

얼굴인식을 위한 특징 추출 및 정합 알고리즘에 관한 연구

A Study on the Feature Extraction and Matching Algorithm for a Face Recognition

김윤수, 류정식, 김준식

Youn-Soo Kim, Jeong-Sig Ryu, Joon-Seek Kim

요약

본 논문에서는 보안시스템에 적용할 수 있는 얼굴인식 알고리즘을 제안하였다. 얼굴인식을 위해 기존에는 얼굴특징의 거리와 각도를 이용하는데 반해, 제안한 방법에서는 명암영상을 직접적인 입력으로 사용하고, 기준영상과 입력영상의 두 염색체를 비교하여 적용도가 가장 좋은 개체를 선택하는 유전자 알고리즘을 사용하였고, 모의실험을 통해 성능을 검증하였다.

ABSTRACT

In this paper, we proposed the face recognition algorithm which can be used for a security system. The distance and angle of the face features are used in the conventional method, but the proposed method used the genetic algorithm which selects image to best fit the input image in the database images. The performance of proposed algorithm is verified through the simulation. The results of proposed method show good performance.

Key words: 얼굴인식, 유전자 알고리즘, 특징추출, 정합 알고리즘

I. 서론

사회가 선진화되면서 자신의 재산 및 인권을 보호하려는 현상이 늘어나고 있다. 이런 현상에 가장 부합되는 것이 바로 보안 시스템이다. 보안의 한 방법으로 생체인식방법에 의한 여러 가지 형태의 구현이 시도되고 있는데, 열쇠나 비밀번호 등은 유출이나 분실이 가능하지만, 생체인식은 사용자 자신의 신체를 사용하므로 유출이나 분실이 거의 불가능한 방법이다. 생체인식의 종류로는 지문, 손바닥 영상, 얼굴, 홍채, 망막, 손등의 정맥, DNA 등의 방법들이 있다. 이 중 얼굴 인식 시스템은 다른 인식 시스템보다 사용자 편의를 생각할 수 있는 구조로서, 카메라를 잠시 쳐다보는 것만으로 모든 인식작업을 수행한다[1, 2].

얼굴인식에 관한 연구들을 살펴보면, 1973년 일본에서 본격적인 연구가 시작되었으나 구체적인 결과를 얻지 못하여 뚜렷한 주목을 받지 못하다가 1990년에 들어서면서 개인용 컴퓨터의 보급과 컴퓨터 영상정보의 비약적인 발전에 힘입어 컴퓨터 비전 분야의 핵심 연구 분야로 자리잡아 왔다.

기존의 연구들을 크게 나누면 holistic template matching 기법과 local feature extraction 기법으로 나눌 수 있으며, holistic template matching 기법은 계산속도도 빠르고 모델 DB의 크기도 매우 작아서 상품화하기에 용이하나, 모든 얼굴영상이 잘 조절된 조명 하에서 이상적으로 정렬시킨 후 학습되어야 한다는 제약이 있다. 한편, 국부적 특징을 이용하는 방법은 회전이나 얼굴표정의 변화

에도 비교적 정확한 인식이 가능하다[3].

II. 전체 시스템 구성

그림 1은 유전자 알고리즘을 이용하여 실제 대상자를 선택하는 얼굴인식 시스템의 구성도이다. 본 논문에서 제안하는 알고리즘은 얼굴의 특징 중에서 눈, 코, 입의 거리와 각도를 이용하여 1차 후보인물을 선택한다. 1차 후보들의 얼굴 특징을 기본 영상으로 하고 입력 조건 영상에 대해 염색체를 구성하고 만들어진 염색체를 비교하여 적용도가 높은 유전자를 가진 영상을 동일 인물로 판단하는 유전자 알고리즘을 이용하여 최종인물을 찾아내는 방법이 본 논문의 요지이다.

전처리 과정에서는 이진화 과정, 윤곽선 추출(edge detection) 과정, 라벨링(labeling) 과정 등으로 구분된다. 이 과정들은 모두 얼굴영상 각 특징을 찾기 위해서 각 부분을 구분 짓는 기능을 한다. 이진화 수행을 위한 임계 값은 비교적 높은 값으로 적은 특징만이 남도록 하고, 윤곽선 추출을 위한 bitplane slicing은 최상위 비트(MSB)만을 선택하여 이진화한 후 윤곽선을 추출한다. 이를 더하면 얼굴의 윤곽선을 가지면서, 특징만을 보여주는 영상을 만들 수 있다. 이 영상을 이용하여 눈, 코, 입의 특징을 찾아내고, 저장되어 있던 영상에서 일차 후보를 선택한다. 찾아낸 특징에서 입력영상과 데이터영상에 동일한 조건을 이용하여 일정영역을 선택한 후 여러 가지 유전자화 된 방

법을 사용하여 비교한 후 가장 적응도가 높은 값을 데이터 영상끼리 비교하여 최적의 데이터를 찾는다.

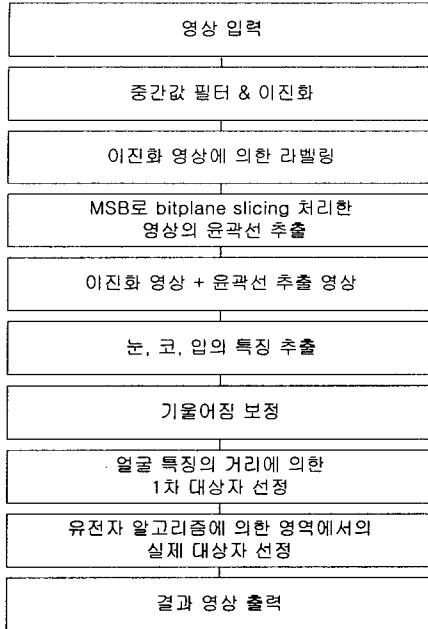


그림 1. 얼굴인식 시스템의 구성도

Fig. 1 The flowchart of the face recognition system

III. 전처리(Preprocessing)

전처리 과정으로 잡음제거를 위해 중간값 필터(median filter)를 사용한 후, 이진화 과정을 거치고 라벨링 작업을 수행한다.

이진화 과정중 높은 임계값을 사용했을 경우 그림 2(a)와 같이 동일 영역이 떨어져 나타나는 경우가 있을 수 있다. 이러한 영역들은 라벨링 과정에서 일정거리 이내의 영역은 그림 2(b)와 같이 같은 영역으로 처리해 준다.

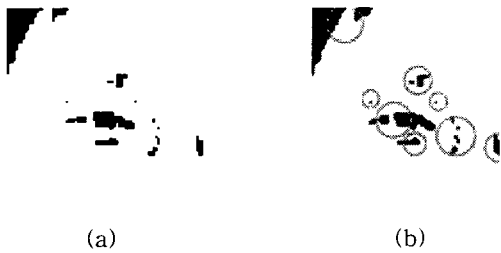


그림 2. 라벨링 결과
(a) 이진화 영상 (b) 라벨링 영상

Fig. 2 The result of labeling

(a) binary image (b) labeling image

1. 윤곽선 추출(edge detection)

윤곽선 추출을 위해서 이진화 과정과 같은 bitplane slicing을 사용하여 최상위 비트로 판단하여 이진화를 수행하였고, 이 영상을 이용하여 윤곽선을 추출하였다. 이

과정에서 발생할 수 있는 효과로 최상위 비트만을 추출하게 되면 일반적으로 인물의 전체적인 형상과 배경의 두 부분의 형태로 그림 3(a)와 같이 나타나게 되고, 이를 이용하여 그림 3(b)와 같이 인물의 윤곽을 추출할 수 있다.

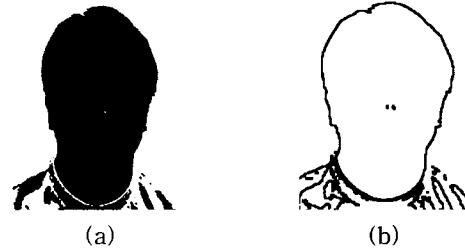


그림 3. 윤곽선 추출 결과

(a) MSB 영상 (b) (a)의 윤곽선 추출영상

Fig. 3 The result of edge detection

(a) MSB image (b) the edge detection image of (a)

2. 얼굴 특징 추출(Facial Feature Extraction)

윤곽선 추출 영상과 이진화에서 얻은 영상을 더하여 얼굴의 윤곽과 특징이 동시에 나타나도록 하여 얼굴 특징 영역이 잘 나타나도록 한다.

얼굴특징의 분리작업을 수행하기 전에 알아야 할 사항으로 그림 4에서 볼 수 있듯이 일반적 인물의 특징으로 양눈의 거리를 기준거리 1.0d라고 하였을 때, 눈에서 코까지의 거리는 0.78d, 눈에서 입까지의 거리는 1.12d, 눈에서 눈썹까지의 거리는 0.3d로 정규화 할 수 있다. 눈과 입의 각도는 63.2°이고, 눈과 코의 각도는 49°이다. 이 조건은 다음 제한 조건이 적용된 후 각 라벨을 찾아내는데 사용된다[4].

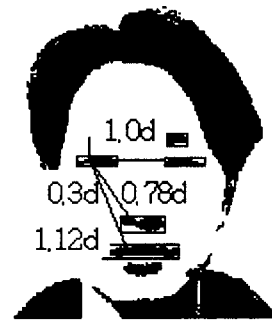


그림 4. 얼굴 특징의 추출 영상

Fig. 4 The extraction image of facial feature

검색을 수행하는데 필요한 시간을 단축시키고, 다른 잡음이 생길 경우를 대비하여 눈, 코, 입의 라벨을 구성하는 유효화소의 개수를 50~500개로, 양눈의 후보 라벨의 각도는 45°~45°이내로 조건을 주어 라벨의 개수를 필요한 만큼으로 줄였다.

3. 무게중심

얼굴 특징 영역의 크기는 매번 입력할 때마다 달라질 수 있기 때문에 얼굴 특징영역간 거리를 구하기 위해서는 상대적으로 일정한 거리를 찾아야 한다. 이 거리계산을 위해 특징영역의 좌표는 무게중심 좌표를 이용한다.

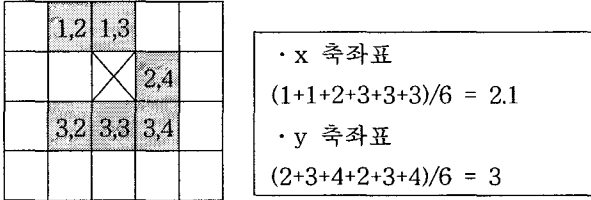


그림 5. 무게중심
Fig. 5 The center of gravity

무게중심은 유효 값을 가지고 있는 좌표의 값을 모두 더한 다음 그 좌표 값을 유효화소의 개수로 나누어 나타나는 결과가 무게중심이고, 이는 x축과 y축을 동시에 적용하여 실제 좌표를 얻는다. (2.1, 3)이라는 결과가 그림 5에서 보여주는 무게중심이다.

3. 기울어짐 보정

추출한 얼굴영역은 바른 자세에서 입력받은 영상이라 할지라도 조금씩 기울어지는 경우가 발생한다. 그림 6(c)와 같이 기울어짐을 보정하여 비교적 일관된 상태에서 유전자 알고리즘을 적용하여 보다 정확한 계산을 하도록 한다.

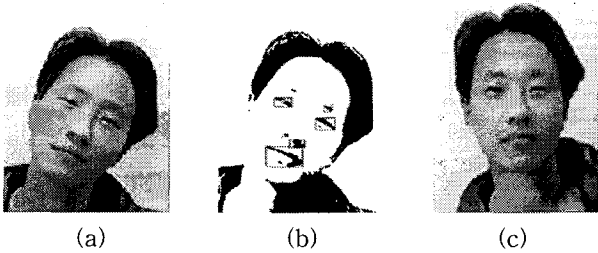


그림 6. 기울어짐 보정
(a) 원영상 (b) 얼굴특징 추출영상 (c) 보정영상

Fig. 6 The revision of incline

(a) original image (b) facial feature extraction image (c) revision image

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

그림 6에서는 식 (1)에서 계산된 좌측과 우측 눈의 무게중심인 (x_1, y_1) (x_2, y_2) 값을 기준으로 구한 각도로 기울어진 얼굴영역을 정면영상으로 보정하였다.

4. 특징 영역간의 정보추출

그림 7에서 보는 것처럼 얼굴 특징영역의 거리는 10가지로 대상을 정하였다.

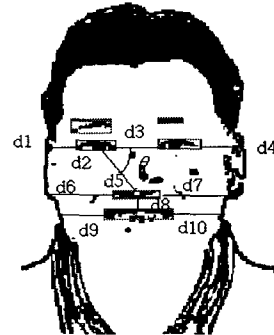


그림 7. 얼굴특징의 거리와 각도
Fig. 7 The distance and angle of facial features

표 1과 같이 사용된 10가지 거리와 1가지 각도 중에서 d2, d3, d5, d8과 delta를 1차 검색에 사용하고, d1, d4, d6, d7, d9, d10의 6가지 거리로 머리의 방향성분을 알 수 있다.

표 1. 특징 성분의 거리

Table 1. The Distance of feature ingredient

변수 명	내 용
d1	좌측 눈에서 윤곽까지의 거리
d2	좌측 눈의 가로길이
d3	좌, 우측 눈의 거리
d4	우측 눈에서 윤곽까지의 거리
d5	좌측 눈에서 코까지의 거리
d6	코에서 좌측윤곽까지의 거리
d7	코에서 우측윤곽까지의 거리
d8	코에서 입까지의 거리
d9	입에서 좌측윤곽까지의 거리
d10	입에서 우측윤곽까지의 거리
delta	눈에서 코까지의 각도

IV. 유전자 알고리즘

유전자 알고리즘(Genetic Algorithm: GA)은 1970년대에 Holland[5]에 의해 제안되었고, 생물의 진화과정을 모의한 최적화 탐색 알고리즘의 일종이다.

유전자 알고리즘은 사용자가 지정하는 '0'과 '1'의 특정한 형태의 구조를 만들며, 이것을 나열해 만든 것이 염색체(chromosome)로 표현된다. 이 염색체를 평가하는 방법으로 적응도를 계산한다. 대체로 적응도가 높은 염색체가 살아남고, 그렇지 못한 염색체는 도태되어 가는 것을 반복하여 최후에 가장 좋은 염색체를 남기는 것이 유전자 알고리즘의 기본이다.

1. 염색체(Chromosome)

염색체는 유전자 알고리즘을 적용하는 방법에 따라 다

르게 구성된다. 본 논문에서는 입력되는 특징영상에 대해 위치와 크기에 따른 염색체를 만들었고, 그림 8과 같이 설정하였다. 염색체는 유전자 알고리즘을 적용하는데 있어서 교배, 돌연변이 특성을 적용시키는데 가장 핵심적인 부분이다. 이 염색체의 구성으로 각 노드는 X와 Y의 Offset 좌표와 Size, 그리고 적응도(fitness)로 구성된다.

영상ID	Offset X	Offset Y	Size X	Size Y	F
------	----------	----------	--------	--------	---

- 영상ID: 저장영상 인물을 구별하기 위한 ID, 4 bits로 설정
- Offset X, Y: 입력영상의 위치를 X, Y 만큼 이동시켜 준다. 눈, 코, 입으로 설정된 영역을 고려하여 5 bits로 설정
- Size X, Y: 입력영상의 크기를 X, Y에서 설정한 크기 만큼 늘이거나 줄여준다. 3 bits로 설정
- F: 적응도를 계산한 결과 값을 각 유전자가 갖고 있도록 하는 부분으로 12 bits를 사용한다.

그림 8. 염색체 구조

Fig. 8 Chromosome structure

구성된 염색체는 영상의 형태에 대한 유전자의 구성이 아니고, 입력영상과 저장영상의 비교 위치 및 조건에 대한 방법이며, 이 과정에서 최적의 상태에서의 적응도를 비교하여 평가한다.

2. 적응도(Fitness)

적응도는 각 염색체에 대해 정해진 함수의 계산 결과에 의해 선택(도태)을 하는데 직접적으로 사용된다. 입력영상과 저장영상의 명암 값을 직접 비교 사용하기 때문에 100% 정확하게 일치하기 어렵다. 그러므로 입력영상과 저장영상의 차이를 나타내는 가장 좋은 방법으로 표준편차 값을 계산하여 적응도로 사용하도록 하였다. 그리고 표준편차 값은 적은 값이 더 잘 정합되는 것이므로 적은 값이 적응도가 높은 것으로 정하였다.

$$F(i) = \sqrt{\Sigma(S_i - I_i)^2} / N \quad (2)$$

식 (2)에서 S_i 는 저장영상이고 I_i 는 입력영상, N 은 저장영상과 입력영상의 겹치는 화소의 수로써 각 화소의 차이 값으로 편차를 내는 방법을 표현하고 있다.

3. 재생산(Reproduce)

세대를 넘기면서 여러 가지 염색체는 없어지고, 여러 연산을 통해 새롭게 염색체들이 만들어지는 작업을 한다. 이를 재생산(reproduce)이라 부른다. 재생산의 방법에는 정렬된 개체를 순위대로 선택하는 순위적 선택법, 교배될

개체의 이웃을 선택하는 국부적 선택법, 일정개수 이상만 선택하는 절단적 선택법 등의 여러 가지 방법이 있다[6]. 본 논문에서 사용된 재생산 방법에는 순위적 선택법을 사용하였으며, 재생산 과정에서 20%는 선택연산을, 70%는 교배연산을, 나머지 10%는 돌연변이연산을 수행하였다.

4. 교배, 교차(Crossover)

적응도 최상위 20%는 선택연산을 수행한 후, 다음의 70% 염색체에 대해 한쌍 단위로 교배연산을 수행한다. 이 연산은 염색체의 일부를 교환하여 이전염색체와 비슷한 값으로 새 염색체를 만드는 연산이다. 선택연산의 염색체에서 더욱 최적화 적응도를 가진 염색체를 찾아내기 위한 방법이다. 그림 9의 단순 교배는 네 번째와 다섯 번째 유전자의 사이에 교배 위치를 설정하고, 개체 A의 염색체 MSB에서부터 네 번째까지와 개체 B의 다섯 번째에서 LSB까지의 유전자가 새로운 개체의 유전자가 되거나, 그 반대가 다른 새로운 개체의 유전자가 된다. 그림 10의 복수점 교배는 교차 위치가 3에서 5라는 조건을 주면 새로운 개체 중 하나는 그림 10에서 음영을 나타내는 부분이고, 나머지부분을 하나로 묶어 새로운 개체의 유전자가 만들어진다.

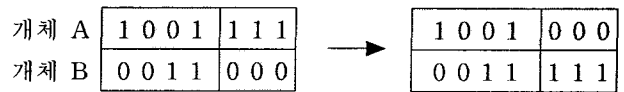


그림 9. 단순 교배

Fig. 9 Simple crossover

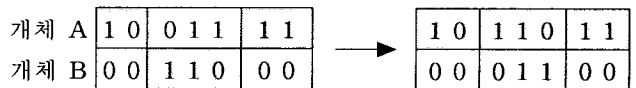


그림 10. 복수점 교배

Fig. 10 Plural crossover

5. 돌연변이(Mutation)

돌연변이는 유전자를 정해 놓은 확률에 의해 탐색 범위 측면에서 보면 큰 폭의 변화를 하는 조작이다. 교배는 최상위 비트의 변화는 시키지 않기 때문에 큰 폭의 변화가 필요할 때에 돌연변이로서 상위비트를 변화시켜 처리한다.

본 논문에서는 교차의 결과, 만들어진 두 개체의 근사도를 해밍거리로 측정하고, 거리가 가까울수록 높은 변이율로 하는 적응변이 기법을 사용하였다. 이것은 집단 중에서 유전자형의 다양성을 확보하고, 가능한 한 넓은 해 공간을 탐색하기 위해서이다.

V. 알고리즘 구현 및 결과

1. 모의실험 환경

실험을 위해서 대증화된 디지털 카메라로 640×480 크기의 영상을 입력받아 사용하였고, 최적의 상태에서 영상을 구하기 위해 인물의 배경은 흰색의 바탕이 있는 곳에서 영상을 취득하였다. 모의실험은 Pentium-II 400 PC와 Visual C++, Matlab등을 사용하여 실험하였다.

실험에서는 50명의 기준영상을 만들어 사용하였으며, 그 중에서 그림 11(a), (b), (c)의 세 개의 기준영상에 대한 실험결과를 논문에 나타내었으며, 그림 11(d)는 입력으로 사용한 영상이다.

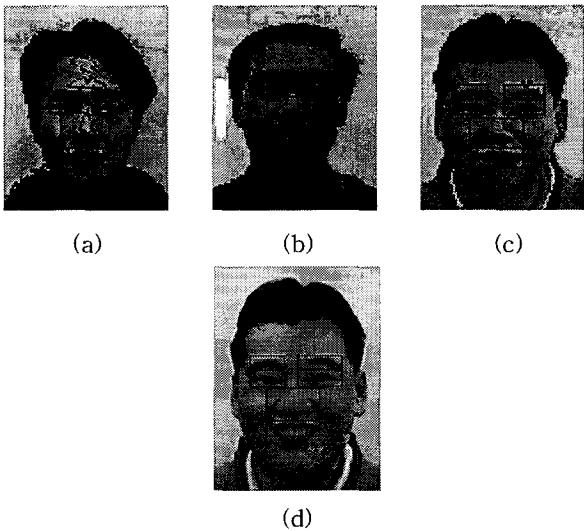


그림 11. 기준영상과 입력영상

(a) 기준영상1 (b) 기준영상2 (c) 기준영상3 (d) 입력영상
 Fig. 11 Original images and input image
 (a) reference image1 (b) reference image2
 (c) reference image3 (d) input image

2. 구현 및 결과

얼굴영상으로부터 특징영역을 추출하고, 각각의 거리와 각도를 계산한 다음 입력영상에서 얻은 특징영역과 기준영상에 저장된 특징영역을 유전자 알고리즘을 적용하여 적용도를 계산한다. 유전자에 의해 개체가 생성되므로 각각의 유전자를 교배와 돌연변이로 변화시키면서 새로운 개체를 생성하면서 원하는 세대까지 진행된 후 결과를 출력한다. 유전자 알고리즘을 적용하는 부분은 눈, 코, 입의 특징영역에 대해서 유전자 내부의 Offset과 Size 위치에 대해 돌연변이와 교배를 사용하여 재생산을 수행하였다.

그림 12는 최상위 비트를 이용하여 bitplane slicing 후 윤곽선을 추출한 영상을 보여주고 있다.

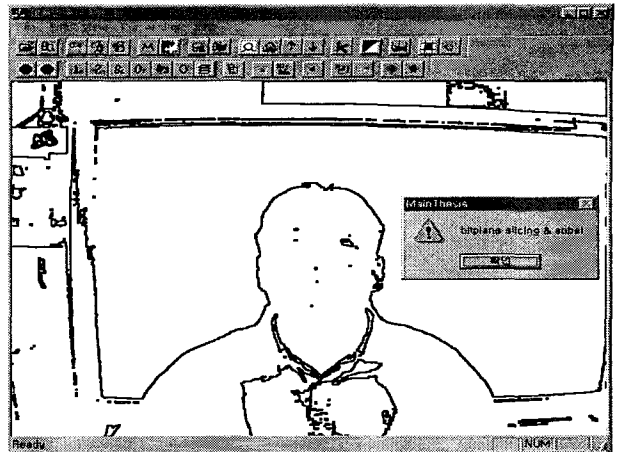


그림 12. Bitplane slicing 후 윤곽선 추출 결과영상
 Fig. 12 The edge detection result image after bitplane slicing



그림 13. 이진화 후 라벨링의 결과 영상
 Fig. 13 The result image of labeling after binary



그림 14. 비트 OR 연산한 결과 영상
 Fig. 14 The result image of bit OR operation

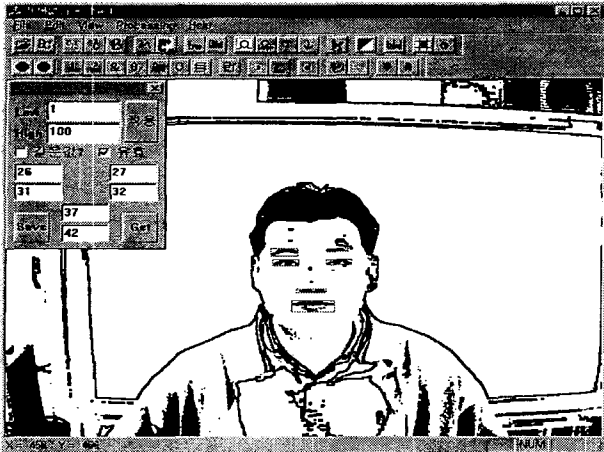


그림 15. 얼굴특징을 추출한 결과 영상

Fig. 15 The result image of facial feature extraction

그림 13은 임계 값을 40으로 주고 이진화 처리한 후 라벨링을 수행한 결과 영상이고, 그림 14는 그림 12와 그림 13을 비트 OR 연산을 수행한 결과 영상이다. 그림 15는 얼굴특징 영역을 추출한 결과 영상이다. 데이터베이스에 한 인물에 대해 저장되는 내용은 1차 검색을 위해서 사용되는 거리와 각도, 그리고 기준영상으로 사용될 영상 정보로 구성하였다.

표 2. 염색체 배열

Table 2. Chromosome arrange

ID	Offset		Size		Fitness
	X	Y	X	Y	
0010	00000	10101	010	010	011011010100
0010	10100	00101	001	010	011101000110
0010	10010	00000	010	001	010011111110
0100	00011	00111	010	010	011101110110
0100	01000	11001	010	110	100100110110
0100	10111	10100	100	010	011100110011
0110	10011	11000	010	010	011101010000
0110	00111	00011	011	001	011101111010
0110	00010	00011	010	001	010111101000

실험에서는 인구수를 50으로 설정하여 만들었지만, 표 2는 그 중에 3개만을 추출해 실제 데이터의 저장형태만을 보여주고 있다. ID는 실제 인물의 ID를 의미한다. 표 2에서 가장 근접한 사람의 ID가 바로 0010의 인물인데 이는 그림 11(c) 영상의 인물이고, (a)와 (b)의 인물이 각각 0100과 0110의 ID를 가진 인물이다. ID가 0010인 기준영상에 입력영상을 X축으로 10010만큼, Y축으로 00000만큼 이동시키고, 크기는 X축으로 010, Y축으로 001 비율로 조정된 결과가 가장 적응도가 좋은 결과임을 보여준다. Offset은 각각 x, y의 좌표이동을 나타내는데 잘 정합되는 부근에 적응도가 높아지는 것을 알 수 있다. 그리고 다른 ID를 가진 인물이 잘 정합되는 부분이 있더라도 같은 인

물의 값보다는 조금 큰 것을 확인할 수 있다.

표 3. 그림 10(c)와 그림 10(d)의 동일인물 적응도

Table 3. The identity person fitness of Fig. 10 (c) and Fig. 10 (d)

x \ y	-3	-2	-1	0	1	2	3	4	5
-6	0.99	0.97	0.95	0.93	0.95	0.98	1.00	1.03	1.05
-5	0.93	0.90	0.88	0.85	0.88	0.91	0.94	0.97	1.00
-4	0.86	0.83	0.80	0.78	0.81	0.85	0.88	0.92	0.95
-3	0.79	0.76	0.72	0.69	0.73	0.77	0.82	0.86	0.90
-2	0.74	0.70	0.65	0.61	0.67	0.72	0.76	0.81	0.85
-1	0.65	0.60	0.54	0.48	0.55	0.61	0.66	0.71	0.76
0	0.63	0.58	0.53	0.47	0.54	0.61	0.67	0.72	0.78
1	0.75	0.71	0.66	0.62	0.67	0.71	0.76	0.80	0.84
2	0.82	0.78	0.74	0.70	0.74	0.79	0.82	0.86	0.90
3	0.88	0.85	0.81	0.78	0.82	0.85	0.89	0.92	0.95
4	0.93	0.90	0.87	0.84	0.88	0.91	0.94	0.97	1.00
5	0.98	0.95	0.92	0.90	0.93	0.96	0.99	1.01	1.04
6	1.02	0.99	0.97	0.94	0.97	1.00	1.03	1.05	1.08

표 4. 그림 10(c)와 그림 10(d)의 확대크기의 동일인물 적응도

Table 4. The identity person for magnification size of Fig. 10 (c) and Fig. 10 (d)

x \ y	-3	-2	-1	0	1	2	3	4	5
-6	0.89	0.85	0.80	0.77	0.87	0.92	0.98	1.02	1.06
-5	0.86	0.81	0.75	0.73	0.83	0.89	0.95	0.99	1.03
-4	0.82	0.77	0.70	0.68	0.79	0.85	0.91	0.96	1.00
-3	0.79	0.74	0.65	0.63	0.75	0.82	0.88	0.93	0.98
-2	0.76	0.70	0.60	0.58	0.71	0.78	0.85	0.90	0.95
-1	0.72	0.65	0.56	0.54	0.66	0.74	0.81	0.87	0.92
0	0.69	0.61	0.53	0.51	0.62	0.70	0.78	0.84	0.90
1	0.73	0.67	0.55	0.54	0.67	0.74	0.82	0.88	0.93
2	0.77	0.72	0.61	0.61	0.71	0.79	0.85	0.91	0.96
3	0.82	0.76	0.66	0.67	0.76	0.82	0.89	0.94	0.99
4	0.86	0.81	0.71	0.72	0.80	0.86	0.92	0.97	1.01
5	0.90	0.85	0.76	0.78	0.84	0.90	0.95	1.00	1.04
6	0.94	0.90	0.81	0.82	0.88	0.93	0.99	1.03	1.07

유전자는 일정한 형태가 아닌 임의의 형태로 만들어지는데 염색체를 변화시키는 과정인 표 3과 표 4에서 Offset과 Size가 0에 가까운 유전자에서 적응도가 최적으로 만들어지는 것을 볼 수 있다. 이 적응도를 2차원적으로 도시하면 그림 16과 같이 나타난다.

한 인물에 대해서만 적응도를 조사하는 것이 아니고, 기준영상에 대해 모두 수행하게 되어 있으므로 이를 도표로 살펴보면 그림 17과 그림 18과 같이 나타난다. 동일 인물일 경우 다른 인물보다 최적의 적응도가 더 작은 값으로 나타남을 볼 수 있다. 본 논문에서의 적응도는 분산 값

을 사용하기 때문에 적응도가 작은 것이 더 좋은 값이다.

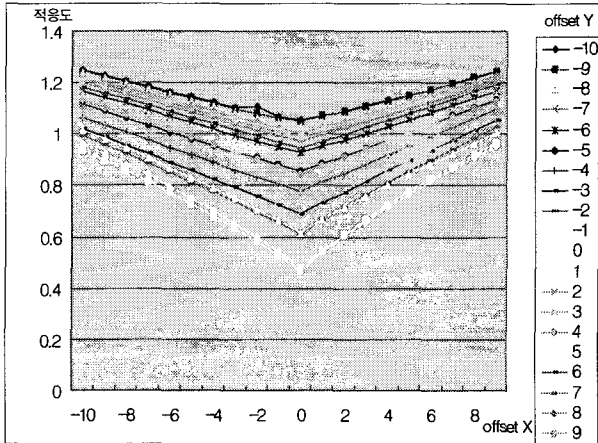


그림 16. Offset 변형에 의한 적응도
Fig. 16 The fitness for offset transformation

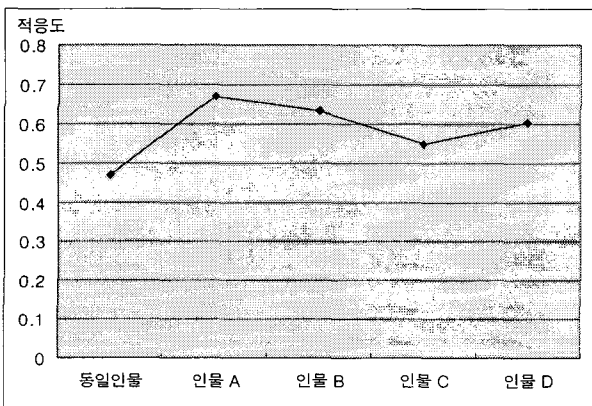


그림 17. Offset 유전자 변형에 의한 인물별 적응도
Fig. 17 The fitness persons for offset genetic transformation

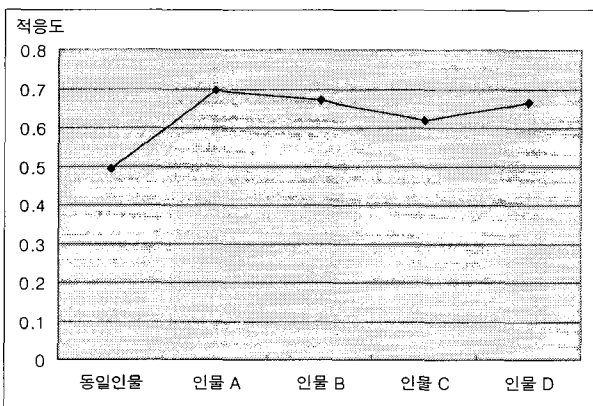


그림 18. Size 변형에 의한 인물별 적응도
Fig. 18 The fitness persons for Size transformation

Offset과 Size의 유전자를 변형시켜 가면서 기준영상

과 입력영상의 위치가 다르더라도 최적의 상태로 만들어, 가장 잘 맞는 인물을 선택하는 결과를 얻을 수 있었다.

VI. 결론

본 논문에서 제안한 방법은 거리와 각도를 유전자의 일부분으로 이용하여 다양한 유전자를 가진 개체를 만들었다. 생성된 개체를 평가하여 다음 세대에서도 생존할 가능성이 높은 개체를 선택하고, 선택된 개체의 일부는 그대로 사용하고, 일부는 교배와 돌연변이를 적용하여 재생산한다. 이렇게 재생산된 개체를 다시 평가하고, 재생산하는 일을 반복하면서 적응도가 가장 좋은 염색체를 가진 원영상이 입력영상과 가장 잘 맞는 인물로 선택한다.

기존 방법으로는 주로 얼굴 특징을 이용한데 반해 본 논문에서는 입력되는 명암영상자체를 사용하였다. 명암영상에는 눈, 코, 입 등 주변의 모든 정보를 여과 없이 그대로 보여주기 때문에 더욱 정확한 판단을 할 수 있다. 단, 영상이 취득될 때 얼굴이 크거나 작은 경우와 조명등의 조건에 의해 추출된 특징영역에서 눈, 코, 입의 위치가 상대적으로 이동될 수 있기 때문에 이를 조절해 줄 수 있는 방법이 필요한데 본 논문에서는 유전자 알고리즘을 이용하여 문제를 해결하였다. 본 논문에서 적용한 방법으로 보안 시스템에 적용하는데 문제가 없도록 고안되었고, 앞으로의 연구방향으로 하드웨어적으로 이를 구현할 수 있는 연구가 필요하고, 복잡한 배경에서도 인식이 가능한 방법에 관한 연구가 필요하다.

접수일자 : 2001.11. 12 수정완료 : 2002. 4. 30

참고문헌

- [1] 강영일, "클라이언트/서버 환경에서의 정보보안 기술", 한국정보처리학회, v.4, n.6, pp.67-76, 1997년, 11월.
- [2] Young H. Kwon, Niels da Vitoria Lobo, "Age Classification from Facial Images," *Computer Vision and Image Understanding*, v.74, n.1, pp.1-21, Apr, 1999.
- [3] 김상룡, 기석철, "얼굴인식 기술동향," 대한전자공학회지, 제26권 11호, pp. 32-41, 1999년 11월.
- [4] 염창도, 정동식, "얼굴 구성성분간의 기하학적 관계를 이용한 얼굴 영역 탐색", 1999년 제12회 신호처리합동 학술대회 논문집, 제12권 1호, pp.243-246, 1999년.
- [5] J. H. Holland, "Adaptation in Natural and Artificial Systems," *The Univ. of Michigan Press*, 1975.
- [6] 하성욱, 강대성, "적응 군집화 기법과 유전 알고리즘을 이용한 영상 영역화", 대한전자공학회 논문지, 제34권, 8호, pp.92-102, 1997년, 8월.



김윤수(Youn-Soo Kim)

準會員

2000년 2월 호서대학교 전자공학과
(공학사)

2002년 2월 호서대학교대학원 전자공
학과 (공학석사)

2002년 3월 ~ 현재 (주)어플라이드
비전텍 개발부 연구원

관심분야: 영상신호처리, 컴퓨터 비전, 영상인식 등



류정식(Jeong-Sig Ryu)

準會員

1997년 2월 순천향대학교 전자공학과
(공학사)

2000년 2월 호서대학교대학원 전자공
학과 (공학석사)

2000년 3월 ~ 현재 (주)비트와이어 개발
팀장

관심분야: 영상신호처리, 컴퓨터 비전, 생체인식 등



김준식(Joon-Seek Kim)

正會員

1987년 2월 서강대학교 전자공학과
(공학사)

1989년 2월 서강대학교대학원 전자공
학과 (공학석사)

1993년 8월 서강대학교대학원 전자공
학과 (공학박사)

1993년 9월 ~ 1994년 2월 서강대학교부설산업기술연구소
박사후연구원

1994년 3월 ~ 현재 호서대학교 전기정보통신공학부 부교
수

관심분야: 영상신호처리, 영상압축, 컴퓨터 비전, 영상인식,
GIS 등
