

---

# 가이드된 순차 RANSAC에 의한 다중 호모그래피 추정

## Multiple Homographies Estimation using a Guided Sequential RANSAC

---

박용희\*, 권오석\*\*  
미래로 시스템\*, 충남대학교 컴퓨터공학과\*\*

Yong-Hee Park(yhpark@mirero.co.kr)\*, Oh-Seok Kwon(oskwon@cnu.ac.kr)\*\*

---

### 요약

본 논문은 시점을 달리 하는 두 이미지 사이의 다중 호모그래피 관계를 RANSAC을 이용하여 동시에 추정하는 새로운 방안을 제안한다. 이상치가 많이 포함된 데이터에 대해서도 강건한 파라미터 추정이 가능한 RANSAC 알고리즘은 단일 모델에 대해서만 적용되는 제약을 가진다. 따라서, 이미지에 존재하는 여러 평면의 2D 투영 변환 관계들을 추정하기 위해서는 RANSAC 알고리즘을 순차적으로 수행해야 한다. 이 과정에서 데이터에 지속적으로 포함되는 이상치들은 모델 추정을 느리게 한다. 또한, 모델들은 적합치 비율에 의해 순차적으로 추정되기 때문에 알고리즘의 병렬화가 어렵다는 문제가 있다. 본 논문에서는 RANSAC 알고리즘의 수행 과정에서 찾아낸 부분적인 모델 관계를 이용하여 반복 시도 횟수를 줄이고 다중 호모그래피들을 동시에 추정할 수 있는 가이드된 순차 RANSAC 알고리즘을 제시한다.

■ 중심어 : | 호모그래피 | RANSAC | 2D 투영 변환 | 강건한 파라미터 추정 | 이상치 |

### Abstract

This study proposes a new method of multiple homographies estimation between two images. With a large proportion of outliers, RANSAC is a general and very successful robust parameter estimator. However it is limited by the assumption that a single model accounts for all of the data inliers. Therefore, it has been suggested to sequentially apply RANSAC to estimate multiple 2D projective transformations. In this case, because outliers stay in the correspondence data set through the estimation process sequentially, it tends to progress slowly for all models. And, it is difficult to parallelize the sequential process due to the estimation order by the number of inliers for each model. We introduce a guided sequential RANSAC algorithm, using the local model instances that have been obtained from RANSAC procedure, which is able to reduce the number of random samples and deal simultaneously with multiple models.

■ keyword : | Homography | RANSAC | 2D Projective Transformation | Robust Parameter Estimation | Outlier |

---

## 1. 서론

최근 컴퓨터 비전 분야에서 다중 뷰(multiple views)

의 기하 관계를 해석하고 모델링하는 연구가 활발히 진행되고 있다[1-4]. 3차원 공간에 존재하는 임의의 피사체는 시점을 달리하는 카메라에 의해 2D 이미지로 투

---

\* 본 논문은 2007년도 충남대학교 학술연구비의 지원에 의하여 연구되었습니다.

접수번호 : #100615-003

접수일자 : 2010년 06월 15일

심사완료일 : 2010년 07월 07일

교신저자 : 박용희, e-mail : yhpark@mirero.co.kr

영 변환(projective transformation)되어 다중 뷰를 구성한다. 한 이미지에 존재하는 평면이 다른 이미지로 투영 변환되는 관계를 나타내는 호모그래피는 다중 뷰의 기하 관계로부터 이미지 모자이크(image mosaicing), 3차원 복원(3D reconstruction) 및 카메라 캘리브레이션(camera calibration) 등에 이용되는 중요한 파라미터이다[5-7].

일반적으로 두 이미지 사이의 특징점 대응 관계(feature point correspondences)는 호모그래피 파라미터를 계산하기 위한 입력 데이터로 사용된다[8]. 이 때, 특징점의 부정확한 위치 또는 잘못된 대응 관계를 가지는 데이터가 많이 포함되는데, 이런 데이터는 두 이미지 사이에 실제로 존재하는 호모그래피 관계에 의한 대응 관계와는 다른 경향을 보인다. 이렇게 잡음이나 오류로 인하여 모델과 다른 분포 특성을 보이는 데이터를 이상치(outliers)라고 한다. 반면, 허용 임계치 내에서 모델과 유사한 분포 특성을 보이는 데이터는 적합치(inliers)이다. 이상치 데이터는 정확한 모델 추정을 어렵게 하는 큰 요인이 된다. 이러한 경우에도 호모그래피 파라미터를 강건하게 추정하기 위한 방법으로써, 최소 자승법에 기반한 DLT(Direct Linear Transformation) 알고리즘[9]이나 오차 중간 값을 최소화 하도록 파라미터를 추정하는 최소 중위 제곱(LMedS: least median of squares)[10] 방안 등이 제시되었다. 하지만, 이런 방법들은 대응 관계가 가지는 오차의 크기나 비율에 많은 영향을 받는 전역적인(global) 파라미터 추정 방법이다. 적합치(inliers)에 비하여 이상치의 비율이 매우 높은 경우에도 강건한 파라미터 추정(robust parameter estimation)이 가능한 방안으로써 Fischler와 Bolles에 의해 RANSAC(Random Sample Consensus) 알고리즘[11]이 제안되었는데, 대응 관계의 이상치를 식별하여 모델 추정 대상에서 제외하고 적합치 그룹을 찾는 지역적인(local) 파라미터 추정을 수행한다. 이 방법은 단순하면서도 높은 유연성을 가지고 있어서 다양한 모델 추정에 효과적으로 이용되고 있다[12-14]. Torr와 Zisserman[15]은 최대 우도 추정(maximum likelihood estimation)을 적용한 MLESAC 알고리즘을 제안하여, 모델 추정의 정확도를 향상시키

고자 하였다. 또한, RANSAC 알고리즘의 반복 시도 횟수를 최소화하기 위한 연구가 활발하게 진행되어 왔다[16]. RANSAC 알고리즘은 랜덤 선택된 최소 샘플 집합(MSS: minimal sample set)에서 모델을 추정하고 나머지 데이터에 대하여 추정된 모델이 적합한지를 검사하는 두 단계를 반복 수행하는데, 랜덤한 샘플링을 개선하여 반복 수행 횟수를 줄이기 위한 방안으로써 대응 관계의 유효성(validity)을 기반으로 가이드된 샘플링을 수행하는 방안[17]과 점진적으로 유사도(similarity)가 높은 대응점을 합의 집합(CS: consensus set)에 포함시키는 PROSAC 알고리즘[18] 등이 제안되었다. 그리고, 모델 검증 단계에서는 부적합한 추정이 예상되는 모델들을 검증 전에 효과적으로 제거하는 방안으로써  $T_{d,d}$  테스트[19], 베일 아웃(bail-out)[20], 또는 순차적 의사 결정 방법을 이용한 WaldSAC[21] 등이 제안되었다. 이 외에도 실시간 처리를 위해 사전에 일정 개수의 모델을 구성하고 반복적 적합성 판단 과정을 통해 대응점들을 클러스터링하는 Preemptive RANSAC 방안[22]과 이를 기반으로 PROSAC과 WaldSAC을 이용한 ARRSAC[16] 등이 제안되었다.

기존의 RANSAC 기반 알고리즘들은 단일 모델에 대해서 파라미터 추정이 가능하기 때문에, 이미지에 존재하는 다중 2D 투영 변환 관계들을 모두 추정하기 위해서는 순차적(sequential)으로 RANSAC 알고리즘을 적용해야 한다[23][24]. RANSAC 알고리즘은 적합치만을 추출하기 때문에 다음 모델을 추정하기 위한 입력 데이터에는 이전 모델에 기인한 이상치가 계속 포함되어 있다. 이것은 순차 RANSAC 알고리즘의 모델 추정이 지연되는 원인이 되며, 일반적으로 데이터가 크고 이상치의 비율이 높은 상황에서는 알고리즘의 반복 시도 횟수가 현실적인 문제로 더욱 대두된다. 또한, 각 모델에 대응되는 적합치의 비율에 따라서 순서대로 모델이 추정되기 때문에, 처리 시간을 개선하기 위하여 이를 병렬화하는 것이 어렵다. 이에 대하여 Zuliani, Kenny, 그리고 Manjunath 등은 여러 모델에 대한 파라미터를 동시에 추정할 수 있는 다중 RANSAC 방법[25]을 제시하였는데, 모델 추정 정합도의 향상에 비하여 반복 시도 횟수가 훨씬 크게 증가되는 결과를 보였다. 따라서, 본 논

문에서는 순차 RANSAC 알고리즘의 반복 시도 과정에서 찾아낸 부분적인 모델 관계를 이용하여 다중 호모그래피들을 동시에 추정하고 전체 모델 추정에 대한 반복 시도 횟수를 줄일 수 있는 가이드된 순차(guided sequential) RANSAC 알고리즘을 제안한다.

본 논문의 구성은 다음과 같다. 2장에서는 2D 호모그래피 변환 관계를 기술한다. 3장에서는 RANSAC 알고리즘을 이용한 강건한 호모그래피 추정 방법을 기술한다. 4장에서는 다중 호모그래피를 추정하기 위해 가이드된 순차 RANSAC 알고리즘을 제안한다. 5장에서는 합성(synthetic) 데이터와 실제 이미지를 이용하여 기존의 순차 RANSAC 알고리즘과 비교하여 다중 호모그래피 추정에 대한 실험 결과를 제시한다. 그리고, 6장에서 결론을 기술한다.

## II. 2D 호모그래피

두 이미지 사이의 투영 변환(projective transformation)은 2차원 투영 평면(projective plane) 공간  $P^2$ 에 존재하는 점  $\mathbf{x}_i$ 들의 집합과 대응되는 투영 평면 공간  $P^2$ 에 존재하는 점  $\mathbf{x}'_i$ 들의 집합이 투영성(projectivity)을 가지는 변환 관계를 의미한다. 투영성(projectivity)은 동일 직선 위에 존재하는 세 점  $\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2, \mathbf{x}_3$ 의 관계가  $h(\mathbf{x}_1), h(\mathbf{x}_2), h(\mathbf{x}_3)$ 에서도 유지되도록 하는 투영 평면  $P^2$ 에서의 가역 사상(invertible mapping)  $h$ 로서 정의되는데, 비특이(non-singular) 3x3 행렬을 통한 선형 변환으로 식(1)과 같다.

$$\begin{pmatrix} x'_1 \\ x'_2 \\ x'_3 \end{pmatrix} = \begin{bmatrix} h_{11} & h_{12} & h_{13} \\ h_{21} & h_{22} & h_{23} \\ h_{31} & h_{32} & h_{33} \end{bmatrix} \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \\ x_3 \end{pmatrix} \quad (1)$$

이를 좀 더 간단히 표현하면 식(2)와 같다. 여기서  $\mathbf{H}$ 는 호모그래피 변환 행렬이며, [그림 1]은 식(2)에 의한 호모그래피 변환 관계를 나타낸 것이다.

$$\mathbf{x}' = \mathbf{H}\mathbf{x} \quad (2)$$

두 이미지 사이에서 점 대응  $\mathbf{x}_i \leftrightarrow \mathbf{x}'_i$ 의 집합에 대하여,  $\mathbf{x}'_i = \mathbf{H}\mathbf{x}_i$ 를 만족하는 3x3 행렬  $\mathbf{H}$ 를 계산하는데, 일반적으로 다음의 DLT 알고리즘을 적용한다.

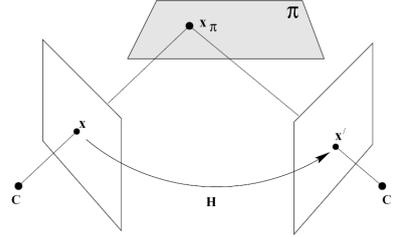


그림 1. 평면으로부터 유도되는 호모그래피

$\mathbf{H}$ 는 동차 행렬(homogeneous matrix)이므로 두 벡터  $\mathbf{x}'_i$ 와  $\mathbf{H}\mathbf{x}_i$ 는 방향은 같지만, 0이 아닌 스케일에 의해 크기는 다르다. 따라서, 식(2)를 벡터의 외적으로 다시 표현하여  $\mathbf{x}'_i \times \mathbf{H}\mathbf{x}_i = 0$ 인 방정식을 정리하면 식(3)이 되며, 이것은  $\mathbf{A}\mathbf{h} = 0$ 의 형태를 가진다.

$$\begin{bmatrix} \mathbf{0}^T & -w'_i \mathbf{x}_i^T & y'_i \mathbf{x}_i^T \\ w'_i \mathbf{x}_i^T & \mathbf{0}^T & -x'_i \mathbf{x}_i^T \end{bmatrix} \begin{pmatrix} h^1 \\ h^2 \\ h^3 \end{pmatrix} = \mathbf{0} \quad (3)$$

3x3 변환 행렬  $\mathbf{H}$ 의 마지막 엔트리는 임의의 크기에 관한 것으로 이를 제외하면, 2D 투영 변환의 자유도(degrees of freedom)는 8이 되고, 호모그래피 변환 행렬을 계산하기 위해서는 4개의 대응 쌍이 필요하다. 그런데, 현실적으로 식(3)의 해를 구하는데 있어서 대응 점 쌍이 4개 이상인 경우가 대부분이므로, 식(3)의 해는 과잉결정(overdetermined)된다. 또한, 이미지에서 측정된 특징점의 좌표값은 충분한 해상력(resolution)을 가지고 있지 않기 때문에 정확성이 떨어지고 잡음에 노출되어 있으므로,  $\mathbf{A}\mathbf{h} = 0$ 의 정확한 해를 구하기 어렵다. 따라서,  $\mathbf{h} = 0$ 인 해를 제외하고, 올바른 해를 구하기 위해  $\|\mathbf{h}\| = 1$ 인 제약 조건에서,  $\|\mathbf{A}\mathbf{h}\|$ 를 최소화하는 해를 찾는다. 여기서는  $\mathbf{A}$ 의 특이치분해(SVD: singular value decomposition)를 구한 후, 가장 작은 특이 값(singular value)에 해당하는 특이 벡터(singular

vector)를 근사 해로서 선정한다[9].

### III. RANSAC을 이용한 강건한 Homography 추정

RANSAC 알고리즘은 최소 자승법과 같은 전통적인 평활화 기술과는 차이가 있다. 전통적인 방법은 해를 얻기 위해 가능한 많은 데이터를 초기에 사용한다. 그리고, 이상치에 의한 해를 보정하기 위해 반복적으로 임계 수준을 평가하여 개별 데이터를 제거하고 다시 추정하는 절차를 별도로 추가한다. 그런데, RANSAC은 적합한 초기 데이터 집합을 가능한 작게 사용한다. 그리고, 일관성있는 데이터 집합을 중심으로 적합치들을 식별한다. 만일 충분히 일관성을 가진 데이터들을 확보한다면, 최종 추정 단계에서 최소 자승법 같은 평활화 기술을 적용한다. RANSAC은 가설-검정 프레임워크(hypothesize-test framework)에 기반한 반복 알고리즘[11][15]이며, 다음의 단계를 가진다.

추정된 데이터 집합  $P$ 를 가정하고, 추정하고자 하는 모델에 요구되는 최소 데이터 개수를  $n$ 이라 한다. 호모그래피 추정의 문제에서 측정 데이터  $P$ 는 두 이미지 사이에서 점 대응 관계  $\mathbf{x}_i \leftrightarrow \mathbf{x}'_i$ 의 집합이다. 또한, 모델 추정을 위한 최소 데이터 개수는 4이다.

첫 번째는 가설 설정(hypothesize) 단계이다. 입력 데이터 집합  $P$ 로부터 모델 추정에 요구되는 최소 샘플 집합(MSS)  $S_1$ 을 랜덤하게 선택한다.  $S_1$ 에 대하여 DLT 알고리즘을 적용하여 호모그래피 변환 행렬  $\mathbf{H}_1$ 을 추정한다.

두 번째는 검정(test) 단계이다. 첫 번째 단계에서 추정된 모델  $\mathbf{H}_1$ 이 전체 데이터 집합  $P$ 의 각 원소들에 대하여 어느 정도 일관성이 있는지를 체크한다. 사전에 설정된 오차 범위 안의 원소들을 적합치로 선택하여 합의 집합(CS)  $S_1^*$ 를 구성한다. 적합치 평가를 하기 위해서 사용되는 오차 함수는 전이 오차(transfer error), 대칭적 전이 오차(symmetric transfer error), 그리고 재투영 오차(reprojection error) 등이 있는데, 본 논문에서는 식(4)와 같이 두 이미지에 상호 존재하는 특징점 위치와 대응 관계의 오차를 반영하는 대칭적 전이 오차

함수를 적용한다.

$$d(\mathbf{x}_i, \mathbf{H}^{-1}\mathbf{x}'_i)^2 + d'(\mathbf{x}'_i, \mathbf{H}\mathbf{x}_i)^2 \quad (4)$$

마지막으로  $S_1^*$ 의 원소 개수가 임계값보다 크면 이를 이용해서 새로운 호모그래피 변환 행렬  $\mathbf{H}_1^*$ 를 추정하고, 이를 해로서 선정한다. 그렇지 않으면, 첫 번째 단계부터 과정을 반복한다. 만일 사전에 결정된 반복 시도 횟수  $N$ 을 초과한다면, 지금까지 발견된 가장 큰 합의 집합에 대한 변환 행렬을 해로서 선정하거나, 실패로 종료한다.

RANSAC 알고리즘의 수행에 영향을 주는 요소로는 올바른 모델 추정 여부, 선별된 적합치 데이터 개수, 그리고 반복 시도 횟수 등이 있는데, 이에 관련된 RANSAC 알고리즘의 파라미터들을 다음과 같이 적용적으로 설정하여 보다 효과적인 모델 추정이 가능하다.

추정된 모델의 적합 여부는 모델과 적합치 사이의 오차 허용치를  $\sigma$  또는  $2\sigma$ 로 설정하거나 실험적으로 설정하여 판단할 수 있지만, 추정된 모델에 대하여 측정 데이터가 적합치일 확률  $\alpha$ 를 갖도록 임계 거리를 설정함으로써, 이상치를 배제하고 유효한 적합치들을 기반으로 올바른 모델을 추정하는 것으로 간주할 수 있을 것이다. 측정 오차가 가우시안 분포(Gaussian distribution)를 가진다면, 카이 제곱( $\chi_m^2$ )의 누적 분포 함수로부터 데이터가 임계값 내에 존재하는 적합치일 확률  $\alpha$ 를 갖도록 하는 허용 오차 임계값  $t^2$ 을 식(5)와 같이 설정할 수 있다.

$$t^2 = F_m^{-1}(\alpha)\sigma^2 \quad (5)$$

만일  $\alpha = 0.95$ 이면, 임계값 내의 데이터가 적합치일 확률이 95%이고, 동시에 적합치 데이터를 5%의 확률로 이상치로 오분류할 수 있다는 것을 의미한다. 호모그래피 추정의 경우  $t^2$ 은  $5.99\sigma^2$ 로 설정된다. 두 번째로 적합한 합의 집합(CS)의 크기에 대한 임계값 설정 문제는 반복 샘플링을 종료하기 위한 조건이 되며, 모델 추정 결과에도 영향을 준다. 그런데, 합의 집합의 크

기는 충분히 커야 하지만, 이것을 직접적으로 결정할 수 있는 일반적인 방법은 없다[11]. 만일  $n$  개의 데이터에 대하여 이상치 비율  $\varepsilon$ 이 가정된다면, 적합치 데이터 개수  $T = (1 - \varepsilon)n$ 과 비슷해야 한다. 세 번째 요소인 반복 시도 횟수를 설정하는데 있어서 모든 가능한 샘플 조합을 시도하는 것은 계산적으로 효율적이지 못하며, 또한 반드시 필요한 것도 아니다. 하지만, 적어도 한 번 이상 샘플링된  $s$  개의 데이터가 모두 적합치일 확률  $P$ 를 보장하기 위해서는 반복 시도 횟수  $N$ 이 충분히 크게 선택되어야 한다. 일반적으로 확률은  $p = 0.99$ 로 설정한다. 선택된 하나의 데이터가 적합치일 확률이  $\omega$  일 때, 이상치일 확률은  $\varepsilon = 1 - \omega$ 이다. 샘플링된 데이터가 모두 적합치가 될 경우를 보장하는 최소한의 반복 시도 횟수를 결정하기 위해, 적어도 한 개 이상 적합치가 아닐 확률  $1 - p = (1 - \omega^s)^N$ 에서 식(6)이 유도된다. 이것은 이상치의 비율이 70% 이상이 되면 반복 시도 횟수가 급격히 증가하는 특성을 가진다.

$$N = \log(1 - p) / \log(1 - (1 - \varepsilon)^s) \quad (6)$$

식(6)에서 반복 시도 횟수  $N$ 을 구하기 위해서는 사전에 이상치 비율이 알려져 있어야 하지만, 실제 대부분의 경우에는 그렇지 못하다. 따라서, 초기에 가장 높은 이상치 비율  $\varepsilon = 1.0$ 을 가정한 후 RANSAC 알고리즘을 수행한다. 검증 단계에서 구해진 합의 집합 크기를 이용하여 이상치 비율을 다시 추정한다. 그리고, 식(6)을 이용하여 반복 시도 횟수  $N$ 을 다시 결정한 후 RANSAC 반복 시도 절차를 계속 진행한다.

#### IV. 가이드된 순차 RANSAC 알고리즘

RANSAC은 매우 높은 이상치 비율을 가지는 데이터에서도 강건한 모델 추정이 가능한 알고리즘이지만, 합의 집합에 속한 모든 적합치가 단일 모델을 추정하는 것으로 제한되어 있다. 그런데, 데이터에는 추정 대상 모델이 여러 개가 동시에 존재할 수 있다. 이 때 데이터에 존재하는 다중 모델은 두 가지 경우가 있는데, 하나

는 동일한 모델에 대하여 여러 개의 추정 대상이 동시에 존재하는 것이며, 다른 하나는 별개의 파라미터를 가진 여러 모델이 혼재된 경우이다. 본 논문에서는 두 이미지에 존재하는 다중 호모그래피 변환 관계에 대한 것으로 전자에 해당한다. 이런 경우, RANSAC을 수행한다면 적합치가 가장 많은 하나의 모델 파라미터만을 추정하고 나머지 모델은 제외된다는 한계를 가진다. 그러므로, 다중 모델을 다루기 위해서는 RANSAC을 순차적으로 적용해서 반복적으로 합의 집합들을 찾아내야 한다[23][24]. 그런데, RANSAC은 적합치만을 대상으로 추정하기 때문에, 다음 모델을 추정하기 위한 입력 데이터에는 이전 모델에 기인한 이상치가 포함된다. 뿐만 아니라, 다른 모델과 관련되는 모든 데이터도 분포 특성이 다르기 때문에 이상치로 간주된다. 그래서, 단일 모델 추정에 비하여 전반적으로 이상치의 비율이 불가피하게 높아진다. 이것은 반복 시도 횟수의 증가를 가져오게 되며, 특히 개별 모델에 대한 이상치의 비율이 모두 높은 경우에는 더욱 급격하게 커진다. 또한, 각 모델에 대응되는 적합치의 비율에 따라서 순서대로 모델이 추정되기 때문에, 알고리즘의 병렬화를 통한 처리 시간 향상은 피하기 어렵다.

따라서, 본 논문에서는 호모그래피 추정 문제에서 다중 모델들을 동시에 추정하고 반복 시도 횟수를 줄일 수 있는 가이드된 순차 RANSAC 알고리즘을 제안한다. 우선, 호모그래피 추정을 위한 2D 이미지 사이의 대응 관계 데이터 집합을 사전에 몇 개의 그룹으로 나눈다. 그리고, 기존의 순차 RANSAC 알고리즘을 기본 프레임워크로 이용하여 초기의 각 그룹에 대하여 모델 연관성을 가진 합의 집합들을 분리한다. 마지막으로, 이 집합들 사이의 단일 모델 연관성을 RANSAC을 이용하여 평가한 후, 적합할 경우 합의 집합으로서 합병한다. 이런 절차를 통하여 일정한 요건에 의해 가이드된 적합치 데이터 그룹 내에서만 제한된 반복 시도를 수행하도록 유도하여 전체 데이터를 대상으로 수행하는 기존의 순차 RANSAC 방법보다 반복 시도 횟수를 줄이고자 한다. 또한, 합의 집합을 구성하기 위한 평가 대상 데이터가 가이드된 적합치 데이터로 국한됨으로써 검증 단계 내부의 처리 시간도 함께 단축되도록 한다. 그리고,

각 그룹에 대하여 동시에 개별적으로 RANSAC 알고리즘을 수행할 수 있기 때문에, 다중 호모그래피 추정의 병렬화가 가능하게 된다.

### 1. 모델 후보 합의 집합 분할

두 이미지  $I$  와  $I'$  사이의 호모그래피 변환 관계  $\mathbf{H}$  를 추정하기 위한 특징점 대응 관계 집합을 다음 식(7)과 같이 정의한다.

$$P = \{(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}'_i, \mathbf{dx}_i) \mid i \in 1, \dots, N\} \quad (7)$$

여기서  $\mathbf{dx}_i = \mathbf{x}_i - \mathbf{x}'_i$  는 두 대응점 사이의 이동 변위이다. 만일 이미지에 존재하는 임의의 특징점과 매우 가까이 인접한 주변 특징점들이 3차원 공간의 한 평면 위에 있다면, 다른 이미지에서 유사한 이동 변위를 가진 특징점 대응 관계가 구성된다고 가정한다. [그림 2]는 본 논문에서 제안하는 가이드된 순차 RANSAC 알고리즘에서 모델 후보 합의 집합으로 분할하는 단계를 도시한 것이다. 다중 호모그래피 관계를 추정하기 위해 특징점 대응 관계 집합에 대하여 동일 평면위에 존재할 것으로 예상되는 대응 관계들을 초기 적합치 후보 그룹으로 분할한다. 여기서는  $360^\circ$  방향을 일정 구간으로 분할하여 이동 변위의 방향 성분을 기준으로 방향 구간에 속하는 대응 관계 집합들을 생성하고 이를  $G^{outliers}$  그룹으로 구성한다.

$G^{outliers}$  에 속하는 모든 가이드된 대응 관계 집합  $\mathbf{g}$ 에 대하여 RANSAC 알고리즘을 수행하고, 합의 집합  $S^*$ 를 얻는다. 대응 관계 집합은  $S^*$ 에 속하는 적합치 그룹과 이상치 그룹으로 나뉘게 된다. 이상치 그룹은 추정된 모델이 아닌 이상치 데이터이거나 다른 모델에 속할 확률이 높기 때문에, 이를 다시 평가하기 위해서  $G^{outliers}$ 에 추가하고,  $\mathbf{g}$ 에는  $S^*$ 만 남긴다.  $\mathbf{g}$ 는 적합치 그룹이므로 더 이상 평가하지 않으며, 이를 식별하기 위해  $INLIERS$  태그를 설정한다.  $G^{outliers}$ 에 존재하는 모든 적합치 후보 그룹에 대하여 이 작업을 반복한 후에, 최소 샘플 집합보다 큰 그룹들은  $G^{inliers}$ 에 추가한다. 이 때, 적합치 평가가 수행되어  $S^*$ 만 존재하는

$\langle \mathbf{g}, INLIERS \rangle$ 를 대상으로 합에 유의한다.  $G^{inliers}$ 에 속한  $\mathbf{g}$ 들은 부분적 모델 관계를 가지는 후보 적합치 그룹이며, 다음 단계에서 다중 호모그래피 추정에 이용된다. [그림 3]은 이와 같은 모델 후보 합의 집합의 분할 과정을 나타낸 것이다.

### 2. 모델 후보 합의 집합 합병

이 단계에서는 적합치 집합들에 대하여 단일 모델 추정 가능 여부를 RANSAC을 이용하여 평가하고 합병을 수행한다. 이전 단계의 결과는 하나의 3D 평면에 기인한 모든 특징점 대응 관계 중에서 일부분에 대한 호모그래피 변환 관계를 분석한 것이다. 따라서, 동일 모델에 관련된 여러 개의 가이드된 적합치 집합들을 통합해야 할 필요가 있다.

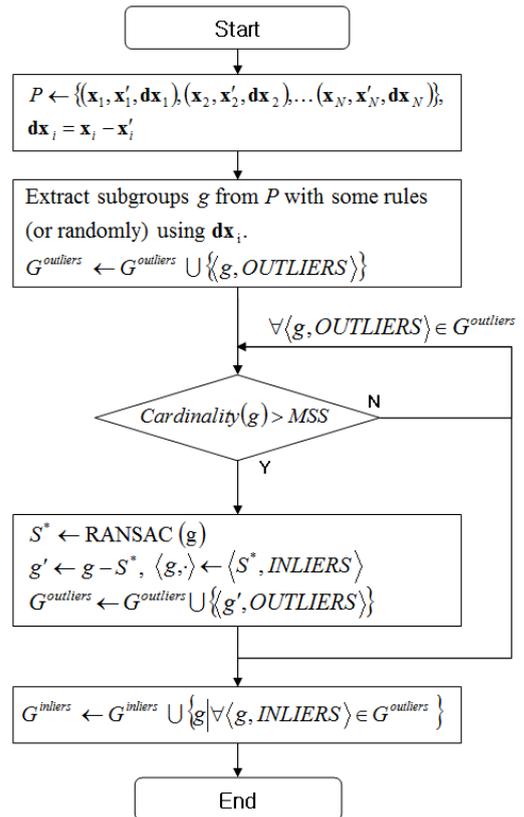


그림 2. 가이드된 합의 집합 분할

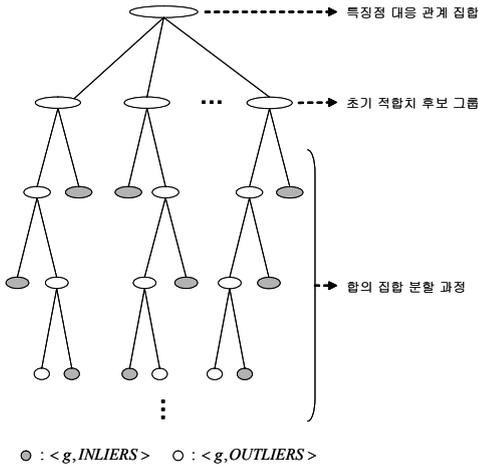


그림 3. 모델 후보 합의 집합 분할 과정

[그림 4]는 제안된 알고리즘에서 적합치 집합 사이의 동일 모델 평가에 의한 합병 절차를 도시한 것이다. 먼저,  $G^{inliers}$ 에 존재하는 적합치 집합들을 크기 내림차순으로 정렬한다. 이것은 적합치 그룹 사이의 비교 순서를 조정하는 것인데, 가장 많은 합의 집합을 유도할 수 있는 모델에 우선 순위를 부여하고자 함이며, 이것은 선택적으로 수행할 수 있다.  $G^{inliers}$ 에서  $g_1$ 과  $g_2$ 를 정렬된 순서에서 연속적으로 선택한다. 두 집합을 통합한 데이터에 대하여 RANSAC을 수행하여 합의 집합을 찾아낸다. 여기서 기존의  $g_1$  또는  $g_2$ 의 최대 합의 집합보다 크거나 합의 집합의 평균 오차가 더 작은 새로운 해를 찾았다면, 두 집합이 하나의 모델에 연관되며 합병을 수행해야 하는 것으로 판단한다. 이 때, 단순히 두 집합을 합병하지 않고 RANSAC을 통해 찾아진 새로운 합의 집합과 이상치로 분리된 집합을 각각  $G^{inliers}$ 에 새로이 추가한다. 이 과정을 더 이상 합병되는 집합이 나타나지 않을 때까지 반복한다. [그림 5]는 이와 같은 합의 집합의 합병 과정을 나타낸 것이다. 마지막으로 합병된 부분 합의 집합에 대하여, 초기에 입력된 특징점 대응 관계 집합을 이용하여 각 모델에 대한 합의 집합(CS)를 모두 찾아내고 호모그래피  $H$ 를 다시 추정한다.

V. 실험 및 고찰

본 논문에서 제안된 알고리즘은 Zuliani의 RANSAC 알고리즘[26]을 이용하여 Matlab으로 구현하였다. 실험 데이터는 3차원 공간의 정육면체를 가정한 가상 데이터와 실제 이미지에 적용하기 위하여 Visual Geometry Group[27]의 이미지 데이터를 이용하였으며, 기존의 순차 RANSAC 알고리즘과 본 논문에서 제안된 가이드된 순차 RANSAC 알고리즘의 결과를 비교하였다.

[그림 6]과 같이 3D 공간의 정육면체에 대하여 세 면위의 점들을 200개씩 랜덤하게 생성한 후, 왼쪽에서 오른쪽으로의 카메라 이동을 통해 얻어진 두 이미지를 가정하였다. 특징점들의 대응 관계는 세 평면에 대한 다중 호모그래피 변환 관계가 존재하는 입력 데이터이다. 대응 관계에 대하여 랜덤한 잡음을 추가하여 이상치 비율을 증가시켰는데, 실제 이미지 획득 과정에서 발생할 수 있는 카메라의 양자화 오차를 고려하여  $\pm 1.5$  픽셀 이상의 오차를 가지는 대응 관계는 이상치로 설정하였다. [그림 7]은 이상치 비율에 따른 반복 시도 횟수를 순

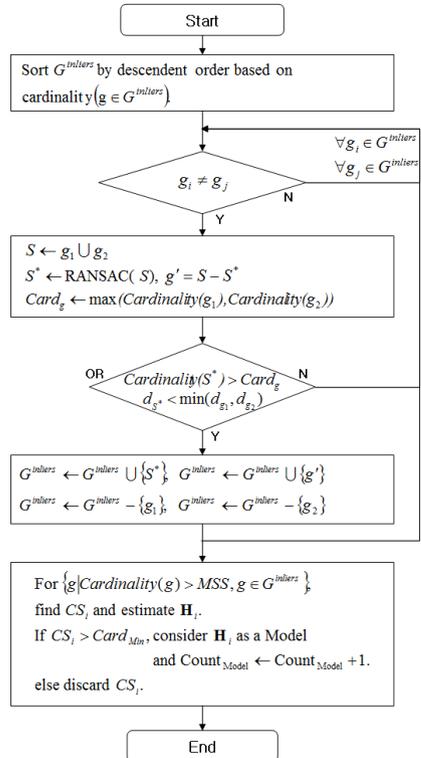


그림 4. 모델 후보 합의 집합 합병

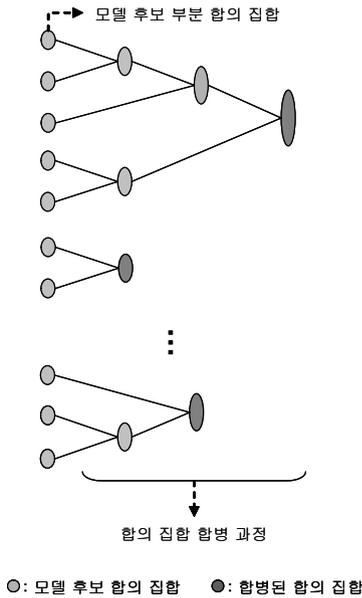


그림 5. 부분 합의 집합의 합병 과정

차 RANSAC과 제안된 가이드된 순차 RANSAC 방법에 대하여 비교하였다. 이상치 비율이 30% 이하에서는 제안된 방법이 근소하게 반복 시도 횟수가 작다. 그런데, 70%정도까지 이상치 비율이 포함된 경우에는 기존의 순차 RANSAC 방법의 반복 시도 횟수가 비슷하거나 더 작다. 반면 이상치의 비율이 80% 이상이 되면, 순차 RANSAC 알고리즘의 반복 시도 횟수가 이전 이상치 비율일 때의 시도 횟수보다 평균 1.5배씩 증가하지만, 제안된 방법은 기존 방안에 비해 평균 1.15배의 증가율로 완만하다. 또한, 이상치 비율이 90% 이상인 경우에는 제안된 방안이 순차적 RANSAC과 비교하여 평균 57% 정도로 반복 시도 횟수를 감소시킬 수 있었다. 제안된 방법은 이상치나 적합치의 비율이 한쪽으로 치우칠 경우 반복 시도 횟수가 감소되는 특성을 보인다. 한편, [그림 8]에서는 전체 적합치에 대한 검출된 적합치의 비율을 비교하였다. 이상치 비율이 80% 이상인 경우 순차 RANSAC 알고리즘이 제안된 방법보다 평균 9% 정도 높고, 90% 이상에서는 26%까지 높아진다. 이렇게 제안된 방법보다 적합치 비율이 더 높은 것은 반복 시도 횟수와 비교하여 볼 때, 데이터에 대한 적합치 판정에서 훨씬 더 많은 최소 샘플 집합을 이용하기 때

문이다. 그런데, 최소 4개 이상의 적합치 대응점을 기반으로 하나의 호모그래피가 추정되므로, 추정된 파라미터를 활용하는 데는 두 방안 모두 문제되지 않는다.

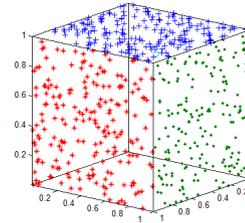


그림 6. 정육면체 표면의 가상 데이터

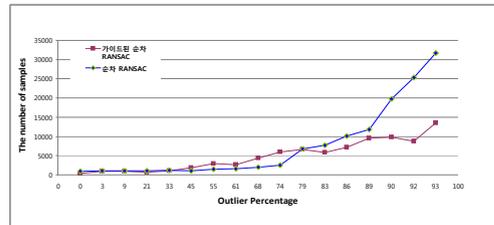


그림 7. 이상치 분포에 따른 반복 시도 횟수

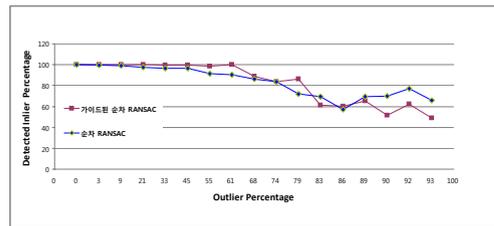
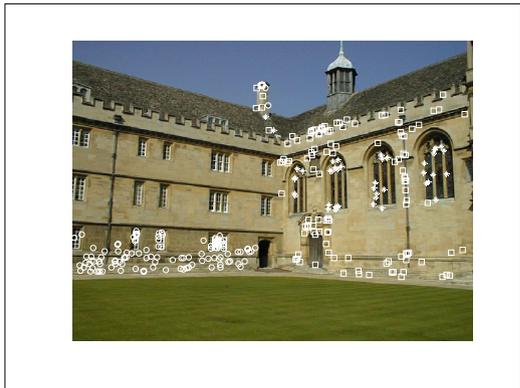


그림 8. 이상치 분포에 따른 적합치 추출 비율

실제 이미지에 대해서는 Visual Geometry Group의 Wadham, Merton-I, Merton-III, 그리고 House 등의 이미지 쌍과 특징점 대응 관계 데이터를 이용하였다[27][28]. [그림 9]는 순차 RANSAC 알고리즘과 본 논문에서 제안한 가이드된 순차 RANSAC 알고리즘을 각기 적용하여 다중 호모그래피를 추정하고 3D 공간에 존재하는 각 평면에 대하여 투영 변환 관계에 있는 특징점들을 다른 기호로 구분하여 표시하였다. Wadham과 Merton-I 이미지는 다중 호모그래피 관계가 두 방법에 대하여 매우 유사하게 나타나고 있는데, 평면의 경계에 위치한 특징점에 대해서는 조금씩 차이가 나타나는 것

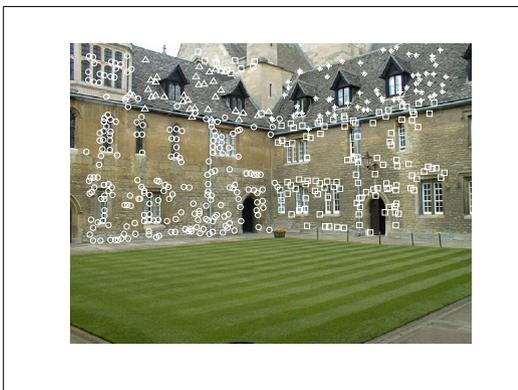


(a)

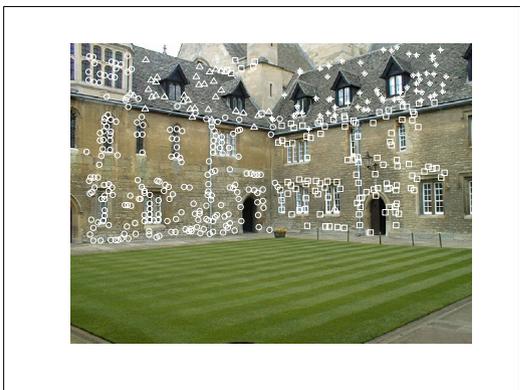


(b)

Wadham



(c)

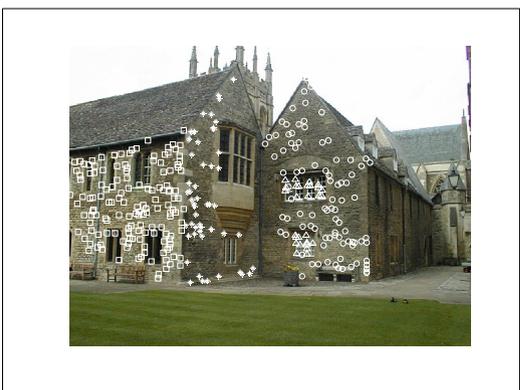


(d)

Merton-I



(e)



(f)

Merton-III

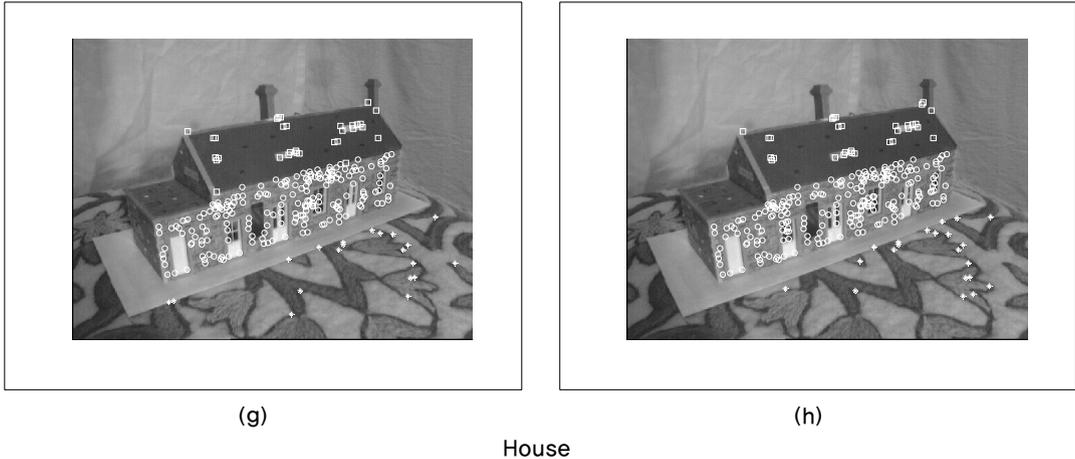


그림 9. 순차 RANSAC(a, c, e, g)과 가이드된 순차 RANSAC(b, d, f, h)의 적용 결과

표 1. 실제 이미지에 적용한 반복 시도 횟수

Image Pair	순차 RANSAC	가이드된 순차 RANSAC	백분율(%)
Wadham	861	175	20.3
Merton-1	1652	385	23.3
Merton-2	1738	326	18.8
House	1954	281	14.4

을 볼 수 있다. 그리고, Merton-III는 순차 RANSAC을 적용하여 크게 세 개의 평면을 추정하였는데, 제안된 방법에서는 오른쪽 건물의 중앙 창문을 다른 평면으로 추정하여서 네 개의 호모그래피 관계가 있음을 보이고 있다. House는 두 방법의 특성을 좀 더 명확히 보여준다. 순차 RANSAC에 의한 결과에서는 지붕과 테이블에 해당하는 평면을 이웃한 평면의 경계까지 포함하여 가능한 넓은 영역의 대응 관계를 합집합으로 추정하였는데, 본 논문에서 제시된 방안에서는 주요 평면 관계를 구성하는 대응 관계를 합집합으로 추정하는 경향이 있음을 볼 수 있다. 이와 같이 다중 호모그래피 추정에 대해서 두 방법이 유사한 결과를 보이지만, 전체 데이터에 대하여 순차적으로 RANSAC을 적용한 것과 부분적인 합집합에 근거한 모델로부터 점진적으로 합집합을 확장하는 가이드된 순차 RANSAC 알고리즘의 차이로 인하여, 본 논문에서 제시된 방안이 평면 관계를 조금 더 세밀하게 다루는 반면 지역적인 모델

추정의 경향도 함께 가지고 있음을 볼 수 있다. [표 1]은 [그림 9]의 실험에서 수행한 RANSAC 알고리즘의 총 반복 시도 횟수이다. 기존의 방법에 비하여 제시된 알고리즘이 반복 시도 횟수를 약 1/5 수준으로 단축하고 있음을 볼 수 있다. 이것은 다중 모델을 추정하기 위해 지역적인 작은 데이터로 분할하여 반복적인 모델 추정을 수행하는 것이 처리시간 단축에 효과적일 수 있음을 의미한다. 또한, 분리된 데이터에 대하여 동시적인 다중 모델 추정이 가능하기 때문에, 알고리즘 병렬화를 통한 실시간 처리의 가능성을 더욱 높일 수 있다.

## VI. 결론

RANSAC은 강건한 모델 추정이 가능한 알고리즘으로써 매우 높은 이상치를 포함한 데이터에 대해서도 호

과적인 방법이지만, 추정해야 할 모델이 여러 개인 경우에는 RANSAC 알고리즘을 순차적으로 적용해야 한다. 반복적으로 하나씩 모델을 추정해 나가는 일련의 과정에서, 입력 데이터는 이전 단계에서 추정한 모델에 대한 합의 집합을 제외한 모든 데이터가 된다. 이것은 단순히 추정 모델 개수에 따른 순차적인 RANSAC 적용 횟수의 증가 외에도, 이후 단계에서 추정될 모델에 관련된 데이터가 이상치로 간주되며 이전 단계에서 추정한 모델에 기인된 이상치가 입력 데이터에 지속적으로 포함되기 때문에, 전반적으로 적용되는 입력 데이터의 이상치 비율이 높아진다. 따라서, 전체 모델 추정 절차에서 RANSAC의 반복 시도 횟수 증가는 더욱 가중된다. 또한, 순차적인 RANSAC 알고리즘에서는 각 모델에 관련된 적합치의 비율에 따라서 추정되는 순서가 결정된다. 이것은 처리시간 향상을 위한 알고리즘의 병렬화를 어렵게 한다.

본 논문에서는 RANSAC 알고리즘의 반복 시도 과정에서 찾아낸 부분적인 모델을 이용하여 다중 호모그래피들을 동시에 추정하고 전체 모델 추정에 대한 반복 시도 횟수를 줄일 수 있는 가이드된 순차 RANSAC 알고리즘을 제안하였다. 데이터를 초기에 여러 그룹으로 나누는 다음, 각 그룹에 대하여 모델 연관성을 가진 합의 집합들을 RANSAC을 이용하여 반복하여 분리하고, 마지막으로 합의 집합들이 단일 모델로 합병 가능한지를 평가하여 하나의 모델로 구성한다. 이런 절차를 통하여 일정한 요건에 의해 가이드된 합의 집합을 기준으로 RANSAC을 반복 적용함으로써, 전체 모델 추정에 요구되는 반복 시도 횟수를 줄이고자 하였다. 또한, 합의 집합들에 대하여 개별적으로 RANSAC을 적용할 수 있게 함으로써, 다중 호모그래피 추정의 병렬화가 가능하도록 하였다. 데이터가 크고 이상치 비율이 높은 데이터에 대하여, 기존의 알고리즘에 비하여 반복 시도 횟수를 크게 줄일 수 있음을 실험을 통하여 보였다.

향후 연구 과제로는 기본 행렬 또는 3D에서의 2D로의 투영 변환 파라미터 추정 등으로 적용 범위를 확장하여 다중 객체에 대한 3차원 복원이 가능하도록 연구가 진행되어야 한다. 또한, 제안된 알고리즘을 최근 보편화되고 있는 멀티 코어 프로세서에 적용하고 기존의

가이드된 샘플링 알고리즘과 모델 필터링 방법들을 추가하는 등의 다중 모델에 대한 실시간 처리가 가능한 방안에 대한 연구가 필요하다.

## 참고 문헌

- [1] Alec Mills and Gregory Dudek, "Image stitching with dynamic elements," *Image and Vision Computing*, Vol.27, No.10, pp.1593-1602, 2009.
- [2] Evan Ribnick, Stefan Atev, and Nikolaos P. Papanikolopoulos, "Estimating 3D Positions and Velocities of Projectiles from Monocular Views," *IEEE Trans. on PAMI*, Vol.31, No.5, pp.938-944, 2009.
- [3] <http://www.2d3.com>
- [4] J. B. Hayet, F. Lerasle, and M. Devy, "A visual landmark framework for mobile robot navigation," *Image and Vision Computing*, Vol.25, No.28, pp.1341-1351, 2007.
- [5] Heung-Yeung Shum and Richard Szeliski, "Construction of panoramic image mosaics with global and local alignment," *International Journal of Computer Vision*, Vol.36, No.2, pp.101-130, 2000.
- [6] Cheng-Yuan Tang, "Self-Calibration for Metric 3D Reconstruction Using Homography," *IAPR Conference on Machine Vision Applications*, pp.86-89, 2007.
- [7] Zhengyou Zhang, "A Flexible New Technique for Camera Calibration," *IEEE Trans. on PAMI*, Vol.22, No.11, pp.1330-1334, 2000.
- [8] Bill Triggs and Andrew Zisserman, "Feature Based Methods for Structure and Motion Estimation," *Proceedings of the International Workshop on Vision Algorithms: Theory and Practice*, pp.278-294, 1999.
- [9] Richard Hartley and Andrew Zisserman,

- Multiple View Geometry in Computer Vision*, 2nd Edition, Cambridge University Press, 2003.
- [10] Zhengyou Zhang, Rachid Deriche, Olivier Faugeras, and Quang-Tuan Luong, "A Robust Technique for Matching Two Uncalibrated Images Through the Recovery of the Unknown Epipolar Geometry," *Artificial Intelligence*, Vol.78, pp.87-119, 1995.
- [11] M. A. Fischler and R. C. Bolles, "Random Sample Consensus: A Paradigm for Model Fitting with Applications to Image Analysis and Automated Cartography," *Communications of the ACM*, Vol.24, No.6, pp.381-395, 1981.
- [12] Liran Goshen and Ilan Shimshoni, "Guided Sampling via Weak Motion Models and Outlier Sample Generation for Epipolar Geometry Estimation," *International Journal of Computer Vision*, Vol.80, No.2, pp.275-288, 2008.
- [13] C. M. Cheng and S. H. Lai, "A consensus sampling technique for fast and robust model fitting," *Pattern Recognition*, Vol.42, No.7, pp.1318-1329, 2009.
- [14] Yihong Wu, Youfu Li, and Zhanyi Hu, "Detecting and Handling Unreliable Points for Camera Parameter Estimation," *International Journal of Computer Vision*, Vol.79, No.2, pp.209-223, 2008.
- [15] P. H. S. Torr and A. Zisserman, "MLESAC: A new robust estimator with application to estimating image geometry," *Computer Vision and Image Understanding*, Vol.78, pp.138-156, 2000.
- [16] Rahul Raguram, Jan-Michael Frahm, and Marc Pollefeys, "A Comparative Analysis of RANSAC Techniques Leading to Adaptive Real-Time Random Sample Consensus," *Proceedings of the 10th European Conference on Computer Vision*, pp.500-513, 2008.
- [17] Ben Tordoff and David W. Murray, "Guided sampling and consensus for motion estimation," *Proceedings of the 7th European Conference on Computer Vision*, pp.82-98, 2002.
- [18] O. Chum and J. Matas, "Matching with PROSAC - progressive sample consensus," *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, Vol.1, pp.220-226, 2005.
- [19] O. Chum and J. Matas, "Randomized RANSAC with  $T_{dd}$  test," *Image and Vision Computing*, Vol.22, No.10, pp.837-842, 2004.
- [20] O. Chum, "An effective bail-out test for RANSAC consensus scoring," *Proceedings of the 16th British Machine Vision Conference*, pp.629-638, 2005.
- [21] O. Chum and J. Matas, "Randomized RANSAC with sequential probability ratio test," *Proceedings of the 10th International Conference on Computer Vision*, pp.1727-1732, 2005.
- [22] David Nister, "Preemptive RANSAC for Live Structure and Motion Estimation," *Proceedings of the 9th International Conference on Computer Vision*, Vol.1, pp.199-206, 2003.
- [23] Etienne Vincent and Robert Laganière, "Detecting Planar Homographies in an Image Pair," *Proceedings of the 2nd International Symposium on Image and Signal Processing and Analysis*, pp.182-187, 2001.
- [24] Yasushi Kanazawa and Hiroshi Kawakami, "Detection of Planar Regions with Uncalibrated Stereo using Distributions of Feature Points," *Proceedings of the 15th*

British Machine Vision Conference, Vol.1, pp.247-256, 2004.

[25] M. Zuliani, C. S. Kenney, and B. S. Manjunath, "The MultiRANSAC Algorithm and its Application to Detect Planar Homographies," Proceedings of the International Conference on Image Processing, Vol.3, pp.153-156, 2005.

[26] Macro Zuliani, RANSAC toolbox for Matlab, MATLAB Central, 2008.

[27] <http://www.robots.ox.ac.uk/~vgg/>

[28] Tomas Werner and Andrew Zisserman, "New Techniques for Automated Architecture Reconstruction from Photographs," Proceedings of the 7th European Conference on Computer Vision, pp.541-555, 2002.

권 오 석(Oh-Seok Kwon)

정회원



- 1977년 : 서울대학교 전자공학과 (공학사)
  - 1980년 : 한국과학기술원 산업공학과(공학석사)
  - 1995년 : 한국과학기술원 전산학과(박사수료)
  - 1980년 ~ 1988년 : 충남대학교 전자공학과 조교수
  - 1988년 ~ 현재 : 충남대학교 컴퓨터공학과 교수
- <관심분야> : 지능정보시스템, 퍼지이론 및 응용, 신경회로망, 패턴인식

#### 저 자 소 개

박 용 희(Yong-Hee Park)

정회원



- 1993년 : 충남대학교 컴퓨터 공학과(공학사)
  - 1995년 : 충남대학교 컴퓨터 공학과(공학석사)
  - 2010년 : 충남대학교 컴퓨터 공학과(공학박사)
  - 2000년 ~ 현재 : 미래로 시스템 책임연구원
- <관심분야> : 패턴인식, 영상 처리, 컴퓨터 비전