

Hough Transform 기반 DNA밴드 자동 인식 및 보정 방법

이하경*, 조동섭*, 이승환**, 조근희***

*이화여자대학교 컴퓨터공학과

**대검찰청 유전자감식실

***연세대학교 생명과학공학과

e-mail : dscho@ewha.ac.kr

Automatic Recognition and Correction of DNA Band Based on Hough Transform

Ha Kyung Lee*, Dong-Sub Cho*, Seung Hwan Lee**, Geunhee Cho***

*Department of Computer Science & Engineering, Ewha Womans University

**DNA Analysis Lab, Supreme Public Prosecutors' Office

***Department of Life Science and Biotechnology Engineering, Yonsei University

요 약

본 논문에서는 직선 허프변환을 이용하여 DNA밴드 영상의 위치를 자동으로 인식한 다음, 영상의 기울어짐을 검출하고 보정하는 방법을 제안한다. 먼저 입력된 그레이 스케일 DNA밴드 영상을 이진화한 후 직선 허프변환에 의하여 DNA밴드 영상에 포함되어 있는 직선성분을 추출하고, 직선성분들이 직교하는 점을 찾아내어 입력하고자 하는 영상의 위치를 인식한다. 그리고 많은 양의 DNA밴드 영상 데이터를 효과적으로 입력할 수 있도록, 위치인식 과정에서 실시한 직선 허프변환에 의해 영상의 기울어짐을 ± 1 도 이내의 정확도로 검출하고, 기울어짐을 자동으로 보정한다.

1. 서론

스캐너나 카메라를 통하여 문서나 그림을 입력할 때 사용자가 올려놓은 자료가 원하는 위치에 정확하게 놓여지지 않았거나, 또는 입력하고자 하는 영상이 자료내에서 원래부터 어느 정도 기울어져 있는 경우가 흔히 있다. 이러한 경우에는 입력하고자 하는 자료의 위치를 재지정하거나 입력 후 기울어짐 각도를 수동으로 보정하여야 하는 추가적인 작업이 필요하다. 이러한 작업은 특히 많은 양의 자료를 입력하여야 하는 경우에 문제가 되므로 입력의 자동화를 위하여 반드시 해결되어야 한다. 따라서 입력하고자 하는 자료의 위치를 컴퓨터가 스스로 찾아내고, 기울어짐의 각도를 인식한 다음 이를 자동적으로 보정해 줄 수 있어야 한다.

영상에 존재하는 곡선이나 직선성분을 검출하는 것은 영상신호내에 포함되어 있는 물체를 인식하기 위해서 반드시 필요한 과정이다. 영상에 존재하는 직선성분을 찾기 위한 방법으로 최소자승법, RIT, 그리고 직선 허프변환을 이용한 방법 등이 있다. 최소자승법에 의한 검출방법은 근사화하려는 곡선과 실제 영상의 곡선과의 차의 제곱의 합이 최소가 되도록 하는 파라미터를 찾는 과정이다[1]. RIT(Rotational Invariance Techniques)[2]는 흑백영상에서 직접 직선에 대한 정확한 각도와 직선의 갯수를 검출할 수 있지만 계산과정이 복잡하므로 에지점들이 많아질

수록 계산량이 많아지는 단점을 가지고 있다. 직선 허프변환(SLHT; Straight Line Hough Transform)[3][4]은 영상공간의 에지점들을 매개변수 공간으로 변환시키고 군집화를 이루는 에지점들을 추출하는 과정이다.

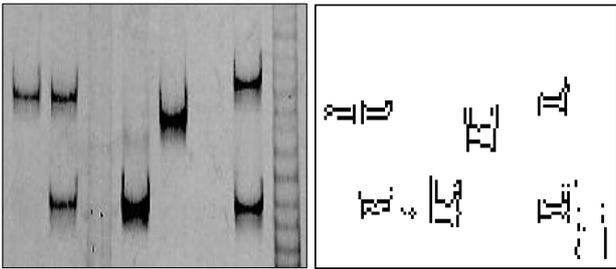
본 논문에서는 직선 허프변환을 이용하여 입력된 DNA밴드 영상의 위치를 자동으로 찾아내고, 기울어짐을 검출한 다음 이를 보정하는 방법을 제안한다. DNA밴드 영상은 생물체의 세포를 포함한 추출물을 화학처리한 다음 전기영동 과정을 거쳐 얻어지는 영상으로 수직방향으로 여러개의 레인과 각 레인마다 여러개의 직사각형 형태의 DNA밴드들로 이루어져 있다. DNA밴드의 인식은 지문보다 더 높은 정확도를 가지고 동일인을 식별하는 데 널리 이용되고 있다. 실험을 통하여 얻어진 DNA밴드 영상을 컴퓨터로 처리하기 위해서는 스캐너를 통하여 입력하여야 하는데, 많은 양의 DNA밴드 영상을 올바르게 입력하기 위해서는 스캐너 상에서 DNA밴드 영상의 위치를 찾아내어야 한다. 또한 DNA밴드 영상이 올바르게 놓여지지 않았다면 기울어짐 각도를 계산하고 기울어짐을 보정하여야 한다. 먼저 스캐너로 입력한 그레이 스케일 영상을 이진화하고 DNA밴드 영상이 포함하고 있는 직선성분을 추출한다.

먼저 입력된 DNA밴드 전체 영상을 이진화 한다. 직선 허프변환에 의해 DNA밴드 영상의 4개의 변에 해당하는

직선성분을 찾아내어 DNA밴드 영상의 꼭지점의 위치를 검출한다. 입력하고자 하는 영상의 위치는 이 꼭지점들을 연결하여 생성되는 직사각형 부분으로 정하고, 이 부분을 화일로 저장한다. 직선 허프변환의 결과로부터 입력하고자 하는 영상의 기울어짐을 계산하고 기울어짐 각도만큼 영상을 반대로 회전시킴으로써 기울어진 영상을 보정한다.

2. 영상의 이진화

입력된 전체 DNA밴드 영상에서 입력하고자 하는 직사각형 형태의 부분자료의 위치를 검출하기 위해서는 먼저 직사각형의 에지에 해당하는 직선성분을 구해야 한다. 영상의 이진화에 의하여 그레이 스케일 영상을 0과 1의 두 가지 밝기레벨을 가지는 이진영상으로 변환시킨다. 밝기의 변화가 거의 없는 부분은 0으로 하고 밝기의 변화가 큰 부분은 1로 하면 영상내에 포함되어 있는 에지성분을 검출할 수 있다. 그레이 스케일로 표현된 영상데이터를 이진화하기 위해서는 두가지 Sobel 연산자들과 영상데이터를 컨볼루션한 다음 그 결과를 임계치와 비교하여 이진화 할 수 있다[3]. 그림 1(a)는 DNA밴드 영상의 한 예이고 각 화소는 256개의 밝기레벨을 가진다. 그림 1(b)는 이 영상을 Sobel 연산자에 의해 이진화하여 에지를 검출한 결과를 나타낸다. 밝기의 변화가 거의 없는 부분은 흰색으로, 밝기의 변화가 큰 에지부분은 검정색으로 표시되었다.



(a) (b)

그림 1. 원래 DNA밴드 영상 및 Sobel 연산자에 의해 이진화한 영상

3. 파라미터에 의한 직선의 표현

직선 허프변환에서는 이진영상에 포함되어 있는 직선성분을 두 개의 파라미터인 s 와 θ 로 나타낸다. 여기서 s 는 원점에서 이 직선에 이르는 거리를 나타내며, θ 는 이 직선이 y 축과 이루는 각도를 나타낸다. 그림 2는 직선 ℓ 을 파라미터 s 와 θ 로 나타낸 것이다. 2차원 평면상에서 직선 ℓ 을 방정식 $y = ax + b$ 로 표현하였을 때, a 는 이 직선의 기울기이고 b 는 이 직선이 y 축과 만나는 점의 y 좌표를 나타낸다. 그림 2의 직선 기울기는 $\tan(- (90 - \theta))$ 이고 이 직선이 y 축과 만나는 점의 좌표는 $(0, b)$ 이므로 직선의 방정식은 다음과 같이 표현될 수 있다.

$$y = \tan(- (90 - \theta))x + b \quad (1)$$

이 식을 정리하면 다음과 같이 된다.

$$y = \frac{\sin(\theta - 90)}{\cos(\theta - 90)}x + b \quad (2)$$

$$b \sin \theta = x \cos \theta + y \sin \theta \quad (3)$$

$$s = x \cos \theta + y \sin \theta \quad (4)$$

따라서, 직선 ℓ 은 식 (4)와 같이 두 개의 파라미터 s 와 θ 를 이용하여 나타낼 수 있다.

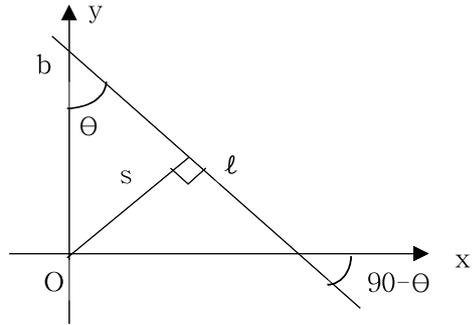


그림 2. 파라미터 s 와 θ 로 나타낸 2차원 평면에서의 직선

4. 이진화 영상에서의 직선성분 추출

직선 허프변환은 이진화된 영상에 포함되어 있는 직선성분의 존재 여부를 확인하고 이 직선을 나타내기 위한 파라미터 s 와 θ 를 찾는 데 사용된다. 직선 허프변환의 결과로부터 영상에 존재하는 임의의 점들이 직선을 구성하는데 기여하는 정도를 알 수 있다. 이진화된 영상에서 왼쪽 상단의 꼭지점을 직선 허프변환의 기준점 O 로 정하고 왼쪽에서 오른쪽으로 차례로 이동하면서 만나는 점들의 좌표를 (x_j, y_j) 로 정한다. 어떤 점에서의 직선 허프변환은 그 점을 제외한 다른 모든 점들에 대해서 수행된다.

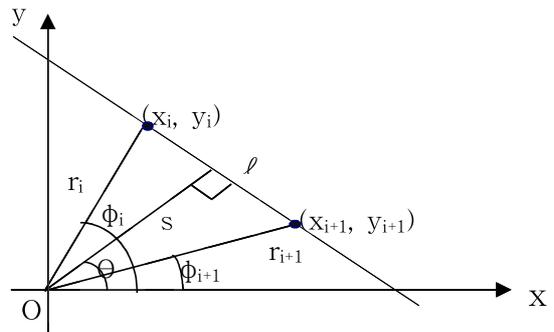


그림 3. 이진화 영상에서의 직선 허프변환 과정

그림 3은 이진화된 영상에서 두 개의 점만 존재한다고 하였을 때 점 (x_j, y_j) 에서의 직선 허프변환 과정을 나타낸다. 두 점이 하나의 직선을 나타내고 있다고 하였을 때, 극좌표로 나타낸 두 점 (r_i, ϕ_i) 와 (r_{i+1}, ϕ_{i+1}) 은 직선 허프변환 영역에서 동일한 파라미터값 (s, θ) 을 갖는다. 점 (x_j, y_j) 를 지나는 임의의 직선을 파라미터로 표현하면 다음과 같다.

$$s = r_i \cos(\theta - \phi_i) \quad (5)$$

여기서 r_i 와 ϕ_i 는 다음과 같이 계산된다.

$$r_i = \sqrt{x_i^2 + y_i^2} \quad (6)$$

$$\phi_i = \tan^{-1} \frac{y_i}{x_i}$$

점 (x_{i+1}, y_{i+1}) 을 지나는 임의의 직선도 마찬가지로 나타낼 수 있다. 그림 3과 같이 두 점이 하나의 직선에 포함되어 있다고 하면 두 점에 대한 s 와 θ 가 서로 같으므로 식 (7)과 같이 쓸 수 있다.

$$r_i \cos(\theta - \phi_i) = r_{i+1} \cos(\theta - \phi_{i+1}) \quad (7)$$

식 (7)은 계수 p 와 q 를 사용하여 식(10)의 형태로 표현 가능하다.

$$p = r_i \cos \phi_i - r_{i+1} \cos \phi_{i+1} \quad (8)$$

$$q = -r_i \sin \phi_i + r_{i+1} \sin \phi_{i+1} \quad (9)$$

$$p \cos \theta - q \sin \theta = 0 \quad (10)$$

이 때 식 (10)은 다음과 같이 나타낼 수 있다.

$$\sqrt{p^2 + q^2} \cos(\theta' + \theta) = 0 \quad (11)$$

식 (11)의 해는 $\theta' + \theta = m\pi + \frac{\pi}{2}$ 인데 $\theta' = \tan^{-1} \frac{q}{p}$

이고 $n=-1$ 로 하면 s 와 θ 는 식 (12)와 식 (13)과 같이 계산된다.

$$\theta = -\frac{\pi}{2} - \theta' = -\frac{\pi}{2} - \tan^{-1} \frac{q}{p} \quad (12)$$

$$s = \sqrt{x_i^2 + y_i^2} \cos \left(\theta - \tan^{-1} \frac{y_i}{x_i} \right) \quad (13)$$

여기서 우리가 계산하고자 하는 값의 범위는 $0 < \theta < 90$ 이므로 $-\pi < \tan^{-1}(q/p) < -\pi/2$ 가 되어야 한다. 따라서 이것을 만족하는 p 와 q 에 대해서만 식 (12)를 계산하고, 이 조건을 만족하지 않는 직선성분에 대해서는 계산하지 않는다. 직선 허프변환은 모든 점들에 대해 이와같은 과정을 통하여 직선성분을 계산한 다음, 가장 많이 포함되어 있는 직선성분을 찾아냄으로써 영상내에 포함되어 있는 직선성분을 인식한다. 카운터 행렬은 직선 허프변환에서 점들사이에 존재하는 가장 많은 직선성분을 찾아내기 위해서 사용된다. 파라미터 s 와 θ 를 이산화하여 각각 m 개와 n 개의 값만을 가지도록 한 다음, $m \times n$ 크기의 카운터 행렬 $H(s, \theta)$ 을 정의하고 0으로 초기화하고 위에서 구한 s 와 θ 값에 해당하는 카운터 행렬값을 하나 증가 시킨다. 파라미터 s 가 가질 수 있는 값의 범위는 0부터 영상의 대각선의 길이이므로, 1부터 대각선의 길이에 해당하는 정수 $m = \sqrt{X^2 + Y^2}$ 까지로 하였으며 X 와 Y 는 각각 영상의 가로 및 세로의 길이이다. 또한 직선이 기울어진 각도는 항상 0부터 180도까지 나타나므로 θ 는 0부터 180까지의 정수값을 갖게 하였으며 이때 $n=181$ 이다.

5. DNA밴드 영상의 위치 자동 인식

DNA 영상의 위치를 검출하기 위해서는 DNA밴드 영상의 꼭지점의 위치를 인식하는 것이 필요하다. DNA밴드 영상의 꼭지점의 위치를 인식하기 위해서 먼저 주어진 영상에 직선 허프변환을 적용하여 DNA밴드 영상의 가장자리에 해당하는 4개의 주된 직선성분을 찾아낸 다음, 이들 직선성분에 해당하는 s 와 θ 값들로부터 직사각형의 꼭지점들을 구한다.

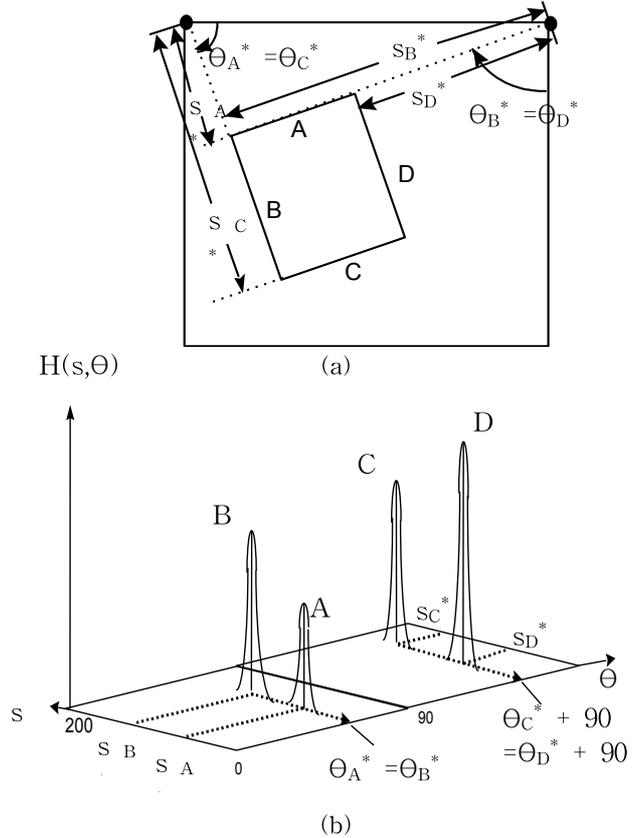


그림 4. (a) 임의로 기울어진 DNA밴드 영상 이진화 결과 (b) DNA밴드 영상의 직선성분 검출결과

그림 4는 임의의 기울어진 DNA밴드 영상이 주어졌을 때, 직선 허프변환을 이용하여 직선성분을 찾아낸 다음, 이를 이용하여 DNA밴드 영상의 꼭지점을 구하는 과정을 나타낸다. 그림 4(b)는 그림 4(a)의 영상을 직선 허프변환 하였을 때 네 개의 직선성분 A, B, C, 그리고 D에 해당하는 카운터 행렬의 네 개의 주된 피크들을 표시한 것이다. 두 개의 직선성분이 직교하는 곳이 바로 직사각형의 꼭지점에 해당하는 곳이므로, 피크값에 해당하는 θ 에 대한 차이 $\theta_A^* - \theta_B^*$ 와 $\theta_C^* - \theta_D^*$ 가 90에 가까운 값일 때 두 직선은 직교한다고 할 수 있다. 본 논문에서는 여유를 두어 이 값이 87과 93사이에 있으면 직교하는 것으로 가정하여 직사각형의 위치를 검출하였다. 노이즈의 영향을 피하기 위해 직선 허프변환에 의해 검출하려고 하는 직선성분의 최소길이를 정해주어야 한다. 직선의 최소길이를 k 픽셀로 하면, 카운터 행렬 H 의 피크가 k 보다 큰 경우에 대해서

만 직선이라고 보는 것을 의미한다. 직선 허프변환 영역에서 그림 4(b)에서 D의 위치를 찾기위해 가장 큰 값을 구하면 되고 그림 4(b)에서 B의 파라미터 s_B^* 의 결정은 D에 해당하는 s_D^* 를 중심으로 $s_D^* - k < s$ 또는 $s < s_D^* + k$ 의 영역에서 가장 큰 값을 구하면 된다. 같은 방법으로 A와 C의 파라미터를 구할 수 있다. 본 논문에서는 영상의 크기를 고려하여 $k=80$ 으로 설정하였다. 그림 4(b)의 직선성분 A, B, C, 그리고 D에 해당하는 파라미터 s 와 θ 를 각각 (s_A^*, θ_A^*) , (s_B^*, θ_B^*) , (s_C^*, θ_C^*) , 그리고 (s_D^*, θ_D^*) 로 놓았을 때 4개의 값을 식 (4)에 대입하여 A와 C에 해당하는 직선을 식 (14)와 식 (16)으로 나타내고, B와 D에 해당하는 직선은 식 (15)과 식 (17)로 나타낸다. 이 때 허프변환의 기준점을 O_R 로 바꾸기 위해 x 대신 $x-X$ 을 대입하며 이는 그림 3의 y 축을 x 의 양의 방향으로 X 만큼 이동시키는 것을 의미한다. 여기서 X 는 전체 영상의 가로 크기이다. 4개의 직선의 방정식이 구해지면 식 (14)와 식 (15), 식 (14)와 식 (17), 식 (16)과 식 (15), 그리고 식 (16)과 식 (17)의 해로부터 4개의 직선의 교점을 구할 수 있는데, 이 해가 바로 직사각형의 4개의 꼭지점의 좌표에 해당한다. 예를 들어 그림 5에서 식 (14)와 식 (15)의 방정식의 해는 (\hat{x}_1, \hat{y}_1) , 식 (14)와 식 (17)의 해는 (\hat{x}_2, \hat{y}_2) , 식 (15)과 식 (16)의 해는 (\hat{x}_3, \hat{y}_3) , 그리고 식 (16)과 식 (17)의 해는 (\hat{x}_4, \hat{y}_4) 에 해당한다.

$$s_A^* = x \cos \theta_A^* + y \sin \theta_A^* \quad (14)$$

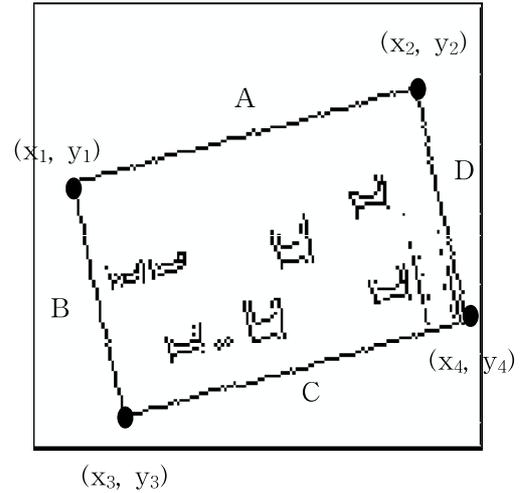
$$s_B^* = (x - X) \cos \theta_B^* + y \sin \theta_B^* \quad (15)$$

$$s_C^* = x \cos \theta_C^* + y \sin \theta_C^* \quad (16)$$

$$s_D^* = (x - X) \cos \theta_D^* + y \sin \theta_D^* \quad (17)$$

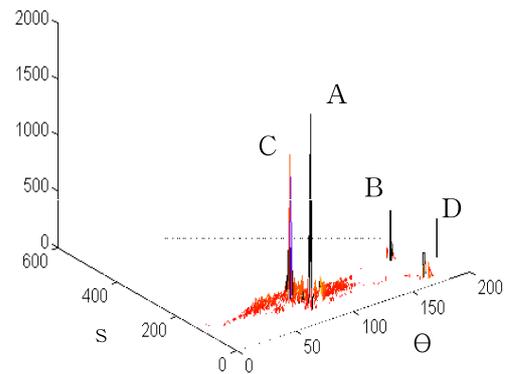
그림 5는 어느정도 각도만큼 기울어지도록 한 실제 DNA 밴드 영상에서, 직선 허프변환을 이용하여 직선성분을 찾아내고, DNA밴드 영상의 네 개의 꼭지점을 구한 후에 입력하고자 하는 부분의 위치를 인식하는 과정을 보여준다. 그림 5에 주어진 DNA밴드 영상의 크기는 144×126 이고, s 는 1부터 191까지, 그리고 θ 는 0부터 180까지의 정수값을 갖도록 하였다. 그림 5(b)에서 직선성분 A, B, C, 그리고 D의 위치에 해당하는 직선 허프변환 영역에서의 파라미터는 $(s_A^*, \theta_A^*)=(53,77)$, $(s_B^*, \theta_B^*)=(26,167)$, $(s_C^*, \theta_C^*)=(121,77)$, 그리고 $(s_D^*, \theta_D^*)=(139,167)$ 로 측정되었다. 이 값들을 식 (14)-(17)에 대입하고, 연립방정식을 풀면 4개의 꼭지점의 좌표를 구할 수 있다. 예를 들어 s_A^* , θ_A^* , s_B^* 및 θ_B^* 를 식 (15)와 식 (16)에 대입한 다음, 이 연립방정식을 풀면 $x=14$, $y=51$ 로 계산되므로 구하고자 하는 꼭지점의 좌표는 $(\hat{x}_1, \hat{y}_1)=(14,51)$ 가 된다. 마찬가지로 다른 연립방정식을 풀어 나머지 꼭지점의 좌표들을 $(\hat{x}_2, \hat{y}_2)=(123,26)$, $(\hat{x}_3, \hat{y}_3)=(26,118)$, $(\hat{x}_4, \hat{y}_4)=(139,91)$ 와 같이 계산하였다. 직선 허프

변환에 의한 위치 인식 성능을 확인하기 위하여 계산된 꼭지점의 좌표들을 실제 꼭지점들의 위치 $(x_1, y_1)=(13, 50)$, $(x_2, y_2)=(122, 23)$, $(x_3, y_3)=(30, 115)$, $(x_4, y_4)=(140, 89)$ 와 비교하였다. 그 결과 4개 좌표들의 오차의 평균은 2.95로서 실제 영상에 대해서도 매우 정확하게 찾아낼 수 있었다.



(a)

$H(s, \theta)$



(b)

그림 5. (a) 이진화된 기울어진 영상신호
(b) 검출한 꼭지점의 위치

6. DNA밴드 영상의 기울어짐 검출 및 보정

지금까지 입력된 전체 영상가운데서 입력하고자 하는 DNA밴드 영상의 위치를 자동으로 인식하는 과정을 설명하였다. 이 과정에서 입력하고자 하는 DNA밴드 영상이 기울어져 있는지를 조사하고 기울어져 있으면 기울어짐 각도를 검출하고 보정하는 과정이 필요하다. 영상의 기울어짐 각도는 직선성분 A의 기울기에 의해서 결정되므로 단순히 (x_1, y_1) 과 (x_2, y_2) 을 지나는 직선의 기울기가 된다. 영상의 직선성분 A의 기울어짐 각도 $\hat{\theta}$ 는 식 (18)과

같이 계산된다.

$$\hat{\theta} = \tan^{-1} \frac{y_2 - y_1}{x_2 - x_1} \quad (18)$$

실제의 기울어짐 각도는 점 (x_3, y_3) 과 점 (x_4, y_4) 사이를 지나는 직선성분 C의 기울기도 고려하여 식 (19)에서 구한 기울기와의 평균값으로 설정하여 정확도를 높이기도 하였다. 이와같이 기울어짐 각도 $\hat{\theta}$ 를 계산하고 이 각도와 반대방향으로 영상을 회전시키면 기울어짐을 보정할 수 있다. 2차원 공간의 영상에서 한 점을 $-\hat{\theta}$ 만큼 회전시키는 과정은 다음과 같은 변환을 통하여 실현된다.

$$\begin{bmatrix} x_{new} \\ y_{new} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \cos(-\hat{\theta}) & \sin(-\hat{\theta}) \\ -\sin(-\hat{\theta}) & \cos(-\hat{\theta}) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x_{old} \\ y_{old} \end{bmatrix} \quad (19)$$

여기서 (x_{old}, y_{old}) 는 회전시키기 전의 픽셀의 직교좌표이고, (x_{new}, y_{new}) 는 회전시킨 후의 픽셀의 직교좌표를 나타낸다. 그림 6은 그림 5의 영상데이터에서 기울어짐 각도 $\hat{\theta}$ 를 검출하고 이것을 보정한 결과를 나타낸다.

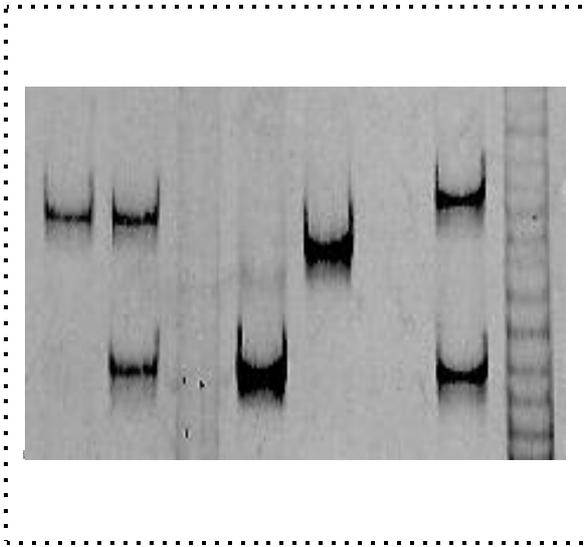


그림 6. 기울어진 DNA밴드 영상을 보정한 결과

직선 허프변환을 이용하여 입력된 밴드의 위치를 인식한 다음, 기울어짐 각도를 검출하고 이를 보정하는 과정의 성능을 확인하기 위하여, 여러개의 다른 종류의 실제 영상데이터에 대하여 이 방법을 적용해 보았다. 표 1은 임의의 각도만큼 기울어져 있는 10개의 실제 영상데이터에 대해서 직선 허프변환을 이용하여 기울어짐 각도를 검출하고 실제 각도와 비교한 것이다. 직선 허프변환을 이용하여 입력하고자 하는 직사각형 형태의 영상의 꼭지점을 정확하게 인식하였으며, 영상의 기울어짐의 각도는 1도 정도의 오차이내에서 실제값에 가깝게 검출하여 보정할 수 있었다.

표 1. 직선 허프변환을 이용한 위치 자동 인식 및 기울어짐 각도의 검출 성능

실험 횟수	직선 허프변환에 의해 검출한 4개의 꼭지점 위치의 평균오차	기울어짐 각도(단위: 도)	
		실제값	직선 허프변환
1	2.95	14	14
2	1.23	-16	-16
3	4.72	-6	-5
4	2.43	9	9
5	4.89	6	7
6	3.09	-20	-20
7	2.11	2	1
8	3.25	-3	-2
9	1.40	19	20
10	2.59	-10	-9

7. 결론

본 논문에서는 DNA밴드 영상의 위치를 자동으로 인식하고, DNA밴드 영상이 기울어져 있을 때 자동적으로 기울어짐 각도를 검출하고, 기울어짐을 보정하여 많은 양의 DNA밴드 영상의 입력과정을 자동화 하는 방법을 제안하였다. 먼저 DNA밴드 영상을 이진화하고 직선 허프변환을 이용하여 DNA밴드 영상에 포함되어 있는 네 개의 주된 직선성분을 구하고 그 교차점을 계산하여 꼭지점의 위치를 자동으로 인식하였다. 직선 허프변환을 이용한 직선성분 추출과정은 잡음에 대한 영향을 크게 받지 않고 영상 내에 포함되어 있는 직선성분을 얻을 수 있었다. 또한, 직선 허프변환 과정에서 계산되는 카운터 행렬을 이용하여 실제 영상으로부터 기울어짐의 각도를 ± 1 도 이내로 정확하게 검출하였다.

참고문헌

- [1] N. Greggio, A. Bernardino, C. Laschi, P. Dario, J. Santos-Victor, "An Algorithm for the Least Square-Fitting of Ellipses", 2010 22nd IEEE International Conference on Tools with Artificial Intelligence (ICTAI), pp. 351 - 353, 27-29 Oct. 2010.
- [2] A. Patil and P. Rastogi, "Rotational invariance approach for the evaluation of multiple phases in interferometry in the presence of nonsinusoidal waveforms and noise", Journal of the Optical Society of America A, Vol. 22, Issue 9, pp. 1918-1928, 2005.
- [3] Rafael C. Gonzalez & Richard E. Woods, "Digital Image Processing," Prentice Hall, 2008.
- [4] Dagao Duan, Meng Xie, Qian Mo, Zhongming Han, Yueliang Wan, "An improved Hough transform for line detection", 2010 International Conference on Computer Application and System Modeling (ICCSM), V2-354 - V2-357, 22-24 Oct. 2010.