

# 자율 적응 최소-최대 유전 군집화와 퍼지 벌레 검색을 이용한 영상 영역화

하성욱, 서석배, 강대성

뉴미디어통신연구실

부산광역시 사하구 하단동 동아대학교 전자공학과

{g9773111, dskang}@seunghak.donga.ac.kr

## Image segmentation using adaptive MIN-MAX genetic clustering and fuzzy worm searching

Seong Wook Ha, Serk Bae Ser, Dae-Seong Kang

Newmedia communication lab.

Electronic Eng., Dong-A Univ., Hadandong Sahagu Pusan

{g9773111, dskang}@seunghak.donga.ac.kr

### Abstract

An image segmentation approach based on the fuzzy worm searching and MIN-MAX clustering algorithm is proposed in this paper. This algorithm deals with fuzzy worm value and min-max node at a gross scene level, which investigates the edge information including fuzzy worm action and spatial relationship of the pixels as the parameters of its objective function. But current segmentation methods based edge extraction methods generally need the mask information for the algebraic model, and take long run times at mask operation, whereas the proposed algorithm has single operation according to active searching of fuzzy worms. In addition, we also propose both genetic fuzzy worm searching and genetic min-max clustering using genetic algorithm to complete clustering and fuzzy searching on grey-histogram of image for the optimum solution, which can automatically determine the size of ranges and has both strong robust and speedy calculation. The simulation results showed that the proposed algorithm adaptively divided the quantized images in histogram region and performed single searching methods, significantly alleviating the increase of the computational load and the memory requirements.

### I. 서론

영상 영역화(image segmentation)는 영상처리 시스템에서 영상 정보 추출의 중요한 첫 번째 단계이며, 하나의 영상을 비슷한 특징을 갖는 여러 개의 영역들로 나누는 것이다. 영상 압축이나 패턴 인식 시스템의 성능 향상을 위하여 이들 시스템의 전 처리 단계인 영역화가 성공적으로 수행되어야 하는 선행 조건이 있으며, 영역화의 성패가 전체 시스템의 효율을 결정짓는다고 말할 수 있다. 영역화를 두 가지 형태로 분류하면, 첫 번째는 유사성(similarity) 개념에 바탕을 두고 있으며, 또 다른 형태는

불연속성(discontinuity) 개념에 그 기초를 두고 있다. 히스토그램 이치화 기법은 유사성을 이용하는 반면 에지 검출과 영역 추출 기법들은 불연속성을 이용한다. 기존의 영역화 기법들은 어느 정도 경험에 의존하여 영역의 개수와 파라미터를 설정하므로 인하여 다양한 종류의 영상들에는 적합하지 못하다. 그러므로, 입력되는 영상의 종류에 따라 자율적으로 적응하여 영역화하는 알고리즘의 개발이 필요하다. 영상 영역화하기 이전에 자율적으로 군집화를 수행하기 위해 본 논문에서는 ACA(adaptive clustering algorithm)를 사용하여 적응적으로 군집화를 수행한다. 이때, ACA는 군집화의 크기 제한과 초기 분턱치 설정에 대하여 영역화가 편이하게 달라지는 장점이 있으므로, 최소-최대 개념을 ACA에 도입하여 인자를 최대값과 최소값으로 늘려 사용한다. 여기서 사용되는 최소-최대 군집화 기법은 ACA에서 사용되는 단일 인자로의 군집화의 집중 분화 문제점을 극복한다. 이 시 말해, 단일 인자보다는 두 개의 유효 인자를 가지므로, 군집화에 유연성을 부가할 수 있다. 최소-최대값을 사용하는 데 있어서는 두 인자사이의 크기를 기준으로 군집화를 이루어 낼 수 있다. 이 방법은 영역 크기에 따라서 편이한 영역화 결과를 가져올 수 있다. 이러한 문제점을 해결하고, 최소-최대 인자를 최적으로 수행하기 위해서 유전 알고리즘을 도입한다. 영상 영역화를 위해 ACA에 유전 알고리즘을 도입한 논문에서는 최적의 분턱치를 구함으로써 최적의 영상 영역화를 수행하였음을 볼 수 있다. 본 논문에서는 GA의 최적해를 찾는 능력을 영상 영역화에 응용하여 새로운 기법을 유도하고자 한다. 영역화의 방법에 있어서 기존의 에지 검출이나 영역 추출 등을 이용한 영상 영역화 방법은 3\*3, 5\*5, ..., n\*n의 마스크(mask)를 필요로 하며, 마스크를 사용한 영상 영역화의 수행 시간은 영상 크기 \* 마스크 크기로 나타낼 수 있다. 여기서, 마스크로 사용하는 영역화의 문제점은 수행시간이 많이 걸린다는 것이다. 본 논문에서 제안하는 방법은 수행 시간의 단축을 위한 새로운 단일 검색 방법인 FWSA(fuzzy worm searching algorithm)이다. FWSA는 자연상의 벌레가 움직이는 검색 방법을 사용하며, 약자가 강자에게 먹히는 검색 방법을 퍼지 사상과 퍼지 집합 연산을 이용하여 검색에 적용한다. 이 방법은 기존의 검색법과는 달리 벌레가 현

의 픽셀에서 다음 픽셀로의 움직임 방향이 정해져 있지 않는 것을 특징으로 자연상태의 벌레가 무작위로 움직이는 것을 모델로 사용한 것이다. 이러한 검색을 사용하면서 이전 위치와 현재 위치의 픽셀의 차이가 문턱치 이상이면 단계로 인식하는 것이다. FWSA의 검색법은 매스크나 다른 방법에서 사용하는 좌측상단에서 우측하단으로의 순차적 탐색법과는 달리 무작위로 생성된 퍼지 벌레가 자신의 무작위적 움직임으로 검색해 가는 방식으로 순차적인 검색법에서 필요한 이전 픽셀과의 보상이 필요없는 것이 장점이다. 본 논문의 구성은 사용 적용 최소·최대 군집화 알고리즘에 대해서 II에서 설명하고, 퍼지 벌레 검색을 이용한 영역화에 대해서 III에서 설명한다. II와 III에서 필요한 제한 인자들을 결정하는 유전 알고리즘에 대해서 IV에서 간단히 언급하고, V에서는 위에서 언급한 알고리즘을 결합한 전체 알고리즘을 설명하였으며, 알고리즘에 대한 실험 결과는 VI, 결론은 VII에 설명한다.

## II. AMMCA(Adaptive MIN-MAX Clustering Algorithm)

Adaptive MIN-MAX clustering algorithm은 adaptive clustering algorithm(ACA)에 MIN-MAX 개념을 도입한 알고리즘이다. ACA에서 사용된 단일한 벡터로 거리 측정에 의한 군집화에 최소·최대 군집영역을 할당하므로서 ACA보다 좋은 특성을 가지는 군집화 알고리즘을 설계할 수 있다. 구성은 아래와 같다.

1) AMMCA에 필요한 최대 유효 군집단의 수 ( $Cl_m$ ), 군집단 영역의 크기 ( $Cl_{mg}$ )를 설정하고, 각 군집단의 최대, 최소 벡터를 0으로 초기화한다.

2) 입력 영상에 있어서 최최측 상단의 첫 번째 입력값을 첫 번째 군집단(cluster set)의 MIN, MAX 초기 벡터로 설정한다.

3) 2)가 아닌 경우 각 화소를 입력값으로 하여, 아래의 식으로 비교한다.

$$|Min_c - I_{ij}| + |Max_c - I_{ij}| = Cl_{mg} \quad (1)$$

$I_{ij}$ : 입력값,  $Min_c, Max_c$ : 해당 군집단의 최소·최대값  
 $Cl_{mg}$ : 군집단의 영역 범위

4) 3)의 식을 만족하면 현재의 화소값을 해당 군집단에 포함시키고, 군집단의 최소·최대 벡터를 아래의 식으로 갱신한다.

$$Min_c = \min(Min_c, I_{ij}) \quad (2)$$

$$Max_c = \max(Max_c, I_{ij})$$

5) 식 (1)을 만족하지 못하고 현재 군집단의 개수가  $Cl_m$ 과 같은 경우, 현재의 초기 설정값이 군집단을 너무 많이 만들어 영역화에 적합하지 못하므로, 단계 1)의 과정에서 필요한 인자들을 새로운 값으로 설정하여 처음부터 다시 수행하도록 한다.

6) 식 (1)을 만족하지 못하고 현재 군집단의 개수가  $Cl_m$ 의 값을 넘지 않는 경우, 새로운 군집단을 형성한다. 이때 새로이 설정되는 군집단의 최소·최대 벡터값은 현재의 입력값으로 설정한다.

7) 모든 화소에 대하여 검색이 완료될 때까지 단계 2)에서부터 개수행한다.

AMMCA는 최소·최대 벡터값을 이용하므로 인하여 ACA에 비해 단일 인자를 사용한 거리 측정보다 유연한 특성을 가지게 된다.

## III. FWSA(Fuzzy Worm Searching Algorithm)

FWSA는 새로이 본 논문에서 제안하는 자연상의 벌레의 특성을 컴퓨터의 모델로서 구성한 벌레 검색을 사용하는 방법으로, 벌레 검색에 퍼지 개념을 도입한 새로운 알고리즘이다. 제안하는 알고리즘은 퍼지 함수를 이용하여 화소값의 벌레 검색 값을 퍼지화시키게 된다. 또한, 알고리즘 특성상 벌레의 무작위적 검색으로 인하여 벌레들의 중복 할당이 일어나게 된다. 이러한 중복 할당이

일어나는 경우 퍼지화된 검색값을 퍼지 집합 연산에 내입하여 자연상의 벌레가 생존하는 약육강식의 법칙을 적용한다. 여타의 에지 검출 알고리즘은 3\*3, 5\*5, mm상의 마스크에 대하여 검색을 수행하므로 인해 한 화소값은 마스크의 수 만큼 계산이 수행되는 것에 비해, FWSA는 마스크가 필요없이 자연상의 벌레 진화과 번식의 발견을 이용하므로 인하여 빠른 검색 속도를 가지게 된다.

0) 모든 영상의 사상 벡터와 검색 벡터를 0으로 초기화하고 문턱치(threshold)  $T_2$ 를 초기화한다.

1) 영상 전체 크기의 10%미만의 초기 벌레들을 무작위로 발생하고 각 벌레의 생명치( $\xi$ )를 0.5로 초기화한다.

2) 모든 벌레들을 각각의 위치에서 8방향으로 검색을 수행한다. 이때에, 선택되지 않았던 영역에 대하여 우선권(priority)을 주도록 한다.

3) 검색 벡터가 0인 벡터 중 현재 좌표의 벌레값과 유클리디안 거리(Euclidean distance)가 최대인 승리 벡터를 구하고, 이때의 벌레 생명치를 인성한 비율로 증가시킨다. 8 방향에서 모든 검색 벡터가 1인 경우 무작위 8 방향을 선택하여 승리 벡터를 획득하고, 이러한 경우 검색이 마무리되는 단계로 볼 수 있으므로, 벌레의 생명치를 급격히 낮추어 주기 위해 이전 증가비율의 배수로 감소시킨다.

4) 승리 벡터와 현재 벡터의 거리가 문턱치( $T_2$ ) 이상이면 즉,

$$D(Cur_n, Win_c) \geq T_2 \quad (3)$$

$$D(A, B) = \sqrt{A^2 + B^2}$$

$Cur_n$ : 현재 좌표의 벡터,  $Win_c$ : 승리 벡터

를 만족하면 승리 벡터의 사상 벡터는 1이 되며, 위의 식을 만족하지 못하는 승리 벡터의 사상 벡터는 0이 된다.

5) 퍼지를 이용하여 벌레의 생명치를 아래의 퍼지 함수를 이용하여 퍼지 사상(mapping)시킨다. 퍼지 함수  $f(x)$ 는 아래의 검사식이 적용되며, 각각의 검색 결과로 인한 벌레 생명치 조절의 결과이다.

if 승리 벡터의 검색 벡터가 0이고 사상 벡터가 1  
 then 벌레 생명치  $\xi = 0.2$   
 else if 승리 벡터의 검색 벡터가 0이고 사상 벡터가 0  
 then 벌레 생명치  $\xi = 0.1$   
 else if  $\xi = -0.2$   
 $f(x) = x + \xi$   
 $x = f(x)$

6) 현재 벌레의 인덱스를 승리 벡터의 인덱스로 바꾸고 바뀐 벌레의 검색 벡터는 1로 바꾸어 검색이 된 좌표에 대한 표시를 한다.

7) 생명치가 1이상이 되면 현재의 벌레가 충분한 우성 인자를 가진다고 판단하고, 8방향으로 자식을 생성하고 각 자식의 생명치(= 0.5)를 초기화해 준다. 이때, 단일 생명치가 0이 되는 벌레에 대해서는 열성인자를 가진 벌레로 판단하여 벌레를 소멸시킨다.

8) 벌레들 중 서로 중복(overlapping)이 일어난 벌레들에 대하여서는 퍼지 집합 연산(fuzzy set operation)을 사용하여 합병한다. 중복시에 두 벌레가 승리 벡터 인덱스 이동 전의 승리 벡터들과 검색 벡터가 모두 1인 경우는 둘 모두 빨리 소멸되는 것이 원칙이므로 퍼지 교집합 연산을 벌레의 생명치에 적용한다. 이와 반대로, 두벌레의 승리 벡터 인덱스 이동 전 승리 벡터들의 검색 벡터 중의 하나가 0인 경우는 좋은 벌레가 살아나도록 퍼지 집합 연산을 사용한다. 중복의 경우 그림 1과 같이, 여기서 \*은 중복이 일어난 영역이며,  $w_i$ 와  $w_j$ 는 i, j 번째 벌레의 생명치를 나타낸다.

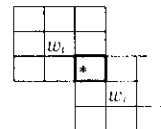


그림 1. 중복이 일어난 퍼지 벌레

9) 모든 검색 벡터가 1이 되기 전에 모든 벌레가 소멸되어 버리면 무작위 영역에 5%미만의 벌레를 생성하고

각 벌레의 생명치는 0.5로 설정한다.  
 10) 모든 검색 벡터가 1이 되면 검색을 중단하고, 그렇지 않은 경우 단계 2)로부터 재수행한다.

IV. GA(Genetic Algorithm)

유전 알고리즘(GA)<sup>[11]-[16]</sup>은 자연 생태계의 유전학과 자연 선택 원리에 의존하는 확률적 탐색(stochastic search) 방법으로 J. Holland에 의해 개발된 기법이다. GA는 최근 여러 분야에서 최적 해를 구하는데 많이 사용되고 있다. GA는 재생산(reproduction), 교배(crossover), 그리고 돌연변이(mutation) 등의 유전 연산자(genetic operators)와 적합도 평가 함수(fitness evaluation function)로 구성이 되며, 그 과정은 다음과 같다

1) 부호화(encoding) 및 초기화(initial) 단계  
 주어진 문제의 해를 유전자의 염색체(chromosome) 구조와 같이, 유전 연산자에 사용할 수 있도록 부호화한다. 부호화는 문제에서 요구하는 해의 특성에 따라 이진(binary) 값과 실수 값을 가질 수 있으며, 이들 값에 따라 유전 연산자가 달라지게 된다. 이때, 초기 개체군(parent population or initial population)은 무작위(random)로 구성한다.

2) 적합도 평가(fitness evaluation) 단계  
 구성된 개체군이 주어진 문제에 얼마나 적합한지를 평가하고, 다음 세대에 살아남을 선택확률을 정하기 위해, 초기 개체군을 적합도 함수의 인자로 하여 문제에 대한 적합도를 구한다.

3) 재생산(reproduction) 단계  
 재생산 단계는 구해진 선택확률이나 개체의 인자 값으로 각 개체를 다음 세대 개체로 재생산하는 과정으로, 개체들의 적합도나 인자값을 기준으로 하여 새로운 집단을 구성하고, 구성된 집단을 교배 저장소(mating pool)에 저장한다.

4) 교배(recombination) 단계  
 교배 저장소에서 각각 교배할 두개의 개체를 선택한다. 이진 값의 교배 방법으로는, 주로 교배되는 하나의 위치를 무작위로 선택하여 교배하는 단일 점 교배법(single-point crossover)이 많이 쓰이며, 실수 값의 교배 방법에는 개체의 인자를 무작위 선택한 이산 값에 따라 부모의 인자를 복제(reproduction)하는 이산 교배법(discrete recombination)을 주로 사용한다.

5) 돌연변이(mutation) 단계  
 구성된 개체군을 일정한 돌연변이의 확률로 자식 저장소에서 무작위로 선택한 후, 개체가 이진 값으로 구성된 경우는 임의의 비트를 역변환(0은1, 1은0으로 만드는 과정)하고, 실수 값인 경우는 돌연변이 함수로 개체를 변형시킨다.

6) 재구성(reinsertion) 단계  
 초기 개체군을 재구성하는 방법은 유전 연산자로 생성된 자식 저장소와 부모간의 적합도에 따라서 새로운 부모 개체군을 재구성하는 단계이다.

7) 반복 단계  
 요구하는 식의 최적 해를 구할 때까지 2) - 6)을 반복한다.

V. 전체 알고리즘

본 연구에서 제안하는 II과 III의 알고리즘에서 필요한 두가지 인자는 알고리즘의 수행에 있어서 지대한 영향을 가지게 된다. II에서는 유효범위를 III에서는 검색의 문턱치를 얼마나 주느냐에 따라 결과가 천차만별로 나타나게 된다. 이러한 값의 최적치를 구하기 위하여, 두 알고리즘에 유전 알고리즘을 사용하고자 한다. 이를 위해 AMMCA에 대해서는 1차 유전 알고리즘을 사용하고 FWSA에 대해서는 2차 유전 알고리즘을 각각 사용한다. 전체 알고리즘의 구성은 다음과 같다.

1) 1차 유전 알고리즘을 사용한 AMMCA  
 I> AMMCA의 영역 범위 T<sub>1</sub>를 위한 1차 유전 알고리즘의 초기 개체군(initial population)을 무작위로 생성한다.  
 II> 구성된 초기 개체군에 대하여 2차 유전 알고리즘을 사용한 FWSA에서의 최적 T<sub>2</sub>값으로 영역화 에러에 대한 적합도를 구한다. 2차 유전 알고리즘과 적합도 계

산에 대하여서는 아래에 설명하겠다.  
 III> 적합도에 대하여 오름차순으로 정렬하고 교배의 돌연변이 연산을 수행하여 부모 개체군으로부터 자식 개체군을 생성한다.

IV> 구해진 자식 개체군으로부터 II에서와 같이 적합도를 계산한다.

V> 부모 개체군과 자식 개체군으로부터 적합도에 의인하여 가장 좋은 적합도를 가진 개체군으로만 구성되는 GBR(great best reinsertion)을 사용하여 새로운 부모 개체군을 생성한다.

VI> 모든 개체군의 값이 수렴되거나 반복회수가 마지막 경우 수행을 중단하고 그렇지 않은 경우 II>로부터 재수행한다.

2) 2차 유전 알고리즘을 사용한 FWSA  
 I> FWSA의 문턱치 T<sub>2</sub>를 위한 2차 유전 알고리즘의 초기 개체군(initial population)을 무작위로 생성한다.

II> 구성된 초기 개체군에 대하여 FWSA를 수행한다. 이때 나누어진 영역화에 대하여 라벨링을 적용하여 영역화하고, 각 영역의 분산의 합을 전체 에러로 볼 수 있다. 전체 에러를 전체 영상 크기로 나누어서 적합도 함수로 사용하고 이때의 값을 적합도로 사용한다. 초기 개체군의 적합도를 아래의 적합도 함수로 구한다.

$$f(x) = \frac{\sum_{i=0}^n \delta(i)}{Image\ Size}$$

$\delta(i)$  : 해당 영역의 분산값,  $n$  : 군집된 개수  
 III> 적합도에 대하여 오름차순으로 정렬하고 교배의 돌연변이 연산을 수행하여 부모 개체군으로부터 자식 개체군을 생성한다.

IV> 구해진 자식 개체군을 새로운 집단으로 구성하여 단계 II>로부터 재수행한다.

V> 부모 개체군과 자식 개체군으로부터 적합도에 의인하여 가장 좋은 적합도를 가진 개체군으로만 구성되는 GBR(great best reinsertion)을 사용하여 새로운 부모 개체군을 생성한다.

VI> 모든 개체군의 값이 수렴되거나 반복회수가 마지막 경우 수행을 중단하고 그렇지 않은 경우 II>로부터 재수행한다.

VII> 2차 유전 알고리즘에서 FWSA의 문턱치 T<sub>2</sub>가 최적화된 경우 개체군 수렴의 전체 에러율이 1차 유전 알고리즘 개체의 적합도로 사용하게 된다. 1차 유전 알고리즘에서 자식 개체군의 생성된 값이 같은 경우 2차 유전 알고리즘을 재수행하여 적합도를 얻어야 한다. 본 연구에서는 이러한 중복 수행을 줄이기 위하여 1차 유전 알고리즘에서의 개체값으로서 사용된 적이 있는 데이터로 수행되는 경우 데이터베이스를 참조하여 수행 시간을 단축하도록 한다. 아래 그림 2는 전체 블록도서 표현한 것이다.

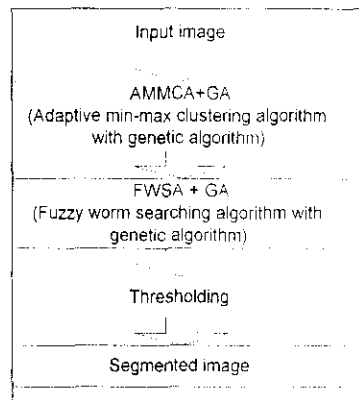


그림 2. 알고리즘의 전체 블록도

VI. 실험

본 실험에 사용된 환경은 펜티엄 컴퓨터에서 Windows 95 운영체제를 사용하였으며, 사용된 시뮬레이션 프로그램은 Visual C++ 5.0으로 프로그래밍하였다. 그림 3은 256 \* 256 크기의 헤더를 가지지 않는 lena와 pappers raw 영상이 메모리에 읽혀진 시뮬레이션 프로그램을 나타내고 있다. 그림에서 좌측측 부분이 원 영상이다. 그림 3의 두 번째 부분의 AMCA 적용 결과와 비교하면, 일정한 반적인 배터 양자화의 경우 분포가 전혀 없는 영역까지 포함하여 일정 간격으로 양자화를 이루어 적합하지 못한 결과를 나타낸다. 그러나, AMCA의 경우 영상의 분포를 고려하여 각 화소들의 분포에 따라서 자율 적용적으로 최소·최대 개념에 기반하여 양자화를 이루어 나므로 비트의 손실이 적어진다. AMCA에서 결과로 나오는 영상에 대하여 FWSA를 적용한 결과물이 그림 3의 세 번째 그림에 나타난다. FWSA를 적용한 후의 결과물은 퍼지 벌레의 생명치와 관계가 있어 퍼지 벌레가 강하게 살아나게 될 조건의 경우 그레이 농도가 진하게 나타난다. 마찬가지로, 각 영상에 나타난 결과값은 퍼지화에 의하여 그레이 농도의 양이 결정된 그림이다. 또한, 그림 4는 FWSA에서 검색을 퍼지 사상과 퍼지 연산에 의하여 검색되는 과정을 나타내는 그림이다. 두 알고리즘이 내입된 결과 영상에 대하여 더 확실한 에지 검출(edge detection)을 위해 적당한 문턱값으로 이진화시킨다. 사용된 AMCA와 FWSA에서는 사용되는 영역 범위와 문턱치를 최적화하기 위해 유전 알고리즘이 사용되었다. 여기서, 사용된 유전 알고리즘은 최적화하기 위해 몇가지 인자 설정이 필요하게 된다. 실험에서는 개체군의 개수는 20개로 사용하였으며, 돌연변이가 일어나는 시기는 반복회수가 10번이 되는 시점에 사용하였다. 또한 교배는 다중점 교배를 사용하였으며, 재조합 단계에서는 GBR(great best reinserction)법을 사용하였다. AMCA와 FWSA에 사용되는 개체군의 부호화는 모두 경수값을 가지므로 이진화 코딩을 사용하였다. 마지막으로, 제안하는 알고리즘의 속도와 수행능력을 비교하기 위해 에지 검출 방법중에 Prewitt 필터를 사용한 결과물이 그림 3의 네 번째 부분에 나타나 있다. Prewitt나 Sobel 등등의 필터를 사용하는 경우 마스크를 사용하게 되므로 인하여 "영상의 크기 \* 마스크의 크기" 만큼의 시간이 걸리게 된다. 결과적으로 제안한 알고리즘은 기존의 마스크를 사용한 에지 검출법에 비하여 "1 / 마스크 크기" 만큼의 시간 절약만 가져 왔을 뿐 아니라, 결과로 나타난 영상에서도 정확한 에지를 검출함을 볼 수 있다.



그림 3. 제안된 방법의 영역화화 Prewitt 필터를 이용한 영역화 결과

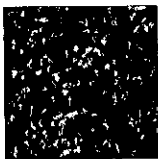


그림 4. FWSA의 검색 과정

VII. 결론

본 논문에서 제안하는 알고리즘은 영상 영역화에 있어서 새로운 검색 방법과 적용적으로 배터 양자화 하는 알고리즘을 제안하며, 두 가지 알고리즘에서 필요한 인자의 최적화를 위하여 유전 알고리즘을 도입하여 사용하는 방법에 대하여 제안하였다. 여기서 사용되는 퍼지 벌레 검색이라는 방법은 자연상의 벌레의 자가 증식과 소멸에 대하여 퍼지 개념을 도입한 검색법으로 기존의 에지 검출등에 사용되는 마스크등이 필요 없으므로, 검색 시간을 단축하였다. 제안된 알고리즘은 여러 가지 인자에 의하여 알고리즘의 수행능력이 좌우될 수 있다. 수행능력을 높이기 위해 유전 알고리즘을 사용하여 최적화된 인자로 수행할 수 있을 것이다. 여기서 제안된 퍼지 벌레 검색은 수행 시간이 짧으므로 고속의 처리를 요구하는 다른 여러 분야에 응용될 수 있을 것이다.

참고문헌

1. E. Riseman and M. Arbib, "Segmentation of static scenes," Computer Graphics and Image Processing, Vol. 6, 1977, pp. 221-276.
2. S. W. Zucker, "Region growing: childhood and adolescence," Computer Graphics and Image Processing, Vol. 5, 1976, pp. 382-399.
3. K. S. Fu and J. K. Mui, "A survey on image segmentation," Pattern Recognition, Vol. 13, 1981, pp. 3-16.
4. R. M. Haralick and L. G. Shapiro, "Image segmentation techniques," Computer Vision, Graphics, and Image Processing, Vol. 29, 1985, pp. 100-132.
5. T. Peli and D. Malah, "A study of edge detection algorithms," Computer Graphics and Image Processing, Vol. 20, 1982, pp. 1-21.
6. X. -P. Zhang and M. Desai, "Wavelet Based Automatic Thresholding for Image Segmentation," Proceedings of ICIP-97, Vol. 1, 1997, pp. 224-227.
7. 하성욱, 강대성, "적용 군집화 기법과 유전 알고리즘을 이용한 영상 영역화", 대한 전자공학회 논문지, 34(8) S, pp. 92-103, 1997.
8. B. Bhanu and S. Lee, Genetic Learning for Adaptive Image Segmentation, Kluwer Academic Publishers, Boston(1994).
9. G. P. Babu and M. N. Murty, "Clustering with Evolution strategies", Pattern Recognition, Vol. 27, 1994, pp. 321-329.
10. P. Andrey and P. Tarroux, "Unsupervised image segmentation using a distributed genetic algorithm", Pattern Recognition, Vol. 27, 1994, pp. 659-673.
11. T. Bäck, F. Hoffmeister, and H. -P. Schwefel, A survey of evolution strategies. In R. K. Belew and L. B. Booker, editors, Proceedings of the Fourth International Conference on Genetic Algorithms, pages 2-9, San Mateo, CA, 1991. Morgan Kaufmann.
12. H. Bersini and F. J. Varela, The immune recruitment mechanism: A selective evolutionary strategy. In R. K. Belew and L. B. Booker, editors, Proceedings of the Fourth International Conference on Genetic Algorithms, pages 520-526, San Mateo, CA, 1991. Morgan Kaufmann.
13. R. J. Collins and D. R. Jefferson, Selection in massively parallel genetic algorithms. In R. K. Belew and L. B. Booker, editors, Proceedings of the Fourth International Conference on Genetic Algorithms, pages 249-256, San Mateo, CA, 1991. Morgan Kaufmann.
14. L. D. Davis, editor. The Handbook of Genetic Algorithms. Van Nostrand Reinhold, 1991.
15. D. B. Fogel and J. W. Atmar, Comparing genetic operators with Gaussian mutations in simulated evolutionary processes using linear search. Biological Cybernetics, 63:111-114, 1990.
16. D. E. Goldberg, Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning, Addison Wesley, Reading, Massachusetts, 1989.