

論文2001-38SP-5-9

소형 유전자 알고리즘을 이용한 스테레오 영상으로부터의 3차원 모델 추출기법

(3D Model Extraction Method Using Compact Genetic Algorithm from Real Scene Stereoscopic Image)

韓圭必*, 嚴太億**

(Kyu-Phil Han and Tae-Uk Uam)

요 약

최근 2차원 실시간 영상통신기술들이 급속한 발전을 거듭하여 여러 제품에 상용화되고 있는 추세이다. 그러나 이 기술들은 2차원 영상의 시간적 전송이므로 가상현실의 도래로 인해 수반된 3차원 현실감을 다루기에는 불충분하다고 할 수 있다. 이밖에 컴퓨터 그래픽 분야의 3차원 가상현실 연구가 합성 영상에 국한되어 연구되어졌기 때문에 실 영상에 대한 가상현실의 구현이 어려운 실정이다. 그러므로 본 논문에서는 스테레오 시각을 이용하여 실 영상 가상현실 구현에 적용될 수 있는 유전자 알고리즘 기반의 새로운 3차원 객체 추출 기법을 제시한다. 제안한 방법은 저장공간의 낭비와 알고리즘의 복잡성을 줄이기 위해서 확률벡터와 반복학습에 기반한 개체군기반 증가 학습이라는 소형 유전자 알고리즘을 정합 환경에 맞게 변형시켰다. 그 결과 정합 성능이 기존의 스테레오 정합 기법보다 우수하며, 간단하고 빠른 정합 알고리즘을 제시할 수 있었다. 또한, 영상의 특성에 무관하게 알고리즘의 변경 없이 안정된 결과를 얻을 수 있다는 장점이 있었다.

Abstract

Currently, 2D real-time image coding techniques had great developments and many related products were commercially developed. However, these techniques lack the capability of handling 3D actuality, occurred by the advent of virtual reality, because they handle only the temporal transmission for 2D image. Besides, many 3D virtual reality researches have been studied in computer graphics. Since the graphical researches were limited to the application of artificial models, the 3D actuality for real scene images could not be managed also. Therefore, a new 3D model extraction method based on stereo vision, that can deal with real scene virtual reality, is proposed in this paper. The proposed method adapted a compact genetic algorithm using population-based incremental learning(PBIL) to matching environments, in order to reduce memory consumption and computational time of conventional genetic algorithms. Since the PBIL used a probability vector and competitive learning, the matching algorithm became simple and the computation load was considerably reduced. Moreover, the matching quality was superior than conventional methods. Even if the characteristics of images are changed, stable outputs were obtained without the modification of the matching algorithm.

* 正會員, 金烏工科大學校 컴퓨터工學部

(School of Computer Eng., Kumoh Nat'l Univ. of Tech)

** 正會員, 龜尾技能大學 電子科

(Dept. of Electronics, Kumi Poly-tech. College)

※ 본 연구는 2000년도 금오공과대학교 학술연구비 지원에 의하여 연구된 논문임

接受日字:2001年8月31日, 수정완료일:2001年6月29日

I. 서론

최근 정보화가 가속화됨에 따라 문자뿐만 아니라 오디오 및 비디오를 포함하는 멀티미디어 정보에 대한 수요가 급증하게 되었고 이런 복합정보의 효율적인 저장과 전송을 위해 활발한 연구가 진행되고 있다. 특히

2차원 실시간 영상통신기술들이 급속한 발전을 거듭하여 현재 여러 제품에 상용화되고 있는 추세이다. 그러나 이 기술들은 2차원 영상의 시간적 전송이므로 가상현실의 도래로 인해 수반된 3차원적 현실감을 다루기에는 불충분하다고 할 수 있다. 이밖에 컴퓨터 그래픽 분야의 3차원 가상현실 연구가 VRML이라는 3차원 모델 기술언어에서 출발해 X3D란 이름으로 국제 표준화 작업이 진행되고 있다. 이들 가상현실에 관한 연구들은 합성 영상에 국한되어 연구되어졌기 때문에 실 영상에 대한 가상현실의 구현이 어려운 실정이다. 이 문제는 실 영상에서 3차원 객체 모델을 추출하는 기법의 부재로 인한 것이다. 만약 실 영상에서 3차원 모델을 추출할 수 있다면 현재까지 연구된 가상현실 기술에 접목시켜, 입체 영상통신과 컴퓨터 및 인터넷 환경에서의 가상현실이 구현될 수 있을 것이다. 그러므로 2차원 실 영상으로부터 3차원 정보를 추출할 수 있는 기법이 필요하며, 현재 스테레오 시각 기법을 이용한 3차원 객체 추출 기법에 관한 연구가 가장 접근이 용이한 방법으로 인식되고있다.

스테레오 시각 기법은 인간이 두 눈을 사용하여 입체 정보를 얻는 방식과 동일하게 두 개의 카메라를 이용하여 서로 다른 관점(view point)에서 얻어진 두 장의 영상으로부터 3차원 거리 정보를 복원하는 수동 거리측정 방법의 하나이다^[1]. 스테레오 시각에서 가장 중요한 부분은 좌·우 영상 사이의 대응점(corresponding point)간의 거리, 즉 변이(disparity)를 찾아내는 정합(matching) 과정이라 할 수 있다. 그러나, 효율적인 정합을 위해서 영상에서의 특징 추출, 추출된 특징들의 결합, 정합 창들의 크기와 형태의 결정, 폐색(occlusion) 영역에서의 처리 등과 같은 문제를 동시에 고려해야 하기 때문에 스테레오 정합 과정은 많은 어려움을 가지고 있다^[2]. 이와 같은 요소들은 스테레오 영상에 잡음이 많거나 좌·우 영상의 일부가 서로 다른 경우에는 더 큰 문제가 될 수 있다.

현재까지 연구되어온 정합 알고리즘은 영상에서 특징을 추출하여 정합하는 특징 기반법(feature-based method)^[3]과 밝기 값을 이용하는 휘도 기반법(intensity-based method)^[4]이 대표적인 방법이었다. 그러나 특징기반 방법은 특징이 있는 부분에서는 정확한 값을 찾을 수 있지만 영상 전체에서 대응점을 구할 수 없고 특징을 추출하는 과정이 추가되기 때문에 알고리즘이 복잡하다는 단점을 가지고 있다. 이에 반해, 휘도

기반 방법은 영상 전체에서 대응점을 구할 수 있지만 그 값들이 잡음에 민감하기 때문에 신뢰도가 떨어지는 단점이 있었다. 그래서 최근 연구되어지는 방법들은 특징을 복합적으로 이용하는 방법^[5], 위상을 이용하는 위상기반^[6], 변환을 이용하는 방법^[7] 등이 연구되었지만 이들 방법들도 특징 및 휘도 기반의 특성을 포함하기 때문에 상기 서술된 정합문제가 여전히 남아있다.

최근 정합 과정을 최적화 문제로 모델링하여 유전 알고리즘을 적용하는 방법^[8]이 연구되어오고 있는데, 이 방법은 정합과 이완처리를 동시에 고려하기 때문에 정합결과가 우수하고 이완처리를 포함한 방법들보다 수행 속도가 빠른 장점이 있다. 그러나 여전히 유전 알고리즘이 가지고 있는 많은 저장공간의 요구와 수행속도의 개선이 필요한 실정이다. 그러므로 이런 유전 알고리즘을 단순하게 구현하기 위한 여러 연구 중에서 확률벡터(probability vector)를 사용하는 개체군기반 증가 학습(population-based incremental learning: PBIL)^[9] 방법이 제시되었고 유전 알고리즘의 복잡성을 줄였기 때문에 소형 유전알고리즘(compact genetic algorithm)이라 일컫는다.

본 논문에서 제안하는 정합 알고리즘은 개체군기반 증가 학습에 기반한 소형 유전 알고리즘을 스테레오 정합에 맞게 변형하였다. 그 결과 유전자 풀을 제거하여 저장 공간의 소모를 줄였고 염색체 교차와 돌연변이 연산 없이 확률벡터의 값만으로 정합을 수행하였다. 그러므로 제안된 방법은 정합 규칙이 단순하며 계산속도를 감소시킬 수 있었다. 이렇게 스테레오 정합을 통해 획득된 변이 값을 컴퓨터 및 인터넷 환경에서 입체로 표현하기 위해 3차원 객체로 모델링하여 VRML97 형식으로 표현된 3차원 모델을 얻게 하였다. 제안된 기법을 무작위 점 영상(random dot stereogram)과 실 영상(real scene image)에 대한 실험에서 기존정합 방법과 비교되었고 그 결과 잡음에 매우 강하고, 수렴성이 높으며, 비교적 정확한 변이값과 3차원 모델을 획득할 수 있었다.

II. 소형 유전자 알고리즘

유전자 알고리즘은 보다 적응성(fitness)이 높은 개체(individuals)가 다음 세대에 생존할 확률이 높다는 자연 선택의 법칙을 가정으로 하는 진화론에 기반한 최적화 방법이다.^[10] 이 유전자 알고리즘은 적용환경을 염

색체 형태로 부호화하여 원하는 방향으로 진화를 시킨 후 적절한 결과를 선택하게 된다. 진화과정은 교배(mating)에서 발생하는 염색체 교차(chromosome crossover)와 유전자 돌연변이(gene mutation) 현상을 사용하여 초기 염색체로부터 보다 적응성이 높은 개체를 발생시켜 유전자 풀(gene pool)에 추가한다. 그리고 매 세대(generation)마다 각 염색체에 적응성을 할당할 후 개체를 평가한다. 만약 적자로 선택된 염색체가 종료조건을 만족한다면 유전자 알고리즘은 종료될 것이고 그렇지 않으면 생산과 평가단계를 반복 수행한다. 이처럼 자연계의 진화 과정을 모방한 유전자 알고리즘은 유전 인자의 비용함수 또는 거리척도에 반비례하는 적응치(fitness)를 이용하여 유전 인자의 적응 정도를 판단하며 적응치가 높을수록 다음 세대에서 생존될 가능성을 높이기 때문에 적응함수(fitness function)가 정의한 해를 찾을 수 있다.^[11]

개체군기반 증가 학습은 탐색 기법을 염색체 교차 및 돌연변이에 의존하지 않고 확률값에 의존해서 해를 찾아가는 방법이다.^[12] 이것은 유전자의 생존가능성을 확률값으로 변환하여 저장하고 매 세대마다 확률값에 기반해서 유전자를 발생시킨다. 발생된 유전자는 자신의 적응정도에 따라서 확률값을 변화시키고 사라지며, 다음 세대의 유전자는 또 다시 확률값에 의해 발생된다. 그러므로 일반 유전알고리즘과 같이 생존된 염색체를 계속 저장시킬 필요는 없다. 이런 과정을 반복하여 최종적으로 확률값이 수렴하게 되면 반복 수행을 정지한다. 이진열에서 기본적인 개체군기반 증가학습의 의사코드는 그림 1에서와 같다. 여기서 l 과 n 은 염색체 길이와 개체군의 크기를 각각 나타낸다. 먼저 모든 유전자의 초기 확률값을 0.5나 염색체의 크기(유전자의 갯수)의 역수로 설정하고 n 개의 유전자를 무작위하게 발생시킨다. 염색체 발생은 그 염색체의 확률벡터의 값과 $[0, 1]$ 사이 무작위하게 발생된 수를 비교해서 간단하게 결정할 수 있다. 만약 어떤 염색체의 확률벡터 값이 0.5이고 무작위하게 발생된 값이 0.3이면 그 염색체는 유전자 풀에 포함되고 그렇지 않으면 다른 염색체를 발생시키게 된다. 이 과정을 거쳐 유전자 풀에 저장된 염색체들은 적응성을 할당받게된다. 할당된 적응성 값을 이용하여 확률벡터를 갱신하고 수렴조건을 검사한 후 반복수행을 한다. 이 과정을 확률벡터의 변화로 살펴보면 그림 2에서와 같다. 이 경우는 발생 가능한 염색체가 8개인 경우이다. 그림 2(a)와 같이 각 유전자

에 대한 초기 확률값을 0.5로 정하고 각 개체를 생성시키게 된다. 생성된 염색체의 개수는 정해져 있지 않으므로 2개 이상의 염색체를 만들면 된다. 왜냐하면 적어도 승자(winner)가 존재해야 되기 때문이다. 발생된 염색체 중에서 3번째 염색체가 가장 적합하다는 판정이 나면 그 염색체에 해당되는 확률 값을 그림 2(b)에서와 같이 증가시키고 나머지는 감소시킨다. 확률값의 변화 규칙은 거리에 따라서 변화분을 다르게 적용할 수 있다. 그림 2(b)는 거리를 고려해서 변화분을 결정했기 때문에 3번째 염색체와 많이 떨어진 곳의 확률은 크게 감소한다. 다음 단계의 생성 단계에서는 염색체의 발생도 확률 값에 의존하므로 3번째 염색체가 발생할 가능성이 크며, 연속적으로 세번째 염색체가 선택되었다면 그림 2(c)의 경우와 같이 될 것이다. 다음세대에서 3번째 염색체가 발생되지 않고 5번째 염색체가 최적이라고 선택되었다면 그림 2(d)의 경우와 같이 될 것이다. 이런 반복 과정을 거쳐 확률값이 수렴되면 연산을 종료하게 된다.

```

1) initialize probability vector
   for  $i=1$  to  $l$  do  $p[i]=0.5$  or  $1/l$ ;
2) generate  $n$  individuals from the vector
   for  $j=1$  to  $n$  do
      $gene[j] = production(p)$ ;
3) assign the fitness to each individual
4) update the probability according to the fitness
5) check if the vector has converged
   for  $i=1$  to  $l$  do
     if  $p[i]>0$  and  $p[i]<1$  then
       return to step 2;
6)  $p$  presents the final solution

```

그림 1. 이진열에서 개체군기반 증가 학습의 의사코드
Fig. 1. Pseudo code of PBIL in a binary string.

이 개체군기반 증가 학습법을 살펴보면 한 세대에서 발생된 염색체는 확률값을 갱신하고 소멸되므로 염색체의 정보는 확률벡터에 남아있게 된다. 확률벡터의 개수는 염색체 개수와 동일하기 때문에 N 개의 염색체가 있다면 확률벡터의 개수도 N 개이므로 $2N$ 개의 저장 공간이 필요하다. 그러나 일반 유전 알고리즘은 생존된 염색체를 계속 저장하여야 하고 발생된 염색체의 각 유전자들을 모두 가지고 있어야 하므로 저장 공간이

증가하게 된다. 이것은 유전자 풀의 크기에 따라 달라지게 된다. 만약 저장 공간을 줄이기 위해 풀의 크기를 작게 한다면 수렴성을 보장할 수 없게 된다.^[12] 위의 예에서 유전자 풀의 크기가 M 이라고 할 때, 일반 유전 알고리즘의 저장공간은 $M \times N \times l$ 이 된다.

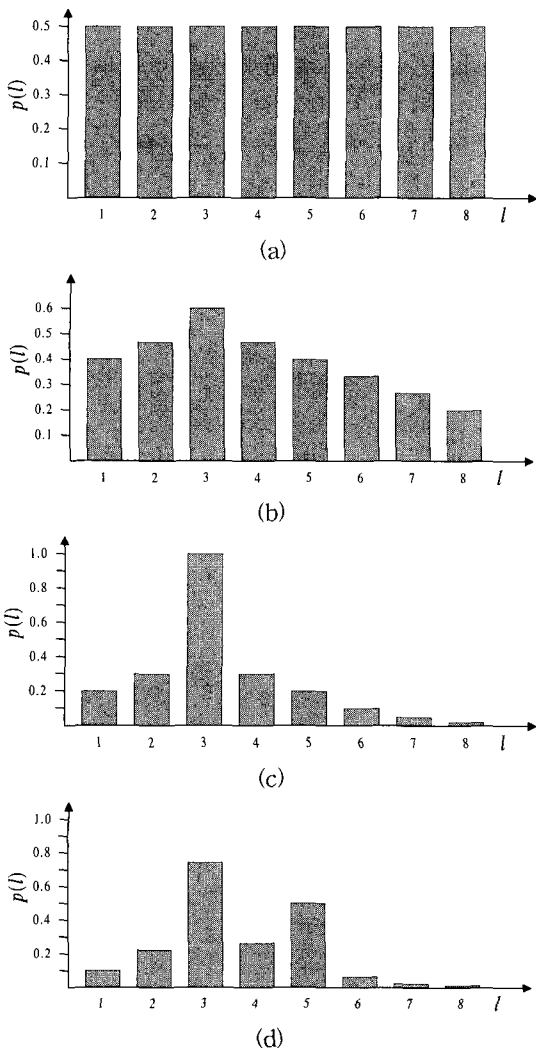


그림 2. 확률벡터의 변화 예 (a) 초기 확률벡터 (b) 3 번째 염색체가 적자로 선택된 경우 (c) 연속적으로 3번째 염색체가 선택된 경우 (d) 5번째 염색체가 선택된 경우

Fig. 2. Example of the change of probability vector. (a) Initial probability vector (b) when the third chromosome is selected as the fittest in the generation (c) when the third is selected again as the fittest (d) when the fifth is selected.

III. 제안한 객체 추출 알고리즘

실 영상에서부터 3차원 모델을 찾기 위해서 제안한 방법은 모델링, 스테레오 정합, 3차원 모델 생성의 3단계로 구성된다. 모델링 과정은 스테레오 정합 환경을 유전자 알고리즘에 적용시키기 위해 염색체의 형태를 정의하는 단계이고 스테레오 정합은 유전자 알고리즘의 연산자들을 사용해서 실제 변이를 구하는 단계이다. 이렇게 획득된 변이 값이 3차원 거리 정보를 가지기 때문에 변이 값을 기초로 해서 삼각형 메쉬를 화소 단위로 생성하여 3차원 객체를 추출하였다. 세 번째 단계는 영상의 위치 값과 변이 값을 바로 3차원 좌표로 이용하여 각 좌표를 연결하여 메쉬를 만들었기 때문에 설명이 불필요하다. 그러므로 본 절에서는 확률모델과 정합 과정을 상세히 설명하겠다.

1. 정합환경의 확률모델(probability model for matching environment)

제안한 객체 추출 알고리즘은 개체군기반 증가학습을 이용한 방법이므로 가장 우선적으로 확률벡터의 구조가 정의되어야 한다. 스테레오 정합에서는 그림 3(a)에서와 같이 2차원 참조 영상(reference image)의 한 화소(혹은 블록)에 일치하는 목표 영상(target image)의 대응점을 찾아야 한다. 다시 말해서 참조 영상의 한 점은 탐색 영역 내에 있는 목표 영상의 각 후보 화소에 정합 되어질 수 있다. 여기서 목표 영상의 후보 화소들을 기준으로 생각하면 각 후보 화소들은 기준 점에 정합 되어질 확률 값으로 표현될 수 있다. 그림 3(b)는 각 후보화소의 정합 확률을 표시한 것으로 그림 2에서와 같은 형태를 갖는다. 그러므로 정합 환경을 확률벡터로 모델링하면 변이 k 는 발생 가능한 유전자가 되고 확률 값은 정합될 확률을 나타낸다. 그림 3은 한 점에서 1차원 확률벡터를 가지는 경우를 나타낸 것인데, 이것을 2차원 영상 전체로 확장하면 그림 4에서 보는 것과 같이 영상의 크기에 변이 범위가 더해진 3차원 확률벡터로 표현될 수 있다. 여기서 (i, j) 는 영상 평면이고 k 는 변이 축이 된다. 3차원 확률벡터 한 점에서 값 $p(i, j, k)$ 는 참조 영상에서의 (i, j) 번째 화소가 목표 영상에서 k 화소만큼 떨어진 점에 정합 되어질 확률을 나타낸다. 그러므로 스테레오 정합에서 정확한 변이를 찾는 문제가 여기에서는 확률벡터 상에서 변이 축 방

향으로 가장 큰 확률 값을 가지는 k 를 찾아내는 문제로 바뀌게 된다.

만약 극상선 제약조건(epipolar constraint)이 만족되지 않는 움직임 예측(motion estimation)과 같은 환경에서 정합을 수행한다면 탐색 영역이 2차원이므로 전체 4차원 확률벡터가 요구된다. 그러나 수평과 수직 방향의 움직임을 분리해서 사용한다면 수평 변이와 수직 변이를 각각 다룰 수 있는 2개의 3차원 확률 벡터가 필요하다.

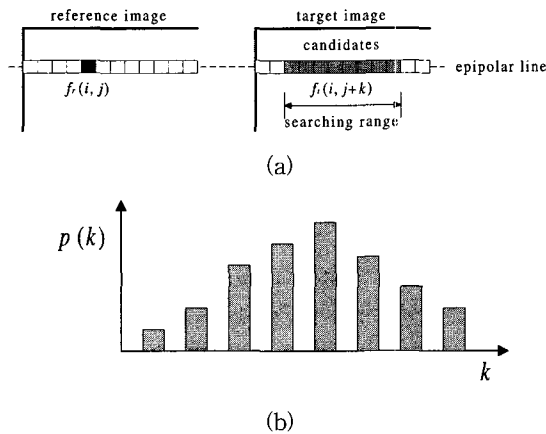


그림 3. 스테레오 정합 환경의 부호화 예 (a) 정합 환경 (b) 목표영상에서 후보 화소들의 정합 확률값

Fig. 3. An encoding example of stereo matching environment. (a) Stereo matching environment (b) Matching probabilities of candidate pixels in target image.

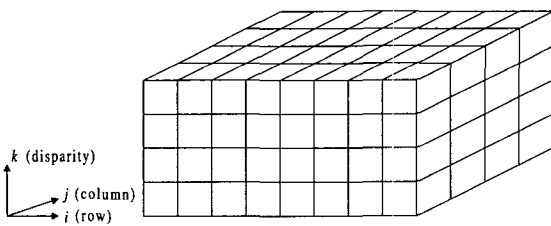


그림 4. 3차원 확률벡터

Fig. 4. Three-dimensional probability vector.

2. 소형 정합 알고리즘(compact matching algorithm)

본 논문에서는 그림 4에서와 같이 정의된 확률벡터의 값을 초기화 한 후 개체군기반 증가학습 방법으로 변화를 주어 최종적인 변이 값을 찾아내게 된다. 3차원 객체 추출의 전 단계에 사용된 스테레오 정합 알고리

즘의 의사코드는 그림 5에서와 같다. 먼저 각 확률벡터의 값을 0.5로 초기화 한 후, 주어진 개수만큼의 염색체를 발생시킨다. 여기서 발생하는 염색체 값은 변이 값이 된다. 발생한 염색체 중에서 승자를 결정지어야 하므로 염색체는 최소 2개 이상 발생되며, 한 세대에서 발생하는 염색체의 수가 작으면 수렴속도가 느려지고 많아지면 수렴속도가 빨라진다. 만약 발생 가능한 모든 염색체를 한 세대에서 발생시킨다면 염색체의 생산단계 없이 바로 평가 단계에서 모든 염색체를 평가하면 된다. 발생되어진 변이 값들, 즉 염색체들은 적당한 평가함수에 의해 적응치(fitness value)를 할당받게 되고 그 중에서 적자를 선택하게 된다. 선택된 적자의 확률값은 증가되어지고 나머지 확률 값들은 감소되어진다. 이 과정을 반복 수행하여 수렴정도를 검사하고 알고리즘의 종료를 판단한다. 제안된 알고리즘에서 사용된 염색체 생산함수와 평가함수는 다음과 같다.

```

1) initialize probability vector
   for i=1 to row_size
     for j=1 to column_size
       for k=1 to disparity_range do
         p[i][j][k] = 0.5;
2) generate n individuals based on the vector
   for i=1 to row_size
     for j=1 to column_size
       for k=1 to n
         chromo[k]=production(p);
3) compete with them and find the fittest
   evaluate(chromo 1, chromo 2, ..., chromo n);
4) update the probability
   if k-th chromo is the winner then
     p[i][j][k] += Δp;
   else
     for l=1 to disparity_range
       if( l≠k )
         p[i][j][l] -= Δp;
5) check if the vector has converged
   find disparity having maximum probability
   along k-direction
   if previous disparity == current disparity then
     goto step 6;
   else return to step 2;
6) p presents the final solution
    
```

그림 5. 제안한 소형 정합 알고리즘의 의사코드

Fig. 5. Pseudo code of the proposed compact matching algorithm.

(1) 염색체 생산함수(chromosome production function)
 확률벡터에 기반한 염색체의 생산과정은 무작위 함수(random function)를 이용하였다. 먼저 변이와 생존 확률(survival probability)을 무작위하게 발생시킨다. 발생된 생존확률이 저장된 확률벡터의 값보다 크면 그 발생된 변이를 염색체로 설정하고 그렇지 않다면 생산 함수를 다시 사용하여 재 발생시킨다. 이때 발생되어지는 변이는 중복되지 않게 한다. 생산과정의 의사코드는 그림 6에서와 같다. 여기서 MAX_NUM은 무작위 함수의 최대 출력값이다.

```

for i=1 to n {
  chromo[i]=random(seed)%(disparity_range+1);
  survival_prob=random(seed)%MAX_NUM;
  if survival_prob>p[i][chromo[i]]
    goto regeneration_step;
  if the chromo[i] is a duplicate
    goto regeneration_step;}

regeneration_step:
do{
  generate chromo[i] and survival_prob;
  if chromosome[i] is survived and not a duplicate
  return;}
    
```

그림 6. 염색체 생산과정의 의사코드
 Fig. 6. Pseudo code of chromosome production step.

(2) 평가함수(evaluation function)
 생산함수에 의해 발생된 n개의 염색체들 중에서 승자를 결정하기 위해서는 스테레오 정합에서 정확한 정합점을 결정하는 것과 같은 형식의 함수가 사용되어야만 한다. 일반적으로 자신의 화소와 같은 점을 찾을 때 사용되어지는 제약조건은 ‘대응점의 밝기 값이 자신의 밝기 값과 비슷해야 한다’는 밝기 유사성(intensity similarity)과 ‘주변 화소의 정합점들과 자신의 정합점은 연속하다’는 변이연속성(disparity continuity)이 보편적이다. 그러므로 본 논문에 사용된 평가함수는 밝기 유사성과 변이 연속성을 사용하였고 이 함수의 값에 따라 염색체를 평가하여 승자와 패자를 결정하였다. 일반 스테레오 정합에서는 ‘한 화소는 반드시 한 점에 대응되어야 한다’는 변이 유일성(disparity uniqueness) 제약 조건이 사용되어지는데, 본 방법에는 사용되지 않았다. 왜냐하면 개체군기반 증가학습에서는 자신의 확률값을 증가시키면서 다른 확률값은 감소시키기 때문에 항상

한 개의 값만이 수렴하게 된다. 그러므로 유일성 제약 조건은 필요없다고 할 수 있다.

밝기 유사성 함수는 참조 영상의 화소 값과 염색체가 가지는 변이만큼 떨어진 곳에서의 참조 영상의 밝기 값 차이를 나타내기 때문에 j번째 염색체의 절대값 밝기 차이의 평균은

$$MAD_{ij} = \frac{1}{s^2} \sum_{(x,y) \in W} |f_i(m+x, n+y) - f_r(m+x, n+y + C_j(x,y))| \quad (1)$$

로 표현되어질 수 있다. 여기서 f_r 는 영상의 밝기 값, W 는 염색체, s^2 는 염색체의 크기 그리고 C_j 는 발생된 염색체를 각각 나타낸다. 만약 블록단위로 정합이 이루어진다면 W 는 블록을 나타내고 화소단위로 이루어진다면 한 화소가 된다.

변이의 연속성 함수는 이전 세대의 염색체에서 8-연결성(8-connectivity) 이웃화소의 평균 변이 차를 사용하였다. 그러므로

$$MAD_{di} = \frac{1}{8} \sum_{k=1}^8 d_k \quad (2)$$

로 표현되어질 수 있다. 여기서 d_k 는 8-연결성에 해당되는 변이 차, 다시 말해서 현재 화소에서의 염색체와 주변화소의 염색체 값의 차이를 나타낸다. 최종적으로 염색체를 평가하는 함수는

$$E(j) = \frac{1}{f(j)} = \begin{cases} MAD_{ij}, & \text{generation} = 0 \\ w_i MAD_{ij} + w_d MAD_{di}, & \text{generation} > 0 \end{cases} \quad (3)$$

이고 w_i 와 w_d 는 밝기 및 변이 값 차이의 가중치를 각각 나타낸다. 각 가중치는 밝기 값의 차이와 변이 값의 차이를 같은 비중으로 고려하기 위해서 사용되었기 때문에 탐색 범위를 고려해서 결정하였다. 밝기 값의 범위는 255단계이므로 만약 변이의 탐색 범위가 20이면 w_d 를 255/20으로 설정하여 밝기 값의 크기만큼 증가시켜서 사용하였다. j번째 염색체의 평가함수 $E(j)$ 는 밝기와 변이 값의 오차를 나타내므로 적응치 $f(j)$ 는 역수로 표현되어질 수 있다. 이것은 오차를 최소로 하는 염색체가 적응성이 높다는 것을 의미한다. 제한한 알고리즘에서는 승자만 결정하면 되기 때문에 $E(j)$ 를 최소로 하는 j를 선택하면 된다. 그리고 초기 염색체에서는 주변 변이 값이 결정되지 않았기 때문에 평가함수에 밝기 유사성 함수인 식 (1)만 사용된다.

일반적으로 유전 알고리즘에 사용되어지는 적응함수 (fitness function)는 발생된 염색체 각각에 적응성을 할당하고 이 값을 다시 생존확률로 변환하여야만 한다. 여기에서 변환되는 생존확률은 생산단계에서 무작위하게 발생되어지는 생존확률과는 달리 자연선택(natural selection)을 위해 사용되어지므로 적응성을 생존확률로 변환하는데 많은 어려움이 있다. 왜냐하면 적응성과 생존확률과의 관계를 정확하게 모델링 되어야만하기 때문이다. 그러나 본 논문에서 사용된 식 (3)의 평가함수는 염색체들 중에서 적응성이 높은 것만을 판단하면 되기 때문에 특정한 확률 값으로 변환할 필요가 없고 간단히 대소만을 비교하면 된다.

IV. 실험

제안한 알고리즘의 성능을 평가하기 위해 기존의 밝기 기반 블록 정합법 그리고 이완처리 방법에 대해서 비교 설명하였다. 밝기 기반 정합법은 상관(correlation) 기반으로 밝기의 평균절대오차(mean of absolute difference:MAD)를 척도로 이용하였다. 실험에 사용된 영상은 계단형 변이를 갖는 50% RDS(random dot stereogram), 실내영상인 "bear", 항공영상인 "pentagon" 영상을 사용하였다. 이 영상들은 그림 7~9에서와 같다.

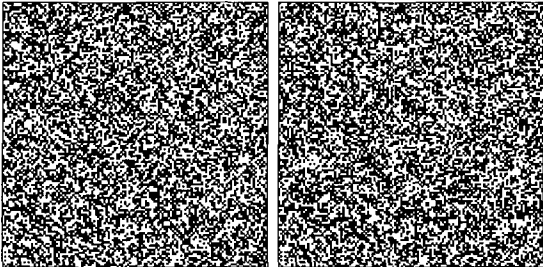


그림 7. 50% RDS(random noise 20%)
Fig. 7. 50% RDS(20% of dots are randomly decorrelated).

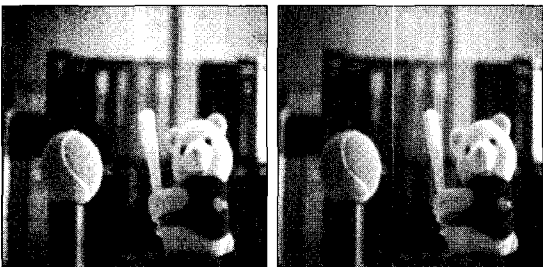


그림 8. "Bear" 스테레오 영상
Fig. 8. "Bear" stereo image pair.

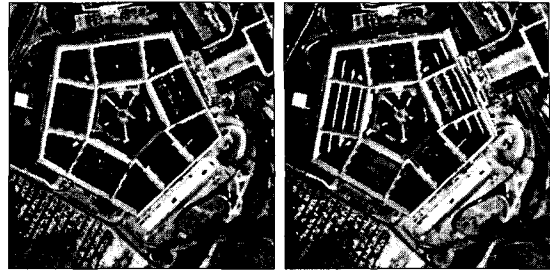


그림 9. "Pentagon" 스테레오 영상
Fig. 9. "Pentagon" stereo image pair.

각 실험 영상의 정보는 표 1에서와 같다. 합성영상인 RDS는 무작위 잡음을 20% 실었고 나머지 실 영상은 잡음을 추가하지 않았다.

표 1. 실험영상의 정보

Table 1. The information of experimental images.

Items	Images	50% RDS	"Bear"	"Pentagon"
image size		128×128	200×200	512×512
noise type		20% random	none	none
actual disparity		0~3	about 0~7	about -8~8
range of gene value (searching range)		-4~6	-5~10	-10~10
chromosome size		5×5	5×5	5×5
Δp		0.05	0.05	0.05

제안한 방법의 핵심 개념이 이완처리를 포함한 블록 정합법^[1,2,4]과 동일하고 진화적 접근과 순차적 접근의 차이만 있기 때문에, 블록 정합법의 정합 창과 같은 5×5로 같이 설정하였다. 정합 척도는 참조 영상과 목표 영상 사이의 평균 절대치오차를 최소로 하는 값을 변이로 결정하였다. 그리고 이완처리 방법은 Marr와 Poggio 방법의 cooperative 알고리즘을 개선한 방법[13]과 비교하였다. 그림 10은 5×5 블록으로 블록정합을 수행한 것이고 그림 11은 블록정합을 수행한 후 각 변이에 대해서 주변 값들을 이용하여 반복 이완처리를 10회 수행한 결과이다. 일반적으로 스테레오 정합은 블록 기반이나 특징 기반과 같은 정합 방법으로 먼저 정합을 수행하고 일관성 있는 결과를 얻기 위해 이완처리 과정을 거친다. 정합만을 수행하면 그림 10에서와 같이 많은 부분에서 오정합이 이루어진 결과를 얻게 된다. 그러므로 이들을 없애기 위해서 주변 정합 값을 이용

하여 이완처리가 반드시 수행되어야 한다.

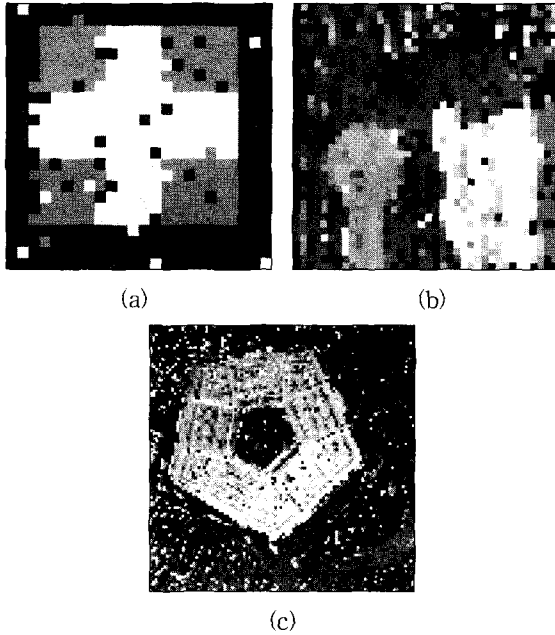


그림 10. 5×5 블록정합의 결과 (a) 50% RDS (b) "bear" (c) "pentagon"
 Fig. 10. Results of 5×5 block matching. (a) 50% RDS (b) "bear" (c) "pentagon".

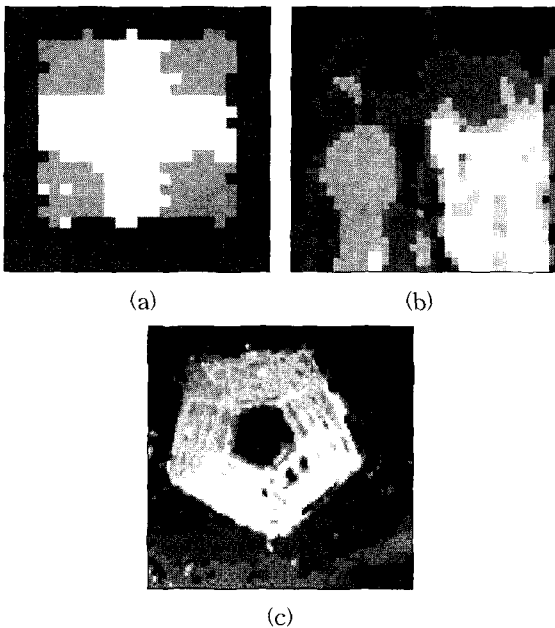


그림 11. 10회 반복 이완처리 결과 (a) 50% RDS (b) "bear" (c) "pentagon"
 Fig. 11. Relaxed results after 10 iterations. (a) 50% RDS (b) "bear" (c) "pentagon".

제안한 유전 알고리즘은 매 세대에서 발생된 염색체들에 대해서 밝기 값의 차이가 작고 주변화소와의 변이 값이 유사한 염색체의 확률을 증가시키기 때문에 그림 12~14에서 보는 것과 같이 각 세대에서 정합과 이완처리가 동시에 이루어진다는 장점이 있다. 특성이 다른 세 영상에 적용해 본 결과 10세대 이전에서 모두 수렴되는 것을 볼 수 있었다. 그림 12~14는 각 세대에서 최대확률을 가지는 변이 값을 밝기 값으로 변환하여 표현한 것이다.

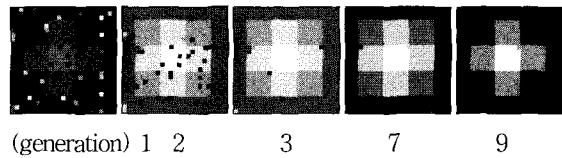


그림 12. 50% RDS에 대한 제안한 알고리즘의 결과
 Fig. 12. Results of the proposed algorithm for 50% RDS.

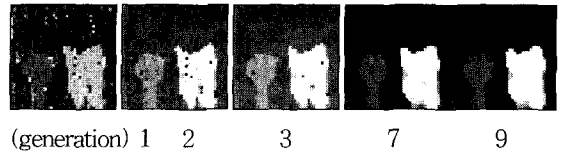


그림 13. "Bear" 영상에 대한 제안한 알고리즘의 결과
 Fig. 13. Results of the proposed algorithm for "bear" image.

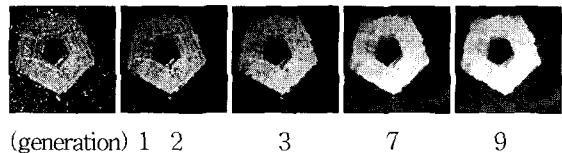


그림 14. "Pentagon" 영상에 대한 제안한 알고리즘의 결과
 Fig. 14. Results of the proposed algorithm for "pentagon" image.

그림 12는 20%의 무작위 잡음이 실린 영상에서 한 염색체에서만 오정합이 이루어졌고 나머지는 정확히 변이를 찾을 수 있었다. 그리고 실제 영상인 "bear"에서는 공과 곰 그리고 벽면의 책장 등이 검출되었고 "pentagon" 영상에서는 건물과 우측 상단의 다리가 비교적 정확하게 검출되었다. 표 2는 내부 클럭이 266MHz인 PentiumII PC에서 모든 실험한 결과의 수행시간을 비교한 것이다. 표 3은 50% RDS에 적용된 정량적 오차를 표시한 것으로 그림 11(a)와 그림 12의

가장 오른쪽결과를 비교한 것이다.

표 2. 수행시간 비교

Table 2. The comparison of computation time.

Items	conventional method	the proposed method
	Images	block matching + relaxation(10-iteration)
50% RDS	1.14 sec	0.88 sec
Bear	4.27 sec	2.63 sec
Pentagon	37.23 sec	21.94 sec

표 3. 50% RDS에 대한 정합 오차비교

Table 3. The comparison of matching result for 50% RDS.

Error	Methods	BMA with relaxation	the proposed method
Number of error blocks		39	1
Total error value		1000	25
Mean error		0.061	0.0015

표 2에서 보는 것과 같이 제안된 유전자 알고리즘은 블록 정합보다 계산 시간이 평균적으로 66% 정도 작게 소요되었다. 왜냐하면 유전자 알고리즘은 정합과 이완 처리가 식 (3)에서와 같이 매 세대마다 이루어지기 때문에 이완처리와 탐색이 동시에 이루어진다는 장점이 있다. 표 3의 결과를 살펴볼 때, 진화적 계산법을 이용한 제안된 방법이 동일 형식의 기법에 비해 오정합이 1/40배 감소하였다. 이상의 실험에서 제안된 정합알고리즘이 계산 속도, 수렴속도 그리고 결과에 개선이 있었다.

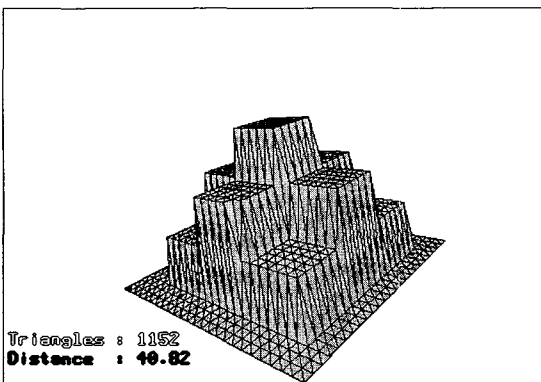


그림 15. VRML 도구를 이용한 50% RDS의 3차원 뷰
Fig. 15. 3D rendered view of 50% RDS using VRML tool.

그림 12~14에서 보는 것과 같이 제안된 스테레오 정합에서 구해진 변이 값 그 자체가 3차원 거리를 나타내므로 변이 값으로 3각형 메쉬를 생성시켜 3차원 모델을 생성하였다. 그림 15~17은 그림 12~14의 결과를 VRML97 형식으로 표현하여 영상을 중복시킨 결과이다. 이렇게 표현된 결과를 컴퓨터 및 인터넷 환경에서 실 영상의 입체 형태로 전송하거나 사용자가 원하는 관측점에서 세밀히 관찰할 수 있다.

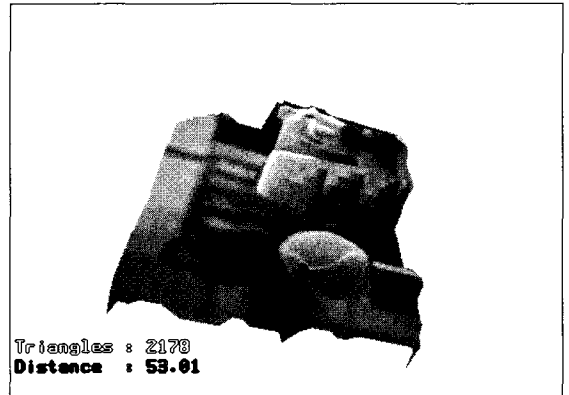


그림 16. VRML 도구를 이용한 "bear" 영상의 3차원 뷰
Fig. 16. 3D rendered view of "bear" image using VRML tool.

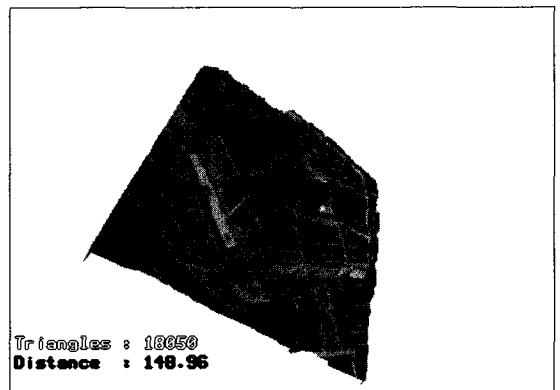


그림 17. VRML 도구를 이용한 "pentagon" 영상의 3차원 뷰
Fig. 17. 3D rendered view of "pentagon" image using VRML tool.

V. 결론

본 논문에서는 소형 유전자 알고리즘을 이용한 스테레오 정합 방법을 사용하여 인터넷 및 컴퓨터 환경에서 실 영상의 가상현실을 위한 3차원 객체 추출 알고

리즘을 제안하였다. 기존의 유전자 알고리즘은 각 세대
에서 개체군의 크기만큼의 저장공간이 필요하고 만약
생존된다면 다음세대에서 부모염색체로서 활동하기 위
해 염색체 교차와 유전자 돌연변이와 같은 연산을 수
행하여야 하므로 시간이 많이 소요된다. 제안한 방법은
개체군기반 증가학습을 이용하여 확률벡터에 기반한
유전자 알고리즘을 제시하였고 확률벡터의 사용으로
염색체의 저장공간을 줄일 수 있었다. 그리고 염색체
교차와 돌연변이를 사용하지 않기 때문에 수행시간을
줄일 수 있었다. 또한, 발생된 염색체들 중에서 승자만
찾기 때문에 정합 방법이 간단하다는 장점이 있었다.
그러나 제안된 알고리즘은 단순히 염색체의 형태를 블
록으로 사용하였기 때문에 변이 맵의 구성이 사각형으
로 이루어져 있다. 그러므로 영상의 특성에 부합되는
변이 결과를 얻기 위해서 제안된 알고리즘에 영역 정
보와 영상의 국부적인 특성을 고려하여 염색체 형태를
결정하는 방법에 대한 연구가 향후 더 필요하다고 할
수 있다.

참 고 문 헌

- [1] K. Sugihara, "Three principle in stereo vision,"
Robotics, vol. 1, no. 4, pp. 391-400, 1986.
- [2] R. M. Haralick and L. G. Shapiro, *Computer
And Robot Vision*, Addison-Wesley Publishing
Co., 1993.
- [3] W. Eric L. Grimson, "Computational Experiments
with a Feature Based Stereo Algorithm," *IEEE
Trans. Patt. Anal. Machine Intell.* vol. 7, no. 1,
17-34, 1985.
- [4] D. De Vleeschauwer, "An Intensity-based, Coarse
-to-fine Approach to Reliably Measure
Binocular Disparity," *CVGIP: Image
Understanding* vol. 57, no. 2, 204-218, 1993.
- [5] Kyu-Phil Han, Tae-Min Bae, Yeong-Ho Ha,
"Hybrid Stereo Matching with a New
Relaxation Scheme of Preserving Disparity
Discontinuity," *Pattern Recognition*, vol. 33, no.
5, pp. 767-785, May 2000.
- [6] John (Juyang) Weng, "Image Matching Using
the Windowed Fourier Phase," *Intern. J. Comp.
Vision* vol. 11, no. 3, 211-236, 1993.
- [7] Yong-Suk Kim, Jun-Jae Lee, and Yeong-Ho
Ha, "Stereo Matching Algorithm Based on
Modified Wavelet Decomposition Process,"
Pattern Recognition vol. 30, 929-952, 1997.
- [8] Kyu-Phil Han, Yong-Suk Kim, and Yeong-Ho
Ha, "Stereo Matching Using Genetic Algorithm
and Region Information," *FCV'98-4th
Japan-Korea Joint Workshop on Computer
Vision*, pp. 85-89, 1998.
- [9] S. Baluja, "Population based incremental
learning," *Tech reports, Carnegie Mellon
Univ.*, 1994.
- [10] T. Back, U. Hammel, and H.-P. Schwefel,
"Evolutionary Computation: Comments on the
History and Current State," *IEEE Trans. on
Evolutionary Computation*, vol. 1, no. 1, pp.
3-17, 1997.
- [11] P. H. Winston, *Artificial Intelligence-3rd edition*,
Addison-Wesley Publishing Co., New York, pp.
505-528, 1993.
- [12] S. Baluja, "Population-based Incremental
Learning," *Tech reports, Carnegie Mellon
Univ.*, 1994.
- [13] Kyu-Phil Han, Yong-Suk Kim, Young-Sik
Park, and Yeong-Ho Ha, "Relaxation Algorithm
to Solve Correspondence Problems,"
*Proceedings of the 3rd Korea - Japan Joint
Workshop on Computer Vision [Frontiers of
Computer Vision]*, pp. 104-109, 1997.

저 자 소 개

韓 圭 必(正會員) 第 36卷 S編 第 10號 參照

嚴 太 億(正會員) 第 38卷 SP編 第 5號 參照