

분산 유전자 알고리즘을 이용한 동영상 분할

황상원*, 김은이, 김항준
경북대학교 컴퓨터공학과 인공지능연구소

Video Sequence Segmentation using Distributed Genetic Algorithms

Sang Won Hwang*, Eun Yi Kim, Hang Joon Kim
Dept. of Computer Engineering, Kyungpook National University
dogdoll@ailab.knu.ac.kr

요약

동영상 분할은 컴퓨터 비전 분야에서 중요한 단계로 많이 연구되고 있다. 그러나 동영상 분할은 계산 복잡도에 의해 제약을 받는다. 이를 해결하기 위해, 본 논문은 분산 유전자 알고리즘에 기반한 계산 효율을 높일 수 있는 새로운 동영상 분할 방법을 제안한다. 일반적으로 동영상에서 연속한 두 프레임은 높은 상관관계를 가진다. 따라서, 한 프레임의 분할 결과는 이전 프레임의 분할 결과를 사용해서 연속적으로 얻어진다. 그리고 중복된 계산을 제거하기 위해 움직이는 객체에 대응되는 검색체만을 진화시킨다. 실험 결과는 제안한 방법의 효율성을 보여준다.

I. 서론

영상 분할은 입력 영상을 동일한 특징을 가지는 여러 영역들로 분할하는 과정이다. 영상 분할은 객체 인식과 같은 다양한 응용을 위해 컴퓨터 비전 분야에서 오랫동안 사용되어져 왔다 [1]. 특히, 최근 멀티미디어 자료에 대해 내용 기반으로 검색 및 고효율의 압축을 제공할 수 있는 MPEG-4의 개발로 인해 동영상 분할에 대한 관심이 급증하고 있다 [2]. 이러한 기능들을 위해서는 먼저 동영상의 프레임을 의미 있는 영역으로 분할해야 한다 [3].

지금까지 영상 분할을 위해 많은 연구가 진행되고 있으며, 이러한 방법들은 크게 3가지 부류로 나눌 수 있다: 클러스터링, 에지 검출, 영역 기반

방법 [1]. 이러한 방법들 중 영역 기반의 영상 분할 방법이 더 좋은 분할 결과를 생성한다 [1,4,5]. 하지만 이러한 방법들은 연산과 수행 시간에 의해 제약을 받는다 [1,4,5]. 이 문제를 해결하기 위해서 최근 유전자 알고리즘이 영상 분할에 많이 이용되고 있다 [4,5]. 유전자 알고리즘은 결과적으로 전역적인 최적 해에 수렴될 수 있는 해를 보장하는 부분집합에 주안점을 두는 휴리스틱한 탐색 알고리즘으로써 현재의 부분 해가 상대적으로 덜 영향을 주는 방법이다 [4,5,6]. 특히 분산 유전자 알고리즘은 탐색 공간에서 병렬로 수행되므로 계산 속도를 향상시킬 수 있다 [5].

본 논문은 분산 유전자 알고리즘에 기반한 계산 효율을 높일 수 있는 새로운 동영상 분할 방법을 제안한다. 일반적으로 동영상에서 연속한 두 프레임은 높은 상관관계를 가진다. 따라서, 제안한 방법에서, 한 프레임의 분할 결과는 이전 프레임의 분할 결과를 사용해서 연속적으로 얻어진다. 특히, 중복된 계산을 제거하기 위해 움직이는 객체에 대응되는 검색체만을 진화시킨다.

본 논문에서 제안한 방법은 다음 장에서 설명하고 3장에서는 실험 결과를 보여준다. 마지막으로 4장에서 결론을 내린다.

II. 제안한 방법

1. 개요

본 논문에서는 계산 효율을 개선할 수 있는 유

전자 알고리즘에 기반한 새로운 동영상 분할 방법을 제안한다. 해 공간의 효과적인 검색과 속도 향상을 위해 우리는 동영상의 중요한 특징을 이용한다: 동영상의 연속된 두 장의 프레임은 강한 시간적 상호관계(temporal correlation)를 가진다. 다시 말해, 동영상은 시간 범주에서 높은 중복성을 가진다. 그러므로, 한 프레임에 있는 대부분의 정보는 시간에 따라 변한 부분을 제외하고 그 전 프레임에 이미 표현되어 있기 때문에, 각 프레임의 분할 결과는 그 변화된 부분을 제외하면 이전 프레임과 유사하다.

제안한 방법에서는, 영상 분할은 분산 유전자 알고리즘에 의해 진화하는 염색체들에 의해 수행된다. 하나의 염색체는 레이블과 특징 값(feature vector)의 조합이다. 염색체 안의 레이블은 염색체가 위치한 화소에 대한 영역 번호로 사용된다. 염색체는 적합도에 의해 두 가지 그룹으로 분류되는 데, 그것은 안정한(stable) 염색체와 불안정한(unstable) 염색체이다. 염색체를 실제 동영상에 적용하면, 안정한 염색체와 불안정한 염색체는 각각 배경과 움직이는 객체 부분에 대응된다. 동영상의 한 프레임의 분할 결과는 이전 프레임의 정보를 사용해서 연속적으로 얻어진다. 다시 말해, 첫 프레임의 염색체는 임의의 값을 가지고 시작하지만, 그 후의 프레임은 이전 프레임의 분할 결과를 가지고 시작한다. 시작 프레임의 분할은 Kim *et al.*에 의해 제안된 분할 알고리즘에 의해 수행된다 [5]. 군은 임의의 값에서 시작하여 최적해로 수렴할 때까지 진화한다. 나머지 프레임은 한번에 한 장씩 처리된다. 그림 1은 제안한 분할 알고리즘을 보여준다.

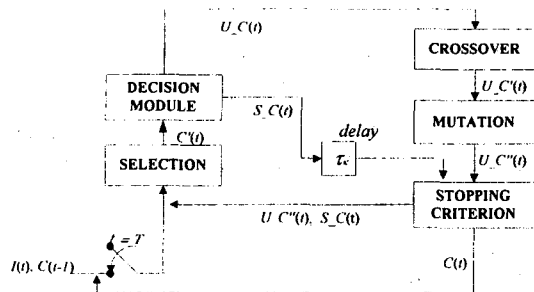


그림 1. 제안한 알고리즘

제안한 알고리즘은 T 의 간격으로 $I(t)$ 와 $C(t-1)$ 을 입력으로 받는다. 이들은 각각 현재의 프레임

과 이전 프레임의 분할 결과를 나타낸다. $I(t)$ 는 염색체의 평가를 위해 사용된다. 염색체는 이전 프레임의 분할 결과로 시작하고, 선택과 유전자 연산자를 이용해서 반복적인 수행을 거쳐 진화한다. 분산 유전자 알고리즘에서, 이들 연산은 윈도우라고 불리는 분산된 부분 그룹 상에서 수행된다. 이는 군 전체에 대해 수행하는 것보다 효율적이다. 선택 연산에 의해 염색체는 새로운 염색체 $C'(t)$ 로 갱신된다. 그 다음, Decision Module에서, 염색체는 적합도에 안정한 염색체 $S_C(t)$ 와 불안정한 염색체 $U_C(t)$ 로 나뉜다. 현재 프레임에서, 염색체는 적합도를 기준으로 오름차순으로 분류된다. 주어진 유전자 연산자의 비율에 의해, 낮은 적합도를 지니는 염색체는 불안정한 것으로 선택된다. 여기서, 불안정한 염색체는 교점과 돌연변이가 연산보다 앞서, 연산의 비율에 의해 결정된다. 불안정한 염색체만이 교점과 돌연변이가 연산에 의해 진화한다. 그림 1에서, $U_C'(t)$ 와 $U_C''(t)$ 는 교점과 돌연변이에 의해 진화된 염색체를 의미한다. $S_C(t)$ 는 τ_k 동안 지연되고, 그 시간동안 한 세대의 유전자 연산자가 불안정한 염색체를 연산한다. 이들 연산자는 정지 조건(stopping criterion)을 만족할 때까지 반복적으로 수행한다. 정지 조건을 위해, 안정도(stability)를 정의하는데, 이는 현재 세대와 이전 세대에서의 같은 레이블을 가지는 화소의 비율을 나타낸다. 정지 조건은 안정도가 최대 안정도보다 더 크거나, 현 세대 수가 최대 세대수를 넘어서면 만족된다. 몇 세대 후, 분산 유전자 알고리즘에 의해 최상의 염색체에 수렴한다.

2. 염색체

하나의 염색체는 레이블과 화소 (ij) 의 RGB 칼라로 구성되고, 화소 (ij) 에 할당된다. 전자는 염색체가 위치한 화소의 영역 번호로 사용되고, 후자는 염색체의 적합도를 위해 사용된다.

본 논문에서는, 염색체의 적합도를 추정된 색깔과 대응하는 관측 영상에서의 색깔과의 차이로 정의한다. 그 차이가 작을수록 염색체의 적합도는 커진다.

본 논문에서는, 염색체를 적합도에 따라 두 가지로 나누는 데, 이는 안정한 염색체와 불안정한 염색체이다. 그림 2는 불안정한 염색체의 예를 보여준다.

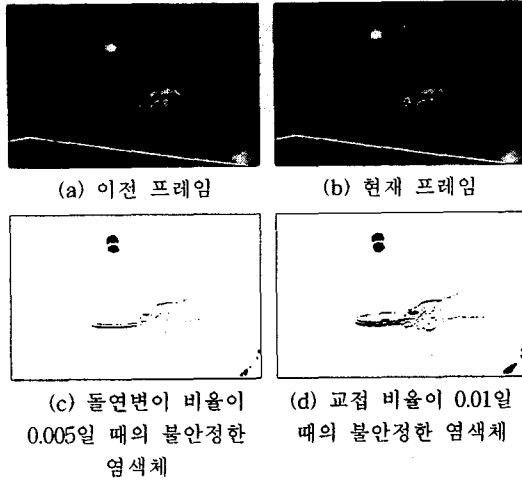


그림 2. 불안정한 탐색체의 예

그림 2에서 보여지듯이 한 프레임에는 배경, 팔, 공, 라켓을 지닌 오른 손, 그리고 왼손이 있다. 그때, 불안정한 탐색체는 움직이는 객체 부분에 대응된다.

3. 유전자 알고리즘의 연산자

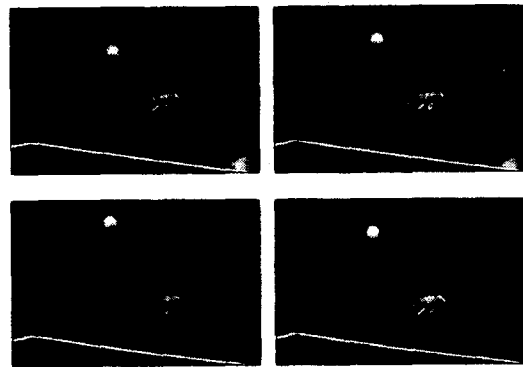
탐색체는 임의의 값에서 시작한다. 각 유전 인자는 가능한 값의 범위 안에서 선택된 임의의 값에 의해 초기화된다. 그리고, 탐색체는 선택과 유전자 연산자의 반복적인 수행을 통해 정지 조건을 만족할 때까지 진화한다. 이들 연산자는 아래와 같다.

- 1) 선택: 이웃한 탐색체 중 적합도에 따라 한 탐색체를 선택한다. 선택 기법으로 elitist selection schema를 사용한다 [4,5,6].
- 2) 교접: 각 탐색체에 대해, 같은 레이블을 가지는 이웃 탐색체를 찾아 현재 탐색체와 재조합한다. 가장 널리 알려진 한 점 교접 방법을 사용한다 [5,6].
- 3) 돌연변이: 각 탐색체의 유전 인자를 임의로 선택한다. 그리고 그 유전 인자에 연관된 비트를 바꾼다.

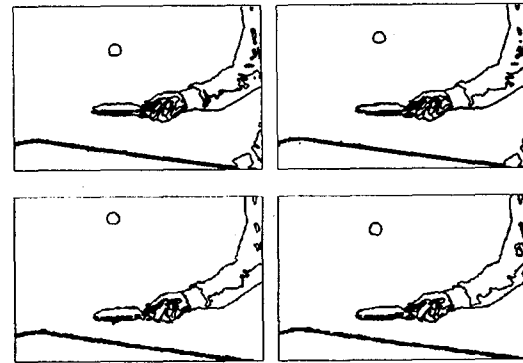
III. 실험 및 결과

제안한 방법의 적합성을 증명하기 위해 video

coding community에서 잘 알려진 동영상상을 가지고 실험한다. 실험은 Window 98이 설치된 Pentium Pro-180 PC에서 하였고 알고리즘은 MS Visual C++ development tool을 사용해서 구현했다. 윈도우 크기와 유전자 연산의 확률과 같은 분산 유전자 알고리즘의 파라미터는 알고리즘의 수행에 영향을 미친다. 이들 파라미터들은 실험적으로 결정되었다. 최대 안정도는 100%이고, 최대 세대수는 500으로 정하였다.



(a) "Table Tennis"의 일부 프레임



(b) 분할 결과

그림 3. "Table Tennis" 영상의 분할

그림 3은 "Table Tennis"의 분할 결과를 보여준다. 영상의 모든 프레임은 351×239크기의 칼라 이미지이다. 실험에 쓰인 파라미터는 다음과 같다. 윈도우 크기는 5×5이고, 교접과 돌연변이 비율은 각각 0.005와 0.01이다. 마지막으로 레이블 크기는 40이다. 제안한 방법은 영상을 분할하는 계산 시간을 줄이는 데 효과적이다. 이를 증명하기 위해, Kim *et al.*의 방법과 비교하였다 [5]. 그림 4는 "Table Tennis"의 각 프레임을 분

할하기 위해 든 세대수를 보여준다. 표 1은 두 가지 방법에서 한 세대에 쓰인 평균 시간과 한 프레임을 분할하는데 쓰인 평균 시간을 보여준다. "Decision Module" 과 유전자 연산자에 소요된 시간은 10^{-12} (sec)보다 작으므로 무시된다. 표 1은 제안한 방법이 계산 효율을 개선하였음을 보여준다.

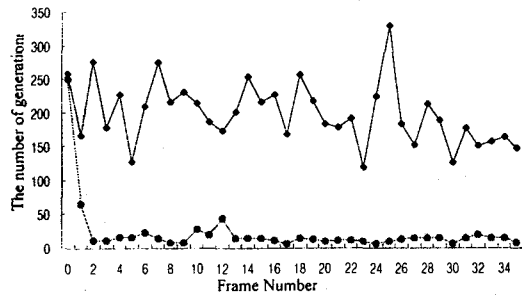


그림 4. "Table Tennis"에서 각 프레임 당 세대 수:
 ◆ Kim et al. 방법; ● 제안한 방법

표 1. 한 프레임 당 분할하는데 걸린 시간(sec.)

분할 방법	Kim et al. 방법	제안한 방법
	선택	
한 세대 당 평균 시간	교접	0.002
	돌연변이	0.002
평균 세대 수	190	15
한 프레임 당 평균 시간	4.94	0.33

표 2. 분할 결과의 평가

분할 방법	Kim et al. 방법	제안한 방법
F의 평균 값	49.4	50.7

분할의 질을 평가하기 위해, Liu et al. 에 의해 제안된 평가 함수 F를 사용하였다. 평가 함수 F 값이 작아질수록, 더 좋은 분할 결과를 나타낸다 [7]. 표 2는 "Table Tennis"를 분할한 결과에 대한 F의 평균값을 보여준다. 비록 Kim et al.의 방법에 의한 평가 값이 제안한 방법보다 더 작지만, 큰 차이가 없다.

표 1과 2는 제안한 방법이 계산 시간을 줄일 뿐 아니라, 충분히 좋은 분할 결과를 얻을 수 있음

을 보여준다.

IV. 결론

본 논문은 분산 유전자 알고리즘에 기반한 새로운 동영상 분할 방법을 제안했다. 실험 결과는 제안한 방법이 계산 시간을 줄였을 뿐만 아니라, 충분히 좋은 분할 결과를 얻을 수 있음을 보여준다.

제안한 방법의 성능은 윈도우 크기와 유전자 연산자의 비율에 의존한다. 윈도우 크기는 영상 내의 복잡도에 영향을 받기 때문에 조절하기 쉽다. 더 많은 객체가 있을 수록, 정확한 레이블을 지정하기 위한 충분한 정보를 얻기 위해 더 큰 윈도우로 수행되어야 한다. 향후 연구 과제는 좀 더 복잡한 동영상에 적용하는 것과, 유전자 연산자의 비율을 자동으로 조절하는 것이다.

참고 문헌

- [1] Pal Nikhil R., Pal Sankar K., "A review on image segmentation techniques", *Pattern Recognition*, vol. 26, no. 9, pp. 1277-1294, 1993.
- [2] Sikora T., "The MPEG-4 video standard verification model", *IEEE Trans. Circuits Syst. Video Technol.*, vol. 7, no. 1, pp. 19-31, 1997.
- [3] Wu Gene K., Reed Todd R., "Image sequence processing using spatiotemporal segmentation", *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.*, vol. 9, no. 5, pp. 798-807, 1999.
- [4] Andrey P., Tarroux, P., "Unsupervised segmentation of markov random field modeled textured images using selectionist relaxation", *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.*, vol. 20, no. 3, pp. 252-262, 1998.
- [5] Kim H. J., Kim E. Y., Kim J. W., Park S. H., "MRF model based image segmentation using hierarchical distributed genetic algorithm", *IEE Electronics Letters*, vol. 34, no. 25, pp. 1394-1395, 1998.
- [6] Goldberg D. E., *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*. Addison Wesley, Reading, Massachusetts, 1989.
- [7] Liu J., Yang Y. H., "Multiresolution color image segmentation", *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.*, vol. 16, no. 7, pp. 689-700, 1994.