DOI: 10.3745/KIPSTB.2010.17B.1.063

에지 정보를 이용한 유전 알고리즘 기반의 다해상도 스테레오 정합

홍 석 근† · 조 석 제††

요 약

본 논문은 스테레오 시각에서 에지 정보를 이용한 유전 알고리즘 기반의 다해상도 스테레오 영상 정합 방법을 제안하고자 한다. 정합 환경을 최적화 문제로 간주하여 유전 알고리즘을 이용하여 해를 찾는다. 비용함수는 스테레오 정합에서 주로 고려할 수 있는 제약 조건으로 구성하였다. 처리의 효율성을 높이기 위해, 영상 피라미드 방법을 적용하여 최저해상도에서 최초 변위도를 계산한다. 그리고 최초 변위도는 다음 해상도로 전파되고, 보간된 후 변위 정제를 수행한다. 실험을 통해 제안한 방법이 변위 탐색 시간을 감소시킬 뿐만 아니라 정합의 타당성을 보증함을 확인하고자 한다.

키워드 : 스테레오 정합, 유전 알고리즘, 에지 정보, 다해상도, 변위 전파

A Multiresolution Stereo Matching Based on Genetic Algorithm using Edge Information

Seok-Keun Hong† · Seok-Je Cho††

ABSTRACT

In this paper, we propose a multiresolution stereo matching method based on genetic algorithm using edge information. The proposed approach considers the matching environment as an optimization problem and finds the solution by using a genetic algorithm. A cost function composes of certain constraints which are commonly used in stereo matching. We defines the structure of chromosomes using edge pixel information of reference image of stereo pair. To increase the efficiency of process, we apply image pyramid method to stereo matching and calculate the initial disparity map at the coarsest resolution. Then initial disparity map is propagated to the next finer resolution, interpolated and performed disparity refinement. We valid our approach not only reduce the search time for correspondence but alse ensure the validity of matching.

Keywords : Stereo Matching, Genetic Algorithm, Edge Information, Multiresolution, Disparity Propagation

1. 서 론

스테레오 시각(Stereo vision)은 한 장면을 담은 스테레오 영상에서 물체의 위치 차이를 계산하여 3차원 정보를 추출하는 과정이다. 스테레오 시각 연구에서 두 영상간의 대응점을 찾아내는 정합 과정(stereo matching)이 가장 어렵다. 그래서 대부분의 스테레오 시각에 대한 연구는 대응성 문제, 즉 정합점을 찾는데 초점을 맞추고 있다[1].

스테레오 정합은 정합문제 해결방법에 따라 특징기반(feature-based) 정합과 영역기반(area-based) 정합으로 분류할 수 있다. 특징기반 정합은 특징점에 대해 얻는 변위가 정교하고 처리속도가 빠른 반면 변위의 특징점이 아닌 부분에 대해서는 정확도가 떨어지는 단점이 있다. 영역기반 정합은 영상 전체에 대해 조밀한 변위도를 구할 수 있지만, 영상의 경계부분에 대한 정확한 정합을 보장해주지 못하고 질감이 약한 부분에서는 오정합의 정도가 심해지는 단점이 있다[1-2].

D. Scharstein 등[2]이 제안한 바에 의하면, 스테레오 정합은 변위 최적화 방법에 따라 지역적 최적화(local optimization)과 전역적 최적화(global optimization)으로 분류할 수 있다[3-6]. 지역적 최적화는 주어진 윈도우 내에 있는 각 화소에서 명암도 유사도를 비교하는 방법으로써 지역적 Winner-take-all 방식으로 동작한다. 지역적 최적화는 질감이 높은 영역에서는 정확한 변위를 얻을 수 있지만 질감이 없는 넓

† 준 회 원 : 한국해양대학교 제어계측공학과 박사과정
†† 종신회원 : 한국해양대학교 컴퓨터 · 제어 · 전자통신공학부 교수(교신저자)
논문접수 : 2009년 9월 24일
수 정 일 : 1차 2009년 12월 7일
심사완료 : 2009년 12월 7일

은 영역에서는 그렇지 못하다. 이러한 단점을 극복하기 위해 적응적으로 윈도우의 크기와 형태를 정의하여 정합하는 방법과 칼라나 명암도를 이용한 분할 영역 기반(segmentation-based) 정합등이 소개되었다. 이와는 대조적으로 전역적 최적화는 변위도의 불확실성을 줄이기 위해 다양한 제약조건들을 적용하여 에너지 모델을 정의하고 GC(Gragh-cut)이나 MRF(Markov Random Field)등을 이용하여 에너지 함수를 최소화시키며 정합문제를 해결한다[3].

많은 연구가들에 의해 스테레오 정합에 동적계획법(dynamic programming), 신경회로망(neural network)[5], 신뢰전파법(belief propagation)[4] 및 유전 알고리즘(genetic algorithm)[2-3, 7-9]을 적용하는 방법들이 소개되었다. 동적계획법은 주로 특징기반 정합에 사용되며 빠른 처리시간에 비해 이웃하는 수평라인간의 변위가 조화를 이루지 못할 수 있는 단점이 있다. 신뢰전파법은 다른 방법들에 비해 가장 효율적이다. 유전 알고리즘은 자연 진화와 적자 생존 원리에 기반을 둔 탐색방법으로써 크고 복잡한 해공간에서도 최적해를 찾아 수렴하는 장점이 있어서 스테레오 정합에도 적용되었다. 특히 Han[7] 등이 유전 알고리즘을 이용하여 정확한 변위도를 구할 수 있음을 실험을 통해 보였다. 반면에 반복적인 변위 탐색으로 인해 계산량이 많다는 단점을 보였다.

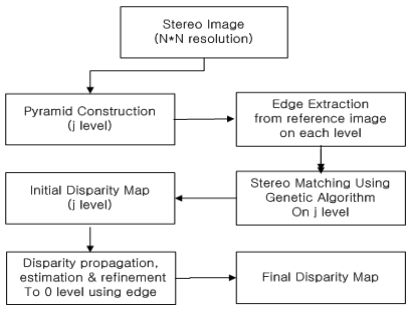
변위 탐색 범위가 넓은 영상에서 효율적이고 정확한 정합을 위해 coarse to fine 전략이라 불리는 계층적 다해상도 구조의 스테레오 정합이 여러 분야에 적용되고 있다. 이로 인해 계산량이 많은 유전 알고리즘의 단점이 극복될 수 있었다. 최근에는 Wang[8]등이 유전 알고리즘과 계층 구조를 혼합한 방법을 제안하였지만 여러 해상도 단계마다 유전 알고리즘으로 정합을 하기 때문에 계층 구조임에도 계산 복잡도가 높다.

본 논문에서는 변위도를 효율적으로 얻기 위한 방법으로 에지 정보를 이용한 유전 알고리즘 기반의 다해상도 처리 방법을 제안한다. 제안한 방법은 계산 복잡도를 줄이기 위해 스테레오 영상을 정해진 단계까지 축소하여 영상 피라미드를 만든다. 각 단계별 기준 영상의 에지 영상을 얻고, 피라미드의 최상단 저해상도 기준 영상의 에지 정보를 이용하여 염색체 구조를 정의하고 유전 알고리즘으로 정합한다. 이렇게 얻어진 최초 변위도를 단계별로 확대하며 변위를 전파하고 각 해상도 단계별 기준 영상의 에지 정보와 화소값을 이용하여 정제(refinement)된 최종 변위도를 얻는다. 제안한 방법의 성능을 실험을 통하여 확인하였다.

2. 유전 알고리즘을 이용한 스테레오 정합

제안한 방법의 블록 다이어그램은 (그림 1)과 같다. 처음에 주어진 스테레오 영상으로 피라미드 구조를 만든다.

원영상 크기를 레벨 0로 두고 단계별로 2배씩 축소하여 j+1 계층의 피라미드를 만든다. 이 때 기준영상의 각 단계별 근사영상에서 에지 영상을 생성한다. 레벨 j의 스테레오 근사 영상을 유전 알고리즘으로 정합하여 얻은 최초 변위도를 단계별로 확대하며 전파 및 보간을 수행한다. 이러한 과정을 레벨 0까지 수행하여 원영상 크기의 정제된 최종 변위도를 얻는다.



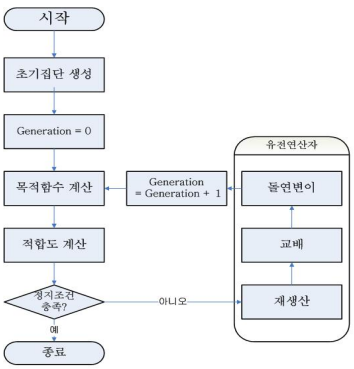
(그림 1) 제안한 방법의 블록 다이어그램

2.1 유전 알고리즘

유전 알고리즘은 Holland에 의해 제안된 전역 최적화 기법으로써 유전학과 자연 진화를 흉내낸 적응탐색법이다. 확률에 기반을 두고 문제해결을 위해 하나의 해를 다루기보다는 집단을 취급하기 때문에 전역적 병렬 탐색과 다차원 공간의 최적화가 가능하다는 장점이 있다[10-11].

유전 알고리즘의 순서도는 (그림 2)와 같다. 최초 주어진 문제의 해가 될 가능성이 있는 개체들의 집단을 형성한다. 주어진 목적함수와 적합도를 계산하여 개체의 강점과 약점을 평가한다. 적합도에 따라 개체를 선택하여 다음 세대에 살려둘 것인지 도태시킬 것인지를 결정한다.

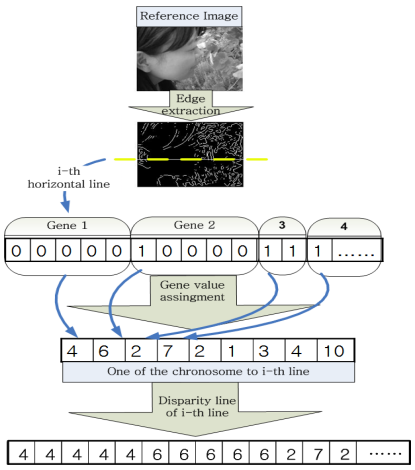
선택된 해집단은 유전연산자에 의해 변형된다. 유전 연산자에는 재생산, 돌연변이, 교배 등이 있다. 이들은 전역적인 최적해와 유전 알고리즘의 효율성 증대를 보장한다. 유전 연산자를 통해 변형 생성된 개체집단에서 정지조건을 만족하는 개체가 있을 경우 알고리즘을 종료하고 그렇지 않을 경우 같은 과정을 반복한다.



(그림 2) 유전 알고리즘의 순서도

2.2 에지 정보를 이용한 염색체 표현 및 초기집단 형성

염색체는 (그림 3)과 같이 기준 영상의 에지 정보를 이용하여 표현한다. 변위도의 수평라인은 염색체와 대응되고 염색체를 구성하는 유전자는 기준 영상에서 추출한 에지화소에 의해 정해진다. 에지 화소 사이 영역은 동일한 객체의 영역으로 간주할 수 있으므로 같은 변위를 가진다. 이와 같



(그림 3) 에지 화소를 이용한 염색체 표현

은 가정으로부터, 유전자는 에지 화소 사이에 있는 화소들의 동일한 변위를 대표한다. 반면 에지 화소들이 연속적으로 연결되어 있는 경우, 즉 수평방향 경계선이 나타날 경우 그 수평라인을 표현하는 염색체의 길이가 길어져서 계산복잡도가 늘어나게 된다. 수평라인상의 연결된 수평방향 경계선은 마찬가지로 같은 개체로 볼 수 있으므로 연결된 수평방향 에지 화소들을 하나의 유전자로 대치시킬 수 있다. 제안한 방법은 canny 연산자를 이용하여 에지 영상을 얻는다.

유전 알고리즘을 위한 초기 집단은 일반적인 방법을 따를 경우 탐색 범위내의 변위값을 유전자에 무작위로 할당한다. 초기 집단을 형성하는 단계에서 유효한 해집단의 범위를 설정해주면 탐색시간을 단축할 수 있다. 제안한 방법은 탐색의 효율성을 높이기 위해 각각의 유전자가 취할 수 있는 후보 변위를 얻는 과정을 거친다. 레벨 j의 영상에 일정한 크기의 윈도우를 이용하여 SAD(sum of absolute difference)를 구한다. SAD를 최소화하는 변위들이 각 화소별로 구해졌을 때 한 유전자로 정의되는 화소들이 갖는 변위들을 후보변위를 선정하여 할당한다.

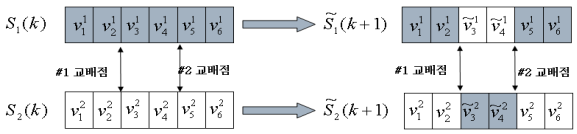
2.3 유전 연산자

제안한 방법의 교배 연산자는 (그림 4)와 같이 복합 교배(hybrid crossover)[10]와 다점 교배[11]를 혼합하여 사용하였다. 복합 교배는 두 부모 염색체 중 적합도가 큰 부모 염색체를 변형시키는 과정을 거친다. 교배점에 의해 절단된 부분은 복합 교배를 적용하여 교환하고 나머지 부분은 부모 염색체의 유전자를 물려받는다.

k번째 세대에 교배를 위해 선택한 두 부모 염색체를 식(1)과 같이 n차원 벡터로 표현할 수 있다.

$$\begin{aligned} S_1(k) &= [v_1^1\ v_2^1\ \dots\ v_m^1\ \dots\ v_n^1] \\ S_2(k) &= [v_1^2\ v_2^2\ \dots\ v_m^2\ \dots\ v_n^2] \end{aligned} \tag{1}$$

여기서 v_m^1과 v_m^2은 각각 첫 번째 염색체와 두 번째 염색체를 구성하는 m번째 유전자이다. 두 부모 염색체 중 $S_2(k)$의 적합도가 클 때 두 염색체는 식(2)와 같이 변형된다.



$$\begin{aligned} \tilde{v}_m^1 &= \lambda_m(\tilde{v}_m^2 - \tilde{v}_m^1) + \tilde{v}_m^1 \\ \tilde{v}_m^2 &= (1-\lambda_m)(\tilde{v}_m^2 - \tilde{v}_m^1) + \tilde{v}_m^2 \end{aligned} \qquad (0 < \lambda_m < 1)$$

(그림 4) 제안한 교배 방법의 예

$$\begin{aligned} \hat{S}_1(k) &= S_1(k) \\ \hat{S}_2(k) &= S_2(k) + \zeta(k) \end{aligned} \tag{2}$$

여기서 $\zeta(k)$는 n차원 이동벡터(shifting vector)이며 이는 식(3)을 이용하여 구할 수 있다.

$$\zeta(k) = \tau\{S_2(k) - S_1(k)\} \tag{3}$$

여기서 τ는 식(4)를 이용하여 구한다.

$$\tau = \left(\tau_0 + \frac{t}{\mu}\right) \tag{4}$$

여기서 τ_0는 이동요소, t는 매개변수이다. μ는 두 부모 염색체의 적합도 평균이다. 유전 알고리즘 세대를 거듭할수록 μ가 커지므로 $\zeta(k)$가 τ_0쪽으로 감소하며 수렴한다.

자식 염색체는 식 (5)와 같이 표현된다.

$$\begin{aligned} \tilde{S}_1(k+1) &= [\tilde{v}_1^1\ \tilde{v}_2^1 \dots \tilde{v}_m^1 \dots \tilde{v}_n^1] \\ \tilde{S}_2(k+1) &= [\tilde{v}_1^2\ \tilde{v}_2^2 \dots \tilde{v}_m^2 \dots \tilde{v}_n^2] \end{aligned} \tag{5}$$

이 때 교배점에 의해 절단되는 부스트링(substring)에 따라 유전자들은 식(6)과 같이 표현된다.

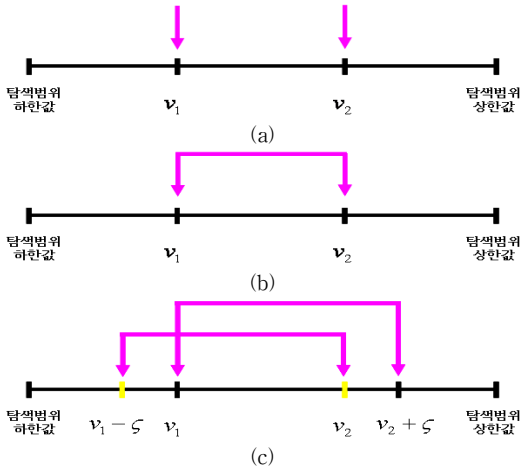
$$\begin{aligned} \tilde{v}_m^1 &= \lambda_m(\hat{v}_m^2 - \hat{v}_m^1) + \hat{v}_m^1 \\ \tilde{v}_m^2 &= (1-\lambda_m)(\hat{v}_m^1 - \hat{v}_m^2) + \hat{v}_m^2 \end{aligned} \tag{6}$$

복합 교배는 탐색 공간을 넓게 설정하고 해를 탐색하기 때문에 초기집단에 미처 포함시키지 못한 더 정밀한 해를 찾을 수 있다. 복합 교배의 이러한 장점은 (그림 5)로 나타낸 기존 교배 연산에 의한 결과값 범위와 비교해봄으로써 확인할 수 있다. 복합 교배 연산의 결과값 범위는 (그림 5)의 (c)와 같다. 적합도가 높은 쪽으로 ζ만큼의 범위를 더 확보하므로 조기 수렴을 방지할 수 있다.

돌연변이 연산은 집단 내에 없는 정보를 얻을 수 있는 유용한 연산이다[10]. 제안한 방법은 집단의 평균 적합도를 이용하여 돌연변이 연산이 일어날 확률을 식 (7)과 같이 계산하였다.

$$P_{mt}^i(k) = \frac{AVFitness_i(k) - MinFitness_i(k)}{MaxFitness_i(k) - MinFitness_i(k)} \tag{7}$$

여기서 $MaxFitness_i$, $MinFitness_i$, $AVFitness_i$는 각각 i번째 집단의 최대적합도, 최소적합도 그리고 개체들의 평균적합도이다. 집단 내 개체들의 적합도가 높은 쪽에 분



(그림 5) 복합 교배 연산에 의한 결과값 범위

포되어 있을수록 돌연변이가 일어날 확률이 높아진다.

돌연변이는 동적돌연변이(dynamic mutation)[10]를 사용하였다. k번째 세대에서 j번째 염색체에 돌연변이가 일어나면 m번째 유전자는 식(8)을 통해 결정된다.

$$v_m = \begin{cases} \widetilde{v_m} + \triangle(k, v_m^{(U)} - \widetilde{v_m}) & : \text{if } \tau = 0 \\ \widetilde{v_m} + \triangle(k, \widetilde{v_m} - v_m^{(L)}) & : \text{if } \tau = 1 \end{cases} \quad (8)$$

여기서 $v_m^{(U)}$와 $v_m^{(L)}$은 각각 해당 유전자의 정의영역 상한값과 하한값이고 τ는 0 또는 1 중에서 하나를 취하는 난수이다. 그리고 함수 $\triangle(k,y)$는 식(9)와 같다.

$$\triangle(k,y) = y \cdot r \cdot (1 - \frac{k}{T})^{\beta} \quad (9)$$

여기서 r은 0과 1 사이의 실수 난수이고 T는 최대 세대수이며 β는 불균등정도를 나타내는 매개변수이다. 동적돌연변이는 세대의 증가에 따라 전역탐색 영역을 좁혀가는 돌연변이 연산이다. 동적돌연변이의 특징은 세대초기에는 전체 탐색공간에 대해 균등한 확률로 전역탐색을 하지만, 세대수가 증가함에 따라 지역적으로 탐색한다.

2.4 목적 함수

목적함수는 식 (10)과 같이 명암도 차이와 변위 평활성, 그리고 순서성 제약조건으로 얻어진 비용함수요소들의 합으로 정의할 수 있다.

$$F_j^i(k) = \omega_f MC_j^i(k) + (1-\omega_f) DC_j^i(k) \quad (10)$$

여기서 ω_f는 1보다 작은 가중치이다. $MC_j^i(k)$는 k번째 세대에서 i번째 집단의 j번째 염색체의 명암도 차이로써 식 (11)과 같이 SAD로 구할 수 있다.

$$MC_j^i(k) = \sum_x \left[\frac{1}{N^2} \sum_{(x,y)\in W} \left| I_{Ref}(x,y) - I_{Tar}(x - d_j^i(x,y), y) \right| \right] \quad (11)$$

여기서 W는 크기 $N \times N$의 창이고 $d_j^i(x,y)$는 i번째 집단의 j번째 염색체를 변위도의 i번째 수평라인으로 변환한 것이다.

$DC_j^i(k)$는 4방향 변위차, 수직방향오차 및 변위 순서성의 가중합으로 나타낼 수 있다. 표현은 식 (12)와 같다.

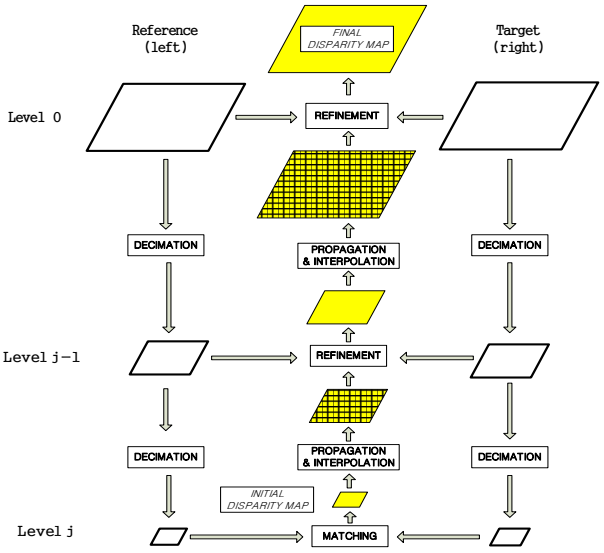
$$DC_j^i(k) = \omega_d [AS_j^i(k) + VS_j^i(k)] + (1-\omega_d) CO_j^i(k) \quad (12)$$

여기서 ω_d는 가중치이다. $AS_j^i(k)$는 변위화소의 4방향 이웃변위의 합에서 변위화소 4배를 뺀 값이다. $VS_j^i(k)$는 변위의 수직방향오차로써 변위만큼 떨어진 영상의 명암도를 고려하여 계산한다. $CO_j^i(k)$는 변위 순서성이다. 목적함수를 따른 적합도는 식 (13)과 같다.

$$Fitness_j^i(k) = \frac{1}{F_j^i(k)} \quad (13)$$

3. 영상 피라미드 구조와 변위 전파

제안한 다해상도 기반의 스테레오 정합을 (그림 6)으로 나타내었다. 레벨 0의 스테레오 영상에 피라미드 기법을 적용하여 각각 레벨 j 단계의 피라미드 영상들을 얻는다. 레벨 j의 스테레오 영상을 정합하고 다음 단계인 레벨 j-1에 해당하는 크기로 확대하면서 변위를 전파하고 보간한다. 이때 레벨 j-1 단계의 스테레오 영상과 에지 영상을 이용하여 변위를 정제함으로써 정확도를 높인다. 이러한 일련의 과정을 거쳐 원래 크기인 레벨 0의 최종 변위도를 얻는다.



(그림 6) 제안한 다해상도 기반 스테레오 정합

3.1 영상 피라미드

계층적 접근을 통해 스테레오 영상 각각에 대한 근사 영상 피라미드와 예측차 영상 피라미드를 얻을 수 있다. 레벨 j-1의 영상을 근사화 필터(approximation filter)처리하여 2배 축소하면 레벨 j의 근사 영상을 얻을 수 있다. 2배 확대

한 영상과 레벨 j-1의 예측차 영상을 이용하여 레벨 j-1의 영상을 복원할 수 있다. 이런 과정을 반복하여 레벨 0의 원영상을 복원할 수 있다.

제안한 방법은 가우시안 저역통과 필터를 이용하는 가우시안 피라미드 기법을 이용하여 계층화된 영상들을 얻고 동시에 각 단계별 근사영상에 대한 에지 영상을 얻는다. 레벨 j까지 계층화가 이뤄지면 최상단 근사 영상에 대한 스테레오 정합을 실시하여 최초 변위도(initial disparity map)을 얻는다.

3.2 에지 정보를 이용한 변위 전파, 보간 및 정제

레벨 j의 최초 변위도를 얻은 후 변위도를 단계적으로 확대하며 변위를 전파한다. 최초 영상에서 화소 (x,y)가 2배 확대되면 이 화소는 2배 확대된 영상의 $(2x,2y)$, $(2x+1,2y)$, $(2x,2y+1)$, $(2x+1,2y+1)$에 해당한다. 이러한 사실은 변위도를 확대할 때도 동일하게 적용된다. 확대된 레벨 j-1 변위도의 4개의 화소들은 이중선형 보간법(bilinear interpolation)을 이용하여 변위를 할당한다.

다음 단계 변위도의 정확도를 위해 현 단계의 변위도는 정제(refinement)과정을 거쳐야한다. 정확한 변위도를 얻기 위해 현 단계의 예측차 영상을 이용하여 복원한 스테레오 영상과 에지 영상을 이용한다. 레벨 j-1의 보간된 변위도는 에지 영상을 이용하여 에지 화소 사이의 영역으로 나뉜다. 영역을 정의하는 방법은 염색체를 정의하는 방법과 동일하다. 각 영역에 있는 변위들을 차례로 적용하여 그 영역의 변위로 통일하고 레벨 j-1의 복원된 스테레오 영상에 대한 SAD를 계산한다. SAD를 최소로 하는 변위를 선택하여 (선택한 변위+1)~(레벨 j의 변위)의 범위내에서 최소 SAD를 유발하는 변위를 해당 영역의 변위로 결정한다. 이와 같은 과정으로 얻은 레벨 j-1의 정제된 변위도는 레벨 j-2의 변위도를 얻기 위한 최초 변위도의 역할을 한다. 이런 과정을 레벨 0까지 반복하여 원영상 크기의 최종 변위도를 얻는다.

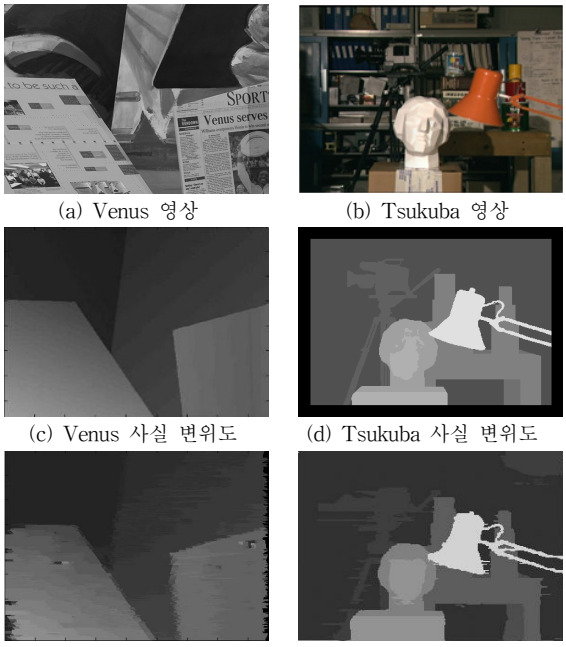
4. 실험 및 고찰

제안한 방법의 성능을 검증하기 위해 합성 영상과 실제 촬영 영상으로 실험하여 얻은 최종 변위도와 사실 변위도를 그림으로 나타내었고 성능을 정량적으로 비교 평가하기 위해 기존의 방법들의 정합율을 함께 제시하였다. 정합율은 변위 오차의 절대값이 1 이하인 화소수와 전체 화소수의 비율로 정의한다. 단, 정합율은 폐색영역을 제외한 나머지 영역에서 계산하였다. 유전 알고리즘의 최대 50세대까지 수행하도록 했고, 연속으로 3세대 동안 적합도가 같을 경우 정합을 종료하도록 했다. 이밖에 자세한 실험조건은 <표 1>과 같다.

실험에 사용한 스테레오 영상의 기준 영상, 사실 변위도 및 제안한 방법으로 얻은 최종 변위도를 (그림 7)로 각각 나타내었다. 합성 영상 실험에 사용한 Venus 영상은 내용물들이 뒤쪽으로 비스듬히 기울어져 있어서 오른쪽 하단에 있는 신문지 영역의 변위가 오른쪽으로 갈수록 작아진다. 왼쪽 신문은 우상단 방향의 변위가 가장 작음을 사실 변위도

〈표 1〉 실험 조건

	Venus	Tsukuba
원영상 크기	434×383	384×288
영상 피라미드 (최상위계층 축소비율)	3계층 (4배축소)	3계층 (4배축소)
변위 탐색범위	[0, 19]	[0, 14]
최초 변위 탐색범위	[0, 5]	[0, 5]
창크기 (후보변위)	3×3	5×5
창크기 (정합)	5×5	5×5
교배확률	0.9 (90%)	0.9 (90%)
정합비용함수 가중치($\omega_f/\omega_d/\lambda$)	0.5/0.2/0.6	0.3/0.2/0.6
집단내 개체개수	30	30



(a) Venus 영상 (b) Tsukuba 영상

(c) Venus 사실 변위도 (d) Tsukuba 사실 변위도

(e)~(f) 제안한 방법으로 얻은 변위도

(그림 7)

를 통해 알 수 있다. 제안한 방법으로 얻은 최종 변위도가 (그림 7) (e)에 나타나 있다. 변위도 전반에 걸쳐 올바른 변위를 계산하였고 각 내용물들의 경계부분이 잘 보존되었으나 점진적으로 변하는 변위영역에서 국부적으로 오차가 발생하였다. 에지를 검출하여 영역을 정합하는 방법이 변위가 점진적으로 변하는 영역에서 항상 높은 정확도를 보장해주지 못하지만 변위의 오차 정도는 적음을 알 수 있다.

실제 촬영 영상은 Tsukuba 영상을 이용하였다. 제안한 방법으로 얻은 결과가 그림 (그림 7) (f)와 같다. 뒤에 있는 캠코더에 해당하는 영역이 확대되어 나타난 이유는 제안한 방법이 사용한 에지 연산자가 캠코더와 뒷배경 간의 경계를 정확히 검출하지 못했기 때문이다. 캠코더 왼쪽으로 확장된 영역은 그 영역만큼을 에지 영역으로 인식했기 때문에 제안한 방법의 과정에 따라 동일한 변위가 할당되었다. 실제로 이 영역은 칼라나 명암도의 차이가 에지를 명확히 검출할 수 있을 만큼 충분하지 않기 때문에 에지 연산자의 선택이 중요하다. 그 밖의 다른 영역에서는 영상의 내용물 간의 경계가 명확하게 구분되었고 내용물들의 변위가 정확히 구해

졌다. 에지 영역을 한 개체의 영역으로 가정했기 때문에 한 개체 내에서 오정합이 거의 발생하지 않았다.

제안한 방법과 기존의 방법들의 정합율을 <표 2>에 나타내었다.

제안한 방법의 비폐색 영역에서 정확한 정합이 이뤄졌다. 다른 기존의 방법들과 비교해보면 변위 불연속 영역에서 정합율이 떨어짐을 확인할 수 있다. 이는 제안한 방법의 정확도가 에지 연산자에 의존적임을 알 수 있게 해준다. 그밖에 GA를 사용하는 [9]의 결과보다 변위 불연속 영역에서 정합이 우수함을 알 수 있었다. 그밖에 연산 시간의 경우 다해상도 방법을 적용하지 않은 방법에 비해 상당히 단축되었다. 전체 해상도에 그대로 적용했을 때 약 138초였고 제안한 방법은 약 5초였다.

〈표 2〉 정합율(%) 비교

	Venus		Tsukuba	
	nonocc.	disc.	nonocc.	disc.
LoG + GA[2]	83.66	79.85	95.39	89.47
DP[3]	89.9	79.00	95.88	88.00
Multi-baseline GA[9]	97.34	76.96	97.04	85.03
CoopRegion[12]	99.89	98.46	99.13	95.39
EnhancedBP[4]	99.65	95.66	99.06	94.95
Proposed method	97.04	93.12	97.07	90.23

5. 결 론

본 논문은 에지 정보와 유전 알고리즘을 이용한 다해상도 기반의 스테레오 정합을 제안하였다. 영상 피라미드 기법을 이용하여 스테레오 정합을 계층적으로 접근하였고, 스테레오 영상의 최상단 저해상도 영상을 유전 알고리즘으로 정합하여 최초 변위도를 얻었다. 유전 알고리즘을 적용하기 위해 에지 정보를 이용한 염색체 표현방법을 제안하였고, 최적해 탐색에 이득을 얻을 수 있는 복합 교배를 적용한 교배 연산을 제안하였다. 최초 변위도를 단계적으로 확대하면서 변위를 보간하였고 단계별로 복원된 스테레오 영상과 에지 영상을 이용하여 정제된 변위도를 얻을 수 있었다. 실험을 통해 제안한 방법은 변위도를 계산하는데 좋은 성능을 보이는 유전 알고리즘을 사용하여 조밀한 변위도를 얻을 있었고, 다해상도 기법을 결합함으로써 유전 알고리즘의 단점인 긴 계산 시간을 단축할 수 있음을 알 수 있었다.

향후 개체의 영역을 정확히 검출할 수 있는 에지 연산자에 대한 분석과 연구가 이루어지고 더욱 효율적인 변위 정제 방법에 대한 연구가 이루어져야 될 것이다.

참 고 문 헌

[1] M. Gong and M. Yang, "Fast Unambiguous Stereo Matching Using Reliability-Based Dynamic Programming," IEEE Trans. on PAMI, pp.998-1003, Vol.27, No.6, 2005.

[2] 홍석근, 조석제, "물체의 위치 인식을 위한 유전 알고리즘과 스테레오 정합에 관한 연구," 한국항해항만학회지, Vol.32, No.5, 2008.

[3] D. Scharstein and R. Szeliski, "A Taxonomy and Evaluation of Dense Two-Frame Stereo Correspondence Algorithms," International Journal of Computer Vision, pp.7-42, 2002.

[4] S. Larsen, P. Mordohai, M. Pollefeys, and H. Fuchs, "Temporally Consistent Reconstruction from Multiple Video Streams Using Enhanced Belief Propagation," IEEE Conference on ICCV2007, pp.1-8, 2007.

[5] Y. Ruichek, "Multilevel-and Neural-Network-Based Stereo-Matching Method for Real-Time Obstacle Detection Using Linear Cameras," IEEE Trans. on Intelligent Transportation Ststems, Vol.6, No.1, 2005.

[6] K. Zhang, J. Lu, and G. Lafruit, "Cross-Based Local Stereo Matching Using Orthogonal Integral Images," IEEE Trans. on Circuits & Systems for Video Technology, Vol.19, No.7, 2009.

[7] K. Han, E. Song, E. Chung, S. Cho, and Y. Ha, "Stereo Matching Using Genetic Algorithm with Adaptive Chromosomes," The Journal of the Pattern Recognition, Vol.34, pp.1729-1740. 2001.

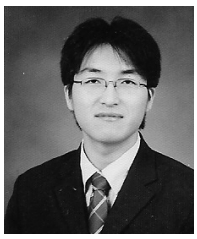
[8] B. Wang, J. Wang, Y. He, and C. Shen. "A Novel Stereo Matching Algorithm," Computer Enginnering, Vol.31. pp. 24-26, May 2005.

[9] M. Gong and Y.-H. Yang. "Multi-Baseline Stereo Matching Using Genetic Algorithm," IEEE Proceedings of SMBV 2001, pp.21-29, 2001.

[10] 진강규, "*유전 알고리즘과 그 응용*," 교우사, 2000.

[11] K. Lee, and P. Mohamed, "A Real-Coded Genetic Algorithm Involving a Hybrid Crossover Method for Power Plant Control System Design," Evolutionary Computation CEC02, IEEE Proceedings of the 2002, pp.1069-1074, 2002.

[12] Z. Wang and Z. Zheng. "A Region Based Steeo Matching Algorithm Using Cooperative Optimization," IEEE Conference on CVPR2008, pp.1-8, 2008.



홍 석 근

e-mail : bassoflord@gmail.com

2005년 한국해양대학교 제어컴퓨터정보공학과(학사)

2008년 한국해양대학교 제어계측공학과(공학석사)

2008년～현 재 한국해양대학교 제어계측공학과 박사과정

관심분야 : 영상신호처리, 스테레오 비전, 머신 비전

조 석 제

e-mail : sjcho@hhu.ac.kr

1982년 경북대학교 전자공학과(학사)

1982년～1984년 금성전선(주) 광통신연구소 연구원

1988년 경북대학교 전자공학과(공학석사)

1991년 경북대학교 전자공학과(공학박사)

1991년～현 재 한국해양대학교 컴퓨터・제어・전자통신공학부 교수

관심분야 : 영상신호처리, 칼라 영상처리, 컴퓨터 비전