

論文99-36S-3-11

유전 알고리즘과 영역 정보를 이용한 스테레오 정합

(Stereo Matching Using Genetic Algorithm and Region Information)

韓 圭 必 *, 裴 泰 眠 *, 鄭 義 潤 *, 金 燾 樹 *, 河 永 浩 *

(Kyu-Phil Han, Tae-Min Bae, Eui-Yoon Chung, Hee-Soo Kim, and Yeong-Ho Ha)

요 약

본 논문에서는 기존의 깊이 복원 방법을 개선하기 위해서 유전 알고리즘을 이용한 새로운 스테레오 정합 방법을 제시하였고 다양한 영상에 적용하기 위해 영상의 영역 정보를 고려하였다. 유전 알고리즘은 자연선택과 개체군 유전학에 기반한 효율적인 탐색 기법인데, 이들의 염색체 교차와 돌연변이 같은 연산자를 정합 환경에 적합하도록 변형시켰다. 영상신호를 쉽게 다루기 위해서 2차원 염색체 구조를 사용하였으며, 스테레오 정합에 많이 사용되는 유사성과 연속성 제약 조건에 기반하여 적자를 선택하는 적응 함수를 정의하였다. 그리고 기존 유전 알고리즘의 수렴속도를 개선하기 위해서 무작위로 변이를 발생시키지 않고 휘도차를 이용하여 변이를 발생시키는 정보기반 변이 발생을 사용하였다. 실험을 통하여 본 방법은 이완처리를 포함한 정합법보다 계산 부하를 줄일 수 있었고 비교적 안정된 결과를 얻을 수 있었다.

Abstract

In this paper, a new approach of stereo matching using genetic algorithm is presented to improve the depth reconstruction method. And the region information of the image is also used to treat various image sources. Genetic algorithms are efficient search methods based on principles of natural selection and population genetics. Genetic operators, such as crossover and mutation, are modified for matching environment. 2-D chromosome is used for the simple treatment of image signal. Since several constraints, defined as similarity and smoothness, are generally adopted to remove false matching candidates in stereo vision, the fitness function which identifies the fittest individual is formed by the constraints. In addition, the informed disparity generation and initial population based on intensity difference are applied to reduce the searching space of genetic operations. Experimental results show that the computation load is less than conventional matching methods with relaxation and relatively stable outputs are acquired.

I. 서 론

스테레오 시각 기법은 서로 다른 위치에서 얻어진

두 장의 영상으로부터 3차원 거리 정보를 복구하는 유용한 방법의 하나이다^[1]. 다른 위치에서 획득된 이들 좌우영상의 차이가 변이(disparity)를 형성하게 되는데, 인간의 시각 시스템은 이 변이를 자동적으로 찾아내어서 눈에 보여진 장면의 3차원적 구조를 재구성하게 된다. 이 과정이 스테레오 시각에서는 두 영상의 일치점을 찾는 정합(matching)이라고 할 수 있다.

변이 정보가 물체 인식 및 검사 그리고 자동 항법 시스템에 유용한 정보를 가지고 있기 때문에 컴퓨터

* 正會員, 慶北大學校 電子工學科

(Dept. of Elec. Eng., Kyungpook Nat'l Univ.)

※ 본 연구는 한국학술진흥재단의 '97년도 자유공모과제 지원 연구비에 의해 수행된 것임. (과제번호: 1997-001-E00374)

接受日: 1998年3月25日, 수정완료일: 1998年12月2日

비전 분야에서 많은 연구가 진행 되어오고 있다^[1]. 지금까지 알려진 깊이(depth) 정보 복원 방법은 크게 능동(active)과 수동(passive) 방법으로 나눌 수 있다. 능동적 방법은 초음파나 레이저와 같은 인공 광원을 작업 공간에 조사시키고 반사되어온 파장의 비행 거리를 이용하여 깊이를 추정하지만, 수동적인 방법은 이런 인공적인 광원을 필요로 하지 않고 자연 조명 하에서 영상을 획득한 후 그 영상을 적절히 정합 함으로써 거리를 복원하게 된다. 스테레오 시각이 대표적인 수동 방법에 속한다. 능동적인 방법은 실시간 처리가 가능하지만, 작업 환경에서 발생하는 물체의 비균일 반사 등이 나타나는 악조건에서는 사용할 수 없는 단점이 있다. 반면, 수동적인 방법은 환경의 제약을 적게 받는다는 장점이 있지만 정합에 상당한 계산량이 필요하므로 구현이 힘들다는 단점이 있다. 그러므로 수동 및 능동적인 방법에서 환경과 구현의 한계가 있다고 할 수 있다^[2].

본 논문에서는 스테레오 시각의 깊이 복원 방법을 개선시키기 위해서 유전 알고리즘(genetic algorithm:GA)을 사용하였고 영상의 특성에 적합한 결과를 얻기 위해서 영역 정보를 고려하였다. 유전 알고리즘은 자연선택(natural selection)과 개체군 유전학(population genetics), 즉 교배(mating), 염색체 교차(chromosome crossover), 유전자 돌연변이(gene mutation), 적자 생존(the fittest survival)에 기반한 효율적인 탐색기법의 하나이다^[3]. 이들 연산자를 본 논문에서는 정합 환경에 적합하도록 변형시켰다. 이 부분을 세부적으로 요약하면, 첫째 개체들을 하나의 변이 집합으로 정의하였고, 둘째 영상 신호를 손쉽게 다루고 입력 영상에 맞는 결과를 얻기 위해서 영역 정보를 고려한 2차원 염색체 구조를 사용하였다. 셋째, 적응치를 부여하는 적응 함수(fitness function)를 스테레오 정합에 일반적으로 사용되는 휘도 유사성(intensity similarity) 및 변이 연속성(disparity smoothness)과 같은 제약 조건으로 구성시켰다. 마지막으로 유전 알고리즘의 속도를 개선시키기 위해서 무작위 탐색(random search)을 하지 않고 휘도 차이(intensity difference)를 변이 발생에 이용함으로써 짧은 세대에서 좋은 결과를 얻을 수 있게 하였다. 실험결과를 살펴보면, 제안한 알고리즘은 이완처리를 포함한 다른 정합법보다 계산 부하를 줄일 수 있었고 비교적 안정된 결과를 얻을 수 있었다.

II. 유전 알고리즘의 개요

유전 알고리즘은 보다 적응성(fitness)이 높은 개체(individual)가 다음 세대에 살아남을 확률이 높다는 진화론에 기반한 최적화 방법이다. 여기에서 사용되는 염색체는 적응 환경을 부호화한 코드의 집합이라고 할 수 있고 염색체 내부의 유전자는 각 코드 값에 해당된다. 그림 1은 일반적인 유전 알고리즘의 순서를 보여주는데, 크게 3가지 부분으로 나눌 수 있다. 먼저, 재생산(reproduction)단계에서는 초기 개체군(initial population)과 다른 유전자를 계속 생산하는 역할을 한다. 생산 연산자는 교배(mating)에서 발생하는 염색체 교차(chromosome crossover)와 유전자 돌연변이(gene mutation) 현상을 이용하여 초기 유전 인자로부터 진화된 보다 적응성이 높은 개체가 유전자 풀(gene pool)에 추가될 수 있게 한다. 그 다음 평가(evaluation)단계에서는 적응환경에 적합한 적응 함수로 각 염색체에 적응치를 할당하고 할당된 적응치를 생존 확률로 변환한 후, 다음 세대에 생존될 염색체를 선택한다. 마지막 단계는 종료조건을 검사하는 것으로 이전 단계에서 살아남은 염색체들 중에서 가장 적응성이 높은 것을 가지고 알고리즘의 종료를 판단하게 된다. 이런 반복적인 진화 과정을 거치게 됨으로써 원하는 환경에서 최적의 해(optimal solution)를 얻을 수 있다. 유전 알고리즘에서 가장 중요한 것은 현재 개체군에서 적자를 선택하는 함수인데, 여러 종류의 형태가 있지만 그 함수는 적응성이 높은 개체에 더 높은 생존 확률을 부여하여야만 한다.

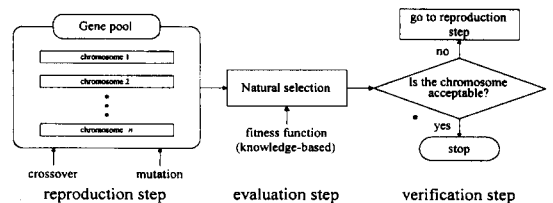


그림 1. 유전 알고리즘의 순서도

Fig. 1. Flow graph of genetic algorithms.

유전 알고리즘은 구조에 따라 크게 직렬(serial)과 병렬(parallel) GA로 나누어진다. 직렬 GA에는 simple GA와 compact GA^[4]가 대표적이고 병렬 GA에는 global, coarse-grained, fine-grained 병렬 GA^[5]가 있다. 이들은 대부분 저장 공간을 줄이고

수렴 속도를 개선하기 위해 제안된 것들이고 각 개체에 생존 확률을 할당하고 그 확률 벡터(probability vector)에 기반하여 해를 탐색하는 개체 기반 증가 학습법(population-based incremental learning:PBIL)도 현재 연구되고 있다^[6].

GA에서 탐색 효율성은 개체군의 크기, 탐색체 구조, 적응 함수에 크게 의존한다. 왜냐하면 개체군의 크기가 크다면 그 만큼 최적의 해를 찾아낼 수 있는 기회가 커지지만 연산 시간이 많이 소요되므로 환경에 따라 적절히 선택되어야만 한다. 탐색체 구조는 적용 환경이 그대로 모델링된 것이기 때문에 환경 변수가 모두 포함되어야 한다. 만약 환경 모델링이 제대로 이루어지지 않았다면, 최적의 해를 얻을 수 없을 것이다. 그리고 적응 함수는 사용자가 원하는 탐색체의 최종 상태를 수식적으로 표현한 것이고 각 개체에 생존 확률을 할당하는 역할을 하기 때문에 신중하게 설정되어야 한다.

III. 제안한 유전 알고리즘

스테레오 정합은 서로 다른 위치에서 획득된 두 개의 영상에서 기준 영상(reference image)을 정하고 그 기준 영상의 각 화소에 대응되는 일치점(corresponding point)을 목표 영상(target image)에서 찾는 것이다. 결국, 궁극적인 목적은 기준 영상과 목표 영상 사이의 대응점을 갖는 변이 맵을 획득하는 것이라 할 수 있다. 그러므로 탐색체를 변이 맵에 대응시키고 변이 값을 유전자에 대응시키면 스테레오 정합에서의 목적과 같이 유전 알고리즘을 적용시킬 수 있다. 다시 말해서, 유전 알고리즘을 이용한 스테레오 정합은 기준 영상의 화소와 밝기 값이 비슷하고 주변 화소의 변이와 유사한 값을 갖는 유전자(변이)를 찾는 것이다. 그러므로 무작위하게 발생된 유전자에서 밝기 값의 차이와 주변 화소들 간의 변이 차이를 계산함으로써 각 유전자들의 생존 정도를 계산할 수 있다. 그리고 적당한 선택함수를 사용하여 생존력이 높은 유전자를 세습시킴으로써 각 화소에서 적절한 유전자 즉 변이를 구할 수 있다.

탐색체의 형태도 유전 알고리즘에서는 중요한 인자로 작용한다. 또한 영상이 2차원 신호이기 때문에, 이런 2차원 신호를 효율적으로 다루기 위해서 1차원 탐색체를 사용하는 것 보다 2차원 탐색체 구조를 사용하

는 것이 편리하다. 그러나 이전의 연구에서는 단순히 정사각형 2차원 탐색체 구조를 사용하였기 때문에, 블록간의 구획 효과(blocking effect)가 나타나는 단점이 있었다^[7]. 그래서 본 연구에서는 이런 단점을 개선하기 위해 탐색체의 형태를 결정하는데 있어서 영역 정보를 추가하였다. 그러나 세밀한 질감 부분(texture area)에서는 영역 정보를 이용할 수 없기 때문에 이런 부분에서는 3×3의 블록으로 세분한 후 미리 정해 놓은 몇 가지 탐색체를 적용하였다. 즉 병렬 GA^[5]에서 사용하는 부개체군(sub-population) 개념을 도입하였고 연산의 복잡성을 줄이기 위해 각 부개체군 사이의 이민(migration)은 고려하지 않았다.

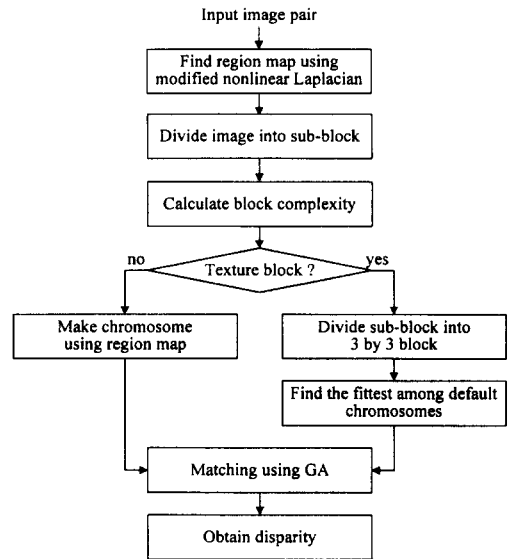


그림 2. 제안한 알고리즘의 블록도
Fig. 2. Block diagram of the proposed algorithm.

그림 2는 제안한 알고리즘의 개략적인 블록도를 나타낸다. 먼저 입력된 영상에 변형된 이차 미분 연산자^[8]를 적용하여 영역을 찾고 정해진 블록 단위로 나눈 후 복잡성을 각 블록마다 계산한다. 각 블록에서 구한 복잡성과 영역의 개수로 질감 블록과 단순 블록으로 구분한 후 단순 블록이면 영역 정보를 이용해서 탐색체를 만들고, 질감 블록에서는 앞에서 언급한 3×3 블록으로 다시 나눈 후 기본 탐색체를 사용한다. 이 기본 탐색체들 중에서 최종 탐색체의 결정은 3 세대에 걸쳐 탐색체를 바꾸어 가면서 유전 알고리즘을 적용해 보고, 오차가 작은 탐색체를 선정하였다. 이렇게 해서 단순블록과 질감블록의 탐색체가 결정되면 각 블록의

특성에 따라 유전 알고리즘을 이용해서 변이를 산출하게 된다.

1. 영역 추출 필터

영역 추출 필터는 저역통과 여파기 특성을 갖는 odd hierarchical discrete correlation(HDC)^[9], 비선형 이차 미분 여파기^[8], 미소 영역 제거^[10] 그리고 영의 영역을 없애기 위한 영역 성장과정으로 이루어져 있다. 여기서 HDC 여파기는 잡음제거와 미분시 발생하는 ill-posed 문제를 well-posed 문제로 바꾸기 위한 목적으로 사용되었고 속도가 빠르다는 장점이 있다^[9]. 비선형 이차 미분여파기는 곱셈 연산이 없고 정수 값을 다루기 때문에 계산 속도가 Gaussian 계열의 여파기 보다 빠르며 경계의 치우침 현상이 없다는 장점이 있다^[8]. 그림 3은 “pentagon” 영상에서 영역을 추출하는 과정을 보여주는데, (a)는 미소 영역을 제거하지 않은 것이고 (b)는 국부 분산의 평균을 문턱치로 사용하여 미소 영역을 제거한 것이다. (c)는 (b)의 영상에서 연결성을 만족시키는 부분을 병합시킨 영상이다. 마지막으로 (d)는 영과 부호 영역을 병합한 결과이고 이것이 염색체 결정에 사용된 영역 영상이다.

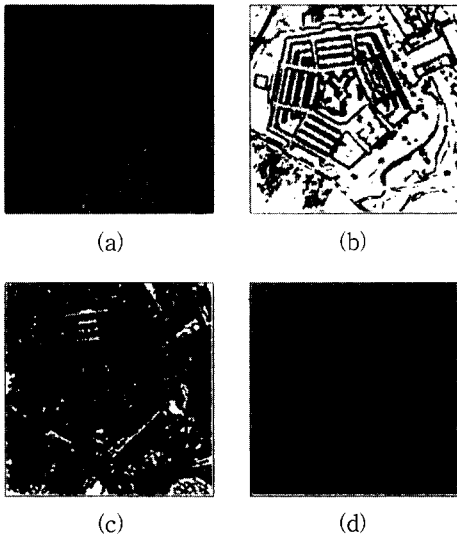


그림 3. “Pentagon” 영상에서의 영역 영상 추출 과정 (a) 원 영역 영상 (b) 미소 부분이 제거된 영상 (c) (b)를 영역 성장시킨 영상 (d) 영의 영상을 제거시킨 영상

Fig. 3. Flow of region extraction of “pentagon” image. (a) Original region map (b) The image after thresholding (c) The image after region growing (d) The final region image with zero region removing.

2. 복잡성 계산

블록을 질감과 단순영역으로 구분하기 위해서 블록의 영역 개수와 블록의 복잡성(complexity)을 분할 척도(measure)로 이용하였다. 영역의 개수는 추출된 영역 영상에서 간단하게 구해지고 복잡성 척도는 인접 화소간의 평균 휘도차(mean of intensity difference)를 사용하였다. 그림 4는 3×3 블록에서의 휘도차 요소들을 보여준다. 그러므로 블록의 크기가 n×n일 때의 복잡성, C_m은

$$C_m = \frac{1}{2n(n-1)} \sum_{i=1}^{2n(n-1)} d_i \tag{1}$$

로 표현될 수 있다. 여기서 d_i는 i번째의 휘도차 요소를 나타낸다.

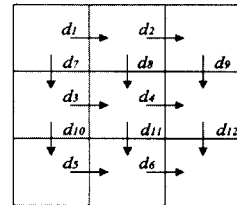


그림 4. 3×3 블록에서의 휘도차 요소
Fig. 4. Intensity differences in a 3×3 block.

3. 염색체 구조 결정

영역의 개수와 C_m이 작을 때는 단순 영역이므로 영역의 모양이 그대로 염색체 구조에 사용된다. 그림 5는 단순 영역에서 결정된 염색체 구조의 예를 보여준다. 이것과는 달리, 영역의 개수가 많거나 C_m이 큰 값을 가질 때는 질감 블록으로 분류되고 그 블록을 3×3 블록으로 다시 세분하게 된다. 3×3으로 세분시키는 이유는 작은 블록일수록 경우에 따른 염색체 종류를 고려하기 쉽기 때문이다. 이렇게 세분된 블록들은 미리 설정된 기본 염색체를 사용하여 유전 알고리즘을 적용하게 된다. 기본 염색체 구조는 그림 6에서와 같다. 첫 번째 행의 염색체는 유전자(gene)가 하나인 경우이고 나머지 12개의 염색체는 유전자가 두개인 경우를 나타낸다. 두 번째 행의 8개 염색체는 한 개의 직선으로 양분될 수 있는 경우를 보인 것인데, 이는 직선의 기울기가 0, 45, 90, 135도인 경우만을 고려하였다. 그리고 최소의 유전자 크기를 3화소로 제한하면 그림 6에서의 두 번째 행의 염색체들과 일치한다. 세 번째 행은 두 개의 직선으로 나누어지는 경우이다. 이 4개의 염색체들은 변이 모서리 부분을 고려하기 위해

사용된 것으로 직선이 0과 90도인 경우만을 고려하였다. 여기에서도 염색체의 크기를 제한하였다. 위의 3가지 경우를 조합하면 그림 6에서 보는 것과 같이 13가지의 기본 염색체를 생각할 수 있다. 이것은 몇 화소의 오차를 무시하고 기본 염색체의 종류를 최소로 하기 위한 것이다. 질감 블록에서의 염색체 결정은 이들 13개 염색체 중에서 한 개의 형이 결정되는데, 병렬 유전 알고리즘(parallel genetic algorithm)의 형태와 비슷하게 각각의 기본염색체를 부개체군(sub-population)의 기본형으로 간주하고 각각 3세대에 걸쳐 유전 알고리즘을 적용한다. 이 과정을 거친 후 13개 염색체 중에서 최소의 오차를 갖는 염색체를 그 블록의 최종 염색체로 결정한다. 본 논문에서는 구현의 용이성을 위해 병렬 유전 알고리즘에서 개체간의 상호 보완작용을 위해 흔히 도입되는 이주(migration) 연산자를 사용하지 않았다. 다시 말해서, 질감 블록에서는 13개의 기본 염색체를 미리 적용해 보고 최종 염색체를 결정하며 기본 염색체들 간의 상호 작용은 없다.

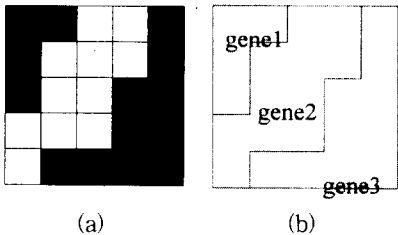


그림 5. 단순 블록에서의 염색체 구조 결정 예 (a) 영역 영상 (b) 염색체구조

Fig. 5. An example of chromosome in a non-texture block. (a) Region map (b) the chromosome of (a)

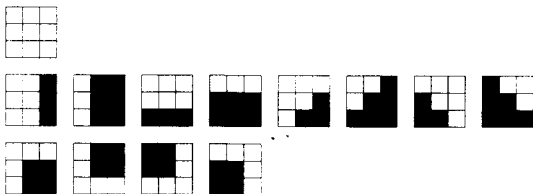


그림 6. 질감 블록에 사용된 기본 염색체
Fig. 6. Default chromosomes used in texture block.

4. 염색체 교차와 유전자 돌연변이

앞 절까지의 과정을 거치면 각 블록에서 염색체 구조가 결정된다. 본 논문에서는 한 유전자에 동일한 변이를 가지게 하였고 영역 정보를 이용한 이차원 구조에서의 염색체 교차와 유전자 돌연변이는 이진 열에서

의 교차와 돌연변이를 그대로 확장하여 사용하였다.

염색체 교차는 개체군에서 두 개의 염색체를 선택하고 임의로 교차점(crossover point)을 설정한 뒤, 그 점을 기준으로 각 염색체의 유전자를 교환시켰다. 그림 7은 본 논문에서 사용된 염색체 교차 연산의 예를 보여준다.

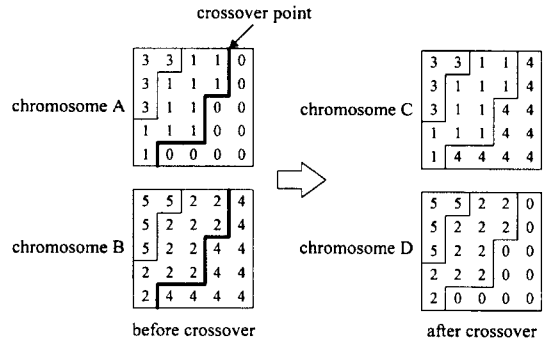


그림 7. 염색체 교차 연산
Fig. 7. A chromosome crossover operation.

돌연변이 연산자는 개체군에서 한 개의 염색체를 선택하고 그 염색체 중에서 한 개의 유전자를 돌연변이시켰다. 여기서 돌연변이는 유전자의 값, 즉 변이 값을 무작위하게 변경시켰다. 그림 8은 돌연변이 연산을 나타낸다. 질감 블록에서는 한 개의 점을 돌연변이 점으로 선택하였다.

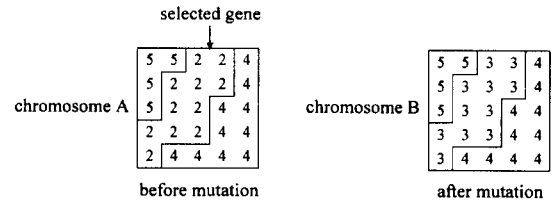


그림 8. 돌연변이 연산
Fig. 8. A mutation operation.

일반적으로 유전 알고리즘은 대부분 무작위 함수로 구현되고 최적 해에 접근할 가능성을 높이기 위해서 개체군의 크기를 크게 하여 적용하게 된다. 그러나 이렇게 적용할 경우, 수렴 속도가 느려지고 많은 저장 공간이 필요하게 되므로, 본 논문에서는 저장 공간을 줄이기 위해 개체군의 크기를 10으로 한정시켰고 수렴 속도를 높이기 위해서 돌연변이에서 발생하는 새로운 변이를 휘도값 차이에 기반하여 발생시켰다. 이것은 휘도값의 차이를 고려한 정보기반 발생(informed

generation)을 말한다. 정보기반 변이 발생을 쉽게 구현하기 위해서 탐색 영역내에 존재하는 3개의 무작위 수를 발생시킨 다음 그 중에서 현재 화소(reference pixel)의 휘도와 발생된 변이만큼 떨어진 화소(target pixel)에서의 휘도 차이가 가장 작은 것을 돌연변이 유전자로 사용하였다. 예를 들어 무작위 변이가 -1, 8, 3이 각각 발생되었고 이들 중에서 휘도 값의 차이가 변이 3에서 가장 작다고 한다면, 돌연변이에서의 값은 그림 8(b)에서와 같이 3으로 결정된다. 이 방법과 마찬가지로 초기 개체군을 만드는 방법에도 정보기반 발생을 사용하였는데, 돌연변이와 다른 점은 전 탐색 영역의 값을 모두 이용하였다는 것이다. 예를 들어, 탐색 영역이 -10~10이면 이중에서 현재 화소와 가장 비슷한 휘도 값을 가지는 변이가 초기 염색체의 유전자로 결정된다.

5. 적응 함수

매 세대마다 개체군들에게 적응성을 할당하는 적응 함수(fitness function)는 현재 염색체의 적응성을 판단하여 수치화하는 기능을 담당한다. 이 함수는 유전 알고리즘이 사용되어지는 환경에 따라 달라지게 되고 그 환경의 특성에 아주 의존적이다. 어떤 환경에서는 이 함수의 선택이 어려운 곳도 있다. 예를 들어, 패턴 인식(pattern recognition)에 사용될 때에는 입력 벡터에 따른 출력 특성이 모두 모델링 되어야하기 때문에 적응함수의 선택이 어렵다고 할 수 있다. 그러나 정합환경에서는 일반적으로 오정합을 줄이기 위해서 휘도 유사성 및 변이 연속성 등이 제약조건(constraint)으로 사용된다. 그러므로 이들을 함수로 변환하면 손쉽게 적응 함수를 만들 수 있다. 유사성은 현재 화소와 대응되는 다른 영상의 일치점이 현재 화소의 휘도와 유사하다는 것을 의미하며 연속성은 변이가 주변화소의 것과 비슷하게 변한다는 것이다.

유사성 함수(similarity function)는 평균 휘도차의 역수를 사용하였으므로 특정 블록에서 i 번째 염색체의 평균 휘도차는

$$m_{ii} = \frac{1}{n^2} \sum_{(x,y) \in W} |f_i(u+x, v+y) - f_r(u+x, v+y + C_i(x,y))| \tag{2}$$

로 표현되어질 수 있다. 여기서 f_i 과 f_r 은 스테레오 좌우 영상의 휘도값을 각각 나타내고 u 와 v 는 블록으로 나누어진 기준 영상(reference image)의 블록 원점들

을 나타낸다. 매 블록은 개체군의 크기가 10이므로 10개의 염색체를 가질 수 있고 C_i 는 10개의 염색체 중에서 i 번째 염색체를 지정한다. 그러므로 $C_i(x,y)$ 의 유전자 값은 변이 값이다. i 번째 염색체의 유사성 함수는

$$S_{ii} = \frac{1}{m_{ii}}, \quad m_{ii} \neq 0 \tag{3}$$

로 표현 될 수 있다.

변이는 몇 개의 화소로 이루어진 유전자 내부에서 같은 값을 가지게 하였기 때문에 유전자 내부에서 변이의 연속성 조건을 적용할 수 없다. 그리고 영역에 의해서 유전자의 형태가 정의되고 일반적으로 같은 영역에서 변이가 연속하다는 조건을 사용하였기 때문에 변이 연속성 조건은 인접한 블록에서 경계 화소에만 적용되었다. 그림 9의 (a)는 현재 유전 알고리즘이 적용되는 블록의 염색체 구조이고 (b)는 이 블록의 영역 영상이다. 앞에서 언급한 것과 같이 이 블록은 4개의 유전자로 이루어져 있고 각 유전자는 같은 변이 값을 가지게 된다. 그러므로 변이 연속성을 계산하는 요소들은 이웃 블록에서 같은 영역에 속하는 것과의 차이를 계산하게 된다. 그림 9(b)의 8x8 블록 예에서는 총 28개의 변이 차를 계산한다. 왜냐하면 다른 영역에 속하는 인접 화소는 제외되기 때문이다. 질감 블록은 모든 경계 화소에서 변이 차를 계산하였다. 변이 차를 계산하는데 사용되는 요소의 수가 N_d 일 때, i 번째 염색체의 평균 변이 차는 그림 9(b)에서 보는 바와 같이

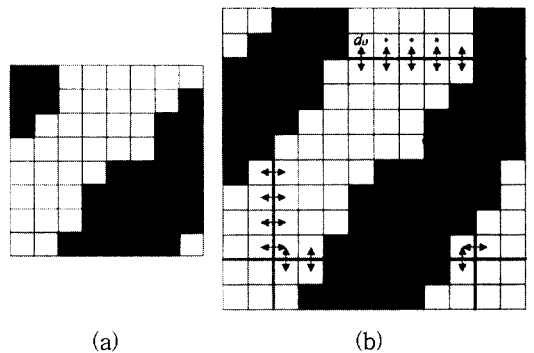


그림 9. 변이 연속성을 계산하는 예 (a) 염색체 구조 (b) 변이 차이를 계산하는 요소들

Fig. 9. An example of disparity smoothness checking. (a) A chromosome structure (b) Disparity checking elements.

$$m_{di} = \frac{1}{N_d} \sum_{j=1}^{N_d} d_{ij} \tag{4}$$

로 표현된다. 여기서 d_{ij} 는 j 번째 경계화소의 변이 차를 나타낸다. 그러므로 휘도 유사성과 마찬가지로 변이 연속성은 식(4)의 역수인

$$S_{di} = \frac{1}{m_{di}}, \quad m_{di} \neq 0 \quad (5)$$

로 정의되었다.

최종 적응 함수는

$$f_i = w_i S_{ii} + w_d S_d \quad (6)$$

와 같이 식(3)과 (5)에 가중치를 각각 곱해서 사용하였다. 여기서 w_i 와 w_d 는 각각 휘도 유사성과 변이 연속성의 가중치이다. 이렇게 하여 식(6)에 의해 유전자 풀(pool)에 저장될 때 세대의 염색체들은 자신의 적응성을 평가받게 된다. 마지막으로 적응성을 생존 확률로 변환하여 자연 선택을 수행하여야 한다. 이 자연 선택 과정을 거쳐 생존된 염색체들은 다음 세대에서 부모 염색체로서 자손을 번성시키게 된다. 그리고 적응성이 높다면 높은 생존 확률을 가져야 한다. 이런 변환 과정에서 sigmoid나 rank 함수가 사용되어질 수 있지만 본 논문에서는 10개의 염색체들의 적응성 값을 단순히 0과 1사이의 값으로 정규화(normalization) 시켰다. 그러므로 최종 생존 확률 값은

$$p_i = \frac{f_i - \min}{\max - \min} \quad (7)$$

이다. max와 min은 유전자 풀 안에서 적응성 최대와 최소값을 나타낸다. 식(2)와 (4)는 그 값이 0이 될 수 있으며, (3)과 (4)의 수식을 적용할 수 없다. 그러므로 이런 경우에는 식(7)의 p_i 값을 1로 설정하였다. 이것은 휘도 값의 차이가 없고 변이가 주변과 같다면 항상 생존된다는 걸 의미한다. 자연선택은 0에서 1 사이의 무작위 실수를 발생시켜 생존 가능성보다 큰 값이 나오면 그 염색체를 제거시키고 작은 값이 나오면 생존시켰다.

III. 실험

본 논문에서 제안한 정합 방법의 타당성을 확인하기 위해 50% RDS(random dot stereogram)와 "pentagon" 영상에 대해서 실험하였다. RDS의 우영상에는 무작위 잡음 20%가 추가되었다. 합성 영상의 크기는 128×128이고 실제 변이의 범위는 0~3인데

유전자가 가질 수 있는 값의 범위는 -4~8로 설정하였다. 512×512 "pentagon" 영상에서의 변이 분포는 -15~15인데 염색체 값의 범위는 -25~25로 설정하였다. 그림 10과 11은 실험 영상이고 표 1은 실험에 사용된 세부항목들의 값을 나타낸다. 그리고 결과는 휘도 기반법과 제안한 방법을 비교하였다.

표 1. 실험에 사용된 상수값과 영상 정보
Table 1. Constants and image information.

Items	Image	50% RDS	"Pentagon" image
image size		128×128	512×512
noise type		20% random	none
actual disparity		0~3	about -15~15
range of gene value (searching range)		-4~8	-25~25
block size		3×3	9×9
threshold (region no./ C_m)		4/50	4/50
crossover:mutation		0.9 : 0.1	0.9 : 0.1
weights(w_s/w_d)		0.95/0.05	0.95/0.05

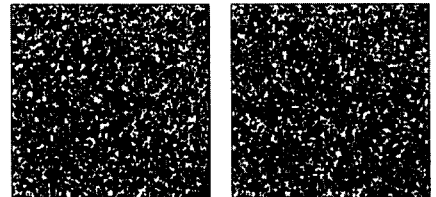


그림 10. 50% 무작위 영상(좌영상에 20% 무작위 잡음 추가)
Fig. 10. 50% RDS(20% dots of right image are decorrelated by random noise).

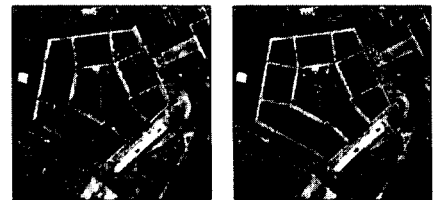


그림 11. "Pentagon" 영상
Fig. 11. "Pentagon" image pair.

그림 12는 합성영상에 대한 실험이다. (a)는 7×7 창으로 휘도 기반의 정합을 한 것이고 (b)는 (a) 결과에 이완처리^[11]를 적용한 것이다. (c)에서 보느바와

같이 제안한 방법이 변이 경계를 깨끗하게 보존하는 것을 볼 수 있다. 그러나 이 무작위 영상은 특정한 영역 정보를 가지고 있지 않기 때문에 전 부분이 질감 블록으로 구분되었다. (c) 영상 중간에 보이는 점 오차는 돌연변이로 인한 것이다. 왜냐하면 질감 블록에 사용된 기본 염색체의 돌연변이는 화소 단위로 이루어졌기 때문이다.

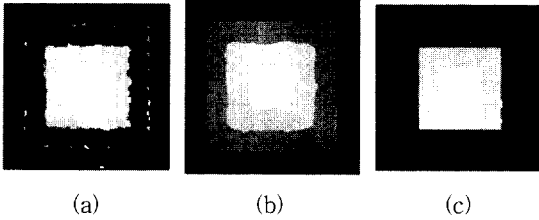


그림 12. RDS의 실험결과 (a) 휘도 기반 정합 (b) 이완처리를 한 휘도기반 결과 (c) 제안한 유전 알고리즘

Fig. 12. Results of RDS. (a) Intensity-based method (b) Intensity-based method with relaxation (c) The proposed algorithm.

그림 13과 14는 정보기반 변이 발생이 미치는 영향을 평가하기 위한 실험이다. 그림 13(a)는 초기 개체군을 아무 정보 없이 발생한 것이고 그림 14(a)는 전체 변이 구간에서 휘도차를 고려해서 발생된 초기 개체군이다. 그림 13(b)는 13(a) 영상에 유전 알고리즘은 1세대 더 적용한 결과이다. 여기에서 약간의 "pentagon" 형태를 알아볼 수 있다.

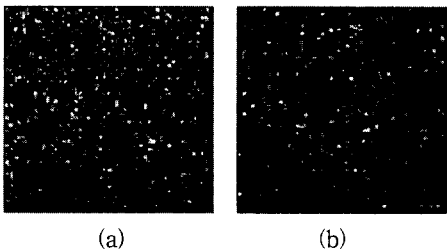


그림 13. 정보기반 변이 발생을 사용하지 않은 결과 (a) 초기 개체군 (b) 2번째 세대에서 최대의 적응치를 갖는 염색체

Fig. 13. The results without informed disparity generation. (a) Initial population (b) The chromosomes of the 2nd generation which has the maximum fitness.

그림 14(b)는 (a) 영상에 변이 연속성을 적용하지 않고 20세대에 걸쳐 유전 알고리즘을 적용한 경우인

데, 이것으로 변이 연속성이 없으면 초기의 휘도 정보에서 결과가 개선되지 않는 것을 볼 수 있다. 그림 15는 제안된 유전 알고리즘에서 염색체를 구성할 때, 영역 정보의 사용 유무에 따른 결과를 비교한 것이다. 영역 정보를 사용한 것이 더 나은 결과를 나타내었다. 그러나 제안된 알고리즘의 결과 영상을 살펴보면, 왼쪽 상단 부분에서 약간의 오정합을 볼 수 있다. 이것은 유일성 제약조건(uniqueness constraint)을 적용 함수에 추가하면 해결될 것으로 사료된다.

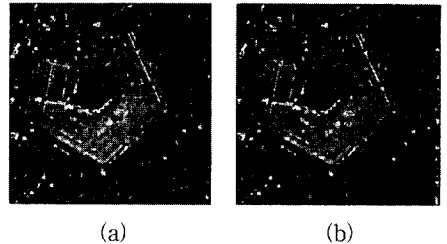


그림 14. 정보기반 변이 발생을 사용한 결과 (a) 초기 개체군 (b) 변이 연속성을 사용하지 않은 20번째 세대의 결과

Fig. 14. The results with informed disparity generation. (a) Initial population (b) The result of the 20th generation which have the maximum fitness.

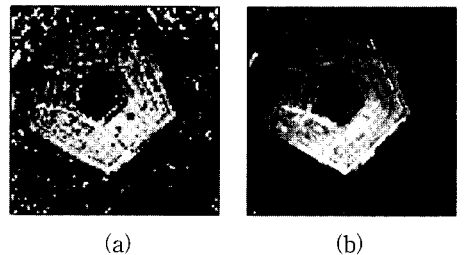


그림 15. 영역 정보에 대한 결과 비교 (a) 영역 정보 사용하지 않은 경우 (b) 제안된 유전 알고리즘

Fig. 15. Results according to the use of region information. (a) The proposed method without region information (b) The proposed method.

이완처리를 포함한 기존의 정합법과 비교하였을 때 계산시간의 큰 감소를 가져왔다. 512×512 "pentagon"영상을 CPU 내부 클럭이 90MHz인 Pentium PC에서 실험했을 때, 무작위 함수로 인한 약간의 차이가 있었지만 그림 15(b)의 결과를 얻는데 평균적으로 3분이 소요되었다. 같은 환경에서 이완처리를 포함한 휘도 정합법은 30분 정도가 소요되었다.

IV. 결 론

본 논문에서는 유전 알고리즘을 이용한 스테레오 정합 방법을 제안하였다. 제안한 방법은 영상의 특성에 따라서 검색체 구조를 결정하기 때문에 어떤 영상에도 적용 가능한 일반적인 유전 알고리즘이라고 할 수 있다. 그리고 초기 개체군 형성과 돌연변이 연산자에서 무작위로 발생된 변이를 그대로 이용하지 않고, 발생된 변이에서의 휘도차를 이용하는 정보 기반 변이 발생법을 사용하였기 때문에 수렴속도를 개선시킬 수 있었다. 제안된 알고리즘은 이완처리에 사용되어지는 제약조건을 적응 함수에 포함시켰으므로 정합과 동시에 이완처리가 이루어진다는 장점이 있다.

실험 결과에서 보는 것과 같이 일부 부분에서는 수렴되지 않은 결과를 얻었는데, 향후 더 좋은 결과를 얻기 위해서 유일성을 적응 함수에 추가하거나 변이 연속성을 변형하는 방법이 필요하다고 할 수 있다.

참 고 문 헌

[1] K. Sugihara, "Three principle in stereo vision," *Robotics*, vol. 1, no. 4, pp. 391-400, 1986.
 [2] B. K. P. Horn, *Robot Vision*, McGraw-Hill, 1987.
 [3] R. M. Haralick and L. G. Shapiro, *Computer And Robot Vision*, Addison-Wesley Publishing Co., 1993.
 [4] G. R. Harik, F. G. Lobo, and D. E. Goldberg, "The compact genetic algo-

arithm," *IlliGAL Tech reports*, Illinois GA Lab., 1997.
 [5] Erick Cantu-Paz, "A summary of research on parallel genetic algorithms," *IlliGAL Tech reports*, Illinois GA Lab., 1995.
 [6] S. Baluja, "Population based incremental learning," *Tech reports*, Carnegie Mellon Univ., 1994.
 [7] Yong-Suk Kim, Kyu-Phil Han, Eung-Joo Lee, and Yeong-Ho Ha, "Robust 3-D Depth Estimation Using Genetic Algorithm in Stereo Image Pairs", *Proceedings of IEEE Asia Pacific Conference on Circuits and Systems'96*, pp. 357-360, Nov. 1996.
 [8] L. J. Van Vliet and I. T. Young, "A Nonlinear Laplace Operator as Edge Detector in Noisy Images," *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, vol. 45, pp. 167-195, 1989.
 [9] Peter J. Burt, "Fast filter transforms for image processing," *Computer Graphics and Image Processing*, vol. 16, pp. 20-51, 1981.
 [10] 한규필, 김용석, 도경훈, 하영호, "경계선 및 영역 정보를 이용한 스테레오 정합," *대한전자공학회논문지*, 제32권, B편, 제12호, pp. 47-58, 1995
 [11] 한규필, 김용석, 박영식, 송근원, 하영호, "정합 문제 해결을 위한 가늠도 기반의 이완처리 알고리즘," *대한전자공학회논문지*, 제34권, S편, 제 9호, pp. 109-118, 1997

저 자 소 개

韓 圭 必(正會員) 第 35卷 S編 第 9號 參照

鄭 義 潤(正會員) 第 35卷 S編 第 11號 參照

河 永 浩(正會員) 第 35卷 S編 第 9號 參照

裴 泰 眠(正會員)

1996년 2월 경북대학교 전자공학과 졸업(공학사). 1998년 2월 경북대학교 대학원 전자공학과(공학석사). 1998년 3월 ~ 현재 경북대학교 전자공학과 박사과정. 주관심분야는 영상통신, 컴퓨터비전 등임

金 燺 樹(正會員)

1991년 2월 경북대학교 전자공학과 졸업(공학사). 1993년 2월 경북대학교 대학원 전자공학과(공학석사). 1993년 3월 ~ 1994년 12월 한국통신 전임연구원 근무. 1995년 2월 ~ 1997년 1월 SK Telecom 중앙연구원 전임연구원 근무. 1996년 3월 ~ 현재 경북대학교 전자공학과 박사과정. 주관심분야는 영상 신호처리, 컴퓨터비전 등임