

유전적 알고리즘을 이용한 동화상의 영역분할 부호화 방법

A Moving Picture Coding Method Based on Region Segmentation Using Genetic Algorithm

정남채*

Nam-Chae Jung*

요약

동화상의 부호화 효율향상을 위하여 유전적 알고리즘(Genetic Algorithm: GA)을 이용하여 영역 분할하는 방법을 제안한다. 유전적 알고리즘은 함수치만을 이용하여 큰 탐색공간으로부터 최적의 조합을 축차적으로 찾아내는 방법이다.

이동추정과 영역분할을 동시에 진행함으로써, 이동 벡터를 화면내의 작은 블록이나 화소의 각각에 할당하고, 그것을 부호화 정보량과 신호 대 잡음비의 관계로부터 최적화 문제로 변환할 수 있다. 즉, 이동보상에측 부호화에는 영역분할과 이동 추정 은 서로 밀접하게 관계되어 있다. 이것은 부호량과 S/N비를 최적화하는 것으로서 화면 속의 각 블록에서 이동 벡터를 최적의 상태로 배치하는 것이다. 그러므로, 본 논문에서는 최적인 영역분할 결과를 얻기 위하여 GA의 데이터형과 그 데이터의 처리 방법에 대해서 검토하였다. 또한, 테스트 화상을 이용한 컴퓨터시뮬레이션을 통하여 제안 방법의 유효성을 확인하였다.

Abstract

In this paper, the method of region segmentation using genetic algorithm is proposed for an improvement of efficiency in moving picture coding. A genetic algorithm is the method that searches a large probing space using only a function value for a optimal combination consecutively. By progressing both motion presumption and region segmentation at once, we can assign the motion vector in a image to a small block or a pixel respectively, and transform the capacity of coding and a signal to noise rate into a problem of optimization. That is to say, there is close correlation between region segmentation and motion presumption in motion-compensated prediction coding. This is to optimize the capacity of coding and a S/N ratio. This is to arrange the motion vector in each block of picture according to the state of optimization.

Therefore, we examined both the data type of genetic algorithm and the method of data processing to obtain the results of optimal region segmentation in this paper. And we confirmed the validity of a proposed method using the test pictures by means of computer simulation.

Keywords : Genetic algorithm, Moving picture coding, Region segmentation, Optimization

I. 서 론

MPEG-1,2에 있어서는 보통, 화상의 성질과는 무관하게 분할된 사각형 블록에 이동량을 추정하여 이동 보상을 한다. 그것 때문에 사각형 내에서 달리 움직이는 복수의 물체가 존재하는 경우, 부호화 효율이 극히 낮아지는 문제가 발생한다. 그러므로 이 문제를 해결하기 위하여 동화상의 영역분할에 근거한 부호화 방법이 주목되고 있다. 이 방법은 동화상의 영역분할 이동을 보상하기 위해 앞에서 언급한 문제 및 동일한 물체 내의 다른 이동을 보상하여 발생하는 블록 왜곡

등을 방지할 수 있다. 단, 이것을 동화상부호화에 적용할 경우, 분할된 영역마다 이동 추정을 해야 한다. 대체적으로 이 방식은 정지화상을 대상으로 하여 적용된 배경이 있어, 그 혼적을 이동보상에측하기 위한 이동추정·영역분할 방법으로서 임의의 방법으로 clustering을 하고, 그 후에 영역을 통합하는 방법이 일반적으로 사용되고 있다[1][2].

그러나, 부호화 정보량의 최소화를 고려한다면 이 방법으로는 통합할 때 이동을 추정할 수는 없다. 그런데, 영역분할과 이동 추정을 순차적으로 하는 것이 아니고, 동시에 또는 축차적으로 한다고 생각할 수 있다. 그런데, 이동추정과 영역분할을 동시에 하는 것은 이동 벡터를 화면내의 작은 블록이나 화소의 각각에 할당하고, 그것을 부호화 정보량과 S/N비의 관계로부터 최적화 문제로 변환할 수 있다. 단, S/N비와 부호화 정보량을 구하기 위하여 DCT, 양자화 및 그 역조작 등을 연결시

* 초당대학교 정보통신공학과

접수일자 : 2008. 10. 5 수정 완료 : 2009. 1. 24

계재확정일자 : 2009. 1. 28

키기 위한 함수값은 구할 수 있지만, 그 함수를 해석하여 최적치를 구하는 것은 곤란하다. 또한, 이동 벡터는 영역을 세분화할수록 데이터의 양이 많아져 모든 경우에 있어서 이동 벡터를 계산하는 것은 사실 불가능하다. 본 논문은 유전적 알고리즘을 이용하여 이동 벡터를 추정한다. 유전적 알고리즘은 함수치만을 이용하여 이러한 큰 탐색공간으로부터 어떤 평가치를 기준으로 하여 최적의 조합을 축차적으로 찾아내 적용한 알고리즘이다. 또한, 대역 탐색 능력이 우수하여 국소해에 빠지지 않는다는 사실도 확인되고 있다[3]. 본 논문에서는 앞에서 기술한 이동 보상 예측의 문제점 및 영역분할의 적용법에 관해서 구체적으로 기술한다. 그리고, 그것에 대해 적용한 유전적 알고리즘 및 그 데이터의 표현형과 그 상세한 처리 순서에 관해서 기술한다. 또한, 그에 대한 컴퓨터 시뮬레이션 결과를 나타내어 본 방식의 유효성을 확인하고자 한다.

II. 이동보상 예측부호와 영역분할

2-1. 종래 방법의 문제점

일반적으로 동화상 부호화 방식인 이동 보상 예측 부호화 방식이 다양하게 개선되어 사용되고 있는데, 기본적으로 다음과 같은 단계로 행해지고 있다. 어떤 동화상 속의 시각 t 의 화상을 부호화하는 것을 고찰한다. 전 단계의 시각 $t-1$ 의 화상은 부호화기에서 부호화 및 복호화되고, 프레임 메모리에 그 데이터가 저장된다. 이 때 시각 t 의 화상을 적당한 크기의 사각형 단위로 분할하고, 각각의 사각형에 메모리의 데이터 중에서 화소치의 오차가 최소가 되는 사각형을 선택한다.

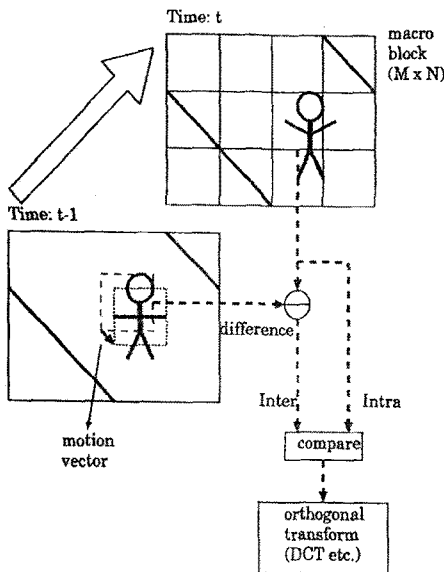


그림 76. 이동 보상 예측 부호화
Fig. 1. Motion-compensated prediction coding

그러나, 그림 1과 같이 그 사각형의 위치 편차인 이동 벡터와 각 화소치의 오차를 부호화한다. 즉, 화상의 특징과는 모두

관계가 없는 적당한 크기의 사각형 단위로 분할하고, 그 블록(MPEG에서는 macro block이라고 하며, 16×16 화소이다)에 대하여 1개의 이동 벡터를 구한다(이것을 블록 매칭법(BM법)로 부르기로 한다).

그러나, 그 사각형 내에서 다르게 이동하는 물체가 있다고 한다면 그 사각형 영역에 어떤 이동을 할당하고도 정확한 이동 보상을 하는 것이 불가능하다.

한편, 앞에서 기술한 경우와 같이 화상신호를 본래의 상태로 직교변환하여 부호화하는 Intra 부호화 모드가 선택된다. 이 때 이동보상예측(Inter 부호화) 모드와 비교하여 부호화 효율이 어느 정도 높게 된다. 그러나, 직교변환도 사각형 단위로 행해지는데, 사각형 내에서 다르게 이동하는 물체가 있을 때는 edge가 존재할 가능성이 높다. 그러므로, 블록 내의 화소의 상관관계가 높지 않아야 한다. 따라서, 이와 같은 영역에서 부호화 효율은 어떤 모드로도 개선되지 않는다고 추정된다.

2-2. 영역 분할 부호화의 기본적인 고찰 방안

각 화소(또는 macro block보다 작은 단위)에 이동 벡터를 별개로 분할하여 이동 벡터가 동일한 부분은 한 개의 영역에 통합하여 부호화하는 것이 여기서 제안하는 영역 분할의 기본적인 고찰 방안이다.

예를 들면, 그림 2와 같이 다른 이동을 계속하는 복수의 물체가 1개의 macro block 내에 존재하는 경우를 고찰한다. 이와 같이 종래의 macro block 사이즈의 macro matching법에 의하면 그림 2(a)와 같이 이동 보상을 정확하게 할 수 없다. 이와 같이 이동 보상을 적당하게 할 수 없는 경우에는 앞에서 설명한 대로 Intra 부호화 모드가 선택되지만, 블록 내에 edge가 존재하게 되므로, 앞에서 설명한 것처럼 부호화 효율은 극히 낮아진다. 그러나, 제안한 방법에 의하면 그림 2(b)와 같이 이동 벡터가 정확하다는 것을 알 수 있다.

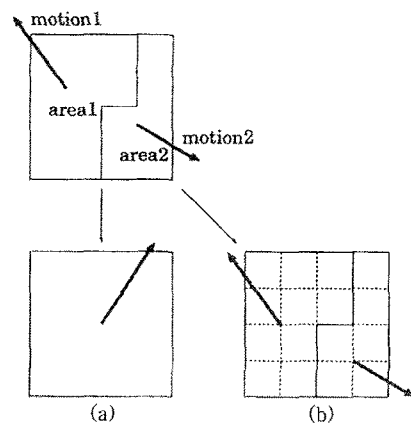


그림 77. 동일 영역 내에 다른 이동을 하는 복수의 물체가 존재하는 경우
Fig. 2. An area has some regions which have different motion

그리고, 이제까지의 블록보다 작은 단위로 부호화하기 위하여 그 섬세한 이동 벡터가 충분히 필요하게 된다. 또한 영역

분할을 이동 보상 예측 부호화에 적용함으로써, 사각형 블록 분할에 의한 부호화 방식에 필요했던 영역 형상을 부호화해야 한다. 즉, 이동 보상 예측 오차 부호량을 I_e , 이동 벡터 부호량을 I_v , 영역 형상 부호량을 I_s 로 하면, 제어 비트 등을 제외한 전체 부호량 I 는 식 (1)과 같이 표시된다.

$$I = I_e + I_v + I_s \quad (1)$$

역으로 이동 벡터가 같은 부분을 통합함으로써 부호량은 감소되며, 보다 작은 블록이나 화소에 대한 이동 벡터를 추정하기 위한 S/N비의 향상에 관련되고, 동일한 이유로 일반적인 예측 오차를 감소시키기 위하여 영역 형상 부호량의 증분을 삭제할 수 있다고 생각된다.

이상으로부터 “최적부호화”라고 하는 것은 전절에서 기술했던 것보다 S/N비가 높고, I 가 작지 않아서 최적인 이동 벡터를 구하여 영역 분할 및 이동 추정을 할 수 있다. 그리고, 이와 같은 이동 벡터는 유전적 알고리즘을 이용하여 추정한다.

III. 유전적 알고리즘에 관한 데이터 형의 설정

유전적 알고리즘은 염색체로부터 해를 어떻게 표현할 것인가가 가장 큰 문제가 되었다. 그러므로, 본 장에서는 간단히 유전적 알고리즘을 설명하고, 최적인 이동 벡터를 구하기 위한 염색체의 표현 방법을 기술한다.

3-1. 유전적 알고리즘과 데이터 형

유전적 알고리즘은 일반적으로 다음과 같은 순서로 처리된다. 문제에 대응시켜 염색체를 적당한 데이터형으로 설정하면, 그에 대응한 초기 염색체의 쌍이 설정된다. 그런 다음에 염색체의 평가, 선택(중식, 도태), 교차, 돌연변이를 여러 번 조작 반복하며 정해진 종료조건에 의하여 처리를 종료한다. 우선 염색체의 데이터형의 설정은 염색체에 유전자의 배치방법으로서 다음의 2가지 방법을 제안한다.

3-2. 작은 블록의 경계선을 유전자로 하는 방법

작은 블록의 경계선을 유전자로 한다. 구체적으로 화면을 적당한 크기의 작은 블록으로 나누어, 블록 B_i, B_j 의 경계선을 (i, j) 로 나타낸다. 또 모든 (i, j) 를 임의의 순번으로 나열하고, 그 순번을 $M(i, j)$ 로 표시한다. 또한, 벡터 L (이것을 염색체)을 작성하고, (i, j) 에 통합이 발생하거나 발생하지 않는 것을 $N(i, j)$ 비트의 수치 0/1로 나타내기로 한다. 이것을 그림 3에 나타낸다.

그리고, 화면 전체에 H (수평) \times V (수직), 블록의 크기를 $M \times M$ 화소로 하면 염색체의 길이는 식 (2)과 같이 된다.

$$(H/M-1)V/M + H/M(V/M-1) \quad (2)$$

이 방법은 염색체의 수가 굉장히 많지만 유전자 자체는 0/1 밖에 얻을 수 없기 때문에(즉, 염색체의 종류는 $2^{\text{염색체의 길이}}$), 0/1을 어떻게 취급할 지가 관건이다. 또한, 각 (i, j) 가 밀접하

게 상관된 것도 이용할 수 있다.

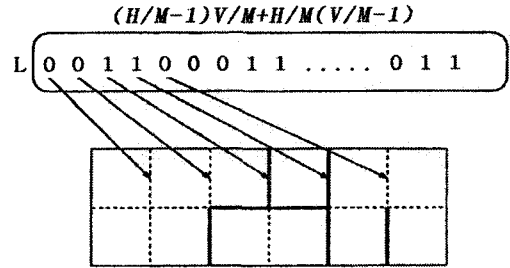


그림 78. 경계선을 유전자로 하는 방법
Fig. 3. Genes for border lines

3.3 이동 벡터를 유전자로 하는 방법

작은 블록에 맞추어 이동 벡터를 유전자로 하고, 그것들을 내포하는 화면 전체를 염색체로 한다. 구체적으로 그림 4에 나타내었고, 화면을 적당한 크기의 작은 블록으로 나누어 각 블록(B_i)의 벡터 v 를 적당히 정한다. 더구나, 블록은 2차원으로 분리할 수 있기 때문에, 염색체도 2차원이 되는데, 이것을 “유전자 행렬”로 부르기로 한다.

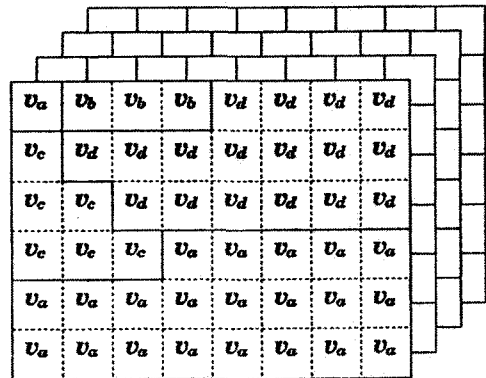


그림 79. 유전자 행렬을 이용하는 방법
Fig. 4. Genes for motion vectors

이 방법으로는 염색체의 비트 수가 전자보다 적지 않지만, 유전자 자체가 이동 벡터의 종류 수 $K(v)$ 만큼 존재하기 때문에 염색체의 종류 식 (3)과 같이 된다.

$$K(v)^{(H/M \times V/M)} \quad (3)$$

이상 2가지 방법에 관해서 기술하였지만,

- 전자는 영역을 작성한 다음에 폐공간이 될 수 없는 경우가 발생할 염려가 있다.
- 후자가 전자와 비교하여 실제로 작성이 용이하므로 본 논문에서는 후자에 대해서만 상세하게 검토한다.

IV. 유전적 알고리즘의 적용

일반적으로 유전적 알고리즘에 있어서 각 처리는 다음의 의

미를 갖는다.

- 평가(evaluation): 각 염색체의 적응도를 임의의 평가기준에 따라 평가한다.
- 선택(selection): 적응도의 평가치를 기초로 염색체를 선택한다.
- 교차(crossover): 염색체의 일부를 재편성한 것에 따라 새로운 개체를 발생시킨다.
- 돌연변이(mutation): 극치로의 떨어지는 것을 막는다(염색체의 집단에 격차를 갖게 한다).

여기서, “돌연변이” 후에 “선택”을 하면 모처럼 선택된 염색체가 도태될 가능성이 높다. 그러므로, 처음에 “평가”를 하고, “선택”을 행한 후에 “돌연변이”, 그리고 “교차”를 시킨다. 이상을 고려하여 전체적인 처리의 흐름을 정리하면 그림 5와 같이 된다.

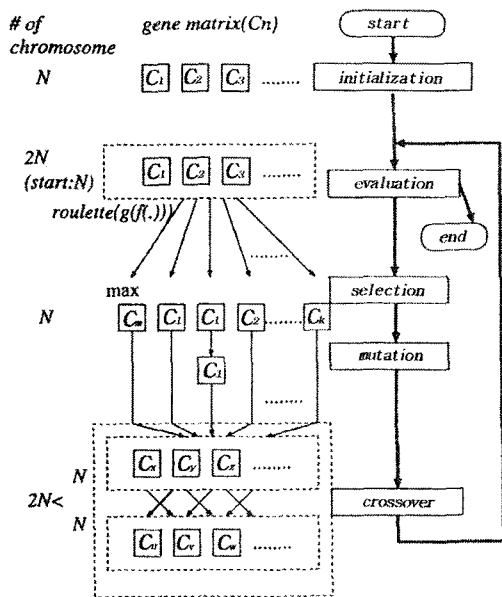


그림 80. GA 흐름도
Fig. 5. Flowchar of genetic algorithm

4-1 초기상태의 설정(initialization)

이동 벡터를 유전자로 하기 위하여 다음과 같이 염색체의 초기상태를 구했다.

(a) \$M \times M\$의 작은 블록마다 SSD(Sum of Square difference)를 계산한다. 인접한 블록쌍(\$B_i, B_j\$)에서

$$\min_m SSD(B_i, v_m) + \min_n SSD(B_j, v_n) < \alpha \min_k SSD(B_i, v_k) + SSD(B_j, v_k) \quad (\alpha < 1) \quad (4)$$

를 만족하는 부분은 통합되지 않는 것으로 한다(임시로 통합되어도 결과가 양호하지 않을 것 같은 부분을 추출한다). 여기서, 블록번호 \$B\$의 블록에 이동 벡터 \$v\$를 적용한 때의 SSD를 \$SSD(B, v)\$로 한다. 다음에 화상전체가 적당히 분할되기

때문에 분할된 영역 각각에 SSD가 최소로 되는 이동 벡터를 할당한다. 여기서 할 수 있는 유전자 행렬을 GM로 한다. 식 (4)에서 이동에서 이동이 어긋난 부분은 통합을 방해하는 방향으로 움직인다. 그러나, 평탄한 영역에서는 주변의 화소치가 어느 정도 변하지 않도록 SSD를 최소로 하는 이동 벡터의 후보가 복수 존재할 가능성이 높다. 그러므로, 식 (4)의 좌변이 작게 되고, 식 (4)가 성립할 가능성이 높게 된다.

그러므로, 평탄한 영역에서는 식 (4)가 그다지 유효하지 않는 것으로 추측된다. 평탄한 영역은 가능한 한 이동 벡터를 통합하여, 한 개의 영역으로 취급하고자 한다.

여기서, 이동 벡터의 신뢰도 함수 \$R(\theta)\$는 식 (5)로 표시되며, 임의의 방향 \$\theta\$에 관하여 추정오차를 근사화한 것이다.

$$R(\theta) = \frac{a - \|P\| \cos(2\theta - \arg P)}{a^2 - \|P\|^2} \quad (5)$$

단, \$a, P\$는 현 화상의 화소치 \$f(x, y)\$의 \$x, y\$에 관한 편미분 \$f_x, f_y\$의 이산적인 경우의 식을 적용시켰다.

$$a = \sum_{x,y} \frac{f_x^2 + f_y^2}{2} \quad (6)$$

$$P = \left(\sum_{x,y} \frac{f_x^2 - f_y^2}{2}, \sum_{x,y} f_x f_y \right) \quad (7)$$

그리고, \$R(\theta)\$의 max, min에 주목하여

$$\max R(\theta) = \frac{1}{a - \|P\|} > T_1 \quad (8)$$

$$\frac{\max R(\theta)}{\min R(\theta)} = \frac{a + \|P\|}{a - \|P\|} > T_2 \quad (9)$$

\$T_1, T_2\$는 임계값이 되는 블록을 추출하는데, \$\alpha\$는 물리적으로 휘도 변화량을 나타내고, \$P\$는 그 방향성을 표시하고 있는 것으로 생각할 수 있다. 앞에서 기술했던 것처럼 여기서 추출된 블록은 평탄한 화상이 될 수 있는 가능성이 높아지도록 별도의 이동 벡터를 구한다. 또한 평탄하다고 하는 것은 주위의 블록과 함께 이동할 가능성이 높다고 할 수 있다. 이상을 고려하여 앞에서 기술한 GM에 대하여 신뢰도가 낮아 추출된 블록의 이동 벡터에 주위의 블록 이동 벡터와 통합시키는데, SSD가 가장 작은 이동 벡터를 선택한다.

이러한 방법으로 한 가지의 “초기 유전자 행렬”이 될 수 있다. 이 파라미터를 몇 개 사용하여 복수 개의 “초기 유전자 행렬”을 작성한다.

(b) \$M \times M, 2M \times 2M, 4M \times 4M\$ 화소단위의 BM을 구하고, 그것에 의해 이동 벡터가 같은 인접 영역에서 있는 이동 벡터를 통합하면, 3 종류의 “초기 유전자 행렬”이 준비된다.

이상, (a), (b) 두 가지 방법으로 “초기 유전자 행렬”을 \$N\$개 작성한다.

4-2 염색체의 평가(evaluation)

화소당 부호량과 S/N비의 관계를 고려하여 최적인 경우를 적용할 수 있도록 평가식을 설정한다. 일반적으로 부호량은

신호값의 대수적 순서로 표시되기 때문에 부호량과 S/N비가 선형관계에 있다고 가정하여 식 (10)이 커지는 만큼 양호한 것이 된다.

$$f(\text{염색체}) = SNR - k \cdot I/pix \quad (10)$$

여기서,

- $k(> 0)$: 정수 $[dB/(bit/pix)]$

- pix : 화소수

$$- SNR = 20 \log_{10} \sqrt{\frac{\mu^2}{MSE}}$$

- $\mu = 2^{(\text{표준화 비트수})}$

- $MSE = (\text{평균 2승 오차})$

양자화 오차가 일정하게 분포할 경우, 일반적으로 $k=6.0$ 이 되는 것으로 알려져 있다. 그러나, 본 논문에서처럼 $1[bit/pix]$ 미만의 저 비트율로 부호화할 경우, 이 관계에 해당되지 않으므로 k 를 어느 정도 크게 해야 한다는 점을 고려하여 후절의 시뮬레이션은 $k=10$ 으로 한다.

4-3 염색체의 선택(selection), 돌연변이(mutation)

염색체의 선택, 돌연변이는 다음과 같은 방법으로 시행한다. 우선 구해진 평가치를 참고하여 최초의 비율을 $2N$ 개로 설정하고, 염색체 중에서 N 개의 염색체를 선택하되, 그림 6에서처럼 같은 염색체를 복수로 선택할 수 있다.

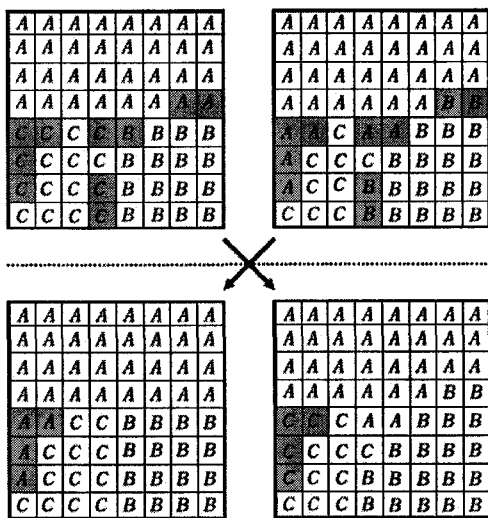


그림 81. 양친이 다른 부분이 최대면적의 블록 집합을 교차
Fig. 6. Crossover sets of different maximum areas that parents have

여기서, 평가치가 비슷할 것으로 예상되므로 평가치에 대한 스케일링을 해야 한다. 스케일링은 다양한 방법이 존재하지만 선형 스케일링을 선택한다[4]. 우선 i 번째의 염색체 C_i 에 대해서 구해진 평가치 $f(C_i)$ ($i=1, 2, \dots, 2N$)을 이용하여 식 (11)을 구한다.

$$f_{\max}(= \max_i f(C_i)) \quad (11)$$

스케일링 함수 식 (12)에 대하여

$$g(f(C_i)) = af(C_i) + b \quad (12)$$

임의의 정수 $c(> 1)$ 을 이용하여

$$g(f_{\max}) = c \times \overline{g(f(C_i))} \quad (13)$$

$$\sum_i g(f(C_i)) = \sum_i f(C_i) \quad (14)$$

를 만족하는 a, b 를 구한다. 이것을 식 (13), (14)에 대입하여 각 염색체에 대한 스케일링을 한다. 또한, 평가치가 가장 양호한 염색체(일반적으로 엘리트 염색체라고 호칭)을 본래 대로 차세대에 남는 방식인 엘리트 보존 방식을 채택하기로 한다. 더구나, 염색체를 중복하여 선택하여도 상관없다. 선택된 염색체 중에서 원래의 1개는 남기고 나머지는 돌연변이를 시행한다. 이러한 조작은 동일한 염색체에 적용하는 것은 불가능하다.

또한, 돌연변이는 모든 유전자에 대하여 미리 정해진 확률로 일어난다. 단, 너무 현실에서 벗어난 이동 벡터를 적용하여 그것에 의한 부호량, 특히 이동 보상예측오차 부호량이 증가하는 수렴속도를 빠르게 하기 위하여 각 블록에서 SSD가 작은 방향으로부터 상위 3위까지의 이동 벡터를 선택해 그 중에서 임의의 이동 벡터를 선택한다.

4-4 염색체의 교차(crossover)

N 개의 염색체를 부모로 하여 교차하는 방법은 여러 가지가 있지만 아래의 방법으로 시험하였다.

- 염색체 중에서 임의의 유전자를 교차시킨다(정규의 일양 교차).
- 염색체 중에서 임의의 사각형을 만들어 교차시킨다(2차 원관 2점 교차).
- 양친의 같은 종류의 염색체를 비교하여 다른 값이 들어 있는 부분을 추출하여 가장 면적이 넓은 부분을 그림 6과 같이 교차시킨다.

이 후에 행해진 염색체의 평가를 위하여 부모와 자식 모두 차세대에 끌어들여 잊게 하는데, 종료할 때 $2N$ 개로 되어 있다. 이렇게 함으로써 부모 중에 존재하는 평가치가 높은 염색체는 도태되게 된다.

4-5 종료조건

- 엘리트 염색체가 정해진 세대수만큼 변화하지 않을 때
- 세대수가 정해진 수에 도달했을 때

의 중에서 한 가지라도 성립한 때, 세대교대가 종료된 것으로 한다.

4-6 컴퓨터 시뮬레이션

앞장에서 기술한 영역에서 컴퓨터 시뮬레이션을 하였다. 사용한 테스트 절차는 표 1과 같으며, 본래의 테스트 절차 중에서 시뮬레이션에 사용한 초기 프레임은 그림 7에 나타낸다.

또한 파라미터에 관해서는 표 2와 같이 설정하였다.

더욱, 부호량의 계산은 이동 보상에측오차량에 DCT를 시행하고, MPEG-2에 있어서 가변길이 부호를 사용하였다. 또한, 이동 벡터는 정수화소단위로 하고, 초기상태는 4.1에 기술한 대로 각 방법에 의해 도출된 것을 사용하였다.

또한, 4.4에 교차 방법이 기술되어 있지만, 예측실험을 한 결과 4.4에 기술한 정규의 일양교차, 2차원판 2점 교차는 그다지 효과가 없으므로 그림 6에 표시한 최대면적교차를 행한 것으로 하였다[5][6].

표 1. 테스트 순서
Table 1. Test sequence

화상 format	표본화 비트 수: 8bit/pix, 4:2:0 화소수: 240×704(각 field)
sequence	- Cheer Leaders: 카메라는 거의 이동하지 않는다. 각 개체가 이동할 뿐이다. - Flower Garden: 비교적 고속인 수평방향의 panning 각 개체는 거의 이동하지 않는다.



(a) Cheer Leaders

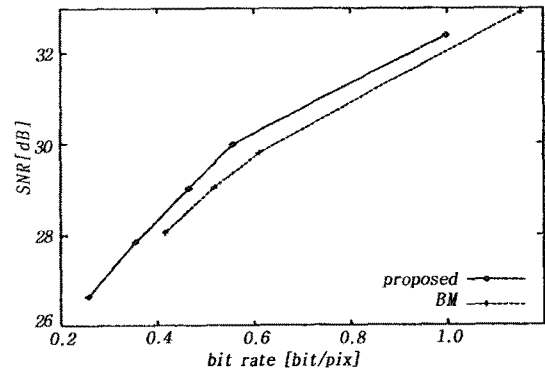


(b) Flower Garden

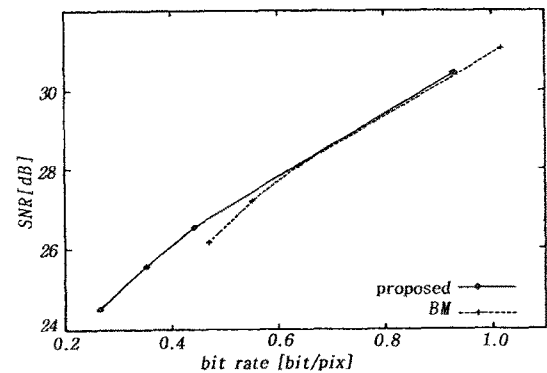
그림 7. 본래의 순서
Fig. 7. Original sequences

표 2. 파라미터 설정
Table 2. Parameter set

최소 블록 화소 수 ($M \times M$)	4×4
검색체 수 (N)	10
α	0.1±0.1
돌연변이율	3%
T_1	0.01
T_2	100
c (scaling)	1.5
종료 조건(최적상태무변화세대수)	10
종료 조건 2 (총 세대 수)	100
동작 검출 범위	(±11)×(±5) 정수화소단위



(a) Cheer Leaders



(b) Flower Garden

그림 8. 시뮬레이션 결과(30field의 평균)
Fig. 8. Simulation result(average of 30fields)

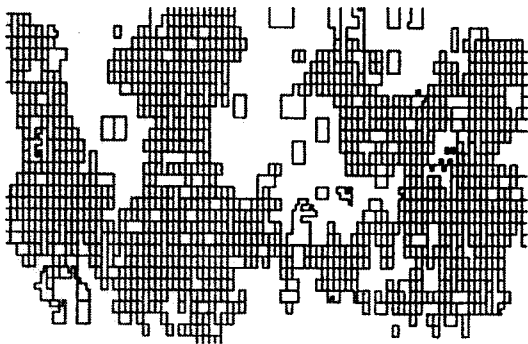
본 방법은 각 사각형 영역마다 형상정보부호량 I_s 을 추측하지 않으면 안되기 때문에 종래의 형상부호화법에서 임의의 체인 부호화, 4분부호화 등에서는 추측할 수 없다. 그러므로, 경계선 정보를 길어 부호화하고, 필요한 부호량의 경계선을 포함하여 각 영역에 분배하는 방법을 채택하였다. 이렇게 함으

로써 어느 정도 큰 사각형 중에 존재하는 경계선으로부터 부호량을 추측하는 것이 가능하였다[7].

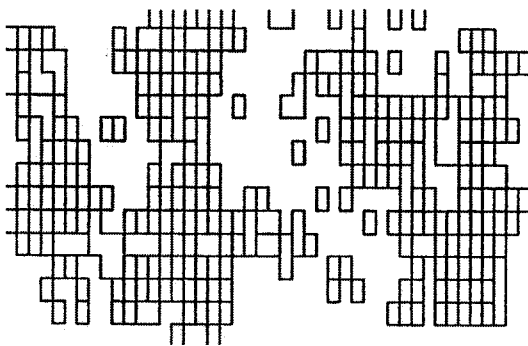
이상의 조건으로 컴퓨터 시뮬레이션하였다. 0 ~ 29 field(전체 30field)에 대하여 시뮬레이션한 경우의 bit rate - S/N 특성을 순서별로 그림 8에 표시하였고, 모든 조건(16×16 화소)을 동일하게 시행한 BM법의 결과도 동시에 표시하였다. 이 결과로부터 다양한 bit rate에 있어서 제안방법이 BM법의 성능을 상회하고 있다는 것을 알았다.

또한, 각 테스트 절차에서 영역분할을 한 결과의 한 예를 그림 9, 그림 10(a)에 비교하였고, 16×16 화소 블록 등에 BM을 시행한 결과와 인접 블록으로 같은 이동 벡터를 취한 블록들을 일괄처리한 결과를 각각 그림 9(b), 그림 10(b)에 나타낸다.

한편, 1 field에 있어서 제안된 방법과 BM법의 각 부호량 I_e , I_v , I_s 를 표 3에 나타낸다. 제안된 방법과 BM법을 비교하기 위하여 양자의 S/N비가 거의 같게 되는 bit rate를 선택하였다. 이상으로 BM법에 필요하지 않은 I_s 가 제안된 방법에서는 필요하지만, I_e , I_v 의 합계가 그 이상으로 감소되기 때문에 전체적으로 부호량이 감소되는 것을 알았다.

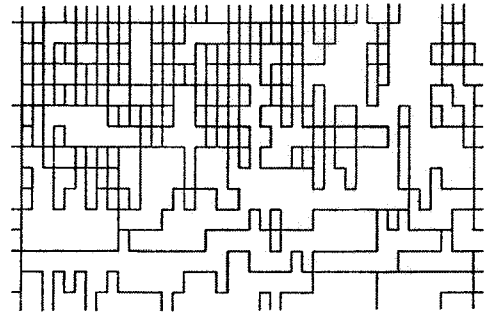


(a) Proposed method

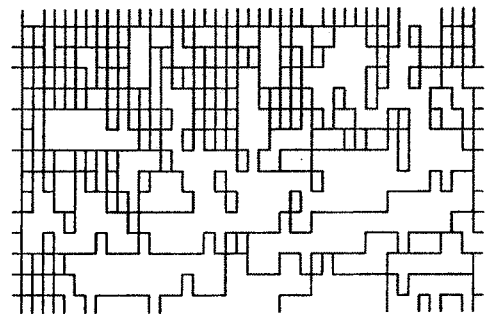


(b) 16×16 block matching method

그림 9. 영역분할 결과(Cheer Leaders)
Fig. 9. Result of region segmentation(Cheer Leaders)



(a) Proposed method



(b) 16×16 block matching method

그림 10. 영역분할 결과(Flower Garden)
Fig. 10. Result of region segmentation(Flower Garden)

표 3. 각 방식에 필요한 부호량의 내역
Table 3. Details of entropy[bit/pix] by each method

sequence	방식	I_e	I_v	I_s	I	S/N[dB]
Cheer Leaders	제안방법	0.052	0.094	0.061	0.207	28.6
	BM법	0.253	0.035	0	0.288	28.5
Flower Garden	제안방법	0.191	0.021	0.016	0.228	26.6
	BM법	0.210	0.024	0	0.234	26.6

그리고, 절차를 상세하게 기술한다. 각 개체가 세세하게 이동하는 테스트 절차 Cheer Leaders는 영역분할이 아주 세세하게 이루어지고 있다는 것을 알 수 있다.



(a) Proposed method



(b) Block matching method

그림 11. 복호화상

Fig. 11. Decoded images

이것은 종래법으로 문제가 되었던 “어긋난 이동을 한 가지의 이동 벡터로 치환”하는 문제가 해소되고 있음을 알 수 있다(이 필드 예측에서 대략 $0.2dB \sim 0.5dB$ 정도의 이득). 이 영역 분할을 이용하여 복호화된 화상을 그림 11(a)에, BM법에 의하여 복호화된 화상을 그림 11(b)에 나타낸다. 제안된 방법에 근거한 그림 11(a)는 BM법의 그림 11(b)와 비교하여 특히 기울기의 edge가 있는 부분과 객석 등의 세세한 부분에 있어서 블록의 내용이 감소되고 있음을 확인할 수 있다. 이상으로 본 방식은 복호화된 화질의 관점에서도 우수하다고 할 수 있다.

또한, 테스트 절차 Flower Garden은 대부분을 panning하면서 제안법의 이동 벡터가 BM법의 이동 벡터와 대부분 같았다. 그러나, 종래의 BM법은 이동 벡터를 각 macro 블록으로 요구했던 것, 즉 낮은 *bit rate*로 이동 벡터 부호량이 다른 부호량과 비교하여 크게 되는 것[8]으로부터 추측된다. 그림 8(b)에서처럼 이동 벡터 통합으로 이동 벡터 부호량을 억제하는 것으로, 낮은 *bit rate*로 부호량이 감소되고 있다.

VI. 결론

본 논문에서는 유전적 알고리즘을 이용하여 영역분할 이동 보상을 동시에 병렬처리하는 방법을 제안하였다.

본 방식은 결정된 *bit rate*에 대하여 S/N비와 부호량이 최적이 되도록 영역분할을 하였다. 그 결과 종래의 MPEG 인코더 등에서 볼 수 있었던 물체의 크기 등과는 무관한 사각형 블록 단위에 의해 발생할 수 있는 왜곡 등의 문제를 줄일 수 있었다.

실제로, 테스트 화상을 이용한 컴퓨터 시뮬레이션으로부터 제안된 방법은 종래의 BM법과 비교하여 S/N비 및 복호화상의 주관적인 화질에서 유효하다는 것을 확인하였다.

현재, MPEG-4 등에서도 임의의 형상 부호화가 중요한 과제로 되어 있지만, 최근 주목 받는 모델 베이스 등의 하이레벨 부호화뿐 아니라 본 방식과 같은 부호량, S/N비가 최적인 부호화를 행한 기술도 중요하게 될 것이므로 나중에 연구하고자 한다.

참고 문헌

- [1] K. J. Astrom and P. Eykhoff, "System identification A survey," *Automatics*, vol. 7, pp. 123-162, 1971.
- [2] K. S. Narendra and K. Parthasarathy, "Identification and control of dynamical systems using neural networks," *IEEE Trans. Neural Networks*, vol. 1, no. 2, pp. 4-27, 1990.
- [3] S. Chen, S. A. Billings, C. F. N. Cowan, and P. M. Grant, "Non-linear systems identification using radial basis function networks," *Int. J. Systems Sci.*, vol. 21, no. 12, pp 2513-2539, 1990.
- [4] J. P. Rosca and D. H. Ballard, "Hierarchical self organization in genetic programming," *Proc. 11th Int. Cong. of Machine Learning*, pp. 251-258, 1994.
- [5] K. E. Kinnear, Jr., "Alternatives in automatic function definition: A comparison of performance," *Advances in Genetic Programming*, pp. 119-141, MIT Press, 1994.
- [6] H. Iba, Y. Kurita, H. de Garis, and T. Sato, "Genetic programming using a minimum description length principle," *Advances in Genetic Programming*, pp. 265-284, MIT Press, 1994.
- [7] P. J. Angeline, "Two self-adaptive crossover operators for genetic programming," *Advances in Genetic Programming*, pp. 89-109, MIT Press, 1994.
- [8] J. P. Rosca and D. H. Ballard, "Causality in genetic programming," *Proc. 6th Int. Conf. on Genetic Algorithms*, pp. 256-263, 1994.



정 남 채 (Nam-chae Jung)

1984년 2월 조선대학교 전자공학과
(공학사)

1987년 2월 조선대학교 전자공학과
(공학석사)

1992년 8월 조선대학교 전자전공 (공학박사)

1996년 3월 ~ 현재 초당대학교 정보통신공학과 교수

관심분야 : Digital 신호처리, Robotics, 의용생체전자공학