論文98-35S-9-7

유전 알고리즘을 이용한 스테레오 정합

(Stereo Matching Using Genetic Algorithm)

金 容 奭 *, 韓 圭 必 *, 金 紀 錫 **, 河 永 浩 *

(Yong-Suk Kim, Kyu-Phil Han, Gi-Seok Kim, and Yeong-Ho Ha)

요 약

본 논문에서는 유전 알고리즘을 이용한 스테레오 정합 방법을 제안한다. 스테레오 정합은 2차원 영상으로부터 물체의 3차원 구조를 복원하기 필수적인 과정이다. 제안된 2차원 구조의 염색체는 각 요소가 변이값들로 이루어진다. 이때, 각 염색체의 비용함수는 두 장의 영상의 휘도값의 차이와 변이값의 평활성에 기초하여 구성된다. 또한, 2차원 염색체에서 주변 화소의 변이값에 영향을 받는 교차와 돌연변이 연산자가 제안된다. 이러한 지식 기반의 연산자를 이용함으로써 보다 빠른 수렴성과 안정된 결과를 보장받을 수 있다. 제안한 유전 알고리즘 기반의 스테레오 정합 방법을 합성 영상과 실 영상에 적용한 결과, 제안한 방법이 특징값이 너무 많거나 적은 영상, 잡음이 많이 섞인 영상, 또는 반복적인 형태의 영상에 대해서도 좋은 결과를 얻을 수 있음을 알 수 있다.

Abstract

In this paper, a genetic algorithm-based optimization technique for stereo matching is proposed. Stereo matching is an essential process to recover three-dimensional structure of objects. The proposed two-dimensional chromosomes consist of disparity values. The cost function of each chromosome is composed of the intensity-difference between two images and smoothness of disparity. The crossover and mutation operators in the two-dimensional chromosomes are described. The operations are affected by the disparities of neighbor pixels. The knowledge-augmented operators are shown to result in rapid convergence and stable result. The genetic algorithm for stereo matching is tested on synthetic and natural images. Experimental results for various images show that the proposed algorithm has good performance even if the images have too dense or sparse feature points, severe noise, and repeating pattern.

Ⅰ. 서 론

컴퓨터 시각의 목적은 2차원 영상에서 추출된 정보를 이용해서 실세계를 구성하는 것이다. 특히, 스테레오 시각 기법은 서로 다른 관점에서 얻어진 좌·우 두 장의 영상으로부터 3차원의 거리 정보를 복구하는 유용한 방법의 하나이다.[1] 스테레오 시각에서 가장 중요한 부분은 좌·우 영상 사이의 대응점(corresponding point)을 찾아내는 정합 과정이다. 그러나, 특징의 추출, 추출된 특징들의 결합, 정합 창틀의 크기와 형태의 결정, 정합할 변이의 영역이 넓을 경우, 제한 조건이 만족되지 않는 폐색 영역(occluding region) 등으로 인해 스테레오 정합 과정은 많은 어려움을 가지고 있다.[2,3] 이와 같은 요소들은 스테레오 영상에 잡음이 많거나 좌·우 영상의 일부가 서로 다를 경우에는 더 큰 문제가 될 수 있다. 본 논문에서는 이러한 문제

* 正會員, 慶北大學校 電子電氣工學部
(School of Electronic & Elec. Eng., Kyungpook National University)
** 正會員, 慶州大學校 컴퓨터 情報工學部
(School of Computer & Information Engineering, Kyongju University)
接受日字: 1997年1月27日, 수정완료일: 1998年7月8日

들을 해결하기 위해 유전 알고리즘을 이용한 스테레오 정합 기법을 제안한다. 스테레오 정합 기법은 크게 휘도 기반 방법과 특징 기반의 방법으로 나누어진다. 휘도 기반의 방법은 좌·우 영상의 특정 영역 내에서 휘도 차이가 적은 부분을 정합점으로 선택하고, 이로부터 변이값을 결정한다. 이 방법들은 잡음에 민감한 단점을 가지고 있으나, 정합 과정이 단순하고 영상의 특성에 따른 영향이 적은 특징이 있다. 이에 반해, 특징 기반의 방법은 영상으로부터 정합에 유용한 특징값들을 추출한 후 이를 정합함으로써, 잡음에 의한 오차를 줄일수 있고 주변 변이값과의 공간적인 연관성을 증가시킬 수 있다. 그러나 특징값이 있는 영상의 일부 위치에서만 변이값을 얻을 수 있고, 특징 추출을 위한 과정이 부가적으로 요구되는 단점을 가진다. 이와 같은 다양한 정합 방법에 의해 얻어진 변이값들의 정확도를 높이고 주변 변이값의 정보를 이용하여 각 방법들의 단점을 극복하기 위해, 변이값에 대한 이완화 과정을 포함하는 경우가 많다. 제안하는 스테레오 정합 방법은 휘도 기반의 정합을 행하고, 그 결과에 대해 유전자 알고리즘을 이용한 이완화를 수행한다.

유전 알고리즘은 자연계의 자연 선택성을 기반으로 개체(individuals), 교배(mating), 염색체의 교차(chromosome crossover), 유전자의 돌연변이(gene mutation), 적응성(fitness) 등의 개념을 도입하고 있다. 유전 알고리즘이 자연계의 진화 과정을 모방하고 있지만, 자연 진화 과정이 매우 복잡하고 그 과정이 정확히 밝혀져 있지 않기 때문에 유전 알고리즘과 완전히 같을 수는 없다. 본 논문에서 제안하는 알고리즘은 제한 조건을 가진 최적화(constrained optimization)를 목적으로 한다. 각각의 염색체들은 비용 함수(cost function)에 반비례하는 적응치(fitness value)를 가지고, 염색체들은 자연계의 진화와 유사한 과정을 거쳐 다음 세대에서 개선되어 진다. 이 과정에서 유전자의 교차에 의해 보다 우수한 염색체가 만들어지고, 돌연 변이 현상은 진화 과정에서 새로운 유전자를 생성시키는 역할을 한다. 이러한 교차와 돌연변이 연산자를 목적에 따라 적절하게 설정함으로써 보다 우수한 결과와 빠른 수렴 특성을 얻을 수가 있다. 본 논문에서는 2차원 형태의 염색체 구조를 제안하고 이에 맞는 교차와 돌연변이 연산자를 도입함으로써 스테레오 영상으로부터 정확한 변이값을 결정하는데 사용했다. 이 과정에서 염색체의 평가를 위해 사용되는 비용 함수와 적응치는 좌·우 영상간의 차이값과 변이값의 평활성에 기초해서 결정되어진다.

Ⅱ. 스테레오 정합

물체의 3차원적 구조는 극상선 제한조건(epipolar line constraint)을 만족하는 두 장의 영상으로 부터 복원될 수 있다. 그림 1은 평행축 스테레오 구조를 가지는 두 카메라의 배치를 나타낸다. 깊이, x는 다음 식으로 계산된다.

$$x=\frac{L\cdot f}{dl+dr} \tag{1}$$

여기서 L은 카메라 사이의 간격을 나타내고 f는 카메라의 촛점 거리이다. 이때, 변이값은 $dl+dr$로 정의된다. 좌·우 영상간의 유사한 영역들을 정합하여 dl과 dr을 얻을 수 있다. 이와 같이 좌·우 영상에서 서로 유사한 영역을 찾은 후, 그 위치에서의 변이값을 구하는 과정을 스테레오 정합이라고 한다. 위의 수식은 극상선 제한 조건을 만족하는 영상 획득 장비를 사용하여 얻어진 영상에 대해서는 만족되나, 일반적인 스테레오 영상에 대해서는 추가적인 영상 보정이 필요하다. 이러한 극상선 제한 조건을 만족시키기 위해서는 정합 이전의 전처리 단계에서 영상 전체에 대해 하나의 수직축 변이를 구하여 영상을 보정하거나, 정합 과정에서 각 화소나 주사선 단위로 수직축 변이를 찾아내는 방법을 사용한다. 정합 과정에서 보정을 행하는 경우, 보다 정확한 정합은 가능하나 정합 시간을 증가시키는 단점이 있다. 반면, 전처리 단계에서 보정을 행할 경우 영상 전체의 형태를 보존하기 위해서 화소 단위나 주사선 단위의 보정은 불가능해진다. 이러한 극상선 제한 조건을 만족시키기 위한 보정 과정의 어려움을 근본적으로 해결하기 위해 최근에는 극상선 조건과 좌·우 두 대의 카메라간의 획득시 시간적인 오차 문제를 해결하면서 동시에 외부 조명이나 반사 문제를 해결한 두 대의 카메라를 하나의 장비 안에 내장하거나 한 대의 카메라 안에 두 개의 렌즈를 가진 스테레오 영상 획득 시스템이 사용되고 있다. 그러나 이러한 스테레오 카메라는 일반적으로 두 카메라 간의 거리가 고정된 형태가 많으므로 특수한 응용에는 적합하지 않은 경우가 많다. 그러므로 일반적인 장비로 획득된 영상에 대해서는 보정이 필요하다. 본 논문에서는 극상선

제한 조건을 만족하는 합성 영상을 제외한 실 영상에 대해서는 정합 이전의 전처리 단계에서 전체 영상에 대해 회전 각도와 수직축 변이를 구하여 보정하는 방법을 사용하였다.

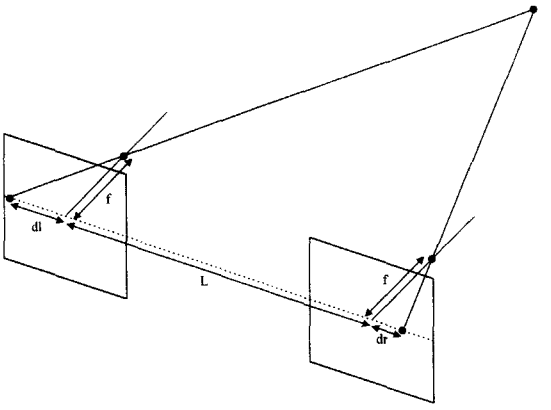


그림 1. 평행축 스테레오 구조
Fig. 1. Parallel axis stereo geometry.

스테레오 정합을 위한 여러 방법들은 정합에 사용되는 요소들(matching primitives)에 따라 특징 기반(feature-based)과 휘도 기반(intensity-based) 정합 방법으로 나누어 진다. 특징 기반 정합 방법은 영상의 영교차점(zero-crossing), 연결된 경계선(connected edge), 분할된 경계선(segmented edge), 모서리점(corner point)과 같은 특징을 이용하며, 특징점이 존재하는 부분에서는 정확한 변이값을 얻을 수 있다.[4] 그러나, 이러한 방법들은 잘못된 정합을 피하기 위해 경계선의 세선화(edge thinning)와 연결(linking)과 같은 복잡한 과정을 필요로 한다. 또한 모든 화소에서 변이 정보를 얻기 위해서는 변이값의 보간이 필요하다. 특히 이러한 방법은 영상의 특징점이 너무 많거나 적은 경우에는 정확한 결과를 얻기가 어렵다. 휘도값 자체를 특징으로 이용하는 휘도 기반 정합 방법들은 특별한 특징 추출 과정이나 보간이 없이도 모든 화소에서 변이값을 얻을 수 있다. 그러나 휘도 기반의 방법들은 잡음에 매우 약하므로 이를 보완하기 위해 잡음 제거와 같은 전 처리 과정을 필요로 한다.[5] 한편, 스테레오 영상이 큰 변이값을 가지고 있는 경우에는 정합에 많은 어려움을 가지게 된다. 그러므로 여러장의 영상을 동시에 이용하거나[6], 계층적 구조[7], 제한 조건을 가진 신경 회로망[8]등을 이용하여 이러한 문제들을 해결해 왔다. 그외의 또다른 스테레오 정합 방법에는 영역 기반 방법(region-based method)[9], 위상 기반 방법(phase-based method)[10], 형태학적 방법(topological method)[11], 트리 정합(tree matching)[12], 게이버 필터(Gabor filter)[13], 웨이브릿 변환(wavelet transform)[14]을 이용하는 방법들이 있다. 본 논문에서는 변이값의 이완화를 위해 유전 알고리즘을 이용하는 휘도 기반 정합 방법을 제안한다.

Ⅲ. 유전 알고리즘 (Genetic Algorithm)

유전 알고리즘은 보다 적응성(fitness)이 높은 개체(individuals)가 다음 세대에 살아남을 확률이 높다는 자연 선택(natural selection)의 법칙을 가정으로 하는 진화론에 기반한 최적화 방법이다. 이러한 유전 알고리즘은 염색체 간의 교배(mating) 과정에서의 염색체의 교차(chromosome crossover)와 유전자의 돌연변이(gene mutation) 현상을 이용하여 초기 유전 인자로 부터 진화된 보다 적응성이 높은 개체가 유전자풀(gene pool)에 추가됨으로써 여러 세대의 진화 후에는 원하는 정도의 최적해(optimal solution)를 얻을 수 있다. 이처럼 자연계의 진화 과정을 모방한 유전 알고리즘은 유전 인자의 비용 함수에 반비례하는 적응치를 이용하여 유전 인자의 적응 정도를 판단받게 된다. 염색체의 평가로 얻어진 적응치가 높을 수록 그 염색체는 다음 세대에서 살아남을 가능성이 높아진다.

유전 알고리즘에서 염색체의 변화는 유전자의 교차와 돌연변이 현상에 의해 얻어진다. 교차 현상은 그림 2와 같이 적응치에 따라 선택된 두 모염색체(parent chromosome)의 임의의 교차점(crossover point)에서 일어난다. 염색체의 교차가 일어난 후 생성된 두 자염색체(child chromosome)는 모염색체와는 다른 구조를 가지게 된다. 한편, 돌연변이(mutation)는 한 염색체에서 임의로 선택된 유전인자들의 변형을 의미한다. 이러한 돌연변이 현상은 교차현상에 비해 매우 적은 빈도로 발생한다. 돌연변이에 의해 변형된 유전자는 임의의 값으로 바뀌므로 경우에 따라서는 염색체의 적응치를 떨어뜨리는 결과를 가져올 수 있다. 그림 3은 유전자에서 돌연변이 현상이 발생한 예를 보여준다. 염색체의 교차와 돌연변이 현상은 목적에 따라 여러 가지로 변형되어서 사용되며, 염색체의 구조에 따

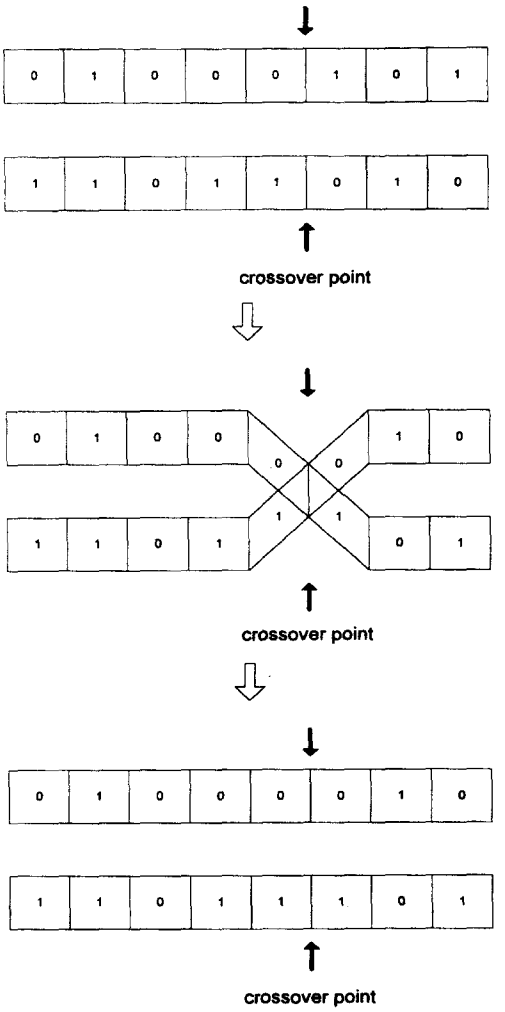


그림 2. 염색체의 교차
Fig. 2. The crossover operation.

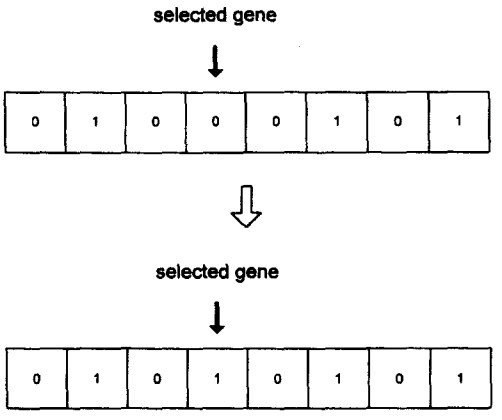


그림 3. 유전자의 돌연변이
Fig. 3. The mutation operation.

라서도 달라지게 된다. 교차와 돌연변이에 의해 얻어진 새로운 염색체들은 목적에 유용한 것일 수도 있지만 경우에 따라서는 모염색체에 비해 적응치가 낮을 수도 있다. 그러므로, 새로운 염색체들은 목적에 맞는 정도를 판단받게 되고 그에 따라 다음 세대에서의 생존 확률이 결정된다. 뿐만 아니라, 유전자의 배치 상태나 주변 유전자들의 분포 정도 등도 유전자의 생존 확률에 영향을 미친다. 이러한 모든 요소들이 확률적인 방법으로 결과에 영향을 주지만, 최종적인 진화가 이루어진 후에는 최적해가 얻어질 수 있도록 유전 알고리즘의 모든 요소들이 구성되어야 한다.

Ⅳ. 스테레오 정합을 위한 유전 알고리즘

자연 진화론에 기반한 유전 알고리즘은 문제를 해결하기 위한 최적화 방법의 하나이다. 유전 알고리즘에서 어떤 문제에 대한 해는 염색체로 표현되어 진다.[15,16] 염색체들은 교차, 돌연변이, 재생산(reproduction)의 과정을 거쳐 최적해나 준 최적해에 수렴한다. 염색체의 성능은 염색체가 다음 세대 까지 생존해서 재생산에 참여할 수 있는 확률이 되는 적응치로 판단된다. 최종해의 후보가 되는 염색체들을 포함하고 있는 유전자 풀(gene pool)의 크기는 매우 중요한 요소이다.

1. 염색체의 표현과 초기치의 결정

일반적인 유전 알고리즘에서 사용되는 염색체의 구조는 그림 2와 3에서 보여지는 1차원 형태로 구성된다. 그러나 이러한 구조는 스테레오 영상 정합에 그대로 사용될 경우 여러 가지 단점을 가진다. 우선 스테레오 영상 정합에서 얻어지는 변이값의 분포는 2차원적으로 주변값들과 매우 밀접한 관계를 가지고 있다. 즉, 중심 화소의 변이값은 그 주변 화소의 변이값과 유사한 특징이 있다. 그러므로 스테레오 정합에 사용되는 이완화 과정에서는 이러한 변이 유사성을 이용하여, 잡음이나 영상의 구조적 특성에 의한 변이 오차 문제를 해결하고 있다. 본 논문에서는 2차원 형태의 염색체 구조를 이용하여, 2차원적인 화소간의 변이 유사성 요소를 적용할 수 있게 하였다. 그러나 영상 전체를 하나의 염색체 크기로 설정할 경우, 수렴을 위한 세대의 수와 각 세대에서의 계산량이 기하급수적으로 증가할 뿐만 아니라. 전체 알고리즘의 수렴성도 떨어

진다. 본 논문에서는 8×8 크기의 블록 단위로 영상을 분할하고, 분할된 영상 각각에 대해 그림 4와 같은 8×8 크기의 염색체 후보를 설정한 후 유전자 알고리즘을 적용하였다. 각 염색체 내의 요소값들은 그 위치에서의 영상의 변이 후보값이다. 이때, 영상 내의 각 블록은 주변 블록들과 블록의 반이 겹쳐지는 구조를 형성한다. 즉, 영상내의 한 화소는 주변 4개의 블록의 일부로서 포함된다. 이러한 블록 구조는 LOT(lapped orthogonal transform)[17] 등에서 블록킹 효과를 줄이기 위해 많이 사용되어온 블록 구조이다.

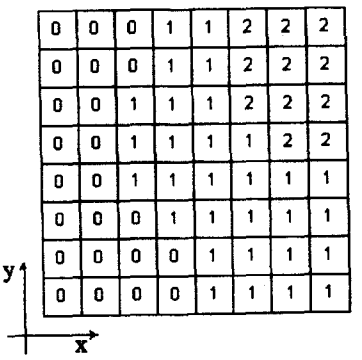


그림 4. 2차원 염색체의 구조
Fig. 4. The structure of two-dimensional chromosome.

초기 염색체의 요소값들은 그 위치에서 각 변이값의 정합도에 따라 확률적으로 결정된다. 본 논문에서는 유전자 풀 내에 모두 10개의 염색체가 존재하므로, 각 요소에 대해 확률적으로 발생된 10개의 변이값들이 초기 염색체를 형성한다. 이때, 화소 위치 (x, y)에서 변이값 a에 대한 정합 가능성을

$$p_{x,y,d} = \frac{1}{1 + \exp(E' / M[E'] - 1)} \quad (2)$$

로 설정하였다. 이는 아래식으로부터 얻어진 절대값 오차를 0과 1 사이의 정규화된 값으로 치환하기 위한 과정이다. 위 수식에서 E'은 $m \times n$ 크기의 정합 창틀 (실험에서 사용된 창틀의 크기는 5×5이다.)에 대해

$$E' = \frac{1}{m \times n} \sum_m \sum_n |f_l(x, y) - f_r(x + d(x, y), y)| \quad (3)$$

로 결정되는 좌·우 영상간의 휘도값의 절대차이고, $M[E']$은

$$M[E'] = \frac{1}{64} \sum E' \quad (4)$$

으로 8×8 블록의 각 요소에 대한 E' 값의 평균치이다. 그러므로 가능도값 $p_{i,j,a}$로부터 생성된 초기 염색체의 각 요소는 정합 확률이 높은 변이값을 가질 가능성이 커진다. 이러한 방법에 따라 얻어진 초기 염색체들은 정합이 용이한 영상의 위치에서는 각 요소들이 정합 확률이 높은 변이값으로 이루어진 일정한 형태를 가지고, 반면 정합이 어려운 위치에서는 다양한 변이값으로 이루어진 초기 염색체가 형성된다.

2. 염색체의 평가

위와 같이 형성된 초기 염색체는 다음 세대에서의 생존과 자 염색체를 형성할 수 있는 모 염색체로 선택되기 위해 각 염색체의 적응성을 평가받아야 한다. 이러한 염색체의 성능을 평가하기 위한 적응치를 구하기 위해 비용 함수가 정의된다. 본 논문에서 사용된 평가함수는 좌·우 영상간의 휘도값 차이와 변이값의 평활성에 의해 결정되어진다. 이러한 비용함수는 적응치에 비 선형적으로 반비례하게 되며 최종적인 염색체 성능에 영향을 준다.

휘도 기반의 영상 정합에서는 좌·우 두 영상에서의 대응점은 유사한 휘도 값을 가진 영역으로 결정된다. 그러므로 각 정합 위치에서 좌·우 영상의 밝기 차이가 적을수록 보다 가능성이 큰 정합으로 볼 수 있다. 이러한 관점에서 선택된 영상간의 차이에 기초한 비용함수는 위치 (x, y)에서 각 변이 a 에 대해

$$C_d = \frac{1}{m \times n} \sum_m \sum_n |f_l(x, y) - f_r(x + d(x, y), y)| \quad (5)$$

이다. 여기서 $m \times n$은 정합 창틀의 크기이고 f_l과 f_r은 각각 좌·우 영상의 휘도값이다. 이 비용 함수는 좌·우 영상간의 차이가 가장 적은 위치에서 최소가 된다. 실험에서 사용된 정합 창틀의 크기는 5×5이다.

또한 실세계에서의 물체는 가장자리 부위를 제외하고는 갑작스럽게 거리가 바뀌지 않는다. 이러한 특성은 스테레오 정합에서 변이의 연속성으로 나타난다. 즉, 중심 화소의 변이와 그 주변의 화소의 변이값의 차이가 적을수록 정합 가능성이 큰 변이값으로 가정할 수 있다. 이러한 가정은 휘도값의 차이에 기초한 가정을 보완하기 위해 사용된다. 일반적으로 휘도값의 차이에 기초한 가정으로 결정이 어렵거나 잡음에 의한 오정합이 발생하는 경우, 변이의 평활성을 적용하면 이러한 문제를 해결할 수 있다. 변이값의 평활성에 기초한 비용 함수는 다음식과 같은 변이값의 연속성으로

설정된다.

$$C_s = \frac{1}{8}\sum\sum|d_n(x,y) - d(x,y)| \quad (6)$$

여기서, $d_{n(x,y)}$는 중심 화소 (x,y)의 8방향 주변 화소의 변이값이다. 이 비용 함수는 중심 화소의 변이값이 주변 화소의 변이값과 가장 유사할 때 최소치가 된다.

염색체의 비용 함수는 위에서 설정된 각각의 비용 함수의 조합으로 결정되어 진다. 즉, 염색체의 각 요소의 전체 비용 함수는

$$C_t = \omega_d C_d + \omega_s C_s \quad (7)$$

이다. 그리고 i번째 염색체 전체의 비용 함수는

$$C_i = \frac{1}{64}\sum C_t \quad (8)$$

로 8×8 블록내의 모든 요소에 대한 비용 함수의 평균치로 정의하였다. 식(7)의 ω_a와 ω_s는 각각 휘도값의 차이에 기초한 비용함수와 변이의 평활성에 기초한 비용함수에 대한 가중치이며, 평활성에 기초한 비용함수는 휘도차에 의한 비용 함수에 비해서는 그 영향을 적게 설정해 주어야 한다. ω_s가 ω_a에 비해 상대적으로 큰 값을 가질 경우, 오차 변이의 제거 효과는 증가하는 반면, 세밀한 변이 정보를 얻을 수 없는 단점을 가진다. 그러나, 이러한 효과는 ω_s/ω_a의 비가 매우 큰 경우에만 발생하였으며, 그 비가 약 3이하인 경우에는 비에 관계없이 유사한 결과를 나타내었다. 이러한 비용 함수로부터 각 염색체의 적응치는 다음과 같이 구해진다.

$$f_i = \frac{1}{1+\exp[\lambda(C_i/\overline{C}-1)]} \quad (9)$$

위 수식에 따르면, 염색체의 비용 함수가 낮을수록 더 높은 적응치를 가짐을 알 수 있다. 이때

$$\overline{C} = \frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N} C_i \quad (10)$$

이다. 여기서, N은 유전자 풀의 크기이다. 실험에서는 유전자 풀안에 10개의 염색체가 존재한다. 이때 λ가 증가하면 변환된 가능도 값은 보다 넓게 분포되지만 만약 너무 큰 λ에 대해서는 가능도 값이 $\overline{C}$를 경계치로 하는 2진값이 된다. 식 (6)에서 λ를 결정하기 위해 가능도 값은 $\overline{C}$의 평균과 $\sigma(C_i)$의 표준편차를 가진 가우시안 확률 분포로 가정한다. 이러한 가정하에서 누적 분포 함수가 0.9 일때 0.1의 가능도값을 가지도록 하기위해 λ의 값은 다음식과 같이 결정되어 진다.

$$\lambda = \ln 9 \times \frac{\overline{C}}{1.282 \times \sigma(C_i)} \quad (11)$$

이와 같은 적응치가 큰 염색체일수록 다음 세대에서 살아남을 가능성이 커지고, 새로운 염색체를 생성하기 위한 모 염색체로 선택될 가능성도 높아진다. 계산된 각 염색체의 적응치는 다음 단계에서 교차와 돌연 변이가 발생할 확률로 사용된다.

3. 교차와 돌연변이 연산자

교차는 재생산 동안 새로운 염색체가 만들어 지는 과정이다. 교차가 일어난 후 모염색체(parent chromosome)에서의 유전자가 재조합되어 새로운 자염색체(child chromosome)가 만들어 진다. 이때 교잡에 참여할 염색체는 각 염색체의 적응치, f_i에 비례하는 슬롯 크기를 가지는 룰렛 휠 알고리즘(roulette wheel algorithm)에 의해 선택되어 진다. 그러나, 4개의 자염색체는 이러한 확률과 관계없이 가장 큰 적응치를 가지는 두 개의 모염색체로부터 강제적으로 생성된다. 이러한 과정은 모염색체가 가진 우수한 형질을 다음 세대에도 보존해 주기 위한 것이다. 2차원 구조의 염색체에서의 교차는 임의로 선택된 행과 열의 두 위치에서 일어난다. 두 위치에 의해 나누어진 네 부분에 대해 각각의 적응치, f_q가 구해지고, 이 적응치에 따라 각 부분의 교차 확률은 $(1-f_q)$가 된다. 그림 5는 2차원 염색체에서의 교차 연산의 예이다. 예를 들어, 모염색체로 사용될 2개의 염색체가 결정된 후, 교차를 발생시킬 위치인 x_c와 y_c가 임의로 선택된다. 모염색체들은 이 위치를 중심으로 4개의 부분으로 분할된다. (그림 5에서는 4×5, 4×3, 4×5, 4×3 크기의 네 부분으로 나누어진다.) 이러한 모염색체의 일부분들은 교차연산의 기본 단위가 된다. 즉, 각 부분에 대한 적응치가 높은 경우에는 교차가 일어날 확률이 줄어들고, 반대로 적응치가 낮은 경우에는 교차 확률이 높다. 그러므로, 전체적으로 적응치가 낮은 부분을 가지는 염색체는 다음 세대에서 새로운 염색체가 구성될 가능성이 높아지는 반면, 적응치가 높은 염색체는 다음 세대에서도 현재의 구조를 유지하면서 생존 확률도 높다. 그러나 교차 연산자만을 도입할 경우, 초기에 생성된

염색체의 한계를 벗어날 수가 없다. 이로 인해 염색체는 국부해로 수렴하게 되고, 경우에 따라서는 수렴을 위한 세대의 수가 증가하게 된다. 이러한 문제는 근본적으로 해결이 어렵지만, 본 논문에서는 염색체가 생성되는 블록을 서로 겹치게 함으로써, 한 화소에 대해 4개의 블록 중 하나에서 만이라도 정확한 변이값이 얻어지면 원하는 결과를 얻게되므로, 국부 수렴 문제를 피할 수 있다. 또한, 겹치는 형태의 블록 구조는 블록킹 효과를 줄이는 데에도 도움이 된다.

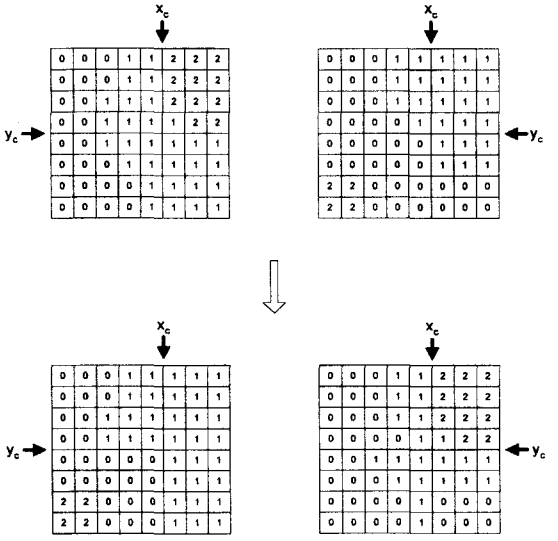


그림 5. 2차원 염색체의 교차
Fig. 5. The crossover in the two-dimensional chromosomes.

또한, 유전자풀 내에 새로운 유전자를 생성시키는 역할의 돌연변이 연산자는 전통적인 유전자 알고리즘에서 국부 수렴 문제를 해결하기 위해 도입된다. 돌연변이 현상은 진화 과정에서 매우 드물게 일어나는 현상으로 본 논문에서는 발생 확률을 $(1-f_i)^2$으로 제한하였다. 일반적으로 돌연 변이가 발생한 유전자는 임의적으로 그 값이 바뀐다. 그러나 이러한 방법은 유전자풀 내에서 유용한 염색체를 잃어버릴 위험이 있다. 그러므로, 제안한 알고리즘에서는 돌연변이가 발생한 유전자는 8방향 주변의 변이값의 평균치로 바뀌도록 하였다.

V. 실 험

RDS(Random-dot stereogram), 합성영상, 실영상에 대한 다양한 실험은 제안한 알고리즘이 매우 우수함을 보여준다. 실험을 위해 사용된 영상은 잡음이 섞이지 않은 5% RDS, 20%의 화소가 열화된 50% RDS, 표준편차가 50인 가우시안 백색 잡음이 실린 균일 분포(uniform distribution)의 무작위 gray dot 영상, 20%의 화소가 열화된 줄무늬 영상 등이다. RDS 영상은 화소값이 255인 흰점과 화소값이 0인 검은점으로 이루어져 있다. 5% RDS는 특징점이 매우 부족하므로 오정합을 일으키기 쉽다. 정합 창틀의 크기가 작으면 오정합된 영역이 증가하고 반대로 창틀의 크기가 크면 변이값의 경계선이 흐려진다. 50% RDS는 오른쪽 영상의 20%가 열화된 매우 많은 잡음을 가지고 있다. 무작위 gray dot 영상은 0과 255 사이의 값이 균일 분포를 가지고 있고, 분산이 2550인 가우시안 잡음이 더해져 있다. 이러한 영상의 휘도 분포는 실영상의 휘도 분포와 유사하며, 잡음에 의한 열화가 심한 영상이다. 그리고 줄무늬 영상은 반복된 형태를 가지고 있으므로 잡음이나 큰 탐색 영역에 의해 오정합이 발생할 수 있다. 실험에서는 0-15 화소의 영역이 탐색 영역으로 설정되었고 많은 잡음이 부가되었다. 이러한 상황에서 기존의 정합 방법을 적용할 경우 중복 정합이나 오정합의 가능성이 매우 높다. 기존의 방법들 중 휘도 기반의 방법을 적용하면, 잡음이 많은 영상들에 대해 잡음이 심한 부분에서 오차가 발생하고, 특히 반복된 형태를 가진 줄무늬 영상에 대해서는 심한 오정합을 나타낸다. 그리고, 특징 기반의 방법을 사용할 경우, 잡음이 심한 부분에서 추출된 특징값은 신뢰도가 매우 떨어지며 이를 이용한 정합 결과는 잘못된 변이로 나타난다. 이러한 오정합은 수치적인 이완화 과정으로도 해결이 어렵다. 그림 10과 표 1에서 합성 영상에 대한 실험 결과를 나타내었다. 표 1에서 MSE로 표시된 방법은 평균 자승 오차(mean squard error)를 기반으로 하는 일반적인 휘도 기반의 방법이며, NCC는 정규화 교차 상관(normalized cross-correlation)을 최소화 하는 변이를 찾는 방법, RLX는 정규화 상관 오차로부터 얻은 결과를 Kim과 Aggrawal이 사용했던 이완화 과정을 수행하여 얻은 결과이다. 그리고 비교를 위해 사용된 기존의 방법들에 대해서는 정합 창틀의 크기를 다양하게 적용한 후 그 중 가장 좋은 결과를 나타내는 절대 오차 합을 수치로 표시하였다.

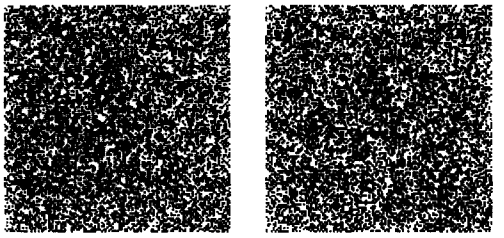
모든 RDS와 합성 영상의 변이는 그림 10과 같은 4층

의 형태를 가지고, 그 변이값을 이미 알고있으므로 실험에서 얻어진 변이값의 성능을 수치적으로 표시가 가능하다. 실험 결과에 의하면 제안한 방법은 특징점이 너무 많거나 적은 경우, 많은 잡음이나 반복 형태를 가진 영상에 대해서도 좋은 결과를 가진다.

(a) (b)

그림 6. 5% 무작위점 영상(128×128). (a) 좌영상. (b) 우영상

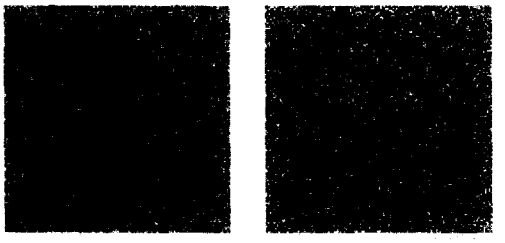
Fig. 6. 5% random dot stereogram (128×128). (a) Left image. (b) Right image.



(a) (b)

그림 7. 우영상의 20%가 열화된 50% 무작위점 영상 (128×128) (a) 좌영상 (b) 우영상

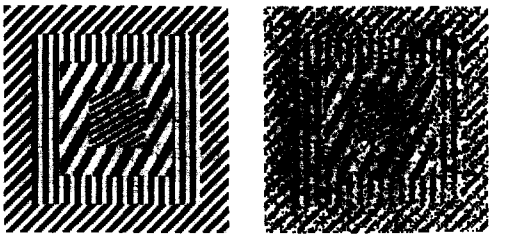
Fig. 7. 50% random dot stereogram (128×128). 20% dots of right image are decorrelated. (a) Left image. (b) Right image.



(a) (b)

그림 8. 표준 편차가 50인 가우시안 잡음이 실린 무작위 gray dot 영상 (128×128). (a) 좌영상. (b) 우영상.

Fig. 8. The gray dot image with the white Gaussian noise of which standard deviation is 50 (128×128). (a) Left image. (b) Right image.



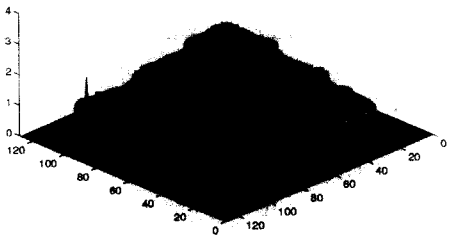
(a) (b)

그림 9. 우영상의 20%가 열화된 "Stripes" 영상 (128×128). (a) 좌영상. (b) 우영상.

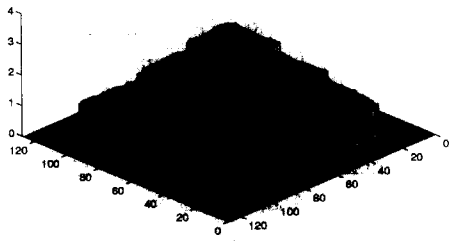
Fig. 9. "Stripes" image (128×128). 20% dots of right image are decorrelated. (a) Left image. (b) Right image.

그리고 그림 12의 "pentagon" 영상에 대한 실험 결과는 제안한 알고리즘이 실영상에도 잘 적용될 수 있음을 보여준다. "pentagon" 영상에 대한 실험에서는 탐색 영역을 -20에서 +30화소로 매우 넓게 설정하였고, 어떠한 전처리나 후처리도 포함시키지 않았다.

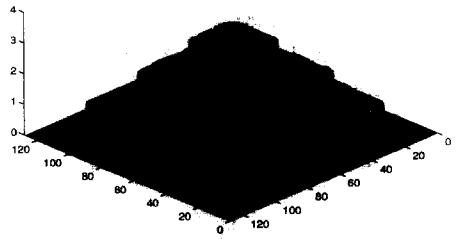
실험 결과에 의하면, 유전자 알고리즘 적용 과정에서 대부분의 염색체가 3-4세대 이내에 수렴하였으며, 이를 초과하는 경우 최대 세대 수를 15세대로 제한하였다. 또한, ω_s와 ω_a의 비는 1로 고정하여, 변이 평활성의 영향이 너무 커지지 않게 하였다. 이는 휘도값의 차이에 기반한 비용 함수, C_a의 크기가 변이의 평활성에 기초한 비용 함수, C_s에 비해 일반적으로 더 큰 값을 가지므로, 같은 가중치를 설정할 경우 휘도값의 차이에 기반한 비용 함수가 전체 비용 함수에 더 큰 영향을 준다. 제안한 알고리즘의 수행 시간은 512×512 크기의 영상인 "pentagon" 영상을 SUN Spark-10 워크 스테이션에서 처리할 경우 평균 6분 이하(352.7초)의 수행 시간을 나타낸다. 표 1에서 비교를 위해 사용된 기존의 이완화를 이용한 실험에서는 제안한 방법보다 더 많은 수행 시간이 걸리는 경우가 많았다.(평균 431.2초) 이는 기존의 이완화 방법이 전체 영상에 대해 이완화를 수행하므로 수렴을 위해 더 많은 반복(iteration)을 필요로 하기 때문이다. 그 결과에 따르면, 입력 영상들의 특징점이 너무 많거나 적은 경우, 잡음이 많거나 동일한 무늬가 반복되는 형태의 영상에 대해서도 제안한 알고리즘이 매우 효과적임을 알 수 있었다. 유전 알고리즘을 이용한 방법으로 잡음에 매우 강하고, 수렴성이 높으며, 매우 정확한 최종 변이값을 얻을 수 있었다.



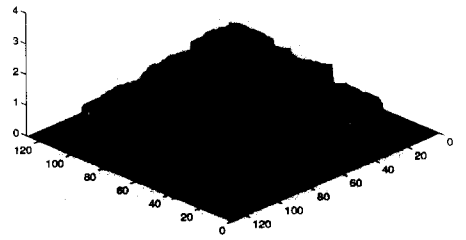
(a)



(b)



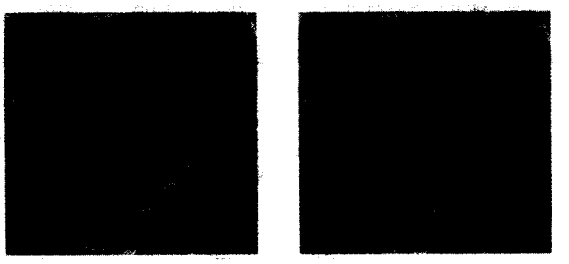
(c)



(d)

그림 10. RDS와 합성 영상에 대해 제안한 방법을 적용한 변이 영상 (a) 5% RDS (b) 50% RDS (d) 무작위 gray dot 영상 (e) "Stripes" 영상

Fig. 10. The disparity map for RDSs and synthetic images. The results is obtained by the proposed algorithm for (a) 5% RDS, (b) 50% RDS, (d) Gray dot image, and (e) "Stripes" image.



(a) (b)

그림 11. "Pentagon" 영상 (512×512). (a) 좌영상 (b) 우영상

Fig. 11. "Pentagon" image (512×512). (a) Left image. (b) Right image.

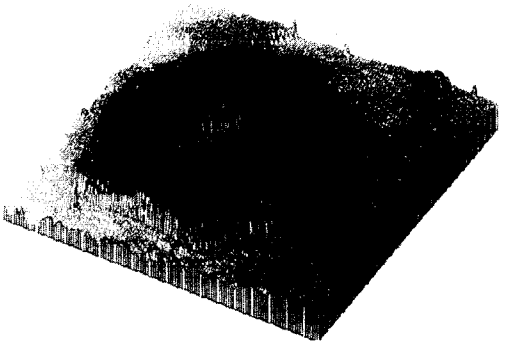


그림 12. "Pentagon" 영상에 대한 실험결과

Fig. 12. The experimental result for "pentagon" image.

표 1. 정합 결과 영상의 절대 오차의 합 (Sum of absolute difference)

Table 1. Sum of absolute difference of the stereo matching result.

images	MSE	NCC	RLX	Proposed
5% RDS	1211	1198	1002	830
50% RDS	788	787	769	691
Gray dot image	536	535	454	449
"Stripes" image	23828	21421	21033	1083

VI. 결 론

본 논문은 유전 알고리즘을 사용한 새로운 스테레오 정합 방법을 제안한다. 제안한 방법에서는 스테레오 영상은 8×8 블럭 단위로 분할 처리되고 2차원 염색체는 각 블럭의 변이값을 표시한다. 영상간의 차이에 기초한 비용 함수와 변이값의 평활성에 기초한 비용 함수로 부터 전체 적응치가 결정되어 지며, 2차원 염색체에서 지식 기반의 교차와 돌연변이 연산자에 의해

매우 빠른 수렴성과 안정된 결과를 얻을 수 있다. 무작위점 영상, 합성 영상, 실영상에 대한 실험 결과는 잡음을 많이 가지고 있거나 반복된 형태를 가진 영상, 특징점의 수가 너무 많거나 적은 영상에 대해서도 제안한 방법이 잘 적용될 수 있음을 보여준다.

참 고 문 헌

[1] K. Sugihara, "Three principle in stereo vision," Robotics, vol. 1, no. 4, pp. 391-400, 1986.

[2] U. R. Dhond and J. K. Aggarwal, "Structure from stereo : a review," *IEEE Trans. Syst. Man Cybern.*, vol. 19, no. 6, pp. 1489-1510, Nov./Dec. 1989.

[3] D. Marr and T. Poggio, "A computational theory of human stereo vision," *Proc. Roy. Soc. London*, B204, pp. 301-308, 1979.

[4] S. B. Pollard, J. E. W. Mayhew, and J. P. Frisby, "PMF : A stereo correspondence algorithm using a disparity gradient limit," Perception, vol. 14, pp. 449-470, 1985.

[5] Y. Ohta and T. Kanade, "Stereo by intra- and inter-scanline search," *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.*, vol. PAMI-7, no. 2, pp. 139-154, Mar. 1985.

[6] M. Okutomi and T. Kanade, "A multiple-baseline stereo," *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.*, vol. PAMI-15, no. 4, pp. 353-363, Apr. 1993.

[7] D. Terzopoulos, "Multilevel computational processes for visual surface reconstructio n," *Compt. Vision Graphics Image Processing*, vol. 24, pp. 52-96, 1983.

[8] Jun-Jae Lee, Jae-chang Shim and Yeong-Ho Ha, "Stereo Correspondence using Hopfield Neural Network of New Energy Function," *Pattern Recognition*, vol. 27, no. 11, pp. 1513-1522, Nov. 1994.

[9] S. B. Marapane and M. M. Trived, "Region-based stereo analysis for robotic applications," *IEEE Trans. Syst. Man Cybern.*, vol. 19, no. 6, pp. 1447-1464, Nov./Dec. 1989.

[10] D. J. Fleet, A. D. Jepson, and M. R. M. Jenkin, "Phase-based disparity measurement," *CVGIP : Image understanding*, vol. 53, no. 2, pp. 198-210, Mar. 1991.

[11] M. M. Fleck, "A topological stereo matcher," *Intern. J. Comp. Vision*, vol. 6, no. 3, pp. 197-226, 1991.

[12] Y. C. Cheng and S. Y. In, "Waveform correlation by tree matching," *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.*, vol. PAMI-7, no. 3, pp. 299-305, Apr. 1985.

[13] T. D. Sanger, "Stereo disparity computation using Gabor filters", *Biol. Cybern.* 59, pp. 405-418, 1988.

[14] Y. S. Kim, J. J. Lee, and Y. H. Ha, "Stereo Matching Algorithm Based on Modified Wavelet Decomposition Process," *Pattern Recognition*, vol. 30, no.6, pp. 929-952, 1997.

[15] S. M. Bhandarkar, Y.Zhang, and W.D.Potter, "An edge detection technique using genetic algorithm-based optimization," *Pattern Recognition*, vol.27, No.9, pp.1159-1180, 1994.

[16] C.A. Ankenbrandt, B.P.Buckles, and F.E.Petry, "Scene Recognition Using Genetic Algorithms with Semantic Nets," *Pattern Recognition Letters*, 11, pp.285-293, 1990.

[17] H.S.Malvar and D.H.Staelin, "The LOT: transform coding without blocking effects," *IEEE trans. Acoust., speech, and Signal Processing.*, vol.37, pp.553-559, Apr. 1989.

저 자 소 개

金 容 奭(正會員) 第 34卷 S編 第 9號 參照

金 紀 錫(正會員) 第 34卷 S編 第 11號 參照
현재 경주대학교 컴퓨터정보공학부 전임강사

韓 圭 必(正會員) 第 34卷 S編 第 9號 參照

河 永 浩(正會員) 第 34卷 S編 第 10號 參照