

# 유전자 알고리즘을 이용한 밝기 정보로부터 3차원 표면 형상의 재구성

안 은영<sup>o</sup>, 박현남, 조 형제\*  
동국대학교 컴퓨터공학과

Hierarchical 3-D Shape Reconstruction from Shading Using Genetic Algorithm

Ahn Eunyoung<sup>o</sup>, Park Hyunnam, Cho Hyungje\*  
Department of Computer Engineering, Dongguk University

## 요 약

본 논문에서는 영상의 밝기 정보로부터 물체의 표면 형상을 재구성하는 새로운 접근 방법을 제시한다. 이미지 모델은 기존의 Lambertian surface model에 거리 요소를 포함시켜 보다 현실과 비슷한 제약 조건을 주고, 국지 해(local minima)에 빠지기 쉬운 기존의 iteration 방법을 탈피하기 위해 유전자 알고리즘(genetic algorithm)을 도입한다. 표면의 깊이 정보를 이산여현변환(discrete cosine transform)하고 이 DCT 공간상에서 유전자 알고리즘을 적용함으로써 큰 형상을 먼저 결정한 후 미세한 형상을 찾아내는 계층적인 표면 형상의 재구성이 가능하도록 하였으며 간단한 실험으로 그 타당성을 보인다

## I. 서론

영상의 밝기 정보로부터 물체의 표면 형태를 재구성하는 방법(shape from shading)은 물체 표면의 밝기 정보에만 의존하여 3차원 정보를 얻어내야 하는 어려움 때문에 많은 제약 조건과 가정이 수반되고 일반적인 모델에 근거한 근사적인 결과에 만족하고 있는 실정이다. 특히 특정한 제약상에서 촬영된 이미지라도 일반적 모델(Lambertian surface model)을 만족하는 수많은 해가 나올 수 있다고 증명되었기 때문에 재구성 방법은 이런 다양한 해들 중에서 가장 설득력 있는 해를 찾기 위한 제약 조건을 신중히 선택하여야 한다[1]

표면 형태의 재구성에 사용되는 알고리즘은 크게 지역적 방법과 전역적 방법으로 나누어질 수 있다[2] 이는 제약 조건의 범위를 놓고 나눈 분류로서 각 방법의 특징은 크게 차이가 있다. 지역적 방법은 미분 가능하다는 가정 하에 도함수를 선형화 하거나 반사도 지도(reflectance map)를 미리 구성하여 이에 근사 사키는 방법들을 사용하며 제약 조건이 지역에 국한되어 있다[3]. 전역적 방법은 영상 전체의 밝기 에러가 최소가 되며 전역적인 제약 조건을 만족하도록 근사하는 시도이다[4].

두 방법들은 주로 iteration을 사용한다는 점에서 공통점을 가지고 있고, 이미지 모델로 Lambertian surface model을 이용한다. 또한 표면의 모양을 미분이 가능한 충분히 부드러운 형태로 가정하고 지역적으로 선형적 근사를 사용하며 singular point나 occluding

bound같은 초기 정보에 의존한다는 점에서 공통점이 많다

본 논문에서는 이미지 모델을 Lambertian surface model에 거리 요소를 포함시켜 보다 실제 이미지와 비슷한 해들만이 후보 해들이 될 수 있도록 제약 조건을 보완하였으며, 지역 해들을 벗어나 보다 현실적인 결과를 얻을 수 있도록 유전자 알고리즘(genetic algorithm)을 도입하였다. 이 때, 영상 정보들은 2차원 값이기 때문에 이들에 알맞은 연산은 2차원의 특징들을 수용할 수 있어야 하며 2차원 이미지의 전 영역에 걸쳐 고르게 영향을 줄 수 있어야 한다. 이를 위해 원래의 깊이 정보(depth)가 아닌 DCT변환을 수행한 후 각 계층(layer)별로 유전자 알고리즘을 수행한다.

다음에서 제안된 알고리즘에 대해 설명한 후 영상 정보에 적용된 실험 결과를 보임으로써 그 타당성을 보이고 결론을 맺는다

## II. DCT를 이용한 유전자 알고리즘

### 1. 이미지 모델

일반적인 표면 형태 재구성 방법에서 이미지 모델로 식 (1)과 같은 Lambertian model을 사용한다. I는 이미지의 밝기, c는 광원의 세기, L은 광원의 방향, N은 표면의 법선 벡터(normal vector)를 나타낸다.

$$I = cL \cdot N \quad \text{-----} \quad (1)$$

식(1)을 사용할 경우, 미리 광원의 방향은 예측되어 있

어야 하며 c값은 보통 상수로 지정하여 준다. 광원의 방향 예측은 Zheng 등의 논문들에서 자세히 다루고 있다[5]

Lambertian model을 바로 적용하면 물체 표면의 상대적인 위치관계는 계산될 수 있으나, 광원과의 거리 같은 절대적 거리 관계는 구해지지 않는다. 이는 식(1)의 내부에 거리에 대한 요소가 포함되어 있지 않기 때문으로 이를 사용한 결과는 항상 상대적 길이 정보만을 보여줄 뿐이다.

본 논문에서는 식(1)을 확장하여 광원과 물체 사이의 거리 요소를 포함시킨다. 확장된 식은 다음과 같다. d는 광원과의 거리를 나타내고, α는 적당한 상수값이다.

$$I = I/(α + d) \text{ -----(2)}$$

확장된 방법에서는 광원과의 거리가 예측 요소에 포함되거나 상수로 지정되어야 하는 위험이 따르지만 거리 요소를 첨가함으로써 오목과 볼록한 형태를 따로 결정해야 하는 단계를 없앨 수 있으며 보다 정확한 근사가 이루어짐을 실험 결과로 확인할 수 있다. 즉 직접적인 미분함수를 이용한 Taylor 정리를 사용하는 기존의 방법에서는 Lambertian model로도 비슷한 근사가 가능하지만 유전자 알고리즘에서는 여러 제약 조건을 없애는 대신 폭넓은 시도가 이루어지므로 기존의 모델로는 올바른 해를 구하기 어려워진다. 광원과의 거리 요소가 포함된 보다 섬세한 모델을 사용함으로써 위와 같은 위험을 줄일 수 있는 것이다.

법선 벡터(normal vector)를 구하는 식은 Horn의 논문에서 자세히 서술되어 있다[4]. 요약하면 다음과 같다.

$$N = (p, q, 1)$$

$$p = \frac{dz}{dx} = (Z_{x+1,y} - Z_{x-1,y})/2 \text{ ----- (3)}$$

$$q = \frac{dz}{dy} = (Z_{x,y+1} - Z_{x,y-1})/2$$

여기서 Z(x, y) (x, y)좌표에서의 깊이

**2. 유전자 알고리즘**

유전자 알고리즘은 후보 해를 유전자로 표현하고 이들 유전자의 적합도 함수(fitness function)를 기반으로 선택/복제, 교배, 변이 등의 조작을 통해 최적 해를 구하는 방법을 말한다. 초기에 구성된 여러 개의 후보 해들에 대해 각각 적합도 함수를 적용, 적합도에 따라 유전자 조작을 통해 새로운 후보해 집단을 만들어 나가는 과정을 거치면서 최적 해에 도달하게 된다. 선택/복제 방법으로 룰렛(roulette wheel) 방식을 사용하였는데 각 후보 해의 적합도를 집단의 적합도 총합에 대한 백분율로 환산, 이를 근거로 다음 세대를 구성하는 방법이다. 여기에서 적합도가 극히 낮은 후보 해는 살아 남아 그 다음 세대를 구성할 확률이 그 만큼 적아지게 되는데 초기 단계에서 이와 같은 후보 해를 대부분 제거하게 되면 극히 해에 빠질 위험이 그만큼 커지게 되므로 본 논문에서는 식(4)에서와 같은 크기조절 함수(scaling function)를 사용하여 아무리 적은 적합도를 갖는 후보해라도 일정 비율의 확률로 선택될 수 있도록 한다[6]. i번째 후보 해의 적합도 계산은 다음과 같다. s는 크기조절 요소(scale factor)이다

$$\text{적합도}(i) = 1 + (s-1) \cdot \frac{\text{Error}(i) - \text{AvgError}}{\text{SmallestError} - \text{AvgError}} \text{ -----(4)}$$

$$\text{Error}(i) = \sum_{j=0}^{N-1} \sum_{y=0}^{N-1} (E_{i,j,y} - I_{c,j})$$

$$E_{i,j,y} = x, y \text{ 좌표의 밝기}$$

교배는 일반적으로 두 부모 후보 해의 임의로 선택된 위치의 값을 서로 교환하여 새로운 자식 후보 해를 생성하는 조작을 의미하지만 본 논문에서는 식(5)와 같은 부동소수점 계산에 적합한 수학적 교배(arithmetic crossover)연산을 사용하였다[7]. 여기서 S<sub>i</sub>'와 S<sub>k</sub>'는 t번째 세대에서 교배를 하고자 하는 유전자며 a는 0과 1사이의 난수다.

$$S_i^{t+1} = aS_i' + (1-a)S_k' \text{ -----(5)}$$

$$S_k^{t+1} = aS_k' + (1-a)S_i'$$

비정형적 변이란 후보 해를 구성하는 염색체의 일부에 대해 변형을 일으키는 조작을 말한다. 본 논문에서는 부동소수점 연산의 정확성과 수렴속도를 개선하기 위해 식(6)과 같은 비정형적 변이(non-uniform mutation)를 사용하였다[8]. V<sub>k</sub>는 유전자 V에서 k번째 염색체이고 r과 b는 0과 1사이의 난수이며, T는 마지막 세대의 번호이다.

$$V_k' = V_k + f(t, \text{UpperBound} - V_k) \text{ if random} = 1$$

$$V_k' = f(t, V_k - \text{LowerBound}) \text{ if random} = 0$$

$$f(t, \Delta) = \Delta (1 - r^{(1-\frac{1}{T})}) \text{ -----(6)}$$

**3. 유전자 알고리즘에 이용된 DCT**

기존의 1차원 정보에 대해 사용되었던 변이나 교배 연산들을 2차원에서 적용하게 되면 적용 범위의 결정, 범위 경계에서의 불일치 해결 등의 많은 문제가 발생한다. 이런 문제들의 해결을 위해서는 입력 이미지의 전체 영역에 고루 영향을 줄 수 있는 전역적이고 공정한 연산자가 필요하다.

유전자 알고리즘을 깊이 정보가 아닌 DCT 공간상에서 적용하는 것은 많은 장점들을 가진다. DCT의 각 기저함수(basis function)들은 그 자체가 이미 위의 요건들을 충족시키는 훌륭한 연산자가 될 수 있다. 또한 DCT 계수에 대해 변이나 교배를 시키는 것은 연산자의 강도를 변화시킴으로써 보다 다양한 세대들을 만들어 낼 수 있다.

본 논문에서는 유전자 알고리즘을 DCT의 근사적인 차수로 구분되는 계층(layer)별로 적용시킨다. DCT 차수 자체는 이미지의 계층적 요소를 내포하고 있다. 낮은 차수는 보다 전역적이고 폭넓은 변화를, 높은 차수는 지역적이고 섬세한 변화를 의미한다. 따라서 낮은 차수부터 높은 차수로 같은 계층내의 값들만 유전자로 사용하여 따로 유전자 알고리즘을 적용한다. 이는 자연스럽게 큰 형상부터 섬세한 형상까지 계층적으로 조정할 수 있는 것을 의미한다.

**4. 3차원 표면 형상 재구성 알고리즘**

2차원 이미지에 직접 유전자 알고리즘을 적용하는 경우 이미지의 각 위치에서 주변 점들의 상호관계가 다른 어떤 문제들 보다도 중요하게 다루어져야 하는데 이것은 유전자 알고리즘의 성능을 저하시킬 수 있다. 이미지의

깊이 정보를 구하는 2차원의 문제를 이에 대응되는 DCT 계수를 구하는 1차원의 문제로 검색공간을 변형시키기 위해 추측된 깊이에 대한 이산여현 변환을 수행한다(그림1 참조). 그 다음은 DCT의 계층별로 유전자 알고리즘을 적용하는데 각 계층에서의 유전자의 염색체 길이는 계층을 구성하는 DCT 계수의 수가 된다 해당 계층에 대한 후보 해를 50개 생성하고 각 후보 해에 대해 디코딩 과정을 거쳐 입력된 이미지와의 밝기 차이를 고려하여 적합도를 계산, 이에 따라 다음 세대의 후보 해를 선택하고 유전자 조작을 통해 다음 세대를 구성한다 이와 같은 세대 교체의 반복을 통해 각 계층의 해를 단계적으로 찾아 나간다. DCT의 모든 계층의 해가 더 이상 좋은 값으로 변화되지 않을 때까지 이 과정을 반복함으로써 얻어진 DCT 계수를 역변환하면 밝기 정보로부터 유추한 깊이 정보가 된다.

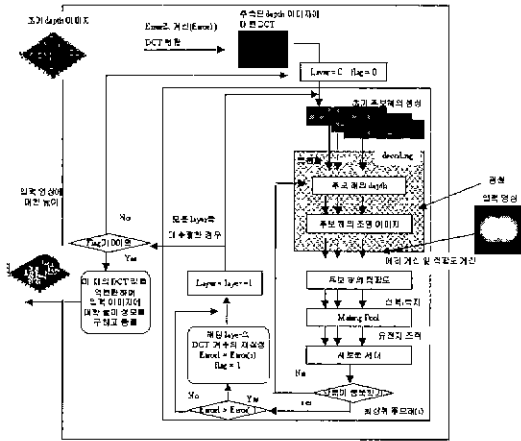


그림 1 표면 형상 재구성의 구조도

III. 실험 결과 및 검토

평면투사의 점광원을 가정하고 광원의 방향은 Z-축과 같도록 하였다 타당성을 확인하기 위한 영상의 크기는 16x16 화소(pixel)로 하여 계산에 지나치게 많은 시간이 소모되지 않도록 그 크기를 줄였다. 교비확률과 변이확률을 각각 0.725, 0.125로 하고 개체 집단의 크기는 50으로 하였다. 그림2-a는 원래의 시험용 표면 형상이고 그 표면의 계산에 의한 밝기 정보는 2-b이며, 그림2-c, d, e는 그림2-b로부터 표면을 재구성하는 과정을 보인 것이다. 그림3-b는 그림3-a에 대한 표면의 깊이를 재구성한 결과이다. 재구성된 깊이 정보는 원래의 깊이에 비해 3%이내의 오차를 보였다.

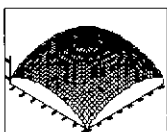


그림 (2-a)



그림 (2-b)

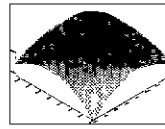
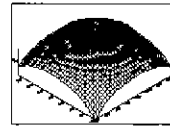


그림 (2-c)



그림(2-d)

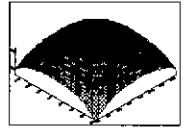
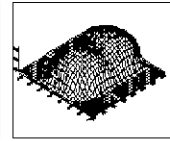


그림 (2-e)



그림 (3-a)



그린 (3-b)

그림2는 전체적이고 개략적인 표면의 형상을 먼저 구성한 후, 점차적으로 세밀한 모양을 구성해 가는 계층적 재구성 과정으로서, 이 실험 결과는 본 논문에서 제시한 방법에 의해 물체의 오목한 면이나 볼록한 면에 대한 초기 설정이나 제약조건 없이 원래의 표면 형상의 재구성 가능성을 보인 것이다

IV. 결론

Lambertian model에 거리요소를 추가하여 singular point나 occluding bound같은 초기 정보의 사용 없이 보다 현실과 가까운 표면 형상 재구성이 가능함을 보였으며, 유전자 알고리즘을 표면 형상 재구성 방법에 도입함으로써 기존 방식에서 극히 해에 빠질 위험을 줄이도록 하였다. 2차원 이미지가 아닌 DCT 공간상에서 유전자 알고리즘을 적용함으로써 2차원 상에서 유전자 알고리즘을 적용할 때 생기는 문제를 자연스럽게 해결할 수 있었으며 계층별로 DCT 계수의 해를 구함으로써 표면 형상의 재구성을 좀더 구조적으로 수행할 수 있었다.

참고문헌

- [1] J. Oliensis, "Uniqueness in Shape from Shading", Journal of Computer Vision Vol. 6, pp 70-104, 1991
- [2] Ping-Sing Tsai, Mubarak Shah, "Shape from Shading using Linear approximation", Image and Vision Computing Vol. 12 No. 8, pp 487-496, 1994
- [3] A. P. Pentland, "Linear Shape From Shading", Journal of Computer Vision Vol. 4, pp 153-162, 1990
- [4] Berthold K P. Horn, "Height and Gradient from Shading", Journal of Computer Vision Vol. 5, pp 37-75, 1990
- [5] Q. Zheng, R. Chellapa, "Estimation of Illuminant Direction, Albedo, and Shape from Shading", IEEE PAMI Vol 13, No 7, pp 680-702, 1991
- [6] Lance Chabers, "Practical Handbook of Genetic Algorithms", Vol. 2, 1995
- [7] Zbigniew Michalewicz, "Genetic Algorithms + DataStructure = Evolution Programs", 1995
- [8] Michalewicz, Z and Jamkow, C., "Genetic Algorithm for Numerical Optimization" Statistics and Computing, Vol.1, No 1, 1991