

PBIL을 이용한 소형 스테레오 정합 및 대안 알고리즘

한 규 필[†]

요 약

본 논문에서는 유전자 알고리즘의 일반적인 문제점인 과도한 저장공간의 소모와 탐색의 비효율성을 줄이기 위해 PBIL을 이용한 단순한 스테레오 정합 기법을 제안한다. PBIL은 확률벡터에 기반해서 통계적 탐색과 경쟁학습을 이용하는 변종 유전자 알고리즘이며 확률벡터의 사용으로 인해 직렬 및 병렬 유전자 알고리즘군에 비해 단순한 구조를 가진다. 본 논문에서는 이 PBIL을 스테레오 정합 환경에 맞게 변형 및 단순화시켜 정합 알고리즘을 개발한다. 높은 적응성을 갖는 염색체는 생존 확률 또한 높다는 진화 법칙을 보존하면서 유전자 풀, 염색체 교차 및 유전자 돌연변이를 제거할 수 있으며 그 결과 저장공간을 줄이고 정합 규칙을 간소화하여 계산 비용을 감소시킬 수 있다. 추가적으로 다해상도 정합 기법처럼 넓은 영역의 변이 일관성을 획득하기 위해 변이 연속성에 대한 이웃들의 거리를 제어하는 방식을 추가하여 고정된 작은 정합창을 사용하면서 안정된 결과를 얻을 수 있게 한다. 마지막으로 단순한 시스템에 적용될 수 있게 하기 위해서 확률벡터를 사용하지 않는 제안한 알고리즘의 소형 대안 기법을 제시한다.

키워드 : 스테레오 정합, 유전자 알고리즘, 변이 연속성, 개체군기반 증가학습

A Simple Stereo Matching Algorithm using PBIL and its Alternative

Kyu-Phil Han[†]

ABSTRACT

A simple stereo matching algorithm using population-based incremental learning(PBIL) is proposed in this paper to decrease the general problem of genetic algorithms, such as memory consumption and inefficiency of search. PBIL is a variation of genetic algorithms using stochastic search and competitive learning based on a probability vector. The structure of PBIL is simpler than that of other genetic algorithm families, such as serial and parallel ones, due to the use of a probability vector. The PBIL strategy is simplified and adapted for stereo matching circumstances. Thus, gene pool, chromosome crossover, and gene mutation are removed, while the evolution rule, that fitter chromosomes should have higher survival probabilities, is preserved. As a result, memory space is decreased, matching rules are simplified, and computation cost is reduced. In addition, a scheme controlling the distance of neighbors for disparity smoothness is inserted to obtain a wide-area consistency of disparities, like a result of coarse-to-fine matchers. Because of this scheme, the proposed algorithm can produce a stable disparity map with a small fixed-size window. Finally, an alternative version of the proposed algorithm without using probability vector is also presented for simpler set-ups.

Key Words : Stereo Matching, Genetic Algorithm, Disparity Smoothness, PBIL

1. 서 론

영상기반 깊이 추출 기술들은 3D 모델 추출, 환경 모델링, 제한된 가상현실, 물체 인식, 자동항법 등 많은 시각 분야에 빈번히 이용되고 있다[1~5]. 그중에서도 서로 다른 위치에서 획득된 2개 또는 여러 장의 스테레오 영상을 이용하는 스테레오 시각이 가장 유용한 방법이라고 할 수 있다[6]. 이 접근 방식에서는 2개의 인접 영상에서 일치점을 찾는 스테레오 정합이 가장 중요한 단계이다. 그러나 효율적인 정

합을 위해 특징 추출, 특징 통합, 정합창의 결정, 폐색 모델링 및 이완처리 등이 동시에 고려되어야 하기 때문에 많은 어려움을 내포하고 있다[7].

스테레오 정합 기법들은 개략적으로 특징기반[8]과 밝기기반 또는 영역기반[9]으로 분류될 수 있다. 특징기반 방법들은 영교차점[8], 경계선[10], 선 및 모서리 등을 이용하며 이 특징들은 상대적으로 영상에서 회박하기 때문에 폐색 모델링과 변이 연속성을 포함하는 복잡한 내삽 과정을 필요로 한다. 또한 오정합 후보를 제거하기 위해 주의 깊은 정합 규칙이 요구되지만 특징 점에서 정확한 변이를 획득할 수 있다는 장점을 가진다. 이와 반대로, 밝기기반 방식은 영상의 밝기 값 그 자체가 특징이 되므로 특징 추출과 내삽과정

* 이 논문은 2003년도 정부재원(교육인적자원부 학술연구조성사업비)으로 한국 학술진흥재단의 지원을 받아 연구되었음(KRF-2003-M01-2003-000-20069-0).

† 정 회 원 : 금오공과대학교 컴퓨터공학부 조교수

논문접수 : 2005년 5월 6일, 심사완료 : 2005년 6월 20일

이 불필요하고 조밀한 변이 값을 획득할 수 있다. 그러나 밝기는 잡음이나 밝기의 작은 변화에 민감한 특성이 있다. 그 결과 색 정보[11], 푸리에 위상[12], 변환 기법[13] 등을 이용한 여러 개선 알고리즘이 연구되었지만 여전히 특징기반과 밝기기반의 문제점을 그대로 포함하고 있다[14].

최근 유전자 알고리즘이라고 알려진 진화적 계산법이 스테레오 정합 문제를 풀기 위해 도입되었고[14] 정합 환경을 최적화 문제로 고려하여 미리 정의된 조건하에서 최적의 해를 찾도록 하였다. 이 접근법에서는 정합과 이완처리가 동시에 이루어지기 때문에 결과 성능은 향상되었지만 유전자 알고리즘의 일반적인 문제인 저장 공간의 과도한 소비와 탐색의 비효율성은 해결되어야 할 과제로 남았다.

본 논문에서는 상기 언급된 유전자 알고리즘의 문제를 줄이기 위해서 개체군기반 증가학습(population-based incremental learning: PBIL)을 스테레오 정합 전략에 채택한다. PBIL은 확률벡터에 기반한 통계적 탐색을 이용하는 변종 알고리즘[15]으로 기존의 직렬 및 병렬 유전자 알고리즘들 보다 단순한 구조를 갖는다. 이 PBIL이 스테레오 정합을 위해 변형되어 적용되어진다. 그 결과 제안한 방식은 진화 규칙을 준수하면서 유전자 풀, 탐색체교차 및 유전자 돌연변이를 제거할 수 있다. 이로 인해, 저장공간 감소, 정합규칙의 간소화 및 계산비용을 낮추게 된다. 또한, 다해상도 정합법들의 결과처럼 넓은 영역의 변이 일관성을 얻기 위해 변이 연속성에 참여하는 이웃화소의 거리를 단계적으로 제어함으로써 안정된 고해상도의 변이 결과를 얻을 수 있다. 끝으로 저장공간이 부족한 장치들에 적용할 수 있게 확률벡터를 이용하지 않는 제안된 알고리즘의 대안을 제시한다.

2. PBIL

유전자 알고리즘들은 자연선택(natural selection)과 개체군 유전학(population genetics) 원리에 기반한 효율적인 탐색 방법이다[16]. 이들은 최근 괄목할 만한 컴퓨터 구조의 발달로 인해 사회경제, 공학 및 과학분야 등의 여러 문제들에 성공적으로 적용되어지고 있다. 최적화 문제가 탐색체의 형태로 표현된 후, 여러 세대를 거쳐 탐색체교차와 유전자 돌연변이를 통해 원하는 형태로 진화과정을 겪게 된다. 만약 하나의 탐색체가 미리 정의된 조건, 즉 문제 종속적인 조건을 만족한다면 진화과정은 종료되고 그 탐색체는 결과로 선택된다. 유전자 알고리즘은 생산, 평가 그리고 검증 단계로 구성되며 생산과정에서는 교차와 돌연변이 연산을 이용하여 보다 적절한 탐색체를 생산해서 유전자 풀에 추가하는 역할을 수행한다. 평가단계에서는 미리 정의된 적응성 함수를 이용하여 적응치를 할당된 후 자연선택을 통해 다음 세대에서 부모로서 활동할 탐색체를 선택하는 임무를 수행한다. 검증단계에서는 이렇게 생존된 몇 탐색체 중에서 최상의 적응치를 할당받은 탐색체가 종료조건을 만족시킨다면 그 탐색체가 결과로 출력되고 유전자 알고리즘은 종료하게 된다. 그렇지 않으면 생산에서 검증단계까지 반복되면서 진

- 1) initialize probability vector
for $i=1$ to l
 $p[i]=0.5$ or $1/l$
- 2) generate n individuals from the vector
for $j=1$ to n
gene pool[j] = production(p);
- 3) assign the fitness to each individual
- 4) update the probability according to the fitness
- 5) check if the vector has converged
for $i=1$ to l do
if $p[i]>0$ and $p[i]<1$ then
return to step 2;
- 6) the converged index, i , presents the final solution

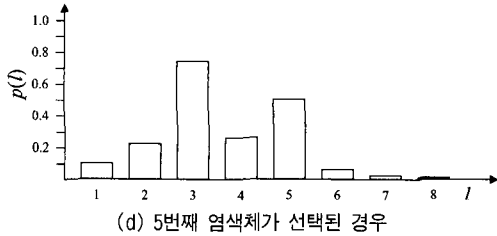
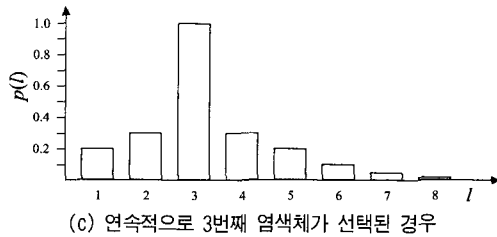
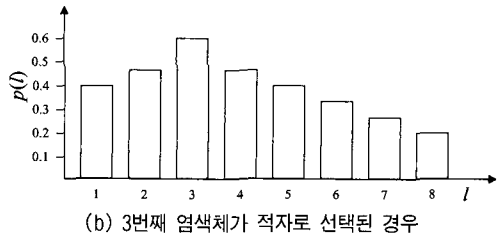
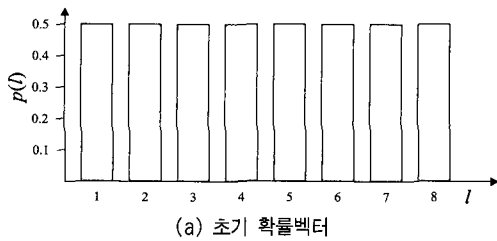
(그림 1) PBIL의 개요

화과정을 다시 거치게 된다. 이처럼 유전자 알고리즘은 자연의 자연 진화를 모방한 것이다. 여기서 적응성 함수는 비용 또는 거리 척도의 역함수를 사용하기 때문에 세대를 거쳐 진화되면서 적응성이 보다 우수한 탐색체를 생산할 수 있게 보장한다.

PBIL은 이런 유전자 알고리즘의 변종으로서 확률벡터에 기반한 통계적 탐색을 이용한다[15]. 이 기법은 탐색체의 생존 정도를 $[0, 1]$ 사이의 생존확률 값의 형태로 확률벡터에 저장하며, 각 세대에서 이 값에 기반해서 탐색체를 생산하고 생산된 탐색체는 자신의 적응치에 따라 생존확률을 변화시키고 사라진다. 다음 세대에서도 탐색체들은 이 변화된 확률 값에 의해 생산되며 확률 값을 갱신하고 사라진다. 이런 반복과정을 거쳐 확률 값이 수렴하게 되면 알고리즘이 종료하게 된다. 그러므로 기존의 유전자 알고리즘과 달리 생존 탐색체를 저장할 필요가 없기 때문에 유전자 풀이 필요하지 않으며 확률벡터가 생존 정보를 유지하게 된다. (그림 1)은 PBIL의 기본적인 개요를 보여주며 여기서 l 과 n 은 가능한 모든 탐색체의 개수와 개체군의 크기를 각각 나타낸다. 단계 1)에서 모든 가능한 탐색체의 초기 확률 값이 0.5 또는 $1/l$ 로 설정되고 n 개의 탐색체가 생산함수에 의해 무작위로 생산된다. 이 생산 함수는 2개의 무작위 수, 즉 탐색체를 식별할 수 있는 색인(index) 값과 임의의 생존 확률 값을 발생한다. 만약 생성된 색인이 가리키는 위치에 저장된 확률 값이 발생된 임의의 확률 값보다 크다면 그 탐색체는 평가단계를 위해 유지되고 그렇지 않으면 다른 탐색체를 생산하기 위해 이 과정을 반복한다. 생산되는 탐색체의 수는 개체군의 크기 n 에 도달할 때까지 수행된다. 생산과정이 종료되면 탐색체들은 적응성 함수에 의해 평가되고 확률벡터를 갱신한 후 소멸되며 이 과정을 PBIL에서는 학습이라고 한다. 학습과정 후 확률 값을 변형시키는 돌연변이 과정이 추가될 수도 있다. 단계 5)에서는 확률벡터의 수렴을 확인한 후 종료를 판단하게 된다. (그림 2)는 PBIL의 확률 값 변화를 보여주는 예이다. (그림 2) (a)는 각 탐색체에 대한 초기 값을 보여준다. 만약 제1세대에서 세 번째 탐색체가 적자로 결정되었다면 (그림 2) (b)에서처럼 세 번째 탐색체의 확률 값만 증가되고 나머지는 감소될 것이다. 확률 값의 변화량

은 균일하게 조정되거나 적자와의 거리에 따라 가변적으로 조정될 수 있다. 이 예에서는 적자 탐색체와의 거리에 따라 확률 값이 변동되는 가변 학습률이 사용되었다. 다음 세대에서의 생존은 갱신된 확률 값에 의존하기 때문에 세 번째 탐색체가 생존할 가능성이 크다. 제2세대에서 다시 세 번째 탐색체가 적자로 결정된다면 확률 값은 (그림 2) (c)와 같이 변화될 것이다. 만약 제3세대에서 다섯 번째 탐색체가 적자로 선택되어지면 확률벡터는 (그림 2) (d)와 유사해질 것이다.

(그림 1, 2)에서 본 것처럼 적자 또는 승자는 자신의 확률 값을 증가시키고 사라지며 나머지 확률 값들은 자동적으로 감소된다. 확률벡터가 모든 탐색체의 생존 정보를 표시하기 때문에 기존의 유전자 알고리즘들에서 생존 탐색체를 저장하는 과정을 없앨 수 있으며 발생 가능한 해의 공간이 작다면 PBIL을 이용하는 알고리즘은 소형화될 수 있다.



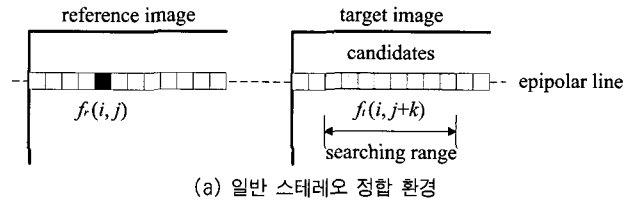
(그림 2) 확률벡터의 변화 예

3. 제안한 정합 알고리즘

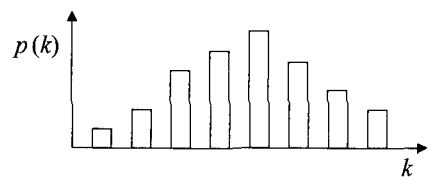
3.1 확률 모델

스테레오 정합의 목적은 참조 영상에 속한 각 화소의 일치점을 목표 영상에서 찾는 것이다. 보통 극상선 제약조건(epipolar constraint)이 만족되었다고 가정하기 때문에 정합

의 탐색은 1차원 수평 방향으로 제한된다. 만약 극상선이 정렬되지 않았다면 정합 전에 극상선 정렬(rectification) 처리를 수행해야만 한다[1, 18]. (그림 3) (a)에서와 같이, 참조 영상에서 한 화소 또는 블록의 중심점은 주어진 1차원 탐색 범위(searching range) 내에서 목표 영상의 특정 점에 정합되어진다. 여기서 $f_r()$ 와 $f_t()$ 는 참조 및 목표 영상에서의 밝기 값을 각각 나타낸다. 다시 말해서 탐색범위 내에 있는 목표 영상의 각 화소들은 (그림 3) (b)와 같이 참조 점에 정합되어질 확률 값을 가진다. (그림 3)에서 본 것처럼 한 점(0차원)에 대한 정합 확률벡터는 (그림 2)와 같은 1차원 형태를 가지므로 영상 정합에 대한 확률벡터는 2차원으로 단순 확장된다. 그 결과 참조 영상의 한 화소(i, j)가 목표 영상의 화소 ($i, j+k$)에 정합될 확률을 $p(i, j, k)$ 로 표현할 수 있다. 그러므로 2차원 영상 전체적으로는 3차원 확률벡터가 필요하다. 이 3차원 확률모델에서 스테레오 정합은 모든 영상 화소 (i, j)에 대해서 최대의 정합 확률 값을 가지는 k 값을 찾는 문제로 변경된다. 즉, 정합 점 하나당 1차원 확률벡터 한 개가 있는 것과 동일하다.



(a) 일반 스테레오 정합 환경



(b) 후보 화소들의 정합 확률

(그림 3) 화소 정합에 대한 확률 사상

PBIL에서 확률벡터의 크기는 가능한 해의 개수에 의존하기 때문에 최적화 문제의 유형에 따라서 해의 공간이 방대해질 수 있다. 그러나 스테레오 정합에서 가능한 해의 개수는 탐색범위의 크기와 같으며 이 값은 유한하고 상당히 작은 값이다. 더욱이 PBIL은 진화과정동안 탐색체의 색인 값과 확률 값만을 사용하기 때문에 제한한 스테레오 정합 기법은 매우 효과적이다.

3.2 PBIL을 이용한 스테레오 정합

3차원 확률모델에서 변이 맵을 획득하기 위해서, 확률벡터는 초기화된 후 PBIL에 의해 갱신되며 일정 세대 후 k -방향으로 최대의 확률 값을 가지는 값이 그 화소의 변이 값으로 출력된다. (그림 4)는 제안한 알고리즘의 개요를 보여준다. 단계 1)과 2)는 차원의 차이를 제외하고 (그림 1)에서와 같다. 영상의 한 화소는 1차원 PBIL을 가지기 때문에 제안한 알고리즘은 점방식 주사(raster scanning) 순서로 수행

된다. PBIL에서 생성되는 염색체의 수는 반드시 적자, 즉 승자를 결정해야 하기 때문에 최소 두 개 이상의 염색체를 발생해야만 한다. 그리고 생성되는 염색체의 수는 수렴 속도에 크게 영향을 주기 때문에 큰 수의 n 이 사용되면, 다양성이 나빠지지만 빠른 수렴 속도를 가진다. 염색체 생산 후, 생성된 염색체는 문제 종속 함수에 의해 평가된다. 기존의 유전자 알고리즘들은 적응치 할당 후 모든 개체의 적응치 값이 자연선택을 위해 생존확률(survival probability)로 변환되어야만 한다. 이 변환은 비용이나 오차 측정값을 확률 값으로 변환 할당해야하기 때문에 간단한 문제가 아니다. 그러나 PBIL에서는 적응치 값만을 비교해서 적자를 승자로 선택하면 되기 때문에 이런 변환과정이 불필요하고 그 결과 정합 구조가 단순해질 수 있다. 또한 단계 2)에서는 정합 구조를 더욱 간단하게 만들기 위해 확률 갱신을 균일 학습률로 설정하였다. 단계 3)에서 변이 방향으로 최대 확률 값을 갖는 현재 변이 값이 이전 세대의 변이 값과 비교되고 변화가 없거나 미세하면 알고리즘은 종료된다.

```

1) initialize probability vector
   for i=1 to row_size
     for j=1 to column_size
       for k=1 to disparity_range
         p[i][j][k] = 0.5;
2) apply PBIL at each image point
   for i=1 to row_size
     for j=1 to column_size {
       //generate n individuals based on the vector
       for k=1 to n
         chromosome[k] = production( );
       //find the fittest
       evaluate(chromosome[1], ..., chromosome[n])
       //update the probability
       if k-th chromosome is the winner then
         p[i][j][k] += Δp
       else{
         for l=1 to disparity_range
           if( l=k )
             p[i][j][l] -= Δp}
3) check if the vector has converged at every generation
   //find the disparity having the maximum probability
   along k-direction
   if previous disparity map ≈ current disparity map then
     goto step 4
   else return to step 2;
4) the current disparity map is the final solution
    
```

(그림 4) 제안한 정합 알고리즘의 개요

3.2.1 염색체 생산함수

확률벡터에 기반한 염색체 생산함수는 무작위 함수를 이용한다. 이 함수는 2장에서 언급된 것과 같이 두 개의 무작위 수인 변이 값을 나타내는 염색체 색인과 이것의 생존확률 값을 발생한다. 중복 염색체 색인이 발생되거나 확률벡터에 저장된 값보다 큰 값이 발생되면 다른 염색체 생산을 위해 반복 수행되며, 생산과정에 대한 개요는 (그림 5)에서와 같다. 여기서 MAX_NUM은 무작위 함수에 의해 발생되는 최대수를 나타낸다. 일반적으로 PBIL에서 사용되는 염색

체 색인은 염색체 그 자체와는 다르며 색인 값은 단지 부호화된 특정한 염색체를 가리키는 주소 개념이다. 그러나 제안한 알고리즘에서는 염색체 색인이 염색체 값과 같으며 변이 값을 나타낸다. 즉, 제안한 알고리즘에서 염색체 구조는 한 개의 유전자를 가지고 그 유전자 값이 곧 변이 값이다.

```

Loop: chromosome = random(seed)%(disparity_range+1);
   survival_probability = random(seed)/MAX_NUM;
   if survival_probability > p[i][j][chromosome] or
   the chromosome is a duplicate
     goto Loop
   else
     return chromosome
    
```

(그림 5) 염색체 생산함수의 개요

3.2.2 평가함수

각 세대에서 승자를 결정하기 위해 평가함수, 즉 적응성 함수는 발생된 염색체들에 대해 적응치 정도를 할당해야만 하므로 이 함수는 정합기준 함수로서 동작해야 한다. 스테레오 정합에 사용되어지는 함수는 최상의 정합점을 찾기 위해 밝기 유사성 및 변이 연속성과 같은 몇 개의 제약조건으로 구성된다. 밝기 유사성이란 참조 화소 또는 블록이 목표치와 얼마나 닮았는가를 나타내고 변이 연속성은 특정 위치의 변이 값이 주변 변이 값과 연속한 정도를 나타낸다. 그래서 제안한 알고리즘의 적응성 함수는 이 두 제약조건으로 구성된다.

참조와 목표 블록 간의 밝기 MAD(mean of absolute difference) 값을 밝기 유사성 척도로 정의하였으므로 화소 (i, j) 에서 k 번째 염색체에 대한 MAD는

$$m_{ik}(i, j) = \frac{1}{S(W)} \sum_{(m, n) \in W} |f_r(i+m, j+n) - f_g(i+m, j+n + C_k)| \quad (1)$$

와 같이 표현된다. 여기서 $S(W)$ 는 창 W 의 크기, f_r 과 f_g 는 밝기 값, C_k 는 k 번째 염색체 값, 즉 변이 값을 각각 나타낸다.

다른 중요한 제약조건은 변이 연속성인데, 스테레오 정합에 밝기 유사성만을 사용하면 많은 오정합을 야기시키므로 변이 값을 결정할 때, 주변 변이를 고려하여 신중하게 결정하여야 한다. 이 밖에 변이 순서 및 유일성이 포함되어질 수 있지만 연속성이 순서 제약보다 우세하기 때문에 순서 제약조건은 배제하였다. 또한 제안한 알고리즘은 특정 화소 위치에서 변이 방향으로 최대의 확률 값을 가지는 하나의 값을 결과로 출력하기 때문에 유일성 제약조건을 자동으로 만족하는 특성이 있다. 그러므로 제안한 스테레오 정합 알고리즘은 밝기 유사성, 변이 연속성, 변이 유일성 세 개의 제약조건으로 정합 점을 평가한다고 할 수 있다. 만약 모든 변이 값이 알려져 있다고 가정한다면 한 점에서 주변 8-방향 이웃들과의 변이 MAD값인

$$m_d(i, j) = \frac{1}{8} \sum_{m=1}^1 \sum_{n=1}^1 |d(i, j) - d(i+m, j+n)| \quad m \neq 0, n \neq 0 \quad (2)$$

이 연속성 척도로 사용될 수 있다. 그러나 제안한 알고리즘은 점방식 주사 순서로 실행되기 때문에 현재 세대의 한 점에서는 8개 이웃 중 상위 라인의 3값과 좌측 화소 1개인 4개의 값만을 알고 있으므로 (식 2)를 사용할 수 없다. 그래서 제안한 알고리즘의 변이 연속성 검사는 제1세대를 제외하고 이전 세대의 변이 값을 임시로 저장하여 다음 세대에서의 변이 연속성과 수렴성을 검사하였다. 각 세대에 임시로 저장되는 변이 값은 변이 방향으로 현재 세대에서의 최대 확률 값을 가지는 변이를 선택하였다. 또한 다해상도 전략기법을 포함시키고 넓은 영역의 변이 일관성을 얻기 위해서 이웃화소의 거리를 제어하기 위해 크기 조정인자 s 를 추가하였다. 그러므로 k 번째 염색체의 최종 변이 연속성 함수는 다음과 같이 표현되어진다.

$$m_{dk}(i, j) = \frac{1}{8} \sum_{m=1}^4 \sum_{n=1}^4 |C_k - d^p(i+s m, j+s n)| \quad m \neq 0, n \neq 0. \quad (3)$$

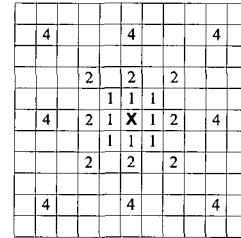
여기서 d^p 는 주어진 위치에서 이전 세대의 최대 확률 값을 갖는 변이 값을 나타낸다. 큰 s 값이 사용될수록 오정합과 같은 잡음 제거는 우수하지만 둔감한 결과가 얻어지므로 거리 조정인자는 진화과정을 거치면서 큰 값에서 작은 값으로 설정하는 것이 좋은 결과를 가져온다. 그러므로 제안한 알고리즘은 4, 2, 1로 감소하는 세 단계의 거리 조정을 사용하였고 s 값은 몇 세대 동안 유지되도록 하였다. (그림 6)은 본문에서 사용한 체스보드 거리(chess-board distance) 관점에서 설정된 8-방향 이웃들을 보여준다. 기호 X 와 각 숫자는 중심점과 거리 조정인자 값에 따른 이웃 위치를 각각 나타내는 것이다. 만약 변이 값의 범위가 아주 큰 경우에는 4 단계 혹은 그 이상의 거리 조정단계가 사용되어질 수도 있다.

k 번째 염색체의 최종 평가함수는

$$E(i) = \begin{cases} m_{ik}, & \text{generation} = 1 \\ w_i m_{ik} + w_d m_{dk}, & \text{generation} > 1 \end{cases} \quad (4)$$

로 표현된다. 여기서 w_i 와 w_d 는 유사성과 연속성의 가중치를 나타내며 $w_i + w_d = 1$ 인 관계로 설정된다. 제1세대에서는 이전 세대의 변이 값이 존재하지 않기 때문에 변이 연속성 값이 계산될 수 없고 밝기 유사성만 평가함수에 포함된다. (식 4)는 밝기와 변이의 오차함수로 구성되어있기 때문에 적응치 값을 계산하려면 (식 4)의 역함수 형태를 사용해야만 한다. 기존의 유전자 알고리즘은 자연선택을 위해 적응치 값을 획득해야만 하고 적응치 값에서 생존확률로의 변환을 또한 고려해야하기 때문에 이들 변환과정을 명확하게 정의하기 힘든 문제를 가지고 있다. 그러나 제안한 알고리즘은 최소 오차를 갖는 염색체를 승자로 결정하면 되므로 이들 변환이 불필요하다. 일반적으로 밝기와 변이의 오차 분포는 서로 다른 특성을 가지기 때문에 m_{ik} 와 m_{dk} 는 먼저 자신들의 최대값으로 정규화된 후, 가중치 w_i 와 w_d 로 각 항의 가중정도가 조절되어 평가함수에 참여한다. 보통 초기 세대들에서는 변이 연속성을 강조하여 유연한 결과를 얻고 최종 세

대에서는 밝기 연속성을 키워 세밀한 결과를 얻는 것이 바람직하다. 그러므로 제안한 알고리즘에서는 거리 조정인자 s 에 따라 w_d 를 조절하였다.



(그림 6) 각 크기 인자에 따라 변이 연속성 함수에 참여하는 8-방향 이웃들

3.3 대안 알고리즘

본 절에서는 제안한 알고리즘의 최대 수렴속도 및 최저 저장공간 소요를 위한 대안 알고리즘을 제시한다. 만약 모든 가능한 염색체들이 항상 생성되어있다고 가정한다면, 다양성은 최악의 결과를 가져오지만 수렴속도는 최대로 증가시킬 수 있으며 염색체 생산함수를 제거할 수 있다. 왜냐하면 생산과정 없이 모든 염색체들이 발생되었다고 볼 수 있기 때문이다. 이 변경은 제안한 알고리즘의 수행 속도를 최대로 높이는데 기여한다. 두 번째 변경항목은 저장 공간을 줄이기 위한 목적으로 매 세대에서의 확률벡터를 변경하지 않고 승자 염색체를 결과로 결정한다면 확률벡터의 사용을 없앨 수 있다. 이 경우는 제시된 알고리즘이 더 이상 유전자

```

1) the evaluation step is only applied at every image point
   for i=1 to row_size
     for j=1 to column_size {
       //since it is assumed that all individuals are generated,
       // the production routine can be eliminated.
       //find the fittest for all possible candidates
       evaluate(chromosome[1], ..... , chromosome[DMAX])
       //store the fittest
       d[i][j] = the fittest index}
2) check the disparity convergence
   if previous disparity map ≈ current disparity map then
     goto step 3
   else return to step 1
3) the current disparity map is the final solution
    
```

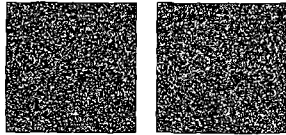
(그림 7) 제안한 대안 알고리즘의 개요

알고리즘이 아니며 PBIL도 될 수 없지만 확률벡터가 점유한 저장 공간을 줄일 수 있다. 실험에서 이들 두 변경사항을 적용한 대안 알고리즘의 결과가 제안한 초기 알고리즘의 결과와 성능 차이가 거의 없다는 것을 보여줄 것이다. (그림 7)은 두 개의 변경사항을 포함한 대안 알고리즘의 의사코드를 보여준다. 여기서 $DMAX$ 는 변이 최대값을 가리킨다.

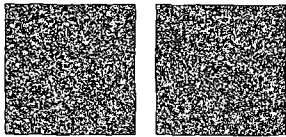
4. 실험 결과

이완처리 과정이 포함된 기존의 블록정합 기법이 제안한 알고리즘의 구조와 유사하기 때문에 제안한 알고리즘의 성

능을 평가하기 위해 비교된다. (그림 8~11)에서 보여진 30%, 50% 무작위 스테레오 영상, "tsukuba" 및 "pentagon" 영상들이 실험에 사용되었고 <표 1>은 실험에 사용된 상수들을 나타낸다. 10%와 20% 무작위 잡음이 30% 및 50% RDS에 각각 추가되었고 실 영상에는 잡음이 추가되지 않았다. 변이 연속성에 참여하는 이웃의 거리는 4-, 2-, 1-화소인 세 단계로 조절되었으며 각 거리 인자에 대해 w_d 를 0.8, 0.6 그리고 0.4로 설정하였다. 그리고 최대의 수렴속도를 얻기 위해 각 세대에서 모든 탐색체가 생성되었다고 가정하였다.



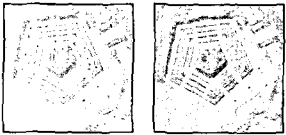
(그림 8) 우영상에 10%의 무작위 잡음이 실린 30% RDS



(그림 9) 우영상에 20%의 무작위 잡음이 실린 50% RDS



(그림 10) "Tsukuba" 스테레오 쌍



(그림 11) "Pentagon" 스테레오 쌍

(그림 12)는 5x5창을 갖는 기존의 BMA 결과를 나타내며 (그림 13)은 Marr와 Poggio에 의해 제안된 협동 이완 알고리즘[19]의 개선된 방식[7]이 12회 반복 적용된 결과이다. 본 실험에서 사용된 모든 결과영상은 변이 값을 밝기 값으로 변환하여 표현하였다. 제안한 알고리즘의 결과는 (그림 14)에 나타나 있으며 (그림 16~19)는 제안한 방법과 대안 알고리즘의 각 세대별 결과를 보여준다. (그림 15~18)의 결과 (a)는 각 세대에서 확률벡터에 저장된 값 중 최대치를 갖는 변이를 임시 결과로 결정한 것이다. (그림 13)과 비교할 때, 제안한 알고리즘은 명백히 수렴속도가 빠르고 다해상도 접근법과 유사하게 변이 연속성에 참여하는 8-방향 이웃의 거리를 조절하기 때문에 진화가 진행될수록 안정되고 세밀한 결과를 가져온다. 그리고 제안한 알고리즘은 밝기 유사성과 변이 연속성으로 구성된 적응성 함수를 사용하기 때문에 매 세대마다 이완처리와 탐색이 동시에 고려된다는 특성이 있다. 그 결과 영상의 특성이 달라도 제10세대 근처에서 대부분 수렴하는 것을 볼 수 있고 대안 알고리즘의 결과 또한 원래 알고리즘과 유사한 것을 알 수 있다. 만약 전체 해상

도의 변이 맵이 필요하지 않다면, 거리 조정 단계를 1단계(4-화소) 또는 2단계(2-화소)까지만 사용하면서 중간 화소들을 건너뛰면 간소화된 결과를 얻을 수 있다. (그림 19, 20)은 수직과 수평방향으로 4배 및 2배 간축된 결과를 보여준다. <표 2>는 Pentium-4 1.79GHz 컴퓨터에서 수행된 전체 해상도 및 간축 결과의 수행시간을 비교한 것이다. 여기서 제안된 알고리즘의 대안 기법이 원 기법과 유사한 결과를 가지면서 최소의 수행시간을 필요로 하였다. 또한 PBIL 기반의 제안한 알고리즘은 이완처리를 갖는 BMA보다 약간의 계산시간이 더 요구되었지만 괄목할 만한 결과 개선을 얻을 수 있었다.

<표 1> 실험에 사용된 상수

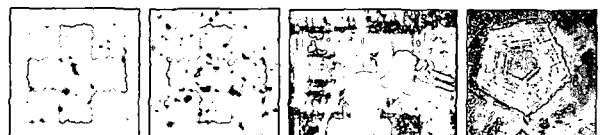
Items	Images	Artificial		Real	
		30% RDS	50% RDS	"Tsukuba"	"Pentagon"
Image type		128x128	128x128	284x384	512x512
Image type		Gray	Gray	Color	Gray
Noise type		10% random	20% random	None	None
Actual disparity		0 - 3	0 - 3	About 0 - 20	About -10 - 10
Range of gene value (disparity range)		-4 - 7	-4 - 7	-10 - 30	-15 - 15
Window size for intensity difference		5x5			
No. of steps of scale factor(s values)		3(4, 2, 1)			
No. of generation of each step (total generations)		6, 4, 2(12)			
w_d according to s ($w_i = 1 - w_d$)		0.8, 0.6, 0.4(0.2, 0.4, 0.6)			
Δp		0.05			

<표 2> 계산시간 비교(단위: 초)

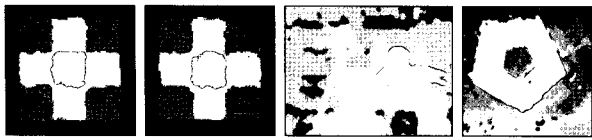
Images	Methods	BMA with 12 relaxations	The proposed algorithm(12 generations)					
			Original version			Alternative version		
			3-step	2-step	1-step	3-step	2-step	1-step
RDS		1.6	2.7	1.9	0.5	1.5	1.1	0.4
"tsukuba"		35.4	40.4	26.1	7.2	18.1	12.3	5.4
"pentagon"		75.1	76.5	49.8	14.5	39.7	28.5	12.2



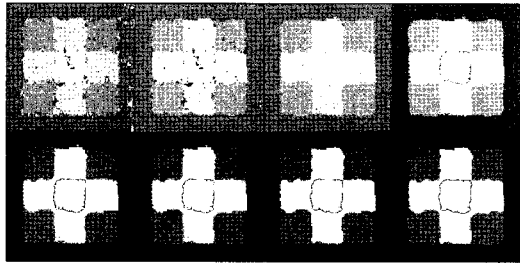
(a) 30% RDS (b) 50% RDS (c) "tsukuba" (d) "pentagon"
(그림 12) 5x5 창을 사용한 기존의 BMA 결과



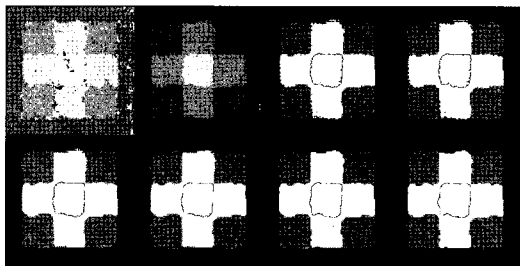
(a) 30% RDS (b) 50% RDS (c) "tsukuba" (d) "pentagon"
(그림 13) 이완처리 12회를 수행한 BMA 결과



(a) 30% RDS (b) 50% RDS (c) "tsukuba" (d) "pentagon"
 (그림 14) 제안한 알고리즘의 제12세대 결과

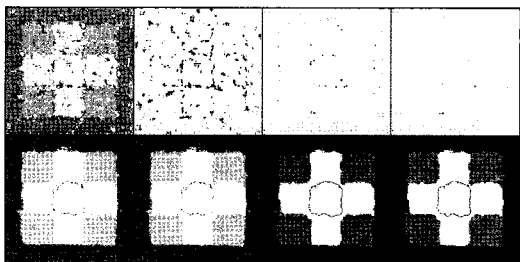


(a) 제안한 알고리즘

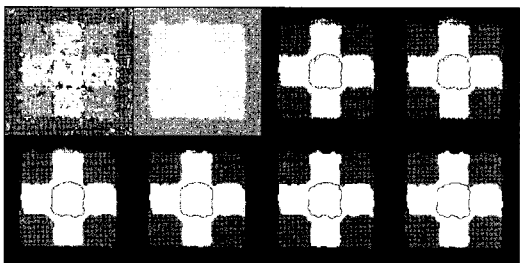


(b) 대안 알고리즘

(그림 15) 30% RDS에 대한 제안한 알고리즘의 제1, 2, 3, 5, 7, 9, 11 및 12세대의 결과

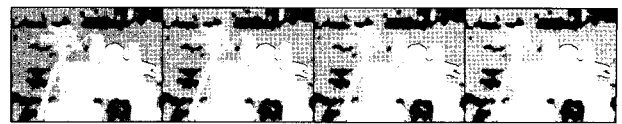


(a) 제안한 알고리즘

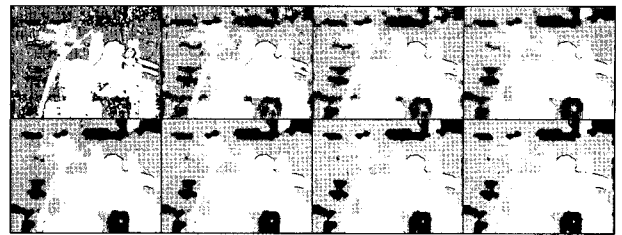


(b) 대안 알고리즘

(그림 16) 50% RDS에 대한 제안한 알고리즘의 제1, 2, 3, 5, 7, 9, 11 및 12세대의 결과

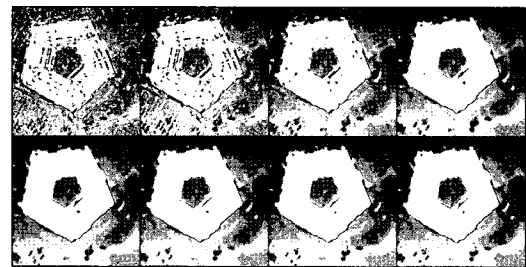


(a) 제안한 알고리즘

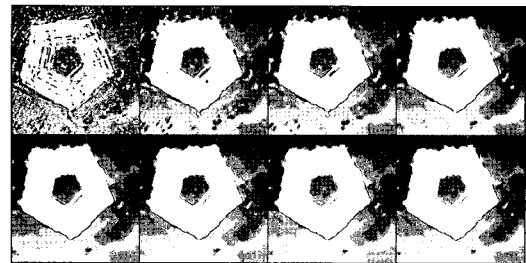


(b) 대안 알고리즘

(그림 17) "Tsukuba"에 대한 제안한 알고리즘의 제1, 2, 3, 5, 7, 9, 11 및 12세대의 결과

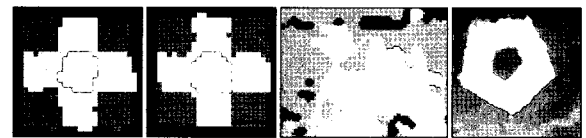


(a) 제안한 알고리즘



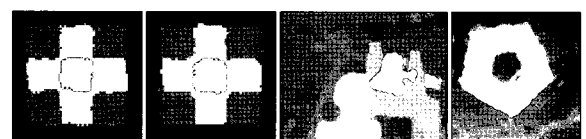
(b) 대안 알고리즘

(그림 18) "Pentagon"에 대한 제안한 알고리즘의 제1, 2, 3, 5, 7, 9, 11 및 12세대의 결과



(a) 30% RDS (b) 50% RDS (c) "tsukuba" (d) "pentagon"

(그림 19) 거리 조정 인자가 40이고 수평 및 수직으로 4-화소씩 간축된 결과



(a) 30% RDS (b) 50% RDS (c) "tsukuba" (d) "pentagon"

(그림 20) 거리 조정 인자가 20이고 수평 및 수직으로 2-화소씩 간축된 결과

5. 결론

본 논문에서는 소형 구조를 유지하면서 유전자 알고리즘 기반 정합 기법의 성능을 개선하기 위해 새로운 단순 스테레오 정합 알고리즘을 제시하였다. 스테레오 정합 문제를 확률 모델로 표현하였고 PBIL 전략을 스테레오 정합 환경에 맞게 순응시켰다. 그 결과 제안된 알고리즘의 정합 구조가 이완처리를 포함한 BMA 기법만큼 단순해졌으며, 변이 연속성에 참여하는 이웃들의 거리를 3단계로 조절함으로써 넓은 영역의 변이 일관성을 얻을 수 있었다. 이 거리 제어에 의해 제안된 알고리즘은 단지 5x5 크기의 고정된 정합 창만을 사용하여 좋은 결과를 출력하였다. 이것은 변이 연속성을 다단계로 조절하는 것이 스테레오 정합에 중요한 역할을 한다는 것을 입증하는 결과이다. 마지막으로 제안한 기법에 두 가지 변경 사항을 추가하여 확률벡터를 사용하지 않는 소형 대안 알고리즘을 제시하여 저가 장비에 적용될 수 있도록 하였다. 실험결과에서는 제안한 방법이 수렴 속도뿐만 아니라 결과 성능까지 개선하였고 대안 알고리즘이 계산비용과 저장 공간의 감소를 위해 좋은 대안임을 보여주었다.

참고 문헌

[1] M. Pollefeys, L. Van Gool, M. Vergauwen, F. Verbiest, K. Cornelis, J. Tops, R. Koch, "Visual Modeling with a Hand-held Camera," *International Journal of Computer Vision*, vol.59, No.3, pp.207-232, 2004.

[2] M. Billinghurst and H. Kato, "Collaborative Augmented Reality," *Communications of the ACM*, vol.45, No.7, pp. 64-70, 2002.

[3] S. Panis, M. Ziegler, and J. P. Cosmas, "The Use of Stereo and Motion in a Generic Object-based Coder," *Signal Processing: Image Communication*, vol.9, pp.221-238, 1997.

[4] J. R. Ohm, K. Grüneberg, E. Hendriks, M. E. Izquierdo, D. Kalivas, M. Karl, D. Papadimitos, and A. Redert, "A Realtime Hardware System for Stereoscopic Video-conferencing with Viewpoint Adaptation," *Signal Processing: Image Communication*, vol.14, pp.147-171, 1998.

[5] Robert M. Haralick and Linda G. Shapiro, *Computer and Robot Vision*, Volume 2, New York : Addison-Wesley Publishing Co., 1993, pp.289-378.

[6] A. C. Kak, *Handbook of Industrial Robotics*, New York : John Wiley, 1985, pp.272-319.

[7] Kyu-Phil Han, Tae-Min Bae, and Yeong-Ho Ha, "Hybrid Stereo Matching with a New Relaxation Scheme of Preserving Disparity Discontinuity," *Pattern Recognition*, Vol.33, No.5, pp.767-785, 2000.

[8] W. Eric L. Grimson, "Computational Experiments with a Feature Based Stereo Algorithm," *IEEE Trans. Patt. Anal.*

Machine Intell., Vol.7, No.1, pp.17-34, 1985.

[9] D. De Vleeschauwer, "An Intensity-based, Coarse-to-fine Approach to Reliably Measure Binocular Disparity," *CVGIP: Image Understanding*, Vol.57, No.2, pp.204-218, 1993.

[10] Gerard Medioni and Ramakant Nevatia, "Segment-based Stereo Matching," *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, Vol.31, pp.2-18, 1985.

[11] John R. Jordan and Alan C. Bovik, "Using Chromatic Information in Edge-based Stereo Correspondence," *CVGIP: Image Understanding*, Vol.54, No.1, pp.98-118, 1991.

[12] John (Juyang) Weng, "Image Matching Using the Windowed Fourier Phase," *International Journal of Computer Vision*, Vol.11, No.3, pp.211-236, 1993.

[13] Yong-Suk Kim, Jun-Jae Lee, and Yeong-Ho Ha, "Stereo Matching Algorithm Based on Modified Wavelet Decomposition Process," *Pattern Recognition*, Vol.30, pp.929-952, 1997.

[14] Kyu-Phil Han, Kun-Woen Song, Eui-Yoon Chung, Seok-Je Cho, and Yeong-Ho Ha, "Stereo Matching Using Genetic Algorithm with Adaptive Chromosomes," *Pattern Recognition*, Vol.34, No.9, pp.1729-1740, 2001.

[15] Shumeet Baluja, "Population-based Incremental Learning: A Method for Integrating Genetic Search Based Function Optimization and Competitive Learning," *Technical reports CMU-CS-94-163*, Carnegie Mellon Univ., Jun., 1994.

[16] P. H. Winston, *Artificial Intelligence-3rd edition*, New York: Addison-Wesley Publishing Co., 1993, pp.505-528.

[17] David B. Fogel, "Evolutionary Computation: Comments on the History and Current State," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, Vol.1, No.1, pp.3-17, 1997.

[18] D. V. Papadimitriou and T. J. Dennis, "Epipolar Line Estimation and Rectification for Stereo Image Pairs," *IEEE Transactions on Image Processing*, Vol.5, No.4, pp.672-676, 1996.

[19] D. Marr and T. Poggio, A Computational Theory of Human Stereo Vision, *Proc. Royal Soc. London*, Vol.B204, pp.301-328, 1979.



한 규 필

e-mail : kphan@kumoh.ac.kr

1993년 경북대학교 전자공학과(학사)

1995년 경북대학교 전자공학과(석사)

1999년 경북대학교 전자공학과(박사)

2004년~2005년 University of California, Irvine 교환교수

2000년~현재 금오공과대학교 컴퓨터공학부 조교수

관심분야: 영상처리, 컴퓨터비전, 컴퓨터그래픽스, 3차원 이미징