

유전자 알고리즘을 이용한 영상으로부터의 물체높이의 계층적 재구성

안 은 영[†] · 조 형 제^{††}

요 약

본 논문에서는 영상의 밝기 정보로부터 물체의 표면 형상을 재구성하는 새로운 접근 방법을 제시한다. 표면 재구성 문제를 최적화 문제로 정의하고 국지 해(local minima)에 빠지기 쉬운 기존의 경사법(gradient method) 대신 유전자 알고리즘(genetic algorithm)을 사용한다. 이를 위해 2차원 이미지에 적절한 유전자 표현 및 유전자 연산을 제시한다. 또한 입력 이미지를 단계별로 축소하고, 축소된 이미지에 유전자 알고리즘을 적용하여 큰 형상을 먼저 결정한 후 미세한 형상을 찾아내는 계층적 방법을 적용함으로써 유전자 알고리즘의 수렴 속도를 개선한다. 반사 모델로 기존의 람버션 반사 모델(Lambertian illumination model)에 거리 요소를 포함시켜 보다 현실과 비슷한 제약 조건을 주었으며 실험을 통해 제시된 방법의 타당성을 보인다.

Hierarchical Height Reconstruction of Object from Shading Using Genetic Algorithm

Eun-young Ahn[†] · Hyung-Je Cho^{††}

ABSTRACT

We propose a new approach to reconstruct the surface shape of an object from a shaded image. We use genetic algorithm instead of gradient descent algorithm which is apt to take to local minima and also proposes genetic representation and suitable genetic operators for manipulating 2-D image. And for more effective execution, we suggest hierarchical process to reconstruct minutely the surface of an object after coarse and global reconstruction. A modified Lambertian illumination model including the distance factor was herein adopted to get more reasonable result and an experiment was performed with synthesized and real images to demonstrate the devised method, of which results show the usefulness of our method.

1. 서 론

표면의 방향이 바뀌에 따라 생기는 밝기의 변화는 3차원의 장면에서 매우 중요한 시각적 단서가 된다. 하나의 음영(shading) 이미지에서 표면의 방향이나 모양을 유추하려는 시도가 컴퓨터 비전 분야에서 꽤 오랜

동안 연구되어 왔으며, 이들 연구는 크게 지역적 방법과 전역적 방법으로 나누어질 수 있다[3]. Pentland에 의해 처음 제안된 지역적 알고리즘은 이미지 상의 근접한 주변 점들의 음영(shding) 정보로부터 표면의 방향을 유추하려는 시도인 반면 전역적 알고리즘은 표면이 충분히 부드러운 곡면을 이룬다는 가정하에 전역적인 제약조건을 기반으로 표면을 재구성하려는 시도이다. 이 두 방법은 제약조건 범위를 기준으로 분류한 것으로, 여러 가지 면에서 많은 공통점을 가지고 있다.

[†] 준 회원 : 남서울대학교 교수

^{††} 정 회원 : 동국대학교 컴퓨터·멀티미디어공학과 교수
논문접수 : 1999년 7월 7일, 심사완료 : 1999년 11월 19일

지역적 알고리즘이나 전역적 알고리즘은 모두 램버션 반사모델을 이용하며 반사도 지도함수(reflectance map)와 선형적 근사를 사용한다. 또한 빛이 가장 강하게 반사하는 특이점(singular point)나 경계면(occluding boundary)같은 초기 정보에 의존하여 식 (1)의 에러가 최소가 되도록 표면을 재구성한다는 점등을 공통점으로 들 수 있는데 일반적인 이미지에서 특이점은 존재하지 않을 수도 있으며 경계면에서 표면의 법선 벡터가 카메라 방향과 직각이라는 가정은 매우 불안정한 것으로 표면 구성의 초기 정보로 사용되기에는 적합하지 못하다[5].

$$Error = \iint [(E_{x,y} - R(p_{x,y}, q_{x,y}))^2 + \lambda(p_x^2 + p_y^2 + q_x^2 + q_y^2)] dx dy \quad (1)$$

위의 방법들은 물체의 표면 형태를 알아내기 위해 물체의 높이 정보보다는 물체 표면의 법선 벡터를 구하려는 시도를 한다. 즉, 특이점(singular point) 등과 같이 법선 벡터의 방향을 알 수 있는 점을 중심으로 경사도 영역(gradient space)상에서 제약조건을 만족하는 법선 벡터의 구성 성분(p, q, -1)을 반복 계산에 의해 결정해 나간다. 이 때 주어진 하나의 식으로부터 법선 벡터와 관련된 두 개의 변수(p, q)를 구해야 하기 때문에 식 (1)의 두 번째 항인 정칙성에 관한 제약조건(regularity constraints) $\lambda(p_x^2 + p_y^2 + q_x^2 + q_y^2)$ 와 같은 좀 더 강화된 제약조건을 필요로 하게 된다. 이러한 제약조건은 표면을 미분이 가능한 충분히 부드러운 형태로 가정하기 때문에 빛의 변화가 심한 물체의 재구성에 어려움이 있다[6].

본 논문에서는 표면의 재구성 문제를 표면의 변화에 대한 경사도 공간(gradient space)상에서 해를 찾기보다는 표면의 높이를 직접 구하려고 시도함으로써 식 (1)의 첫 번째 항 $(E_{x,y} - R(p_{x,y}, q_{x,y}))^2$ 을 최소로 하는 밝기에 관한 제약 조건(irradiance constraints) - 즉, 한 점(x, y)에서의 입력 이미지의 밝기, $E_{x,y}$ 와 반사함수를 적용한 밝기 $R(p_{x,y}, q_{x,y})$ 와의 차이가 최소가 되는 - 외에 추가적인 제약조건을 사용하지 않아도 되기 때문에 표면의 변화가 급격한 물체도 모양의 왜곡 없이 표면의 형태를 재구성할 수 있다. 또한 램버션 모델(Lambertian illumination model)에 거리 요소를 포함시켜 보다 실제 이미지와 비슷한 해들만이 후보 해가 될 수 있도록 반사 모델을 보완하였으며, 지역 해들을 벗어나 보다 현실적인 결과를 얻을 수 있도록 유전자 알고리즘

(genetic algorithm)을 도입한다. 이 과정에서 2차원으로 배열된 유전자를 위한 새로운 유전자 조작 방법을 제시하고 유전자 알고리즘의 효과적인 수행을 위해 계층적 표면 형태 재구성 방법을 제안한다.

다음에서 먼저 거리 요소를 포함한 새로운 반사 모델을 소개하고 표면 재구성 문제를 최적화 문제로 모델링하여 여기에 적합한 유전자 알고리즘을 제안한 후, 영상 정보에 적용된 실험 결과를 보임으로써 그 타당성을 보이고 결론을 맺는다.

2. 이미지 반사 방정식(Image Irradiance Equation)

이미지의 밝기 정보에 의한 표면 재구성 알고리즘에서 반사모델(illumination model)로 자주 사용되는 램버션 모델(Lambertian)은 표면의 밝기가 광원의 방향에 대한 단위벡터와 표면의 법선 벡터가 이루는 각에 의해 결정된다고 가정한다. 식 (2)에서 I는 이미지의 밝기, c는 표면의 반사계수에 의해 조절된 광원의 세기, L은 광원의 방향, N은 표면의 법선 벡터를 나타낸다. 표면의 법선 벡터는 surface gradient (p, q, -1)로 표현되고 여기서 surface gradient의 각 구성 요소 p, q는 $p = \frac{dz}{dx}$, $q = \frac{dz}{dy}$ 로 표현할 수 있다[3]. 본 논문에서는 p, q를 식 (3)과 같이 유한 계차를 이용하여 근사함으로써 표면의 법선 벡터와 관련된 두 개의 변수 p, q를 구하는 문제를 물체 표면의 높이를 구하는 문제로 전환한다. 여기서 $Z_{x,y}$ 는 (x, y)좌표에서의 높이를 나타낸다.

$$I(x, y) = cL \cdot N(p_{x,y}, q_{x,y}) \quad (2)$$

$$\begin{aligned} p_{x,y} &= (Z_{x+1,y} - Z_{x-1,y})/2 \\ q_{x,y} &= (Z_{x,y+1} - Z_{x,y-1})/2 \end{aligned} \quad (3)$$

식 (2)에서 광원의 방향, 빛의 세기와 표면의 반사 계수를 미리 알고 있어야 하며 표면의 반사계수는 균일하다고 간주한다. 광원의 방향 예측에 관한 연구는 Zheng등의 논문들에서 자세히 다루고 있다[5]. 식 (2)에서는 물체 표면의 상대적인 위치관계는 계산될 수 있으나, 광원과의 거리 같은 절대적인 거리 관계는 구해지지 않는다. 이는 식 (2)의 내부에 거리에 대한 요소가 포함되어 있지 않기 때문으로 이를 사용한 결과는 항상 상대적 깊이 정보만을 보여줄 뿐이다. 본 논문에서는 식 (2)을 확장하여 광원과 물체 사이의 거리

요소를 포함시킨다. 이 때의 확장된 식은 다음과 같으며, 여기서 d 는 광원 거리를 나타내고 α 와 β 는 적당한 상수 값이다.

$$I' = I / (\alpha + \beta \cdot d) \tag{4}$$

확장된 방법에서는 광원과의 거리가 예측 요소에 포함되거나 상수로 지정되어야 하는 위험이 따르지만 거리 요소를 첨가함으로써 오목과 볼록한 형태를 따로 결정해야 하는 불편함을 없앨 수 있으며 보다 정확한 근사가 이루어짐을 실험 결과로 확인할 수 있다.

3. 표면 재구성을 위한 유전자 알고리즘

3.1 유전자 알고리즘

물체의 표면 형태를 재구성하는 문제는 입력된 이미지의 밝기 정보를 근거리로 $I'(x,y)$ 와 $E(x,y)$ 의 차이를 최소화하는 이미지 반사 제약조건(image irradiance constraints)을 만족하는 모든 점에서의 높이를 구하는 문제로 볼 수 있다. 즉, 물체 표면 재구성의 문제는 식 (5)의 Error를 최소화하는 문제가 되는데 이러한 문제는 여러 개의 국소 해를 가질 수 있으므로 최적 해를 구하는 방법으로 유전자 알고리즘을 채택하여 전역 해를 구하도록 유도한다.

유전자 알고리즘은 방향성 있는 탐색과 확률탐색의 요소를 결합함으로써 최근 중요성이 증가되고 있는 최적화 문제를 해결하기 위한 강력한 도구로 사용되고 있다. 유전자 알고리즘은 후보 해를 유전자로 표현하고 이들 유전자의 적합도 함수를 기반으로 선택/복제, 교배, 변이 등의 유전자 조작을 통해 새로운 세대를 구성해 가면서 최적 해를 구하는 방법을 말한다. (그림 1)은 전형적인 유전자 알고리즘의 기본적인 수행과정을 보여준다. 한 세대는 P개의 개체들로 구성되는데 각 개체는 최적화 문제의 후보 해가 된다. 반복을 수행할 때마다 이전 세대로부터 새로운 세대가 구성되는데 적합도에 따라 적합도가 높은 개체는 다음 세대에 선택될 확률을 높게 주고 상대적으로 적합도가 낮은 개체의 선택확률을 낮춤으로써 등반(hill climbing) 알고리즘과 같은 방향성 있는 탐색을 유도하게 한다. 이때, 변이와 같은 유전자 조작은 탐색 공간을 임의의 공간으로 이동시킴으로써 국지 해에서 빠져 나올 수 있는 돌파구를 제공한다.

$$Error_i = \sum_{y=0}^{N-1} \sum_{x=0}^{N-1} (E(x,y) - I'_i(x,y)) \tag{5}$$

$E(x,y)$ = 입력 이미지의 x, y좌표의 밝기

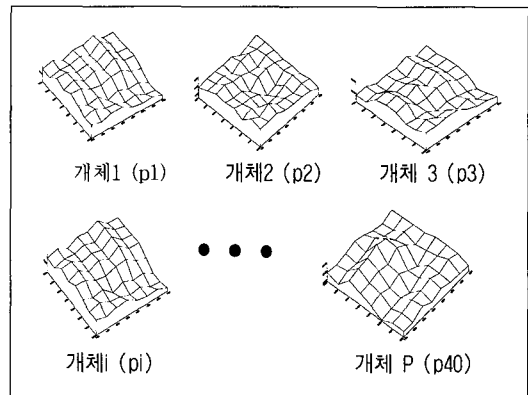
```

Set initial iteration t=0
Initialize P(t)
Evaluate P(t)
While (termination condition not satisfied) do
{
    select P(t+1) from P(t)
    alter P(t+1)
    evaluate P(t+1)
    t = t+1
}
    
```

(그림 1) 유전자 알고리즘

3.1.1 개체의 표현

각 세대는 후보 해가 되는 P개의 개체로 구성된다. 유전자 알고리즘을 주어진 문제에 적용하기 위해서 먼저 후보 해를 어떻게 개체, 다시 말해서 유전자 염색체로 표현할 것인가를 결정해야 한다. 개체는 스트링으로 표현하는 것이 일반적이지만 본 논문에서는 앞에서 언급한 반사 모델을 사용하여 입력 이미지와 일치하는 물체 표면의 높이를 구하는 것이므로 염색체를 입력 이미지와 같은 2차원 배열로 표현하는 것이 자연스럽다. 여기서 각 위치의 값은 이미지와 대응되는 점의 높이가 된다.



(그림 2) 염색체의 표현

3.1.2 적합도 함수와 선택

여러 세대를 거쳐가면서 후보 해들이 최적 해에 근접하도록 하기 위해서는 세대의 구성원인 개체들을 평

가하는 함수가 필요하다. 이 평가 함수의 값에 따라 개체가 살아 남아 다음 세대를 구성하는데 영향을 미치는가, 그렇지 않고 도태되는가 하는 것이 결정된다. 각 개체들이 주어진 제약조건을 어느 정도 만족하는가 하는 것을 계산하기 위한 평가 함수는 식 (5)의 예리 값의 역으로 표현될 수 있다. 즉, 예리가 높은 개체는 합도가 낮게 평가되어야 하고 예리가 낮은 개체는 적합도가 높게 나타나야 한다. 이를 위해 식 (6-1)과 같이 적합도 함수를 정의한다면 $Error'_i$ 의 값이 0에 가까운 값을 갖게 되는 경우에 잘못된 연산을 수행할 위험이 있고 적합도 함수를 식 (6-2)와 같이 정의하게 되면 예리 값이 차이가 많이 나더라도 적합도는 거의 비슷한 값을 갖게 된다. 여기서 $f(t)_i$ 는 t세대에서의 i번째 개체의 적합도를 나타낸다. E^t 는 t세대에서의 개체들의 예리 총합이다.

$$f(t)_i = \frac{E^t}{Error'_i} \quad (6-1)$$

$$f(t)_i = 1.0 - \frac{Error'_i}{E^t} \quad (6-2)$$

$$E^t = \sum_{i=0}^n Error'_i$$

그런데 이러한 적합도 함수의 정의와 관련된 문제들은 선택 방법으로 2-토너먼트 선택을 사용함으로써 간단하게 해결할 수 있다. 선택 조작은 현재 세대를 구성하는 개체들 중에서 다음 세대를 구성할 개체를 선택하는 것을 의미한다. 세대 전체에 대한 개체의 적합도를 기준으로 개체의 선택 확률을 계산하여 이에 따라 선택을 수행하는 경우(Fitness Proportional Selection), 일반적으로 선택 확률을 조절(scaling)해야 할 필요가 생긴다. 즉, 적합도가 2인 개체는 적합도가 1인 개체보다 두 배의 확률로 다음 세대에 선택될 수 있는데 이러한 선택의 불균형 문제를 해결하기 위해 적합도를 조정하게 된다. 따라서 본 논문에서는 선택 방법으로 2-토너먼트 방식을 채택하였다. 2-토너먼트 선택은 임의의 두 후보 개체 중에 예리가 적은 쪽을 선택하면 되므로 적합도 함수를 별도로 정의할 필요가 없게 되고 선택의 불균형 문제를 위해 값을 재조정하는 과정도 필요가 없게 되어 유전자 알고리즘을 보다 안정적이고 효과적으로 수행하도록 한다.

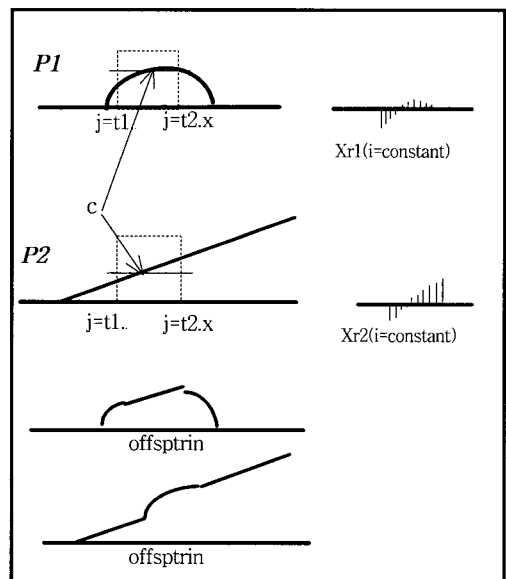
3.1.3 교 배

2차원 이미지에 유전자 알고리즘을 적용하는 경우, 이미지의 각 위치에서 주변 점들과의 상호관계가 다른

어떤 문제들보다도 중요하게 다루어져야 하기 때문에 이에 적합한 유전자 연산이 필요하다. 교배는 일반적으로 부모가 되는 두 개의 후보 해에서 임의로 선택된 위치의 값을 서로 교환하여 새로운 자식 후보 해를 생성하는 조작을 의미하지만 이와 같은 교배 연산은 교배가 이루어지는 지점의 주변사항을 고려하지 않기 때문에 표면의 높이를 표현하고 있는 2차원 배열로 구성된 개체들에게 그대로 적용할 경우, 불연속적인 표면을 생성하게 된다. 따라서 본 논문에서는 교배 연산이 불연속적인 면을 생성하는 현상을 막기 위해 새로운 교배 연산자를 제안한다.

$t1$ 과 $t2$ 는 교배가 일어나는 두 개의 부모 개체에서 교배가 이루어지게 될 임의로 선택된 사각형 영역의 왼쪽 상단 점과 오른쪽 하단점이다.

(그림 3)에서 부모 개체 중 한쪽 개체 $p1$ 의 $t1$ 과 $t2$ 영역 안의 모든 점(i, j)에 대해 교배 중심점 c 를 기준으로 한 높이의 변화율을 식 (7)과 같이 계산하여 계산된 변화율 만큼을 나머지 한쪽 부모 개체($p2$)에 식 (8)과 같은 방법으로 교배시킨다. 여기서 Z_c^p 과 Z_m^p 은 각각 $p1$ 의 교배 중심점의 높이 값과 $p1$ 의 교배 영역에서 중심점과의 차이가 최대가 되는 값을 나타내며 Z_c^p 는 $p1$ 에서의 $t1$ 과 $t2$ 영역 안의 한 점(i, j)의 높이 값이다.



(그림 3) 교 배

같은 방법으로 $p2$ 의 교배영역의 변화율을 계산하여 $p1$ 에 대해서도 교배를 일으킨다. 이러한 교배의 결과로 부모 개체의 형질 중 임의의 영역만큼 서로 영향을 주고받으면서도 표면의 연결성을 유지하는 새로운 모양의 표면이 생성된다.

$$Xr_{ij}^{p1} = (Z_{ij}^{p1} - Z_c^{p1}) / Z_m^{p1} \tag{7}$$

$$Xr_{ij}^{p2} = (Z_{ij}^{p2} - Z_c^{p2}) / Z_m^{p2}$$

$$Z_{ij}^{p1} = Z_{ij}^{p1} + Z_{ij}^{p1} \cdot Xr_{ij}^{p2} \tag{8}$$

$$Z_{ij}^{p2} = Z_{ij}^{p2} + Z_{ij}^{p2} \cdot Xr_{ij}^{p1}$$

3.1.4 변 이

변이는 후보 해를 구성하는 염색체의 일부에 대해 변형을 일으키는 조작을 의미한다. 2차원으로 표현된 개체에 대해 기존의 변이 조작을 수행하게 되면 이는 임의의 위치에서의 표면의 높이를 변화시키는 결과가 되는데 표면에서 한 점의 높이가 변화됨에 따라 생기는 밝기의 변화가 개체의 총 에러에 미치는 영향이 그다지 크기 않기 때문에 변이 조작에 의해 에러 값이 어느 정도 개선되었다 하더라도 개선된 값이 개체 전체 에러에 비해 너무 작으면 개선된 후보 해가 다음 세대에 선택되어 영향을 미칠 수 있는 확률을 높이지 못하게 된다. 또한 이와 같은 기존의 연산은 표면의 재구성에는 무의미한 불연속 점을 생성할 수도 있어 2차원으로 표현된 유전자의 변이 연산으로는 적절하지가 않다. 따라서 본 논문에서는 문제에 적합한 2차원 변이 연산자를 제안한다.

2차원 변이 연산을 위해 먼저, 3*3의 고정된 크기를 갖는 변이 윈도우(M_w)를 설정한다. 변이 윈도우의 각 위치에서의 변이율은 식 (9)에 의해 결정한다. 변이 윈도우는 변이를 일으킬 때마다 새로이 구성된다. 따라서 (그림 4-(b))에서와 같이 변이가 일어날 때마다 다양한 형태의 변이 윈도우를 얻게 되므로 임의의 점에서 표면이 다양한 형태로 변이를 일으키는 효과를 얻게 된다(그림 4). 식 (10)에 의해서 변이를 일으키고자 하는 임의의 점(x, y)과 그 주변 점들은 변이 값(M_v)에 변이 윈도우의 변이율 만큼씩을 곱해 변이를 일으키게된다.

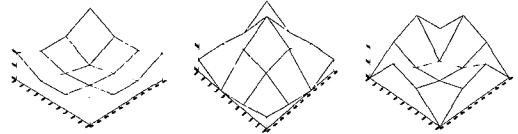
$$Mw(i, j) = e^{-\frac{(i^2 + j^2)}{2\sigma^2}} \cdot r \tag{9}$$

$r = \text{random}[1, 0.5]$

$$Z_{(x+j, y+i)} = Z_{(x+i, y+i)} + Mv * Mw(i, j) \tag{10}$$

-1,-1	-1,0	-1,1
0,-1	0,0	0,1
1,-1	1,0	1,1

(a) 변이 윈도우



(b) 변이 윈도우 구성의 예

(그림 4) 변이 윈도우

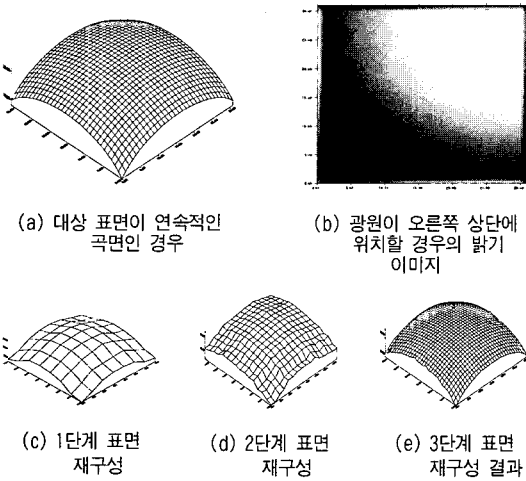
3.2 표면 형상의 계층적 재구성

본 논문에서는 유전자 알고리즘을 이용해 표면의 형태를 재구성하는 과정을 보다 효과적으로 수행해 나가기 위해서 입력 이미지를 3단계로 축소하여, 축소된 이미지에 대해 유전자 알고리즘을 적용해 유사 해를 구한 후 그 보다 큰 이미지에 대해 구해진 유사 해를 기반으로 다시 초기 세대를 구성하여 유전자 알고리즘을 적용하는 계층적 방법을 사용한다. 이 때 변이 윈도우의 크기는 고정되어 있으므로 작은 이미지에서는 이미지 전체에 미치는 영향이 큰 반면 커다란 이미지에서는 변이의 효과가 지역적으로 미치게 되므로 초기에는 물체 표면의 전역적인 형태를 구성하고 마지막 단계에서는 좀 더 세밀하게 표면의 형태를 수정하는 효과를 갖게 된다.

4. 실험 결과 및 검토

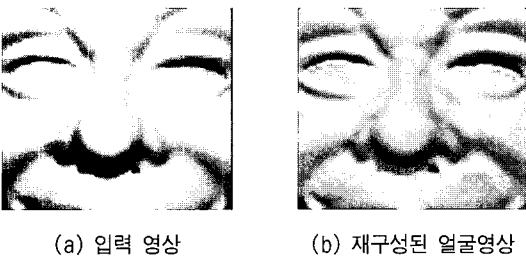
타당성을 검토하기 위해 32 * 32 크기의 합성된 이미지와 64 * 64크기의 실제 이미지를 실험 데이터로 사용하였다. 교배확률과 변이 확률을 각각 0.3, 0.025로 하고 세대의 크기를 40으로 하였다. 변이와 교배 확률의 설정에 관한 연구는 [10]에서 언급된 바 있다. 광원의 방향은 미리 알고 있어야 하며 광원이 물체와 상당히 멀리 떨어진 곳에 있다고 가정하고 광원의 밝기는 물체 표면의 밝기가 최대 255의 값을 갖도록 하였다. 또한 실험에서 사용된 거리함수의 α 와 β 는 각각 1000과 1로 하여 광원과의 거리가 물체 표면의 밝기 변화에 미치는 영향을 매우 작게 조절하였다. (그림 5-b)는 이와 같은 가정을 바탕으로 (그림 5-a)의 구면체에 대해

합성한 밝기 이미지이다. (그림 5-c, d) 그리고 (그림 5-e)는 (그림 5-b)로부터 표면을 단계별로 구성해 나가는 과정을 보인 것이다.

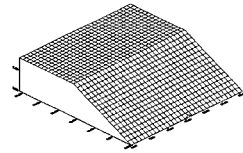


(그림 5) 부드러운 표면 형태의 재구성

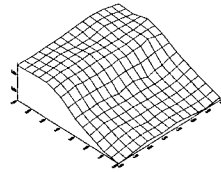
(그림 6-a)는 틸트 각도와(tilt angle-광원과 원점간의 선분이 z축과 이루는 각) 슬랜트 각도(slant angle-광원과 원점간의 선분이 x축과 이루는 각)를 각각 97.3과 39.27로 하여 촬영된 실제 이미지이고 (그림 6-b)는 재구성된 높이 이미지에 대한 밝기 이미지이다. 밝기에 대한 예러는 주로 얼굴의 그림자가 있는 영역에서 크게 나타났고 이로 인해 예러율은 0.276으로 다른 합성 이미지에 비해 다소 높은 값을 갖는다. (그림 7)은 경계 면을 갖는 물체의 표면 형태를 재구성한 결과이다. 기존의 방식이 부드러운 형태를 가정하기 때문에 경계 면이 있는 물체에서 경계 면이 일그러지는 현상이 나타나는데 이 실험에서는 경계 면이 있는 물체에서도 유사한 표면의 형태를 재구성한다는 것을 알 수 있다.



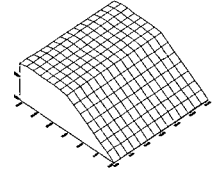
(그림 6) 얼굴이미지의 재구성



(a) 대상 표면이 모서리를 포함한 경우의 예



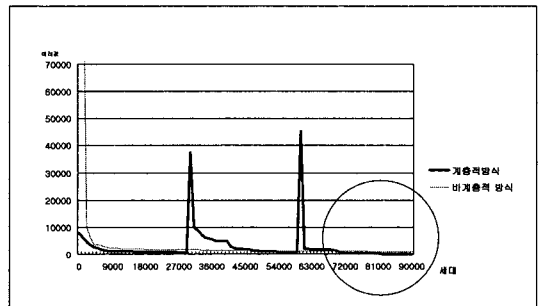
(b) 1단계 표면 재구성 결과



(c) 3단계 표면 재구성 결과

(그림 7) 모서리를 포함하는 물체의 재구성

계층적 표면 형태 구성방법(HR)과 비계층적 구성방법(NHR)을 비교하기 위해 (그림 5-a)의 구면체를 대상으로 계층적 방식은 각 단계별로 3만 세대까지 세대를 구성하면서 유사 해를 구하고 비계층적 방식은 9만 세대까지 세대를 구성해 가면서 표면을 재구성하였다. 이 과정을 10번 반복 수행하여 정확도와 속도 등을 측정하였다. (그림 8)은 계층적 방식과 비계층적 방식의 표면 재구성 과정의 예러 값을 보인 것이다. 계층적 방식은 전단계에서 구성된 표면을 기초로 재구성되기 때문에 비계층적 방식보다는 계층적 방식에서의 예러 값이 임계 값 이하로 빨리 수렴하는 것을 볼 수가 있다. <표 1>은 계층적 표면 재구성 방법과 비계층적 표면 재구성 방법의 정확도를 비교한 것이다. 실험결과 비계층적 방식보다는 계층적 표면 형태의 구성 방법이 유전자 알고리즘의 속도를 개선시키고 구성된 형태의 정확도도 높다는 것을 알 수 있다.



(그림 8) 계층적 방식과 비계층적 방식의 수렴속도 비교

〈표 1〉 비계층적 방법과의 정확도 비교

에 러	비계층적방법	계층적방법
Mean of absolute depth error	0.23	0.11

5. 결 론

반사 모델에 거리요소를 추가하여 보다 현실과 가까운 표면 형상 재구성이 가능하도록 하였으며, 유전자 알고리즘을 표면 형상 재구성 방법에 도입함으로써 기존 반복(iteration)방식에서 국지 해에 빠질 위험을 줄이도록 하였다. 유전자 알고리즘을 표면 재구성 문제에 적용시키기 위해 2차원의 유전자 표현방식을 사용하고 문제에 적합한 2차원 유전자를 다루기 위한 새로운 유전자 연산자를 고안하였다. 제안된 유전자 조작으로 유전자 알고리즘을 표면 재구성 문제에 자연스럽게 적용시킬 수 있었다. 이미지의 해상도를 단계적으로 낮추어 해상도가 낮은 이미지에서 원래 크기의 이미지로 표면 재구성을 단계적으로 수행함으로써 유전자 알고리즘의 속도를 개선하였으며 표면을 좀더 구조적이고 효과적으로 구성할 수 있었다. 본 논문에서는 물체 표면의 법선 벡터를 구하기보다는 물체의 높이정보를 사용함으로써 반사 제약조건 이외에 유일 해를 구하기 위해 다른 제약조건을 사용하지 않아도 되므로 빛의 변화가 급격한 물체에 대해서도 만족할 만한 결과를 보였다.

참 고 문 헌

[1] J. Oliensis, "Uniqueness in Shape from Shading," Journal of Computer Vision, Vol.6, No.1, 1991.
 [2] Ping-Sing Tsai and Mubarak Shah, "Shape from Shading Using Linear Approximation," Image and Vision Computing, Vol.12 No.8, pp.487-496, 1994.
 [3] A. P. Pentland, "Linear Shape from Shading," Journal of Computer Vision Vol.4, pp.153-162, 1990.
 [4] Berthold K. P. Horn, "Height and Gradient from Shading," Journal of Computer Vision, Vol.5, No.?, pp.37-75, 1990.
 [5] Q. Zheng and R. Chellapa, "Estimation of Illuminant Direction, Albedo, and Shape from Shad-

ing," IEEE PAMI, Vol.13, No.7, pp.680-702, 1991.
 [6] S. Ravindranath and U. B. Desai, "A Line Function Based Approach to Overcome Excessive Smoothing in SFS," Asian Conference on Computer Vision, 1993.
 [7] Zbigniew Michalewicz, 'Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs,' Springer-Verlag, 1995.
 [8] Michalewicz, Z and Janikow, C., "Genetic Algorithm for Numerical Optimization," Statistics and Computing, Vol.1, No.1, 1991.
 [9] Lance Chabers, 'Practical Handbook of Genetic Algorithms,' Vol.1, CRC Press, 1995.
 [10] O'Reilly, U. M., and F. Oppacher, 'A comparative Analysis of Genetic Programming,' Advances in Genetic Programming, MIT press, 1995.



안 은 영

e-mail : ahnyoung@cakra.dongguk.ac.kr
 1989년 동국대학교 전자계산학과 졸업(학사)
 1991년 동국대학교 대학원 전자계산학과(공학석사)
 1994년 동국대학교 대학원 컴퓨터공학과(박사수료)

1996년~현재 남서울대학교 겸임교수
 관심분야 : 멀티미디어 정보처리, 컴퓨터 비전, 컴퓨터 그래픽스



조 형 제

e-mail : chojh@cakra.dongguk.ac.kr
 1973년 부산대학교 전자공학과 졸업(학사)
 1975년 한국과학기술원 전기 및 전자공학과 대학원(공학석사)
 1986년 한국과학기술원 전기 및 전자공학과 대학원(공학박사)

1986년~현재 동국대학교 컴퓨터·멀티미디어 공학과 교수
 관심분야 : 멀티미디어 정보처리, 컴퓨터 비전, 컴퓨터 그래픽스