

얼굴 영상에서 유전자 알고리즘을 이용한 눈동자 검출

이찬희* · 신상호* · 우영운** · 장경식**
*동의대학교 디지털 미디어공학과
**동의대학교 멀티미디어공학과

Detection of Pupils using Genetic Algorithm in Face Images

Chan Hee Lee* · Sang-Ho Sin* · Young Woon Woo** · Kyung Shik Jang**
*Dept. of DigitalMedia Eng., Dong-Eui University
**Dept. of Multimedia Eng., Dong-Eui University
E-mail : chany1026@deu.ac.kr

요 약

사람의 얼굴은 표정, 조명 등에 따라 다양한 형태 변화가 있어 입력 영상마다 대표 특징을 정확히 찾는 것은 어려운 문제이다. 얼굴의 많은 특징 점 중에서 눈동자 부분은 얼굴 인식 등 다양한 부분에 있어서 얼굴 영역의 특징 점으로 가장 많이 이용되는 특징 점들 중 하나이다. 본 논문에서는 다양한 조명하에서의 단일 얼굴 영상에 대해 유전자 알고리즘과 템플릿 정합을 이용하여 빠르게 눈을 검출하는 방법을 제안한다. 조명과 배경에 강건한 검출 성능을 얻기 위해 눈동자 후보점을 찾아서 초기 개체군 생성에 이용하였으며, 각각의 개체는 템플릿의 기하학적 변환 정보로 구성되어 템플릿 정합에 의해 눈동자가 검출된다.

키워드

눈동자 검출, 유전자 알고리즘, 템플릿 정합

I. 서 론

얼굴 특징 검출 기술은 검출된 얼굴 영역을 검증하고, 얼굴 인식을 위한 정보를 검출하는 등 여러 응용분야에 적용할 수 있는 중요한 기술이다. 얼굴의 특징으로는 눈, 코, 입, 귀, 얼굴의 윤곽선 등을 들 수 있는데 그 중 눈은 얼굴 인식에 있어서 중요한 요소가 되며, 눈동자 검출의 에러가 얼굴 인식률에 크게 영향을 미치는 것으로 알려져 있다. 특히 얼굴 영역 내에서도 눈은 매우 안정적이므로 입력 영상에 대한 정규화 과정에 매우 적합한 특징 점이다.

눈동자 검출에 대해 많은 연구가 진행되고 있는데, 현재까지의 연구로는 SVM의 입력으로 밝기값 대신 Zernike 모멘트를 이용한 눈동자 검출 방법[1], 눈동자에 대한 템플릿을 만들고 이에 기반한 템플릿 정합을 이용하는 방법[2], Eigenspace를 사용한 눈동자 검출[3] 등이 있다. Eigenspace는 템플릿 정합보다 더 나은 성능을 보여주기도 하지만 학습 영상에 많은 영향을 받는다. 또 다른 방법으로는 입력 영상의 명암도와 가장자리 정보를 통하여 눈동자를 찾는 방법[4]이 있다. 이러한 연구들은 얼굴 표정, 영상에서의 얼굴 회전 및 자세, 눈의 응시 방향등의 어려운 문제에 높은 성능 개선을 가져왔으나 각각의 방법들은 조명 조건과 헤어스타일 그리고 균등하지 않은 배경에 민감한 경향이 있다.

이러한 제약 조건에 강건한 눈동자 검출을 위

해 본 논문에서는 다양한 조명하에서의 단일 얼굴 영상에 대해 유전자 알고리즘(genetic algorithm)을 통한 템플릿 정합을 이용하여 빠르게 눈을 검출하는 방법을 제안하고자 한다. 기존의 유전자 알고리즘을 이용한 눈동자 검출 방법[5]은 이전 프레임의 유전자 정보를 다음 프레임에 상속하여 실시간 눈동자 검출이 가능 하였으나, 매번 초기 개체군을 랜덤하게 생성하는 단일 영상의 경우 낮은 검출률을 보이는 문제점을 가지고 있다.

본 논문에서는 이러한 문제점을 해결하기 위해 얼굴 영상에서 지역적 최소치 추출을 통해 눈동자 후보점을 먼저 찾고, 각각의 적합도를 평가하여 높은 적합도를 가지는 후보점을 초기 개체군 생성에 참여시킴으로써 이전의 문제점을 보완하였다.

II. 유전자 알고리즘을 이용한 눈동자 검출

2.1 전체 처리 과정

본 논문에서는 유전자 알고리즘을 이용한 눈동자 검출을 통해 눈의 위치를 검출 하였다. 그림 1은 전체 과정을 나타내는 순서도 이다. 전체 과정은 크게 눈동자 후보점을 찾는 과정과 유전자 알고리즘을 이용하여 눈을 찾는 과정으로 나눌 수 있다. 입력 영상은 그레이스케일 영상으로 재구성 되고, 눈동자 검출의 속도와 정확도를 높이기 위하여 지역적 최소치를 추출하여 눈동자

후보점을 찾는다. 유전자 알고리즘 과정으로 눈동자 후보점에서 템플릿을 정합하여 각각의 적합도를 평가하고, 적합도가 높은 상위 5개의 후보점의 정보를 이용하여 초기 개체군을 생성한다.

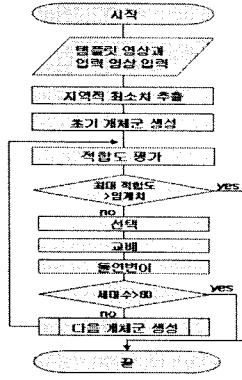


그림 1. 전체 처리 과정

유전자 알고리즘은 총 80세대(generation)까지 진화하도록 구성되며 개체군에서 선택(selection) 연산자를 통해 부모 개체를 선택하고, 교배(crossover) 연산자를 이용하여 새로운 자식 개체를 생성하며 돌연변이(mutation)를 생성한다.

2.2 지역적 최소치 추출

유전자 알고리즘의 속도와 검출 성공률을 높이기 위하여 초기 개체군 생성에 사용할 눈동자 후보점을 찾는다. 본 논문에서는 눈의 홍채(iris)부분은 공막(sclera)으로 둘러싸여 주위 값보다 작은 값을 가진다는 점에 착안하여 대표적으로 SIFT(Scale Invariant Feature Transform)에서 이용한 지역적 최대/최소치 추출 방법(detection of scale space extrema)을 사용하였다.

각각의 입력 영상의 스케일 공간(scale space) $L(x,y,\sigma)$ 는 식 (1) 과 같이 분산을 달리하는 가우시안(gaussian) 커널 $G(x,y,\sigma)$ 을 입력 영상 $I(x,y)$ 에 적용하여 축소하는 과정을 반복하여 얻어진 영상을 뜻한다. 이러한 과정은 (그림 2)와 같이 다양한 해상도를 가진 이미지들로 구성된 영상 피라미드를 생성한다.

$$L(x,y,\sigma) = G(x,y,\sigma^*) * I(x,y) \quad (1)$$

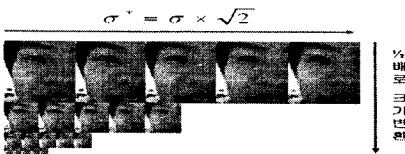


그림 2. 피라미드 영상

여기서 σ 는 그림 2에서도 확인 할 수 있듯이

$\sqrt{2}$ 를 점진적으로 곱하여 입력 영상의 블러링 정도를 증가시키며 총 5번의 블러링 영상을 구하고, 다음 층에서는 이전 영상 크기의 1/2배 영상을 구하여 같은 과정을 반복한다.

$$DoG(x,y,\sigma) = L(x,y,k\sigma) - L(x,y,\sigma) \quad (2)$$

피라미드가 완성되면 식 (2)를 이용하여 다른 분산을 적용시킨 두 개의 가우시안 이미지의 차이를 구하여 DoG(Difference of Gaussian) 이미지를 생성한다. 여기서 k 는 $\sqrt{2}$ 를 의미한다.

그림 3은 DoG영상 내에서 눈동자 후보점을 찾는 과정이다. 눈동자 후보점을 찾기 위해 현재 위치의 화소를 중심으로 주변 3×3 영역 화소값과 이웃 스케일 변화에 대응 되는 DoG영상에서 같은 위치에 있는 화소의 주변 3×3 영역에 포함되는 26개의 화소값을 현재 화소와 비교하여 최소의 값 또는 최대의 값이면 눈동자 후보점으로 등록한다. 이때 스케일 변화에 대응되는 DoG영상 사이의 비교이므로 이전 스케일 영상과 이후 스케일 영상을 현재 스케일 영상의 크기로 변환하여 비교한다.

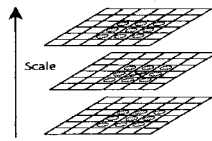


그림 3. 영상 스케일 공간상의 후보 특징점

그림 4는 찾아진 눈동자 후보점을 표시한 영상들이다. 눈동자 주위에서 많은 점들이 발견되는 것을 확인할 수 있다. 눈동자 이외의 위치에서도 많은 점들이 발견되는데 이러한 점들은 적합도 평가 시 눈에 비해 낮은 적합도를 가지므로 초기 개체 생성시 삭제된다.



그림 4. 지역적 최소치 추출 결과 영상

2.3 템플릿 정합을 이용한 유전자 알고리즘

2.3.1 템플릿영상

입력영상은 템플릿영상과 한쪽 눈을 포함하는 얼굴영상이다. 그림 5는 본 논문에서 사용하는 템플릿과 얼굴영상의 크기. 템플릿영상의 크기는 16×16 이며 일반적으로 눈은 홍채, 공막, 눈꺼풀을 포함하고, 템플릿은 이러한 각 부분의 특징들을 이용하여 구성한다[5]. 눈의 각 부분의 밝기

대비를 이용하여 홍채 부분은 그레이 값으로 255를 설정하고, 홍채를 둘러싸고 있는 공막의 경우 0, 눈꺼풀은 170으로 설정한다.



그림 5. (a) 템플릿영상 (b) 얼굴영상

2.3.2 유전자 구조

유전자 알고리즘에서는 문제의 가능한 해들은 하나의 개체(individual)가 되며 이러한 개체는 개체군(population)이라는 집합을 이룬다. 하나의 개체는 생물학적 유전자인 염색체에 해당하는 이진 스트링(string)을 가지고, 생물학적 개체와 같이 선택(selection) 혹은 재생산(reproduction), 교배(crossover), 돌연변이(mutation)를 통하여 다음 세대의 새로운 자손(offspring)을 인공적으로 만들어 내는 과정들을 반복적으로 적용하여 최적해에 접근하게 된다.



그림 6. 유전자 구조

그림 6은 본 논문에서 사용하는 유전자 구조이다. 유전자 구조는 얼굴영상의 원점을 기준으로 한 평행 이동 정보(t_x, t_y)와 템플릿의 크기 변환 정보(m)로 구성된다. 평행이동 인자의 경우 이진 스트링(binary string)으로 표현하고, 크기 정보는 실수(real number)를 사용한다.

인자의 범위는 얼굴영상의 사이즈와 영상 안에서의 눈의 크기를 고려하여 결정한다. 이러한 인자들은 템플릿영상의 얼굴영상 위로의 기하학적 변환을 위한 정보이며, 평행 이동에 대한 인자들은 그레이 코드(gray-code)화 하여 사용된다.

2.3.3 유전자 정보를 이용한 기하학적 변환

M 은 크기 변환 행렬이고, T 는 평행 이동 행렬이다. 템플릿영상은 유전자 정보를 이용하여 얼굴영상 위로 평행 이동하고, 스케일 변화하여 정합되며 적합도 함수에 의해서 평가 된다. 이러한 이동, 회전, 확대, 축소와 같은 기하학적 변환은 식 (3)과 식 (4)의 행렬에 의해서 간단히 표현할 수 있다.

$$M = \begin{bmatrix} m & 0 & 0 \\ 0 & m & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (3), \quad T = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ t_x & t_y & 1 \end{bmatrix} \quad (4)$$

A 를 템플릿영상의 한 점이고, A^* 를 A 가 M, T 에 의해서 변환된 얼굴영상의 한 점이라고

하자. 식 (5)의 점 표현을 사용하여 기하학적 변환은 식 (6)을 이용하여 쉽게 이루어진다.

$$A = [X, Y, 1], \quad A^* = [X^*, Y^*, 1] \quad (5)$$

$$A^* = A \cdot M \cdot T \quad (6)$$

2.3.4 적합 함수(Fitness Function)

템플릿영상은 유전자 정보에 의한 기하학적 변환 후에 템플릿영상과 템플릿이 위치한 얼굴영상 부분과의 픽셀 값 차이를 이용하여 적합도가 평가된다. O 를 목적 값, w 와 h 를 템플릿영상의 폭과 높이라고 하자. 목적 함수는 식 (7)과 같이 정의할 수 있다.

$$O = \sum_{j=1}^h \sum_{i=1}^w |a_{ij}^* - a_{ij}| \quad (7)$$

a_{ij} 는 템플릿영상의 좌표 (i, j)에서 픽셀 값이고, a_{ij}^* 는 얼굴 영상의 (i, j)에서의 픽셀 값이다. 적합 함수는 목적 함수를 이용하여 식 (8)과 같이 정의한다.

$$fitness = 1.0 - \frac{O}{(w \times h)(A_{max})} \quad (8)$$

여기서 O 는 목적 함수 값을 나타내고, fitness는 적합도, A_{max} 는 템플릿의 픽셀 최대값이다. 목적함수는 0에 가까울수록 적합 함수는 1에 가까울수록 눈으로 판단하기 좋은 값이다.

2.3.5 유전자 알고리즘 연산자

본 논문의 유전자 알고리즘은 simple GA(SGA)와 동일하다. 적합도 함수에 의해서 평가된 개체는 선택 연산자에 의해서 부모 개체로 선택되고, 교배 연산을 한다. 기본적으로 적합도가 높은 개체를 다음 세대에서 계속 개체군에 포함시키는 엘리트 선택법에 의하여 재생산 연산을 수행하며, 부모 개체가 자식 개체를 복제하고, 사라지는 것이 아니라 좋은 개체는 다음 세대에도 남게 되며, 대신 개체군 내에서 가장 적합도가 작은 개체는 개체군 내에서 사라지게 된다. 본 논문에서는 선택 연산자로 룰렛 휠(roulette wheel) 선택법을 사용하였고, 교배는 균등 교배를 사용하였다.

III. 실험 및 분석

실험은 눈동자 후보점을 이용한 실험과 이용하지 않은 실험으로 이루어진다. 테스트 영상으로 총 10명의 얼굴 영상을 20장씩 200장을 사용하였고, MATLAB을 이용하여 각각 10회씩 실험하였다. 표 1은 본 논문에서의 유전자 알고리즘에서 사용된 파라미터 값들이다.

표 1. 제안 기법의 파라미터 설정값

| Parameter | Value |
|-----------------------|-------|
| Min scaling factor | 1.6 |
| Max scaling factor | 2.2 |
| Generation number | 80 |
| Number of individuals | 5 |
| Crossover probability | 50% |
| Mutation probability | 2% |

정확하게 눈의 위치에 정합되지 않을 경우 그림 8과 같이 검정 계열의 영역에서 오검출이 발생하였다.



그림 8. 오검출 예

표 2. 눈동자 후보점을 제외한 실험(%)

| 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | total |
|------|----|------|----|------|----|------|----|----|------|-------|
| 82.5 | 80 | 80.5 | 79 | 82.5 | 75 | 83.5 | 77 | 77 | 77.5 | 79.5 |

표 2는 눈동자 후보점 추출 부분을 제외한 실험 결과이다. 10번의 테스트 결과 79.5%의 낮은 결과를 얻었다. 가장 큰 요인으로는 초기 랜덤한 위치에서 개체군 생성시 눈동자 주위 위치에서 생성되지 않을 경우 그레이 코드 사용으로 인해 돌연변이 생성 결과가 아닌 경우 최적해의 위치로 접근하기에 어려움이 있었다.

표 3. 눈동자 후보점을 사용한 실험(%)

| 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | total |
|------|------|------|----|----|------|----|------|----|------|-------|
| 97.5 | 97.5 | 98.5 | 97 | 99 | 97.5 | 98 | 97.5 | 97 | 97.5 | 97.7 |

표 3은 본 논문에서 제안하는 방법으로 눈동자 후보점을 사용한 테스트 결과이다. 모든 테스트에서 95%이상의 검출률을 얻었다. 그림 7은 바르게 검출된 결과 영상의 예이다.

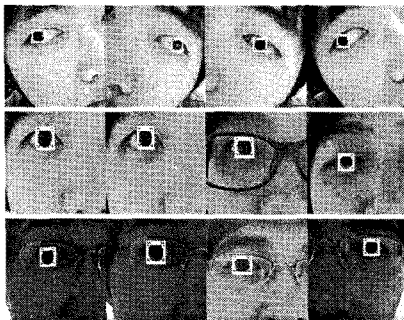


그림 7. 바르게 검출된 결과 영상 예

200장 중의 결과 영상 중 가장 높은 적합도는 0.85 정도이고, 평균은 0.78 정도의 적합도를 가졌다. 눈동자 후보점에서의 적합도를 계산하여 상위 5개의 지역만 선택되기 때문에 눈동자 이외의 후보점들은 무시된다. 교배연산 시 평행 이동 인자를 그레이 코드화 하여 사용하였기 때문에 평행 이동 인자의 급격한 변화를 막아준다. 따라서 눈동자 주위의 후보들이 선택되더라도 유전자 알고리즘에 의해서 눈의 위치로 비교적 쉽게 찾아가는 것을 확인할 수 있었다.

IV. 결론

본 논문에서는 낮은 검출률을 보이는 단일 얼굴 영상에서의 눈동자 검출을 위해, 실시간 영상에서와 같이 유전자 정보를 상속 받는 효과를 얻을 수 있는 눈동자 후보점을 이용하여 검출률을 높이는데 성공하였다. 기하학적 특징에 기반한 순수 얼굴 영역의 눈동자 검출 기법과 함께 스케일 변화 및 이동 변화를 보상할 수 있는 강건한 과정을 도입함으로써 본 논문에서 제안한 템플릿 정합 기법이 높은 성능을 가짐을 확인할 수 있었다. 특히 직관적으로 이전 프레임 영상에서 유전자 정보를 넘겨받는다면 실시간 눈동자 검출도 가능할 것으로 예상된다.

현재 눈동자 모양에 더 근사한 템플릿을 이용하여 오검출을 줄이기 위한 연구와 엘리트 법과 그레이 코드에 의해서 발생하는 오검출을 줄이기 위한 연구를 진행 중이다.

참고 문헌

- [1] Hyoung-Joon Kim, Whoi-Yul Kim, "Eye Detection in Facial Images Using Zernike Moments with SVM," ETRI Journal, Vol. 30, No. 2, 2008.
- [2] A.L. Yuille, P.W. Hallinan, D.S. Cohen, "Feature extraction from faces using deformable templates," Int. J. Comput. Vision Vol.8, No.2, pp. 99 - 111, 1992.
- [3] A. Pentland, B. Moghaddam, and Thad Starner, "View-based and modular eigenspaces for face recognition," In Proceedings of IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, pp. 84-91, 1994.
- [4] T. Kawaguchi, and M. Rizon, "Iris detection using intensity and edge information," Pattern Recognition, Vol. 36, No. 22, pp. 549-562, 2003.
- [5] T. Akashi, Y. Wakasa, K. Tanaka, S. G. Karungaru, and M. Fukumi, "Genetic eye detection using artificial template," Journal of Signal Processing, Vol. 10, No. 6, pp. 453 - 463, November 2006.