

깊이 일관성을 보존하는 향상된 개체군기반 증가 학습을 이용한 고속 3차원 모델 추출 기법

(Fast 3D Model Extraction Algorithm with an Enhanced PBIL of Preserving Depth Consistency)

이 행 석[†] 장 명 호^{**} 한 규 필^{***}
 (Heng-Suk Lee) (Myung-ho Jang) (Kyu-phil Han)

요 약 본 논문에서는 2차원 영상에서 3차원 깊이정보를 추출하기 위해서 진화연산 알고리즘을 적용한 고속 3차원 모델 추출 기법을 제안한다. 진화연산 알고리즘은 자연 선택과 개체군 유전학에 기반한 생물학적 진화 과정을 통해 최적의 해를 찾는 효율적인 탐색 기법이다. 기존의 스테레오 정합 방법에서 생성되어진 2차원 깊이 정보인 변이 맵은 경계 부근에서 애매한 결과를 도출함으로써 변이의 세밀하고 정확한 정보를 잃어 실영상과는 다소 차이를 갖는다. 본 논문에서는 소형 유전자 알고리즘을 스테레오 정합 환경에 맞게 변형시키고, 생성된 변이 맵의 모호성을 해결하기 위해 이전 세대의 변이 맵으로부터 경계를 검출한 변이 경계정보에서 이웃한 화소의 변이 복잡도를 측정하여 복잡도에 따라 적응적 윈도우를 결정하여 정합에 사용하였다. 실험을 통해 제안한 방식이 이완 처리를 포함한 기존의 정합 방식보다 변이 맵 생성에 있어 보다 상세하고 매끄러운 변이 결과를 얻을 수 있었다.

키워드 : 스테레오 정합, 적응적 윈도우, 진화연산 알고리즘

Abstract In this paper, a fast 3D model extraction algorithm with an enhanced PBIL of preserving depth consistency is proposed for the extraction of 3D depth information from 2D images. Evolutionary computation algorithms are efficient search methods based on natural selection and population genetics. 2D disparity maps acquired by conventional matching algorithms do not match well with the original image profile in disparity edge regions because of the loss of fine and precise information in the regions. Therefore, in order to decrease the imprecision of disparity values and increase the quality of matching, a compact genetic algorithm is adapted for matching environments, and the adaptive window, which is controlled by the complexity of neighbor disparities in an abrupt disparity point is used. As the result, the proposed algorithm showed more correct and precise disparities were obtained than those by conventional matching methods with relaxation scheme.

Key words : Stereo matching, Adaptive window, Evolutionary computation algorithm

1. 서 론

최근 컴퓨터 과학기술의 발전과 더불어 시각정보에 관해서는 평면적인 2차원정보의 표현보다는 3차원 입체 정보에 대한 관심이 고조되고 있으며, 영상분야에서 이를 응용하기 위한 연구가 활발히 진행되고 있다. 이러한

3차원 영상을 구현하기 위해 필요한 기술은 실세계(real world)로부터 획득한 둘 이상의 2차원 영상에 투영으로 인해 사라진 깊이(depth) 정보를 복원하기 위한 스테레오 정합(stereo matching)이다. 스테레오 정합기법은 깊이 복원을 위해 인간시각 체계의 거리 인지능력을 모방한 방법으로 서로 다른 관점(view point)에서 얻어진 두 영상 사이에서의 대응점(corresponding point)간의 거리, 즉 변이(disparity)를 찾는 기법이다[1]. 그림 1에 일반적인 스테레오 시각의 기하학적 모델을 나타내었다. 측정점 P 는 극상선 제약조건(epipolar line constraint)에 의하여 두 영상면(image plane) P_1 과 P_2 에서 관측되어지고 각 카메라의 렌즈 중심간의 거리를 b 카메라 초점의 길이를 f 라고 하면 이동한 위치 정보인 변이로부터

· 이 논문은 2001년도 한국학술진흥재단의 지원에 의하여 연구되었음 (KRF-2001-003-E00238)

† 학생회원 : 금오공과대학교 컴퓨터공학과
 hslee@cespc1.kumoh.ac.kr

** 비 회원 : LG전자 디스플레이제품연구소 연구원
 endofall@hotmail.com

*** 비 회원 : 금오공과대학교 컴퓨터공학과 교수
 kphan@cespc1.kumoh.ac.kr

논문접수 : 2003년 3월 11일
 심사완료 : 2003년 9월 8일

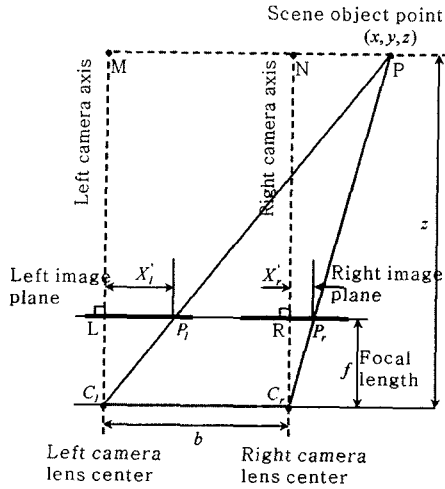


그림 1 스테레오 시각의 기하학구조

깊이 정보를 복원하기 위한 일반식을

$$z = \frac{bf}{(X'_l - X'_r)} \quad (1)$$

와 같이 구할 수 있다. 그러므로 일관성 있는 깊이를 추출하기 위해 2차원 변이를 정확하게 추출하는 스테레오 정합 기법이 필요하다.

현재까지 연구되어온 스테레오 정합기법은 변이를 찾기 위해 다양한 정합요소를 이용하는 복합적인 정합 방법[2], 획득한 영상의 색 정보를 이용하는 정합방법[3], 위상정보를 이용하는 정합 방법[4], 계층적인 정합 방법 [5], 다양한 제약조건을 만족시키는 신경회로망을 이용하여 정합양식을 학습시키는 방법[6] 등이 제안되었다. 이러한 기법들은 정확한 변이를 찾고 효율적인 정합을 위해 특징 추출 및 정합, 정합 창 크기 및 형태 결정, 폐색 모델링(occlusion modeling), 변이 연속성(disparity continuity)등과 같은 복잡한 정합단계를 포함해야 하는 어려움을 가진다[7].

최근에는 생물학적 진화를 모방한 진화연산 알고리즘(evolutionary computation algorithm)을 스테레오 정합에 이용하는 방법[8] 등이 제안되었다. 이 방법은 정합과 이완처리가 동시에 수행되어 정합 결과가 뛰어나고 수렴 및 연산 성능에 있어 기존방법보다 우수하다는 장점이 있다. 본 논문에서는 스테레오 영상으로부터 3차원 거리정보를 추출하기 위해 유전자알고리즘의 변종인 개체군 기반 증가 학습을 적용하였다. 경계영역과 평탄 영역의 정합 효율성 및 속도를 향상시키고 변이모호성 해결을 위해 염색체 생존확률의 특성에 따라 정합원도우를 결정함으로써 염색체내 각각의 유전자에 최적의 평가함수를 적용하는 알고리즘을 제안한다.

2. 개체군 기반 증가 학습 알고리즘

진화연산 알고리즘으로 대표되는 Holland의 유전자 알고리즘은 다윈의 자연 진화 법칙을 컴퓨터의 논리로 모방한 것으로 주어진 문제의 해를 표현하는 게놈(genome) 혹은 염색체(chromosome)의 모임인 집단(population)이라는 임의의 초기 집합으로부터 세대(generation)라고 부르는 연속적인 연산의 반복과정을 통해 최적해로 진화시켜 나가는 방법이다. 유전자 알고리즘은 그 구조가 간단하다는 장점이 있는 반면 매 세대마다 개체 집단을 유지시켜야 하며, 수렴시간이 길다는 단점을 내포하고 있다. 이러한 단점을 줄이거나 보완하기 위한 방법들이 제시되었으며, 이 방법들은 Holland의 원래 개념과 많은 차이를 이루므로 이를 유전자 알고리즘과 구분하여 소형 유전자 알고리즘(compact genetic algorithm)이라 일컫는다[9]. 소형 유전자 알고리즘의 대표적인 개체군 기반 증가 학습(population-based incremental learning : PBIL)[10] 알고리즘은 최적의 해를 탐색하기 위해 유전자 알고리즘에서와 같은 유전연산자인 교차와 돌연변이에 의존하지 않고 해의 생존 가능성을 확률로 변환하여 확률벡터에 저장하고 매 세대에서 이 확률벡터의 확률에 기반하여 평가될 해를 탐색해 나아가는 방법으로 현 세대에서 발생된 해, 즉 유전자는 다음 세대에 생존할 가능성을 평가받고 이를 확률로 변화시켜 확률벡터를 갱신한다. 따라서 유전자 알고리즘과 같이 생존 염색체를 저장하기 위한 유전자 풀(gene pool)을 유지하지 않으므로 저장 공간을 절약하며, 확률벡터에 의해 염색체가 생성 및 소멸되므로 탐색 시간의 단축으로 알고리즘의 성능을 향상 시켰다. 주어진 문제에 대한 후보 해들의 확률벡터가 정의되었을 때 PBIL은 다음과 같이 동작한다.

- Step 1. 정의된 N 개의 확률벡터의 값을 초기화한다.
- Step 2. 벡터로부터 두개 이상의 개체를 선출한다.
- Step 3. 선출된 개체들을 경쟁(적합도 평가)시켜 승자를 선택한다.
- Step 4. 해당되는 확률벡터의 확률을 증가시키고 나머지 $N-1$ 개의 개체는 감소시킨다.
- Step 5. 확률벡터의 수렴을 조사하고 수렴하지 않으면 Step 2로 간다.

이 과정을 반복하여 최종적으로 확률벡터로부터 최적의 해를 찾게 되며, 그림 2는 PBIL에서 확률벡터의 변화 예를 보여주고 있다.

3. 제안한 스테레오 정합 알고리즘

제안한 스테레오 정합 알고리즘은 개체군 기반 증가 학습 알고리즘을 이용한다. 확률벡터(probability vector)

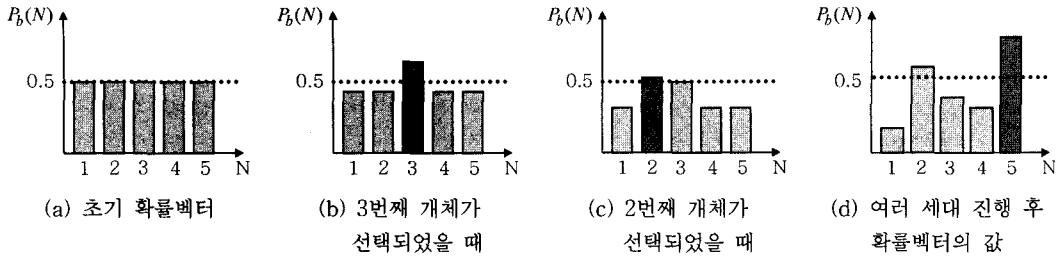
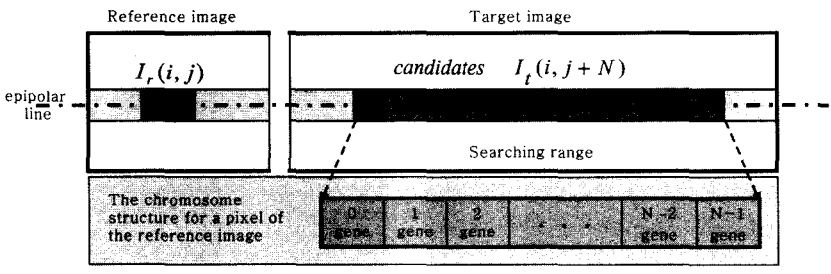


그림 2 확률벡터의 변화 예

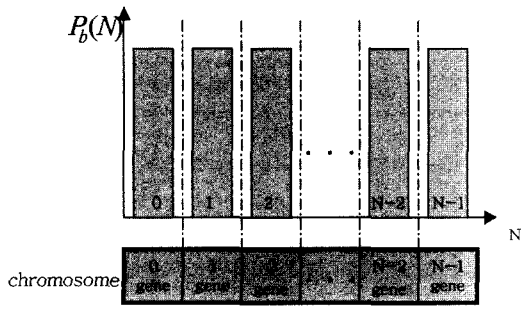
에 의해 개체를 평가하고 유전자 영역의 분산 특징에 따른 적응적 윈도우를 적용하여 경계영역과 평탄영역의 정합 효율을 높이는 방법을 사용하였다. PBIL을 이용한 기존의 방식[8]과 차별되는 것은 효과적인 염색체 생산을 위해 RWS를 적용하였고 영상의 국부 특성을 충실히 활용하기 위해 경계정보를 이용하였다. 또한 기존의 PBIL은 블록기반의 정합 전략을 이용하였지만, 제한한 방식은 경계뿐만 아니라 영역 정합 효과를 이용할 수 있게 설계되었다.

3.1 확률벡터의 구조

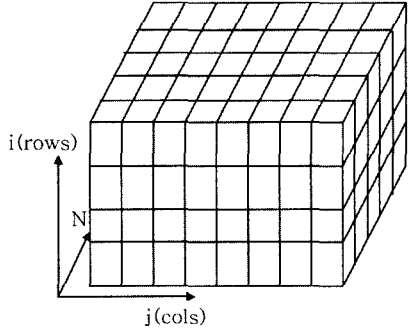
스테레오 정합의 문제를 진화연산 알고리즘의 최적화 문제로 모델링하기 위해서는 염색체를 최우선적으로 정의해야 한다. 스테레오 정합에서 해결하고자 하는 문제는 두 영상의 대응점간의 거리, 즉 변이를 복원하는데 있으므로 그림 3(a)에서와 같이 참조영상(reference image)의 한 화소는 탐색 범위에 있는 목표영상(target image)의 후보(candidate) 화소들과 정합될 확률을 가진다. 그러므로 탐색 영역 내에 있는 정합 후보들의 확



(a) 참조영상의 한 화소에 대한 염색체 구조



(b) 1차원 확률벡터와 염색체의 관계



(c) 영상 전체에 대한 3차원 확률벡터

그림 3 스테레오 정합을 위한 염색체 구조

를값을 N 개의 유전자들의 집합인 고정된 길이의 염색체로 정의하면 그림 3(b)와 같은 1차원 구조의 확률벡터를 구성할 수 있다. 따라서 한 화소에 대해서 1차원 구조의 확률벡터가 생성되므로 2차원 영상에 대해 확장하면 그림 3(c)와 같은 3차원 확률벡터가 결정된다.

3.2 생산 함수의 정의

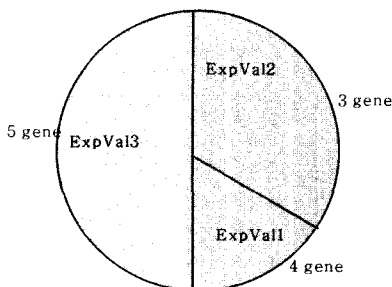
확률벡터에 기인한 염색체 생산은 순위선택(ranking selection : RS)방법과 룰렛 휠 표본화(roulette wheel sampling : RWS)방법을 이용하였다. 먼저 각 개체의 적합도 대신 진화정보를 갖는 확률벡터의 확률값에 따라 개체들에 대한 순위를 매긴 후 다음세대에 재생산되어질 기대치를

$$Exp\ Val(n) = RP_{max} \cdot (1 - \frac{rank_n - 1}{N - 1}) \quad (2)$$

와 같이 계산하였다. RP_{max} 는 다음세대에 재생산되어질 최대 기대치로 3으로 설정, $rank_n$ 는 개체의 확률에 따른 순위, $Exp\ Val(n)$ 는 n 번째 개체에 기대되는 재생산 수치로 룰렛 휠의 영역을 결정한다. 표 1에 각 개체가 재생산되어질 기대치에 대한 예를 나타내었다. 기대치가 정해진 후 이를 기반으로 그림 4와 같이 룰렛 휠 표본화를 수행하게 되며, 이는 순위선택의 단점으로 작용할 수 있는 수렴속도의 저하를 막아 선택강도를 높이는 역할을 한다. 룰렛 휠 표본화로부터 만들어진 새로운 염색체에서 중복된 유전자를 제거 후 적응성을 평가한다.

표 1 제안한 순위선택법에 의한 재생의 예

Items \ Chromosome	Genes				
	1	2	3	4	5
Probability value	0.35	0.27	0.71	0.53	0.9
Ranking	4	5	2	3	1
Reproduction num.	0	0	2	1	3



New chromosome

그림 4 룰렛 휠에 의한 염색체 생산

3.3 변이경계 검출 및 세신화

생성된 변이의 경계(edge)를 검출하기 위해 이차 미분 연산자들 중 라플라시안(Laplacian) 연산자를 변이 경계 추출에 사용하였다. 라플라시안 연산자는 다른 이차 미분연산자들 보다 더욱 뚜렷한 경계를 검출하고 계단 경계선에 대한 감도가 뛰어나 정확한 경계점을 찾을 수 있는 장점을 가진다. 제안한 방법에서는

$$NL_{i,j} = 8D_{i,j} - (D_{i-1,j-1} + D_{i-1,j} + D_{i-1,j+1} + D_{i,j-1} + D_{i,j+1} + D_{i+1,j-1} + D_{i+1,j} + D_{i+1,j+1}) \quad (3)$$

와 같은 계산식을 사용하였으며, 여기서 D 는 변이맵, i, j 는 화소의 좌표, $NL_{i,j}$ 는 i, j 에서 계산된 라플라시안 값이다. 라플라시안 연산자를 적용 후 인간시각에서 경계로 인식되기에는 상대적으로 극히 작은 값을 갖는 미소화소를 제거하기 위해 문턱치(threshold)를

$$Edge_{i,j} = \begin{cases} 1, & \text{if } NL_{i,j} \geq T \\ 0, & \text{Otherwise} \end{cases} \quad (4)$$

와 같이 정의하며, 문턱치 T 는 국부 분산의 3%를 사용하였다. 검출된 변이 경계는 일정하지 않은 두께의 화소를 가지므로 이를 일정한 화소를 갖도록 세신화(thinning)과정과 문턱치에 의해 제거된 비연결 화소를 연결하여 경계검출의 효율성을 높였다.

3.4 복잡도 측정 및 정합 윈도우 선택

변이 맵 영역들 사이의 경계를 정확하게 구분할 수 있는 정합 환경을 구성하기 위해 생성된 변이 경계로부터 주변화소에 분포되어 있는 변이값을 측정하여 측정된 값에 의해 정합 윈도우를 다르게 적용하기 위한 척도로써 다음과 같이 분산을 사용하였다.

$$Ev_{i,j} = \frac{1}{DW} \sum_{n,m \in DW} (D_{i+n,j+m} - \mu)^2 \quad (5)$$

여기서 $Ev_{i,j}$ 는 경계화소 i, j 에 대한 분산값, DW 는 기본 윈도우, μ 는 경계화소 i, j 부근의 변이들의 평균을 의미한다. 측정된 분산은 지역에 대해 상대적인 값을 가지므로 정합 윈도우를 선택하기 위한 기준으로써 사용하기 어렵다. 그러므로 균일한 범위의 값을 갖도록 기본 윈도우 내부에 분포된 최소 및 최대 분산치를 구하여

$$Ew_{i,j} = \frac{Ev_{i,j} - \min(n, m \in DW) Ev_{i+n,j+m}}{\max(n, m \in DW) Ev_{i+n,j+m} - \min(n, m \in DW) Ev_{i+n,j+m}} \quad (6)$$

와 같이 정규화 과정을 수행하며, $Ew_{i,j}$ 는 경계화소 i, j 에 대한 정규화된 분산을 나타낸다. 그림 5는 정규화된 분산과 선택되어질 윈도우와의 관계를 보여주며 수식으로 변환하면

$$CW = \frac{W_{min}(W_{max} - W_{min})}{2} \cdot Ew_{i,j} \quad (7)$$

이 되며, 여기서 CW 는 정규화된 분산에 의해 계산된 정합 윈도우의 크기로 소수이하를 버린 정수부분만 가지며, W_{min}, W_{max} 는 각각 최소 및 최대 윈도우를 의미

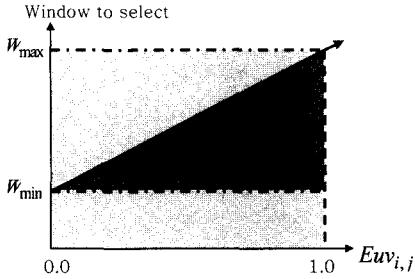


그림 5 정규화된 분산과 정합윈도우와의 관계

표 2 분산에 의한 정합윈도우의 선택 예

Items \ Steps	$W_{min} : 3, W_{max} : 12$					
	1	2	3	4	5	6
Euv (Normalized Variance)	0.0	0.4	0.5	0.7	0.8	1.0
CW (Window by Euv)	0	5	6	9	10	13
SW (Window by pseudo code)	3	5	7	9	11	12

```

SW = W_{max} ;
for w = W_{min} to W_{max} Step 2
    if CW <= w then
        SW = w ;
        exit for
    end if
end for
    
```

그림 6 윈도우 크기 선택의 의사 코드

한다. 식 (7)에 의해 측정된 윈도우는 정합 윈도우로 사용하기 어려운 값도 가지므로 그림 6의 의사 코드를 이용해 정합에 사용할 윈도우를 선택한다. 표 2에 앞서 언급한 분산에 따른 정합 윈도우 크기에 대한 예를 나타내었다.

3.5 적응성 평가 함수 정의

염색체 생산 함수로부터 만들어진 염색체내 N 개의 유전자들 중 정합 환경에 가장 잘 적응한 유전자를 결정하기 위해 매 세대마다 적응성을 수치화하여 할당하는 적응함수(fitness function)를 정의해야 한다. 따라서 스테레오 정합에서 보편적으로 이용되고 있는 밝기 유사성(intensity similarity) 및 변이 연속성(disparity continuity)등의 제약 조건과 인간의 경험적 지식에 해당하는 확률벡터의 영향력을 적응함수에 적용하였다. 밝기 유사정도를 계산하기 위해

$$MD_{i,j,c_s} = \frac{1}{W} \sum_{n=-M}^{+M} \sum_{m=-M}^{+M} \frac{|I_L(i+n,j+m) - I_R(i+n,j+m+C_s)|}{\sqrt{1 - |C_s| / ((W-n)(W-m^2))}} \quad (8)$$

와 같이 윈도우내 국부 위치에 대해 가중치를 적용하여 사용하였다. I_L, I_R 은 각각 참조영상과 목표영상의 밝기 값, C_s 는 염색체중 g 번째의 유전자, W 는 선택된 윈도우를 의미한다. M 은 $W/2$ 를 사용하였고, 그림 7과 같이 윈도우내 각 위치의 유사정도를 계산하기 위해 그 위치로부터 $\pm M$ 인 지점의 화소까지 고려하였다. 변이 연속성은 이전 세대에서 생성된 변이 맵으로부터 복잡도에 따라 선택된 윈도우 내부의 변이값과 C_s 의 유전자와의 차에 의한 절대치를 취한 평균을 사용하여

$$SD_{i,j,c_s} = \frac{1}{W-1} \sum_{n,m \in W} |C_s - D_{i+n,j+m}| \quad (9)$$

와 같이 정의하였다. 만약 현재 고려된 화소가 경계라면 그림 8(a)에서처럼 경계에서 변이 연속성이 영역내부의 변이값에 의해 왜곡되지 않도록 계산하였다.

정합 환경에 대한 적합성을 평가받기 위한 현 세대의 염색체내 유전자는 진화가 거듭될수록 전 세대에서 생성된 정보에 의존적이다. 따라서 진화정보를 갖는 확률 벡터로부터 좌표 i, j 의 동일한 유전자 주변 확률과 염색

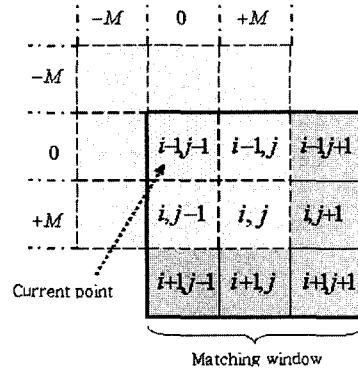
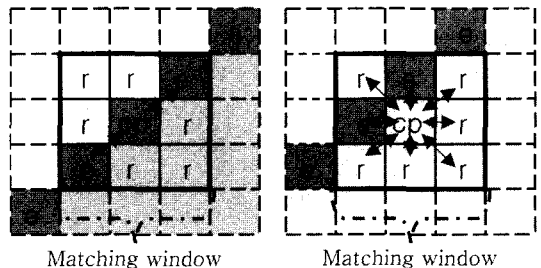


그림 7 주변 화소를 고려한 3×3 정합 윈도우내부의 유사성을 계산하기 위한 예



(a) 정합윈도우 중심이 경계일 때 (b) 정합윈도우 중심이 경계가 아닐 때

그림 8 변이연속성에 대한 2가지 예(r:영역, e:경계, cp:중심점)

체의 확률을 이용하여 현 세대의 유전자가 받는 영향력을 조사하기 위해

$$INF_{i,j,C_s} = \frac{1}{FPb_{i,j,C_s}} \quad (10)$$

$$= Pb_{i,j,C_s} \left(\sum_{n,m \in W} Pb_{i+n,j+m,C_s} / \sum_{g \in C} Pb_{i,j,g} \right)$$

와 같은 수식을 사용하였다. 여기서 Pb 는 확률벡터, C 는 염색체의 길이를 나타낸다. 앞서 언급된 유사성, 연속성, 영향정도 등을 이용하여 다음과 같이 적용성 함수를 정의한다.

$$EF_{i,j,C_s} = \begin{cases} MD_{i,j,C_s} \\ \text{Generation} = 0 \\ \gamma_i \cdot MD_{i,j,C_s} + \gamma_d \cdot SD_{i,j,C_s} + \gamma_f \cdot INF_{i,j,C_s} \\ \text{Otherwise} \end{cases} \quad (11)$$

적용함수의 $\gamma_i, \gamma_d, \gamma_f$ 는 각각 유사성, 연속성, 확률벡터의 영향에 대한 가중치이며 이들의 합은 1이 되도록 설정하였다.

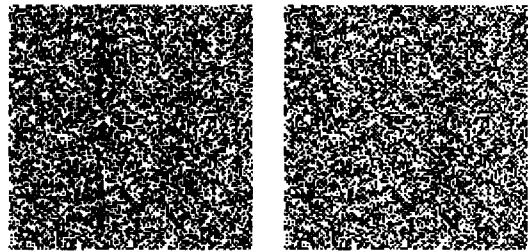
4. 실험 및 고찰

제안한 알고리즘의 성능을 평가하기 위해 기존의 밝기 기반 정합을 사용하여 합성 영상과 실영상에 대해서 비교 실험하였다. 실험에 사용된 모의실험 환경은 IBM-PC(pentium-III, clock :700MHz, OS : window 2000)이며, 제안한 방법을 20세대까지 진화시켰으며 밝기 기반 정합에서는 이완처리를 위해 Median 필터를 사용하였고, 제안한 방법과 차이를 두지 않기 위해 반복 횟수를 20회로 설정하였다. 표 3에 실험에 이용된 매개 변수의 설정값과 영상에 대한 정보를 나타내었다. 실험에 이용된 영상은 그림 9, 10과 같이 계단 변이를 갖는 50%의 RDS(random dot stereogram)영상과 "Pentagon" 영상을 사용하였다.

표 3 매개변수들의 설정값과 영상들에 대한 정보

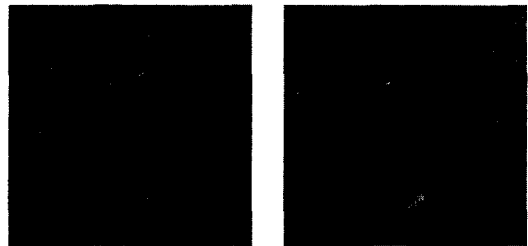
Items		Images	
		50 % RDS	Pentagon
Image size		128×128	256×256
Range of gene value (searching range)		-5~5	-12~12
Chromosome size		10	25
Threshold		Local variance	
		3 %	3 %
Weight	γ_i	0.2	0.2
	γ_d	0.6	0.6
	γ_f	0.2	0.2
Window	W_{min}	3×3	3×3
	W_{max}	7×7	12×12
	$Basis$	5×5	5×5

그림 11은 합성영상에 대한 실험결과로 (a)는 5×5 윈도우로 밝기 기반 정합을 수행한 것이며 (b)는 (a)의 결과에 Median 필터를 20회 적용한 것이다. (c)는 제안한 방법에 의해 생성된 결과이다. 그림에서 보는바와 같이 진화연산 알고리즘을 적용한 방법이 밝기 기반 정합에 비해 변이경계에서 오정합이 적음을 알 수 있다. 그림 12는 "Pentagon" 영상의 결과이며, 밝기 기반 정합보다



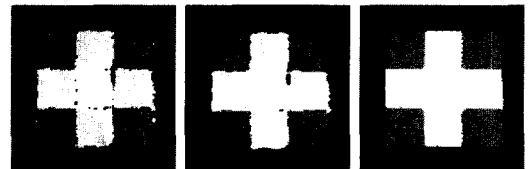
(a) 좌측 영상 (b) 우측 영상

그림 9 계단형 변이를 갖는 50% RDS 영상(128×128)



(a) 좌측 영상 (b) 우측 영상

그림 10 "Pentagon" 영상 (256×256)



(a) 휘도기반의 정합 (b) 이완처리 후 휘도기반 결과 (c) 제안한 알고리즘의 결과

그림 11 계단형 변이를 갖는 50% RDS 영상의 변이맵



(a) 휘도기반 정합 (b) 이완처리 후 휘도기반 결과 (c) 제안한 알고리즘의 결과

그림 12 "Pentagon" 영상의 변이맵

전체적으로 우수한 변이생성과 “Pentagon” 내부의 세세한 특징이 보다 뚜렷함을 결과를 통해 확인할 수 있다.

그림 13은 제안한 알고리즘의 매 세대에서 생성된 “Pentagon”영상에 대한 변이 맵의 진화 결과를 나타내고 있으며 최초 정합에서 오정합이 세대를 진행하면서 점차 줄어 7세대 이후부터는 거의 변화가 없음을 보여준다. 이는 경계영역과 평탄영역의 정합 오류를 줄이기 위해 전 세대의 변이 정보로부터 영상의 전역적 특징 정보인 경계를 추출하고, 이 경계 주변의 염색체 생존확률의 지역적 특성에 따라 윈도우를 다르게 적용함으로써 현 세대에서 전 세대의 지역적 오정합을 개선시켜 진화해 나아감을 확인할 수 있다. 그림 14는 윈도우의 크기가 영상내 변이의 범위를 넘게끔 인위적으로 설정하여 실험한 결과이다. 그림에서 보듯이 경계 주변의 오정합이 세대가 진행함에 따라 변이영상 전체에 확산되어 짐을 알 수 있다. 표 4는 제안한 방법과 기존의 정합 방법의 수행시간을 비교한 것으로 약 10배정도 향상을 보임을 알 수 있다. 이것은 PBIL의 성능을 그대로 유지하면서 적용성 평가함수만을 정합환경에 맞게 사용하기 때문이다. 그림 15와 그림 16은 제안한 방법의 의해 생성된 합성영상과 실영상인 “Pentagon” 영상의 변이 맵을 VRML로 재구성한 3D형태의 결과물이다.

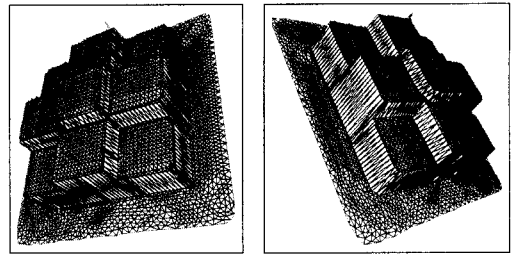


그림 15 계단형 변이를 갖는 50% RDS 변이맵

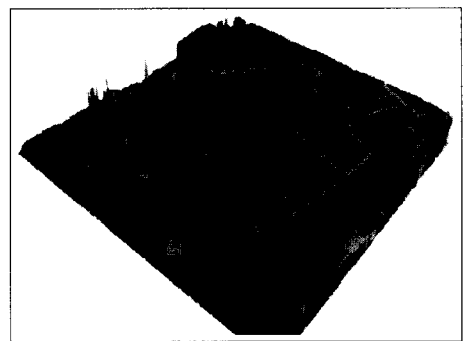


그림 16 “Pentagon” 영상에 대한 제안한 방법을 사용한 결과

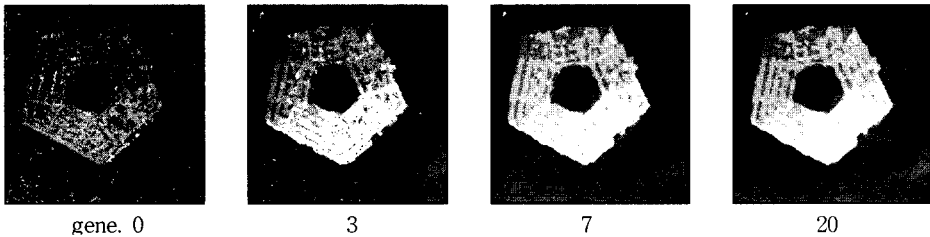


그림 13 “Pentagon” 영상의 각 세대에서의 변이맵 결과

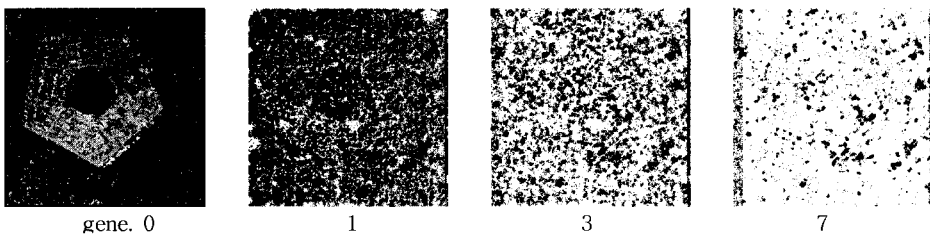


그림 14 “Pentagon”영상에서 윈도우의 크기를 인위적으로 설정한 결과

표 4 기존방법과 제안한 방법의 계산량 비교

Images	정합기법	평균 계산량		
		밝기기반 (이완처리포함) 이완처리 20	제안한 방법	제안한방법
50%RDS (128×128)		2.44sec	0.27sec	0.12sec
Pentagon (256×256)		10.05sec	1.06sec	0.05sec

5. 결론

제안한 방법에서는 2차원 영상에서 3차원 거리정보를 추출하기 위해 진화연산 알고리즘을 적용하여 기존의 복잡한 스테레오 정합단계를 단순화하여 정합속도를 향상시켰고, 염색체 생존확률의 특성에 따라 적응적 윈도우를 결정함으로써 경계영역과 평탄영역의 정합효율성을 고려하여 변이 맵의 신뢰성을 높였으며, 과도한 이완 처리로 인해 발생할 수 있는 정합 오류가 제거되는 이점이 있었다. 그러나 제안된 알고리즘은 염색체의 생존확률의 영역의 특성에 따라 윈도우를 선택함으로써 윈도우의 크기가 영상내 변이의 범위를 넘게 되면 오정합이 이루어질 수 있고 전체 알고리즘의 수행 성능에 영향을 주는 단점이 있었다. 따라서 일정한 수행시간과 보다 정확한 변이를 얻기 위한 최적의 정합 윈도우를 선택하는 알고리즘에 대한 연구가 필요하다고 할 수 있다.

참고 문헌

- [1] K. Sugihara, "Three Principle in stereo vision," *Robotics, vol. 1, no. 4, pp. 391~400, 1986.*
- [2] Steven D. Cochran and Gerard Medioni, "3-D surface description from binocular stereo," *IEEE Trans. Patt. Anal. Machine Intell., vol. 14, no. 10, 1992.*
- [3] John R. Jordan III and Alan C. Bovik, "Using chromatic information in edge-based stereo correspondence," *CVGIP: Image Understanding, vol. 54, no. 1, pp. 98~118, 1991.*
- [4] John (Juyang) Weng, "Image matching using the windowed Fourier phase," *Intern. J. Comp. Vision, vol. 11, no. 3, pp. 211~236, 1993.*
- [5] D.DeVleeschauwer, "An intensity-based, coarse-to-fine approach to reliably measure binocular disparity," *CVGIP: Image Understanding, vol. 57, no. 2, pp. 204~218, 1993.*
- [6] J. J. Lee, S. J. Cho, and Y. H. Ha, "Neural network modeling of new energy function for stereo matching," *SPIE, Intel. Rob. and Comp. Vis. X, vol. 16, Nov. 1991.*
- [7] R. M. Haralick and L. G. Shapiro, *Computer and Robot Vision*, Addison-Wesley Publishing Co., 1993.
- [8] 한규필, 임태역, "소형 유전자 알고리즘을 이용한 스테레오 영상으로부터의 3차원 모델 추출기법", *대한전자공학회논문지, vol. 38SP, no. 5, pp. 86~95, Sep. 2001.*
- [9] G. R. Harik, F. G. Lobo, and D. E. Goldberg, "The compact genetic algorithm," *IlligAL Tech reports, Illinois GA Lab., 1997.*
- [10] S. Baluja, "Population based incremental learning," *CMU-CS-94-163 Tech reports, Carnegie Mellon Univ., 1994.*



이 행 석

2001년 2월 금오공과대학교 컴퓨터공학과(학사). 2003년 2월 금오공과대학교 컴퓨터공학과(석사). 2003년 3월~현재 금오공과대학교 컴퓨터공학과(박사과정) 관심분야는 컴퓨터 비전, 영상처리



장 명 호

2001년 2월 금오공과대학교 컴퓨터공학과(학사). 2003년 2월 금오공과대학교 컴퓨터공학과(석사). 2003년 3월~현재 LG 전자 디스플레이제품연구소 근무. 관심분야는 컴퓨터 비전, 영상처리, 컴퓨터 그래픽스



한 규 필

1993년 경북대학교 전자공학과 학사
1995년 경북대학교 전자공학과 석사
1999년 경북대학교 전자공학과 박사. 현재 금오공과대학교 컴퓨터공학부 조교수
관심분야는 DSP, 컴퓨터 비전, 영상처리, 컴퓨터 그래픽스, 가상현실