

소형 유전자 알고리즘을 이용한 새로운 스테레오 정합

한 규 필, 배 태 면, 권 순 규, 하 영 호
경북대학교 전자전기공학부
702-701 대구광역시 북구 산격동 1370번지
Tel:053-940-8835, Fax:053-957-1194

A New Stereo Matching Using Compact Genetic Algorithm

Kyu-Phil Han, Tae-Min Bae, Sun-Kyu Kwon, and Yeong-Ho Ha
School of Electronic Electrical Eng., Kyungpook Nat'l Univ.
1370 Sankyuk-dong, Buk-gu, Taegu 702-701, Korea.
E-mail:yhha@ee.kyungpook.ac.kr

Abstract

Genetic algorithm is an efficient search method using principles of natural selection and population genetics. In conventional genetic algorithms, however, the size of gene pool should be increased to insure a convergency. Therefore, many memory spaces and much computation time were needed. Also, since child chromosomes were generated by chromosome crossover and gene mutation, the algorithms have a complex structure. Thus, in this paper, a compact stereo matching algorithm using a population-based incremental learning based on probability vector is proposed to reduce these problems. The PBIL method is modified for matching environment. Since the proposed algorithm uses a probability vector and eliminates gene pool, chromosome crossover, and gene mutation, the matching algorithm is simple and the computation load is considerably reduced. Even if the characteristics of images are changed, stable outputs are obtained without the modification of the matching algorithm.

I. 서론

3차원 거리정보는 기계시각(machine vision)에서 물체 인식 및 검사, 그리고 자동항법장치에 이용되고 있고 최근 입체 영상 전송을 위해 영상열 간의 공간적 중복성을 제거하는 환경 등에서도 활용되고 있다. 이런 거리정보를 효율적으로 추출하는 방법 중에서 가장 대표적인 것이 스테레오 시각을 이용하는 것이다. 스테레오 시각 기법은 서로 다른 관점(view point)에서 얻어진 두 장의 영상으로부터 3차원 거리 정보를 복원

하는 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) 과정이다.

현재까지 연구되어온 정합 방법은 영상에서 특징을 추출하여 정합하는 특징 기반법(feature-based method)[2]과 밝기 값을 그대로 사용하는 휘도 기반법(intensity-based method)[3]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, 위상을 이용하는 위상기반, 변환을 이용하는 방법 등이 연구되어지고 있다. 그러나 이들 방법들도 특징 및 휘도 기반의 특성을 포함하기 때문에 상기 서술된 정합문제가 여전히 남아있다.

최근 정합 과정을 최적화 문제로 모델링하여 유전 알고리즘을 적용하는 방법[4]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 수행 속도의 개선이 필요한 실정이다. 그러므로 이런 유전 알고리즘을 단순하게 구현하기 위한 여러 연구 중에서 확률벡터(probability vector)를 사용하는 개체기반 증가 학습(population-based incremental learning: PBIL)[5] 방법이 제시되었고 유전 알고리즘의 복잡성을 줄였기 때문에 소형 유전알고리즘(compact genetic algorithm)이라 일컫는다.

본 논문에서 제안하는 정합 알고리즘은 개체기반 증가 학습에 기반한 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 계산 속도를 감소시킬 수 있었다. 무작위 점 영상(random dot stereogram), 합성 영상(synthetic image), 실 영상(real scene image)에 대한 실험에서 기존정합 방법과 비교되었고 그 결과 잡음에 매우 강하고, 수렴성이 높으며, 정확한 변이값을 얻을 수 있었다.

II. 개체기반 증가 학습

개체기반 증가 학습은 탐색 기법을 염색체 교차 및 돌연변이에 의존하지 않고 확률값에 의존해서 해를 찾아가는 방법이다. 이것은 유전자의 생존가능성을 확률값으로 변환하여 저장하고 매 세대에서 확률값에 기반해서 유전자를 발생시킨다. 발생된 유전자는 자신의 적응도에 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. 그림 1은 개체기반 증가학습의 순서도를 나타낸다.

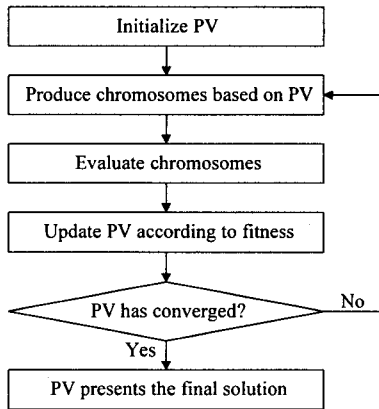


그림 1. 개체기반 증가학습의 순서도

III. 제안한 정합 알고리즘

1. 확률 모델링

제안한 스테레오 정합 알고리즘은 개체기반 증가 학습을 이용한 방법이므로 확률벡터의 구조가 정의되어야 한다. 스테레오 정합에서는 그림 2(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 확률값으로 표현될 수 있다. 그림 2(b)는 각 후보 화소의 정합 확률을 표시한 것으로 그림 2에서와 같은 형태를 갖는다. 그러므로 정합 환경을 확률벡터로 모델링하면 변이 k 는 발생 가능한 유전자가 되고 확률값은 정합될 확률을 나타낸다. 그림 2는 한 점에서 1차원 확률벡터를 가지는 경우를 나타낸 것인데, 이것을 2차원 영상형태에 적용하면 영상의 크기에 변이 범위가 더해진 3차원 확률벡터로 표현될 수 있다. 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 방향으로 가장 큰 확률 값을 가지는 k 를 찾아내는 문제로 바뀌게 된다.

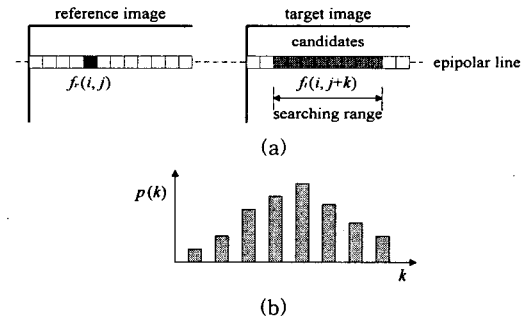


그림 2. 스테레오 정합 환경의 부호화 예 (a) 정합 환경 (b) 목표영상에서 후보 화소들의 정합 확률값

2. 제안한 정합 방법

스테레오 정합 환경이 3차원 확률벡터로 모델링 된 후, 그림 3에서와 같이 초기화, 생산, 평가 과정을 거치게 된다. 제안된 방법은 학습의 단순화를 위해 각 염색체의 적응성을 계산해서 확률값을 변화시키는 것이 아니라 단순히 승자만을 선택하고 승자의 확률만 일정 비율로 증가시키고 나머지는 감소시킨다. 이렇게 할 경우 각 염색체의 적응치를 계산할 필요가 없게되므로 학습이 간단해진다. 확률벡터가 수렴되면 3차원 벡터 상에서 변이 방향(k)의 최대값을 찾고 그 값을 최종 결과로 출력하게 된다. 여기서 염색체 생산과 평가함수를 살펴보면 다음과 같다.

1) 염색체 생산함수

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 생산함수를 다시 사용하여 재 발생시킨다. 이때 발생되어지는 변이는 중복되지 않게 한다.

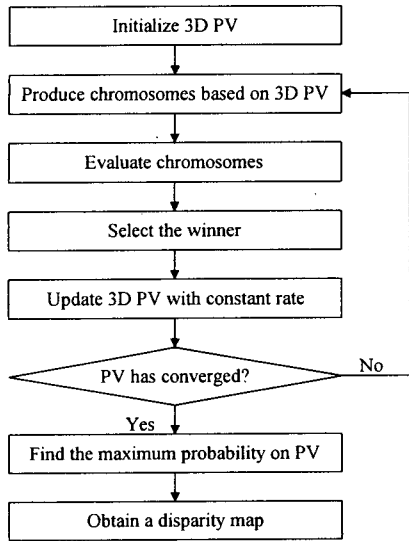


그림 3. 제안한 정합 방법의 순서도

2) 염색체 평가함수

생산함수에 의해 발생된 n 개의 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 논문에서 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) 제약조건이 사용되어지는데, 본 방법에서는 사용되지 않았다. 왜냐하면 개체기반 증가함수에서는 자신의 확률값을 증가시키면서 다른 확률값은 감소시키기 때문에 항상 한 개의 값만이 수렴하게 된다. 그러므로 유일성 제약조건은 필요없다고 할 수 있다.

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

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

로 표현되어질 수 있다. 여기서 f 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

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

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

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

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. j 번째 염색체의 평가함수 $E(j)$ 는 밝기와 변이 값의 오차를 나타내므로 적용되는 수식(3)의 역수로 표현되어질 수 있다. 이것은 오차를 최소로 하는 염색체가 적응성이 높다는 것을 의미한다. 제안한 알고리즘에서는 승자만 결정하면 되기 때문에 $E(j)$ 를 최소로 하는 j 를 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 되어야만 하기 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.

III. 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 4~6에서와 같다. 그림 7은 블록정합의 결과이고 그림 8은 블록정합 결과에 이완처리를 적용한 결과이

다. 그림9~11은 제안한 방법의 각 세대별 결과이다.

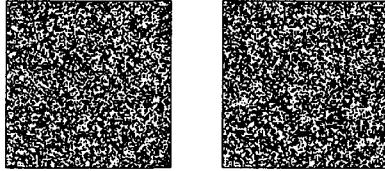


그림 4. 50% RDS(random noise 20%)

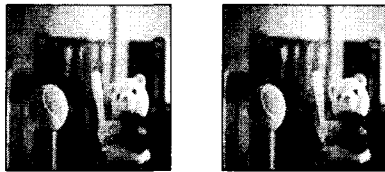


그림 5. "Bear" 영상

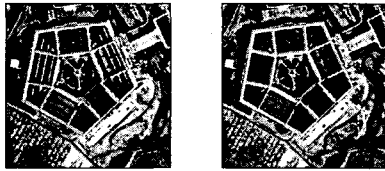


그림 6. "Pentagon" 영상



그림 7. 5×5 블록정합의 결과

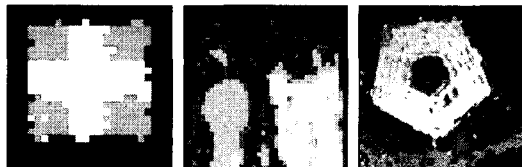


그림 8. 10회 반복 이완처리 결과

IV. 결론

본 논문에서는 소형 유전 알고리즘을 이용한 새로운 스테레오 정합 방법을 제안하였다. 기존의 유전 알고리즘은 각 세대에서 개체군의 크기만큼의 저장공간이 필요하였고 탐색체 교차와 유전자 돌연변이와 같은 연산을 수행하여 탐색하므로 시간이 많이 소요되었다. 그러나 제안한 방법은 개체기반 증가학습을 이용하여 확률벡터에 기반한 유전 알고리즘을 제시하였고 확률벡터의 사용으로 탐색체의 저장공간을 줄일 수 있었다. 그리고 탐색체 교차와 돌연변이를 사용하지 않기 때문에 수행시간을 줄일 수 있었다. 또한, 발생된 탐색

체들 중에서 승자를 찾으면 되기 때문에 정합법이 간단하다는 장점이 있었다. 그러나 제안된 알고리즘은 단순히 탐색체의 형태를 블록으로 사용하였기 때문에 변이 맵의 구성이 정사각형으로 이루어져 있다. 그러므로 영상의 특성에 부합되는 변이 결과를 얻기 위해서 제안된 알고리즘에 영역 정보와 영상의 국부적인 특성을 고려하여 탐색체 형태를 결정하는 방법에 대한 연구가 더 필요하다고 할 수 있다.

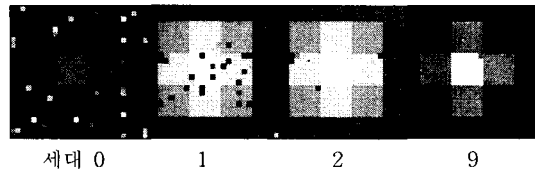


그림 9. 50% RDS에 대한 제안한 알고리즘의 결과

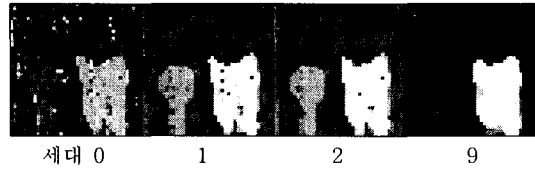


그림 10. "Bear" 영상에 대한 제안한 알고리즘의 결과

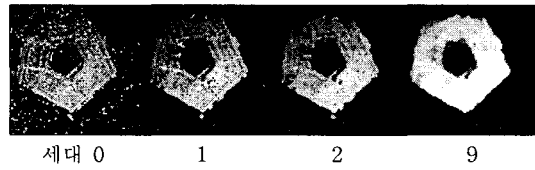


그림 11. "Pentagon" 영상에 대한 제안한 알고리즘의 결과

참고문헌

- [1] K. Sugihara, "Three principle in stereo vision," *Robotics*, vol. 1, no. 4, pp. 391-400, 1986.
- [2] 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.
- [3] 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.
- [4] 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.
- [5] S. Baluja, "Population based incremental learning," *Tech reports*, Carnegie Mellon Univ., 1994.