440 - 445.
- [5] 陈国良, 王煦法, 庄镇泉. 遗传算法及其应用[M]. 北京: 人民邮电出版社, 1996.

(编辑: 门向生)

Matching Algorithm of Genetic Block for Video Coding

SHAN Yong, MA Xiang - jie, MENG Xiang - ru

(The Telecommunication Engineering Institute, Air Force Engineering University, Xi'an 710077, China)

Abstract: In video coding, one of the key technologies is the block - matching algorithm, and its efficiency directly affects the quality of video transmission. Up to now, there have been many nice search algorithms to improve the efficiency of the block - matching algorithm. And the genetic algorithm is a random search algorithm, which can get and accumulate some information related to the search space automatically in the search process. It can control the search process by self - adaptation to find the best result. In this paper, the genetic algorithm is improved, which is applied to the block - matching algorithm for low bit - rate video coding. As the result of experiments, the search efficiency is improved while maintaining the better performance.

Key words: video coding; block - matching; genetic algorithm