

유전자 알고리즘을 다단계 영상에 적용한 영상 분할

(Image Segmentation by applying Genetic Algorithm to
Multi-Resolution Image)

오재승[†] 김황수^{**}
(Jaeseung Oh) (Hwangsoo Kim)

요약 본 논문에서는 유전자 알고리즘과 피라미드(다단계 또는 다 해상도)를 결합한 새로운 영상 분할 방법을 제안한다. 먼저, 영상을 피라미드의 해상도가 낮은 상위 단계로 분할하고 좋은 적합도를 가진 염색체의 개체군을 얻는다. 둘째, 해상도를 높인 다음 단계의 입력으로 앞 단계에서 얻은 염색체들을 사용하며, 더욱 세분화된 분할이 이루어지도록 염색체를 진화시킨다. 유전자 알고리즘의 적합함수는 각 영역의 균질성과 peakiness를 이용하여 정의하였다. 교차는 교차점을 중심으로 영상을 2분하여 서로 교환하는 1점 교환법을 사용하였으며, 돌연변이는 병합과 분할이 이루어지도록 설계하였다. 본 논문은 저 해상도에서 가능성(적합성)이 큰 유전자를 신속히 구한 후에 단계적으로 고 해상도에서 적합한 유전자로 진화시켜 나가는 방법으로 처음부터 최고 해상도에 유전자 알고리즘을 적용하는 종전의 방법보다 훨씬 더 효율적이며 유전자 알고리즘과 다단계 기법의 이상적인 결합이라 할 수 있다. 분할 결과에서도 타 알고리즘에 비하여 우수하거나 비슷한 결과를 얻었다.

Abstract In this paper, a novel image segmentation technique which combines the genetic algorithm and pyramid (multi-resolution) approach is presented. First, we segment an image at coarse (high) level of pyramid, and retain a population of chromosomes which have good fitness values. Second, we use these chromosomes as the input of the next level that has higher resolution, and they evolve to represent more detailed segmentation. The fitness function of the genetic algorithm is defined using uniformity and peakiness of each region. The cross-over process uses 1-point crossover which exchanges parts of two images each of which is divided into two parts. The mutation process takes merge and split process into account. Using low-resolution image at first, this method obtains chromosomes which have high fitness values. fast, then they are evolved into chromosomes with high fitness values for higher resolution image. Compared to conventional genetic segmentation, this method is much more effective. It is a clever combination of genetic algorithm and pyramid approach. Experiments show comparable or better results compared to other methods.

1. 서론

영상 분할(Image segmentation)은 주어진 영상에서 의미 있는 영역을 분리해 내는 과정을 말하며, 이 과정을 통해 얻어진 정보는 물체 인식 시스템의 상위 단계

에서 중요한 정보로 이용된다[1,2,4,9,10]. 영상분할의 특징들은 애매모호(ambiguity)하고 불완전한 성질을 가지기 때문에 영상 분할 문제를 불확실성(uncertainty)문제로 정의하고 있다. 이러한 불확실성의 문제를 풀기 위하여 여러 가지 최적화 도구가 사용되는데 최근에 와서 유전자 알고리즘을 이용한 연구가 활발히 진행되고 있다. 이 알고리즘은 국부 최적에 빠지는 것을 방지할 수 있으며 여러 탐색 공간에서의 탐색 및 탐색과정에서 얻어진 정보를 이용하여 복잡한 비선형 문제의 해를 찾을 수 있다[3,14].

[†] 비 회 원 : (주)아키스 연구원
topdog37@hanmail.net

^{**} 종신회원 : 경북대학교 컴퓨터과학과 교수
hsk@knu.ac.kr

논문접수 : 2000년 4월 3일
심사완료 : 2000년 9월 28일

유전자 알고리즘을 이용한 영상 분할 방법은 Bhanu, Lee, Ming[7]에 의해 처음으로 적용되었다. 이들은 유전자 알고리즘의 학습 기능을 이용하여 다양한 환경의 변화에 따른 영상을 분할하기 위한 최적의 분할 특징 값을 추출하였다. 이 방법에서의 문제점은 영상의 측정을 사람이 직접 분할한 영상과 비교하여 결정하였기 때문에 실제 응용 환경에서는 사용하기 어렵다.

최근에는 먼저 Clustering 방법을 이용하여 나온 결과를 가지고 Fuzzy 함수에 기반을 둔 유전자 알고리즘의 적합 함수를 이용하여 영상을 분할하는 방법이 있었지만[8,10], 그럴 경우 일차적으로 clustering을 수행할 때 사람이 직접 얼마의 크기로 Clustering을 수행할지를 결정해 주어야 하고 이 결과가 영상 분할에 막대한 영향을 미치는 한계가 있었다. Andrey[5,6]는 유전자 알고리즘을 이용하여 영상을 분할하는 방법을 제시하였는데 여기서는 텍스처어 영상과 자연영상을 모두 같은 방법으로 분할한 결과를 보여주지만 둘 다 신뢰성 없는 영상을 이용하여 결과를 보였고, 입력 영상 전체를 하나의 염색체로 표현하므로써 많은 계산 시간이 소요되는 문제점을 가지고 있다.

Levin과 Nazif[12]는 영상 분할 정도를 측정하는 일반적인 측정기준을 제안하였는데 이들은 영역의 동질성(uniformity), 영역 및 에지의 대조성(contrast), 에지의 연결성, 텍스처어 측정 등이다. 그러나 K.S. Fu, J.K. Mui, Y.J. Zhang[2,4,13]이 지적한 바와 같이 여러 측정 함수를 종합한 하나의 측정 기준은 제시하지 않았다.

본 연구에서는 유전자 알고리즘을 이용하여 특별한 결정 파라미터(threshold)없이 자율적으로 영상을 분할하였고, 다 해상도 방법을 통하여 계산 시간을 줄일 수 있었다. 유전자 알고리즘의 적합 함수는 영상 분할의 측정 기준 가운데 각 영역의 균질성 정도와 peakiness를 이용하여 정의하였다. 그리고, 다음 세대의 염색체를 선택하는 방법으로는 RWS(Roulette Wheel Sampling)와 Elitism 방법을 사용하였다. 교집하는 방법으로는 Single-point crossover 방법을 사용하였다. 돌연변이 과정에서는 돌연변이 확률에 의해 선택된 영역간의 인접 정도를 보고 병합과정을 수행하고 영역의 픽셀 분포를 보고 분할과정을 수행하였다.

2. 유전자 알고리즘

2.1 기본 개념

John Holland에 의해 제안된 유전자 알고리즘은 최적의 해를 찾는 도구로써 사용되고 있다. 기존의 임의 탐색 알고리즘은 탐색과정에서 얻어진 정보를 이용할

수 없지만 유전자 알고리즘은 탐색 과정의 정보를 이용하여 새로운 탐색에 참고하는 기능과 주어진 판단기준에 따라 해를 탐색하는 적응(adaptive) 기능을 가지고 있다. 유전자 알고리즘은 일종의 진화를 해나가면서 결과를 산출해 내는 방법이다.

이러한 알고리즘을 실제 응용하기 위해 해결해야 할 문제는 먼저 문제를 어떻게 염색체(chromosome)라는 데이터 구조로 전환하는가에 달려있다. 즉, 염색체내 인자의 종류와 개수 및 그 값의 범위를 결정하여야 한다. 그리고 주어진 문제를 효과적으로 풀 수 있도록 교집 염색체의 선택과 교집 방법, 돌연변이 방법 등을 결정해야 한다. 그리고 최적의 해를 판단하는 기준을 정하고 이를 적합 함수로 표현하여야 한다.

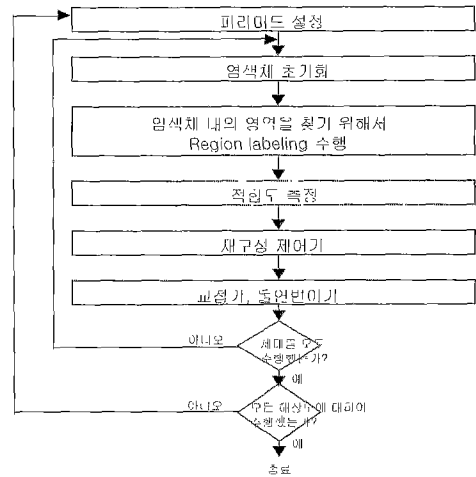


그림 1 제안한 방법의 처리과정

3. 영상 분할을 위한 유전자 알고리즘

본 절에서는 최적으로 분할된 영상 영역을 찾기 위하여 피라미드의 개념을 이용한 다 해상도 방법과 제안된 적합 함수와 영상 분할에 적합하도록 수정한 돌연변이기에 대하여 설명한다. 먼저, 제안한 방법의 처리과정은 그림1과 같다. 그리고 유전자 알고리즘을 이용하여 영상 분할을 하기 위한 염색체 구조는 그림2와 같고 염색체는 가능한 영역의 수 안에서 랜덤 하게 초기화된다. 만약 초기에 입력 영상을 5×5의 형태로 본다고 가정한다면 염색체를 초기화할 때 각 영역에는 0에서 24까지의 임의의 숫자가 할당될 것이다. 그리고 입력 영상의 크기가 160×160인 경우 한 블록의 크기는 32×32의 크기

r1	r1	r1	r2	r2
r1	r3	r3	r3	r2
r1	r1	r3	r2	r2
r5	r5	r5	r5	r5
r6	r6			

r1	r1	r1	r2	r1	r3	r3	r3	r2	r1	r3	r2	r5	r5	r5	r5	r6	r6	r7	r7
----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----

그림 2 염색체 구조

를 가지게 되고 블록 단위로 최적의 해를 찾아갈 것이다.

무작위로 할당된 영역의 값을 region labeling 방법으로 각각의 영역들을 구하고 이들 영역에 대한 적합도를 구하게 된다. 피라미드 방법을 이용하여 처음에는 큰 블록에 대하여 영상 분할을 수행하고 최적의 해를 찾으면 점점 해상도를 높여 가면서 세밀하게 영상을 분할하게 된다. 어떤 단계의 영상 분할에서 최적의 해에 도달하게 되면 모집단 중에서 우선 순위를 정하여 일부의 염색체 값을 다음 단계(해상도를 높인 단계)의 염색체의 초기 값으로 할당하여 영상을 분할하게 된다. 해상도를 높여 가는 정도는 하나의 영역을 2×2의 영역으로 세분화해 가면서 한 영역의 값을 2×2에 그대로 할당하여 다음 과정에서 이 값을 변화시켜 더 좋은 결과를 얻을 수 있도록 한다. 이 과정에서 구한 적합도는 영상내 각 영역들이 잘 결합 혹은 분할되었는지를 판단하는 기준이 된다.

3.1 피라미드

이미지 구조에서 피라미드는 전체 영상을 1/4로 줄여 가면서 최종적으로 하나의 블록으로 전체를 나타내는 방법으로 그림 3에서 4개의 블록에 대한 평균을 구하여

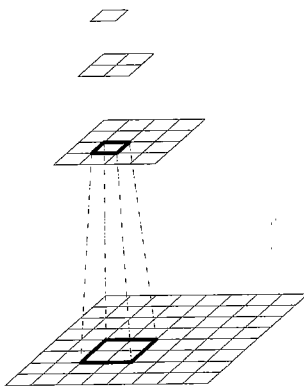


그림 3 피라미드 구조

상위의 한 블록의 값으로 치환하면서 피라미드 구조를 구성해 나간다. 반대로 전체 이미지를 하나의 블록으로 나타내었다가 해상도를 높여가며 블록 수는 늘어나며 최종적으로 한 블록이 한 픽셀이 되어 전체 이미지가 된다. 피라미드는 대강 처리한 결과를 이용하여 더 자세한 처리를 수행할 수 있을 때 유용하게 사용되며 본 논문에서는 한 단계의 처리 결과가 염색체를 통하여 다음 단계로 전달된다.

3.2 적합 함수

주어진 영상이 잘 분할되었는지를 측정하는 함수는 일반적으로 규정하기 어렵다. 그러나 지금까지 알려진 일반적인 영상분할의 척도를 이용하여 이 함수를 정의할 수 있다. Haralick과 Shapiro[1]는 효율적인 영상분할의 일반적인 기준을 다음과 같이 제시하고 있다. 첫째 분할된 각 영역들의 내부 성질, 즉 밝기 성분, 텍스츄어 등이 서로 비슷하고 일관성이 있어야 한다. 둘째 영역 내부의 구조가 간단하고 작은 구멍들이 존재하지 않아야 한다. 셋째 이웃하는 영역들간에는 확연히 구분되는 성질을 가져야 한다. 마지막으로 영역 경계의 기하적인 구조가 간단하며 에지들이 연속적이어야 한다. 본 논문에서는 이러한 조건을 이용하여 새로운 영상분할의 적합 함수로서 균질성과 peakiness를 정의한다.

3.2.1 균질성

균질성은 분할된 각 영역들의 내부 성질 즉, 밝기 성분, 텍스츄어 등이 서로 비슷하고 일관성이 있어야 한다는 것이다. 이러한 성질을 만족하려면 수치로 표현할 수 있는 분산을 균질성의 척도로 사용한다. 만약 이 영역이 같은 픽셀 값을 많이 가지는 영역이라면 분산의 값은 작은 값을 가질 것이다. 그리고, 모든 영역에 대한 분산의 합을 구하여 가장 작은 값을 가지는 것이 균질성을 잘 만족하는 분할이 된다. 영역 r의 분산을 U_r 라 하면 다음 식으로 구할 수 있다.

$$U_r = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (x_i - \bar{x})^2 \tag{1}$$

N은 각 영역에 해당하는 픽셀의 수를 말하고 U_r 의 값이 작아질수록 그 영역은 비슷한 픽셀들을 많이 포함하고 있으므로 U_r 의 값이 작아지는 방향으로 진화시켜야 한다.

3.2.2 peakiness

peakiness는 한 영역안의 픽셀 분포를 이용하여 영역이 얼마나 유사한 픽셀들로 이루어져 있는가를 측정하는 기준이다. 한 영역이 유사한 픽셀로 구성되어 있다면 그 영역에 대한 히스토그램은 뾰족한 모양이 될 것이고, 그 영역이 다양한 픽셀들로 이루어져 있다면 히스

토그래프의 모양은 완만한 형태를 보일 것이다. peakiness를 구하는 식은 다음과 같다. n은 각 영역에서 주어진 비율에 도달할 때 까지 확장하여 나간 수를 나타내고 그림4에서 A에 해당한다. $\sum_{r=1}^n a_r$ 은 각 영역이 주어진 비율에 도달할 때 해당하는 픽셀들의 수를 의미하며 그림 4에서 빗금친 부분의 면적에 해당한다. 이 값을 P_r 라고 표현하면

$$P_r = \frac{\sum_{r=1}^n a_r}{n} \quad (2)$$

만약 한 영역이 길거나 비슷한 픽셀로 구성되어 있다면 peakiness값은 높게 나올 것이고 아주 상이한 값들로 구성되어 있다면 peakiness값은 낮게 될 것이다. 그림 4에서 볼 수 있듯이 히스토그램을 그렸을 때 가장 높은 곳의 주위가 급한 형태의 모양을 보이고 있는데 이때 peakiness의 값은 좌측의 화살표로 볼 수 있듯이 그림 5의 peakiness보다 크게 나타난다.

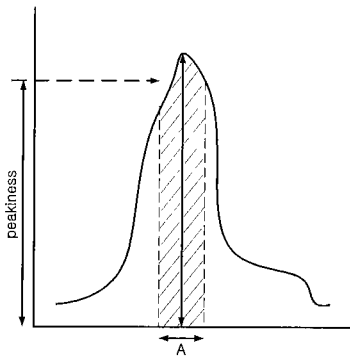


그림 4 peakiness가 좋은 경우

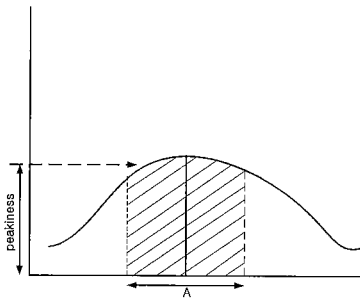


그림 5 peakiness가 좋지 않은 경우

peakiness값의 크기는 해당하는 픽셀의 총수를 밝기 값의 폭으로 나눈 것이므로 평균 높이의 의미가 있다.

결론적으로 한 영역은 비슷한 픽셀 값을 가지는 픽셀이 많이 존재하여야 한다. 이를 적합함수에 포함시킴으로써 유사한 픽셀들을 한 영역으로 분할시키는 유전자의 적합성을 높여준다.

3.2.3 적합함수

유전자 알고리즘에서 문제의 해를 찾는 기준은 바로 적합도 혹은 목적함수이다. 본 영상 분할을 위한 적합도는 영역의 분산 및 peakiness로 다음과 같이 정의한다.

$$F = U + \lambda P \quad (3)$$

F는 적합도 함수이고 서로 다른 성격의 값을 합하므로 상대적인 가중치 λ 를 주었고 실험에서 λ 의 값은 1로 하였다. 그리고 두 값을 모두 0에서 1의 값을 가지도록 정규화 하였다. 이때 U의 값은 모든 영역에 대한 분산 값의 합이 낮을수록 0에 가까운 값을 가지도록 수정하였다.

$$U = 1 - \left(\frac{1}{\sum_{r=1}^n u_r + 1} \right) \quad (4)$$

U에서 n은 각각의 염색체에서 영역의 수를 의미하고 r는 하나의 영역을 의미한다. u_r 는 각 영역의 균질성(uniformity)를 나타낸다. P의 값은 peakiness 값의 합이 높을수록 0에 가까운 값을 가지도록 수정하였다.

$$P = \frac{1}{\sum_{r=1}^n p_r + 1} \quad (5)$$

p_r 는 각 영역의 peakiness를 나타낸다. 최적의 영상 분할은 이 적합도를 최소로 하는 영역들의 구성으로 정의되며, 유전자 알고리즘에서 진화 과정을 통해 최소 적합도를 가지는 최적 염색체 구조를 찾는다.

3.3 제어기의 설계 및 동작

3.3.1 재구성 제어기

재구성 제어기는 한 세대에서 다음세대로 넘어갈 때 보다 적합도가 높은 개체를 많이 선택하는 것인데 본 논문에서는 Roulette Wheel Sampling(RWS)이라는 재구성 제어기와 Elitism 재구성 제어기를 같이 이용하여 빠르게 수렴하도록 하였다. RWS는 전체 모집단에 있는 각 개체의 적합도를 구하고 이들을 모두 합한 후 그 값으로 각 개체의 적합도를 나누어 상대적인 비를 구하게 하여 선택확률로 사용하는 방법이다. Elitism 방법은 모집단 전체 중에서 높은 적합도를 가지는 것들을 항상 유지하도록 하여 보다 빠르게 수렴할 수 있도록 도와준다. 우선, RWS를 이용하여 적합도가 높은 개체들을 선택하고 Elitism을 이용하여 선택된 개체들 중에서 가장 적합도가 높은 것을 구하여 이를 유지하도록 한다. 만

약, 다음세대에 RWS로 구한 개체들의 적합도가 이전 세대의 Elitism으로 구한 것과 비교하여 적합도가 적다면 이전 세대의 가장 적합도가 높은 염색체를 가져와서 유지한다.

3.3.2 교접기

교접기는 초기 진화를 주도하는데 two-point crossover, uniform crossover 등 여러 가지의 교접기가 있지만 영상 분할 측면에서는 모두 영상의 분할이나 결합의 기능을 수행하므로 가장 단순한 형태인 single-point crossover를 사용한다. 모집단 전체 중에서 교접 확률에 따라서 두 개의 개체가 선택되면 이들에 대해서 하나의 point를 임의로 선택하고 이를 기준으로 두 염색체를 point를 기준으로 서로 교환하여 진화를 유도한다. 이 과정을 거치고 나면 선택된 두 개의 부모에 대하여 새로운 두 개의 자식 개체가 생긴다. 이 과정을 그림으로 보면 그림 6과 같고 X로 표현한 부분이 교접 point이다.

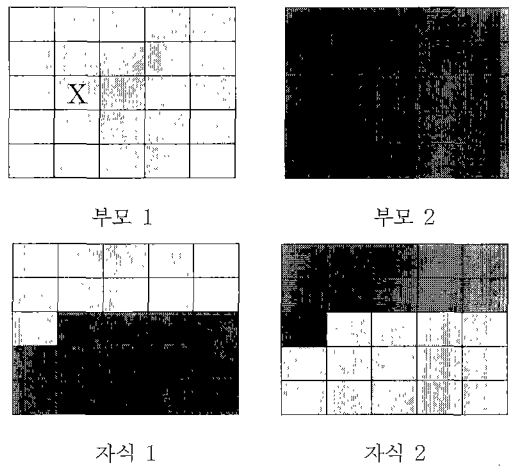


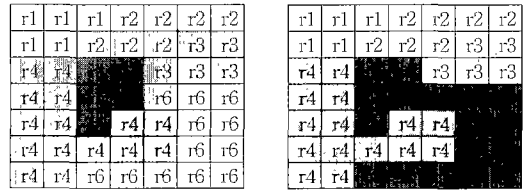
그림 6 single-point crossover의 예

3.3.3 돌연 변이기

돌연 변이기의 본래 목적은 국부 최적에 빠지는 것을 방지하는 것인데 본 논문에서는 영상 분할을 위하여 split/merge(분할/병합) 효과를 가지도록 돌연 변이기를 수정하였다. 영역간의 병합을 수행하기 위해서는 돌연변이 확률에 의하여 선택된 어떤 영역의 이웃에 있는 영역들과의 인접성을 비교하여 가장 인접성이 높은 영역의 label값을 그 영역의 영역 label값으로 할당한다. 영역간의 인접성 정도는 그 영역의 평균 밝기 값을 구하고 이 값을 이웃한 영역들의 밝기 값과 비교하여 그 차

이가 가장 적은 것을 인접성이 가장 좋다고 평가한다.

이때 가장 작은 밝기 차이를 가지는 이웃이라도 영역간의 평균 밝기 차이가 너무 클 경우 결합하지 않게 하여 잘못된 결과가 발생하는 것을 방지할 수 있다. 영역 결합 과정은 그림 7과 같다.



(a) 결합하기 전 (b) 결합한 후

그림 7 영역 결합의 예



그림 8 유전자 알고리즘을 이용한 Lena와 Pepper영상의 분할 결과

돌연변이 확률에 의하여 5번 영역이 선택되었을 때 5번 영역의 이웃 중에서 가장 유사한 값을 가지는 영역을 구한 결과 6번 영역의 값이 가장 유사한 값으로 판명되면 6번 영역의 영역 값을 5번 영역의 영역 값으로 바꾸어 주어 영역간의 병합 효과를 볼 수 있다. 돌연 변

이기 에서 분할 과정은 돌연변이 확률에 의하여 선택된 영역을 검사하여 영역안에 다른 평균 밝기 값을 가진 것에 새로운 영역 값을 할당하게 하여 다양한 모양으로 분할되는 결과를 볼 수 있다.

4. 컴퓨터 모의실험

제안한 방법을 이용하여 lena, Pepper 영상에 적용한 결과와 에지 영상은 그림 8과 같다.

본 논문에서는 크기가 160×160인 흑백영상을 입력으로 사용하였다. 실험 조건은 개체의 크기를 50으로 하였고, 세대수는 50, 교집기 확률은 0.95, 돌연변이기의 확률은 0.4, peakiness의 확률은 80%로 하여 실험하였다. 그림 9는 세대별 적합 함수의 수렴 정도를 보여주고 있다.

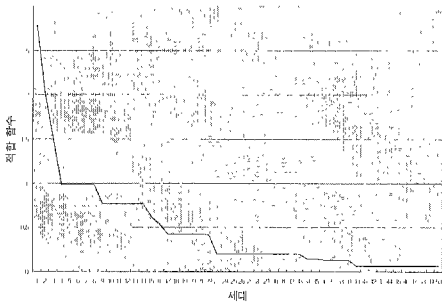


그림 9 수렴 그래프



그림 10 Lena 영상에 대하여 유전자 알고리즘, K-means, Split/Merge를 적용한 결과

4.1 다른 분할 방법과 비교

Lena 영상을 제안한 방법과 K-means, Split/Merge를 적용한 결과는 그림 10와 같다.

그림 11은 피라미드의 각 해상도에 따른 진행 상태를 보여주고 있다. 먼저, 입력 영상을 블록의 수가 5×5인 형태로 크게 분할한다. 이때 한 블록의 크기는 32×32이 되고 블록의 개수는 25개이다. 낮은 해상도의 결과

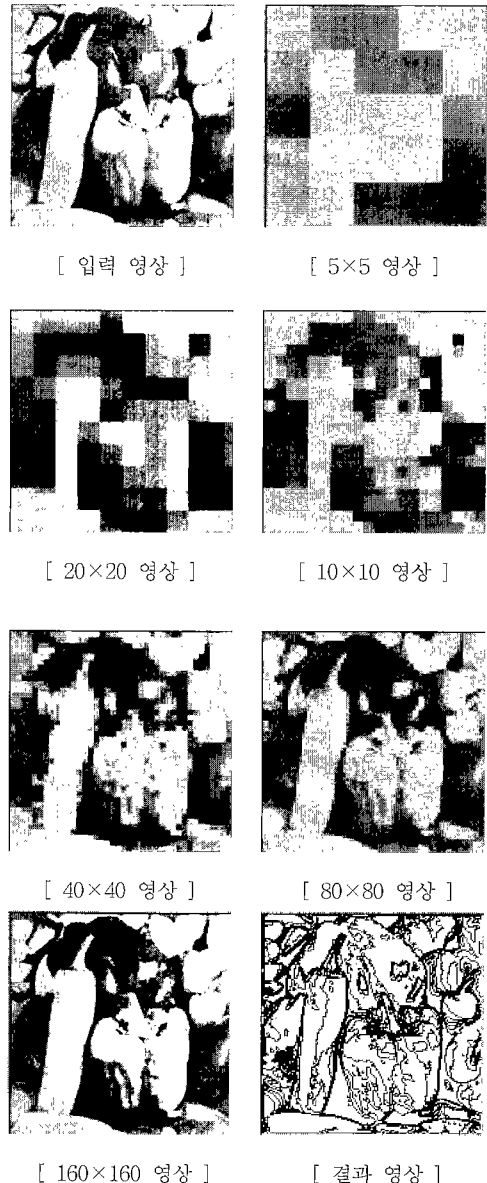


그림 11 피라미드의 resolution에 대한 각각의 결과

를 다음 해상도를 높일때 검색체 일부를 영상 분할의 적합도에 따라 순위를 매겨 다음 단계의 입력으로 사용하였고 점차 해상도를 높여가면서 최종적으로 한 블록이 한 픽셀이 될 때까지 수행하여 최종적 분할 결과를 얻고 이것에 대한 에지를 구하였다.

[5,6,8]의 유전자를 이용한 영상분할 방법들과 비교하면 이들은 입력 이미지 전체를 검색체로 표현하여 영상을 분할하는 방법이고 이 경우 많은 시간이 걸린다. 그들 논문에는 시간에 대한 결과가 안나와 있어 직접적으로 비교 할 수 없어 본 논문에서 피라미드 개념을 사용하지 않고 얻은 결과와 피라미드 개념을 사용한 결과를 비교하였다. 아래 그림의 결과를 얻는데 피라미드를 사용했을 경우에 대하여 피라미드를 사용하지 않았을 경우 3.5배의 시간이 소요되었다. 결과도 피라미드를 사용한 것이 좋은 것을 알 수 있다.

최근 발표된 영상 분할 방법[11]과 제안한 방법을 비교하면 제안한 방법은 영역수가 1376이고 평가합수 값은 51121이다. [11]방법은 영역수가 1489이고, 평가합수 값은 63749으로 제안된 방법이 그 기준에서 더 좋은 결과를 보였다. 영상에 대한 실험 결과는 그림 13에 있다.

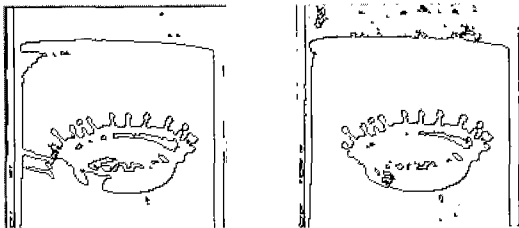


그림 12 다단계를 사용한 경우와 안한 경우의 비교

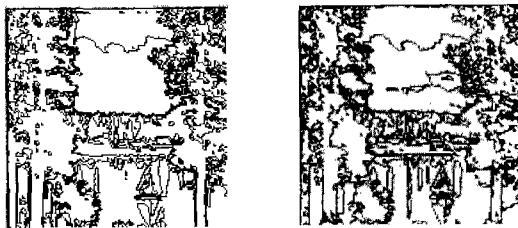


그림 13 제안된 방법과 [11]의 결과 비교

4.2 결과 분석

제안한 방법의 결과를 K-means, Split/Merge 방법과 비교한다.[1,2] 비교방법은 영역수와 평가 합수를 이

표 1 실험영상을 유전자 알고리즘, Split/Merge, K-means에 적용한 결과의 영역수와 성능 평가합수 값

	제안한 방법		K-means		Split/Merge	
	영역수	평가합수	영역수	평가합수	영역수	평가합수
Lena	1302	51121	643	83884	4412	93379
il	579	36563	187	44868	2327	67815
Pepper	1585	42032	1133	58766	3242	103195
Sailboat	1376	96458	811	148400	3361	187283
Sexy	1056	23617	735	26009	3118	34957
Trec	1823	54141	1302	73265	4372	92836
Crown	206	108059	106	147288	1178	173690
Cup	394	28301	147	32365	1734	69927
Hand	559	25382	174	29238	2414	32816
Cylinder	607	43910	107	50973	2126	83594

용한다. 평가 합수는 영역들의 분산의 합을 구하여 비교하였다. 평가 합수로 분산을 비교한 이유는 각 영역이 유사한 픽셀 값들로 잘 분할되어 있다면 분산의 값은 적게 나올 것이기 때문이다. 표1을 보면 영역수에서 K-means 보다는 많고 Split/Merge보다는 적은 값을 가졌다. 영역수만 본다면 좋은 결과라고 할 수 없지만 영역의 균일성에서는 가장 좋은 값을 가지므로 다른 방법과 비교했을 때 더 균일하게 분할된다는 것을 알 수 있다. 향후 과제로는 유전자 알고리즘의 적합 함수를 개선하여 더 정확한 영상 분할 결과를 얻을 수 있도록 하는 것이다.

5. 결론

최근의 유전자 알고리즘을 이용한 영상 분할의 방법을 보면 대개 먼저 Clustering을 수행한 후 그 결과를 이용하여 영상을 분할하거나 입력 영상 전체를 검색체로 표현하여 영상을 분할하는 방법이 있다. 먼저 Clustering을 수행한 후 영상 분할을 할 경우 사용자가 몇 개로 Clustering 할 것인지를 주어야 한다는 단점이 있고 영상 전체를 검색체로 표현할 경우 많은 계산 시간이 소요된다. 이런 문제를 해결하기 위하여 유전자 알고리즘과 피라미드를 이용하여 영상 분할을 수행하였다. 저해상도에서 가능성(적합성)이 큰 유전자를 빨리 구한 후에 점점 고해상도에서도 적합한 유전자로 진화시키는 방법으로 처음부터 유전자 알고리즘을 적용한 것보다 좋은 유전자를 빨리 발견할 수 있다.

본 논문에서 제시한 적합 함수는 영역의 균질성 정도, 영역의 peakiness를 가지고 정의하였다. 이 적합 함수는 영상분할의 결과가 어느 시점에서 수렴하는 성질을 가

시계 함으로써 별도의 정지 조건을 고려하지 않아도 되는 자율적 영상분할의 장점이 있다. 하지만, 유전자 알고리즘 자체가 많은 계산량을 요구하여 본 논문의 경우에도 영상에 대한 영상 분할의 시간이 너무 많이 소요되므로 아직 개선의 여지가 많다. 향후 과제로는 labeling을 생략할 수 있는 보조 자료 구조나 histogramming을 incremental로 할 수 있는 보조 자료 구조를 생각할 수 있다.

참 고 문 헌

- [1] R.M. Haralick and L.G. Shapiro, "Image segmentation techniques," Computer Vision, Graphics, and Image Processing, Vol 29, pp. 100-132, 1985.
- [2] K.S. Fu and J.K. Mui, "A Survey on image segmentation," Pattern Recognition. Vol 13, pp. 3-16, 1981.
- [3] D.E. Goldberg, Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning, Addison Wesley, Reading, MA. 1989.
- [4] Y.J. Zhang, "A survey on evaluation methods for image segmentation," Pattern Recognition Vol 29, No. 8, pp. 1335-1346, 1996.
- [5] P. Andrey, P. Tarroux, "Unsupervised image segmentation using a distributed genetic algorithm," Pattern Recognition, Vol 30, No 7. pp. 659-673, 1994.
- [6] Philippe Andrey, "Selectionist relaxation : genetic algorithms applied to image segmentation," Image and Vision Computing, Vol. 17, pp. 175-187, 1999.
- [7] Bir Bhanu, Sungkee Lee, John Ming "Adaptive Image Segmentation Using a Genetic Algorithm," Transactions on systems, man, and cybernetics, Vol. 25, No 12, pp. 1543-1567, 1995.
- [8] DAE N. CHUN, HYUN S. YANG, "Robust Image Segmentation Using Genetic Algorithm With a Fuzzy Measure," Pattern Recognition, Vol 29, No 7, pp. 1195-1211, 1996.
- [9] Rafael G. Gonzalez, Richard E. Woods, Digital Image Processing, Addison Wesley, 1992
- [10] T. L. Huntsberger, C. L. Jacobs and R. L. Cannon, "Iterative Fuzzy Image Segmentation," Pattern Recog., vol. 18, no.2, pp. 131-138, 1985.
- [11] Ronald W. Schafer, Victor Maojo, "Image segmentation using intraregion averaging techniques," Optical Engineers, Vol 37, No 11, pp. 2926-2936, 1998.
- [12] Martin D. Levine, Ahmed M. Nazif, "Dynamic measurement of computer generated image segmentation," PAMI, Vol 7, pp. 155-164, March

1985.

- [13] Y. J. ZHANG, "A Survey on evaluation methods for image segmentation," Pattern recognition, Vol 9, No 8, pp 1335-1346, 1996.
- [14] Zbigniew Michalewicz, Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs, Springer, 1992.



오 재 승

1997년 경일대학교 전자계산학과 학사.
2000년 경북대학교 컴퓨터학과 석사.
2000년 ~ 현재 (주)아키스 연구원. 관심 분야는 유전자 알고리즘, 컴퓨터 비전 등 임.

김 황 수

정보과학회논문지: 소프트웨어 및 응용
제 27 권 제 9 호 참조