

# 유전 알고리즘과 다중 특징 사용에 의한 물체 추출 방법에 관한 연구

°안 명 석, 신 현 욱, 조 석 제  
한국해양대학교 제어계측공학과

## A Study on Object Finding Method by Using Genetic Algorithm and hybrid Features

Dep. of Control & Instrumentation Eng., Korea Maritime Univ.  
E-mail : gkfqo@ce.kmaritime.ac.kr

### 요 약

최근 산업이 발달함에 따라 영상처리 기술이 산업에 많이 응용되고 있으며, 특히 비전 어플리케이션과 여러 멀티미디어 어플리케이션 분야에서, 주어진 영상에서 원하는 물체에 대한 위치정보를 빠른 시간으로 검출하는 방법에 관한 연구가 많이 진행되고 있다. 특히 CCD카메라로부터 얻어진 영상 정보를 이용하여 물체의 위치정보와 물체의 패턴 분류 및 특징 추출 등 여러 가지로 응용하고 있다. 물체의 위치를 검출함에 있어서 최근까지의 방법들은 원하는 물체를 찾기 위하여 영상의 모든 부분을 비교 영역으로 정하여 물체를 찾는 방법을 이용하고 있다. 본 논문에서는 주어진 영상에서 물체를 찾기 위해 모든 부분을 비교하지 않고, 유전자 알고리즘과 칼라 히스토그램 인터섹션을 이용하여 물체의 대략의 위치를 찾고 그 주변에서 인접 색 히스토그램으로 물체를 정교하게 찾는 방법을 제안하였다. 제안한 방법은 인접 색 히스토그램과 칼라 히스토그램으로 단순히 영상의 모든 영역을 비교하는 방법에 비해 비교 횟수를 크게 줄이면서 원하는 물체의 위치를 정확히 찾을 수 있음을 알 수 있었다.

### 1. 서 론

이동 물체 추적[1]이나 물체 인식[2]과 같은 비전 어플리케이션(vision application) 분야와 칼라 인덱싱(color indexing)[3][4][5]과 같은 멀티미디어 어플리케이션 분야에서 컴퓨터를 이용한 영상 데이터 처리 분야가 발달함에 따라 영상을 인식하는 방법, 특히 영상에서 특정 물체를 추출하는 방법이 중요한 문제로 연구되고 있다.

지금까지의 물체를 인식하고 위치를 결정하는 방법들은 공간적인 정보(spatial information)를 이용한 방법과 칼라 정보(color information)를 이용한 방법 등이 있다. 공간적인 특징을 이용한 방법은 코너(corner)나 에지(edge)등을 추출하여

물체를 인식하고 위치를 얻어내는 방법과[2][6], 템플릿 매칭(template matching)[2][7]을 이용하는 방법 등이 있다. 그리고 칼라 정보(color information)를 이용한 방법은 찾을 물체의 히스토그램(histogram)을 비교하여 물체를 찾는 칼라 히스토그램 인터섹션(color histogram intersection) [8] 방법과, 칼라 비를 이용한 칼라 히스토그램 백-프로젝션(color histogram back-projection)[3] 방법 등이 있다. 이 방법들은 원하는 물체를 찾기 위해 찾고자 하는 물체가 있는 영상의 모든 영역을 패턴과 비교하여 물체를 비교하는 방법을 사용하고 있다. 그런데 영상의 모든 영역을 패턴과 비교하는 것은 비교 횟수가 많기 때문에 비효율적이다. 그래서 본 논문에서는 유전 알고리즘(Genetic

Algorithm)과 히스토그램 인터섹션을 이용하여 영상에서 원하는 물체의 대략의 위치를 찾아내고 그 위치의 부근에서 인접 색 히스토그램[10]으로 물체를 정확히 찾아내는 방법을 제안하였다.

### II. 물체 추출 방법

이전에 제안되었던 여러 가지의 물체 추출 방법에서 사용된 비교 영역 추출 방법은 한가지의 특징(feature)으로 단순히 영상의 모든 영역과 패턴을 비교하는 방법을 사용하였다. 그럼으로 설명하면 다음과 같다.

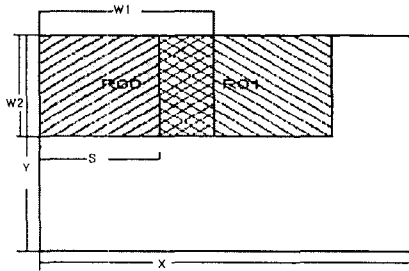


그림 1. 이전의 물체 추출 방법의 영역 비교 방법

그림 1에서 영역 R은 영상에서 물체가 있는지를 여부를 비교할 비교 영역,  $W_1$ ,  $W_2$ 는 비교 영역의 크기, X, Y는 영상의 크기 그리고 S는 비교 영역이 좌우상하로 움직이는 거리를 나타낸다. 순차적으로 비교 영역을 영상에서 움직이며 영역 R의 특징과 패턴의 특징을 비교하여 그 부분에 물체의 존재 유무를 판단한다. 이때 비교 횟수는  $\frac{(X-W_1) \times (Y-W_2)}{S^2}$  과 같이 나타난다. 즉 이 방법은 영상의 모든 영역을 다 비교하는 비효율성을 가지고 있다. 그리고 사용하는 특징에 따라 속도와 정확히 물체를 찾을 수 있는지에 대한 성능의 차이가 생긴다. 그래서 본 논문에서는 유전 알고리즘과 다중 특징을 이용하여 물체가 있는 영역을 효과적으로 찾는 방법을 제안하였다.

### III. 유전 알고리즘(GA)과 다중 특징을 이용한 물체 추출

제안한 방법은 비교량을 줄이기 위해 찾고자 하는 물체가 있는 영상에서 대략의 위치를 유전 알고리즘과 칼라 히스토그램 인터섹션으로 찾고, 그 주변에서 인접 색 히스토그램으로서 물체를 찾는 방법이다.

### 1 유전 알고리즘

유전 알고리즘은 자연계의 진화과정을 컴퓨터 상에서 시뮬레이션 함으로써 복잡한 실세계의 문제를 해결하고자 하는 계산모델이다. 또한 유전 알고리즘은 풀고자 하는 문제에 대해 가능한 해들을 정해진 형태의 자료 구조로 표현한 다음 이들을 점차적으로 변형함으로써 점점 더 좋은 해들을 생성하게 한다. 그러므로 유전 알고리즘은 구조가 간단하고 방법이 일반적이어서 응용 범위가 매우 넓으며, 특히 적응적 탐색과 학습 및 최적화를 통한 공학적인 문제의 해결에 많이 이용되고 있다. 기본적인 유전 알고리즘은 그림 2와 같다.

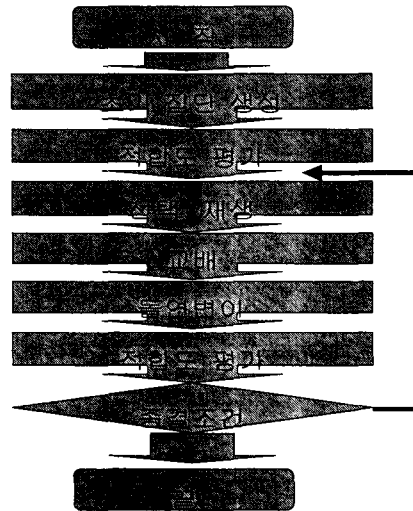


그림 2. 기본적인 유전자 알고리즘

유전 알고리즘에서 유전자를 표현하는 방법으로는 이진 스트링과 부동 소수점 스트링이 있다. 그리고 일반적으로 SGA(Simple Genetic Algorithm)에서 풀고자 하는 변수값을 이진 스트링으로 표현한다. 일반적으로 사용되는 개체 표현 방법을 그림 3에서 보이고 있다.

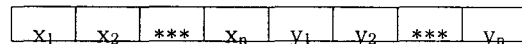


그림 3. 유전자형

제안한 방법에서의 개체는 영상의 x, y좌표를 스트링으로 표현하여 유전자로 만든다. 만들어진 유전자는 유전자간의 몇 가지 기본 연산에 의해 진화를 해 나간다.

기본적인 연산자들에서 얻어지는 유전자가 목적 함수에 최적화 된 유전자인지를 확인하여 최적화 된 유전자를 얻게된다.

유전 알고리즘의 유전자에서 얻어지는 영상의 x, y 좌표와 그 위치에서 일정 크기의 블록에서 얻어지는 히스토그램을 패턴의 히스토그램과 적합도 함수(fitness function)인 히스토그램 인터섹션으로 적합도를 계산하여 유전 알고리즘과 칼라 히스토그램 인터섹션으로서 물체의 대략적인 위치를 찾을 수 있다.

2. 물체 추출에서 다중 특징 사용

그런데 유전 알고리즘의 최적의 해를 찾기 위해서는 많은 교배가 필요하고, 적합도 함수로 쓰이는 칼라 히스토그램 인터섹션은 공간 정보가 배제되어, 계산 속도는 빠르지만 성능이 좋지 않다. 그래서 본 논문에서는 유전 알고리즘의 교배가 최소가 이루어지면서 물체의 대략의 위치를 찾고, 그 주변에서 성능이 좋은 인접 색 히스토그램을 이용하여 물체를 찾아내는 방법을 사용한다.

1. 유전 알고리즘을 이용하여 대략적인 비교 영역을 얻어낸다.
2. 유전 알고리즘을 이용하여 얻어진 영역과 물체 패턴을 속도가 빠른 특징을 이용하여 유사도를 측정하여 대략의 물체 위치를 얻는다.
3. 얻어진 물체의 대략의 위치의 부근 영역을 순차적으로 얻어내어 정확도가 높은 특징을 이용하여 물체의 위치를 정확히 얻는다.

제한한 방법에 의해 불필요한 비교량을 줄이고 정확히 물체를 찾을 수 있다.

IV. 실험 및 고찰

실험에서 이 방법의 효용성을 검증하기 위해 디지털 카메라에서 얻어진 300x300 크기의 영상을 이용하여 실험을 하였다. 사용된 칼라 좌표계는 RGB 좌표계이며, 64 칼라로 양자화(quantization)하였다. 물체를 찾기 위해 GA와 함께 사용하는 특징은 칼라 히스토그램을 사용하였고, 찾아진 위치에서 정확히 물체를 찾기 위해 인접 색 히스토그램을 사용하였다. 패턴의 특징과 비교 영역의 칼라 히스토그램의 유사도를 측정하기 위해 식 1과 같은 칼라 히스토그램 인터섹션(color histogram intersection)을 사용하였다. 그리고 인접 색 히스토그램의 인터섹션을 구하기 위해서는 식 2를 사용하였다.

$$Similarity = \sum_{i=0}^n \min(O[i], P[i]) \quad (1)$$

$$Similarity = \sum_{i=0}^n \sum_{j=i}^n \min(O[i][j], P[i][j]) \quad (2)$$

식 1에서 O는 영상의 비교 영역을 칼라 히스토그램

으로 나타낸 것이고, P는 패턴 영상을 칼라 히스토그램으로 나타낸 것이다. 그리고 n은 양자화된 칼라의 수를 나타내며, min은 교집합을 나타낸 것이다. 각각 O와 P의 값은 0에서 1사이의 값으로 정량화 된 것이다. 그리고 인접 색 히스토그램의 인터섹션은 j=i가 되는 점을 기준으로 대칭으로 나타나고, 또 2차원으로 나타나기 때문에 인접 색 히스토그램의 인터섹션은 식 2와 같이 나타난다. 유전 알고리즘의 교배의 횟수는 최고 200번으로 정하였고, 찾을 물체의 크기는 영상에서 찾을 물체의 크기로 정하였다. 그리고 유전 알고리즘의 염색체의 개수는 50개로 하여 실험을 하였으며, 염색체의 인자를 영상의 x, y좌표로 하였다.

그림 4(a)는 찾을 물체이고, 그림 4(b)는 순차적으로 얻어낸 비교 영역을 칼라 히스토그램 인터섹션으로 패턴의 칼라 히스토그램과 비교하였을 때의 결과를 나타낸 것이다. 그리고 4(c)는 58번의 염색체의 교배에 의해 영상에서 원하는 물체의 위치를 근접하게 찾아 낸 것이고, 그리고 4(d)는 인접 색 히스토그램으로 유전 알고리즘과 칼라 히스토그램 인터섹션으로 찾아진 영역 주위의 탐색 영역에서 물체를 찾아낸 결과를 나타내고 있다. 그림 4(b)보다 4(d)의 결과가 물체를 더 잘 찾고 있음을 알 수 있다.

그림 4의 예에서 순차적으로 얻어낸 비교 영역을 칼라 히스토그램 인터섹션으로 비교하여 물체를 찾아내었을 때의 속도는 약 55초가 걸렸지만 제안한 방법의 속도는 유전 알고리즘을 이용하여 물체의 근접 위치까지 가는 시간은 7초 그리고 정확히 물체를 찾는 시간은 28초, 총 35초만에 물체를 정확히 찾을 수 있었다.

V. 결론

본 논문에서는 영상에서 물체의 위치를 얻기 위해 GA와 비교 속도가 빠른 특징을 이용하여 물체의 대략의 위치를 얻고 다시 그 위치의 근처에서 정확도가 높은 특징을 이용하여 원하는 물체의 정확한 위치를 찾아내는 방법을 제안하였다.

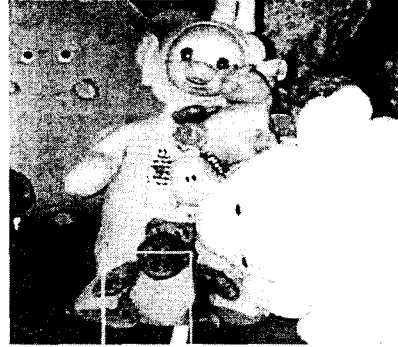
본 논문에서는 제안한 방법이 영상에서 물체를 찾기 위해 순차적으로 얻은 비교 영역을 칼라 히스토그램으로 물체를 찾았을 경우보다 빠르며, 인접 색 히스토그램을 사용했을 경우와 같이 정확히 물체를 찾을 수 있음을 확인하였다.

참고문헌

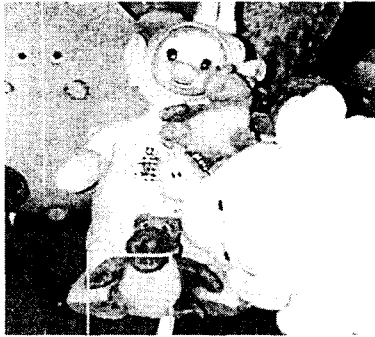
[1] Stan Birchfield, "Elliptical Head Tracking Using Intensity Gradients and Color Histogram," Proc. Of the IEEE Conference on



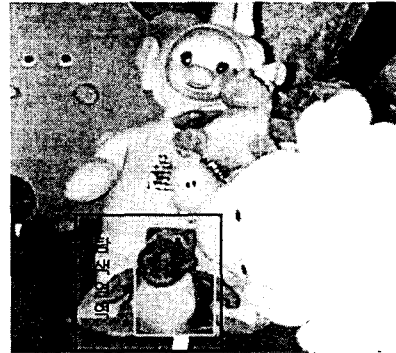
(a) 찾을 물체



(b) 순차적으로 얻은 비교 영역을 칼라 히스토그램으로 물체를 찾은 결과



(c) GA에 의해 얻어진 비교 영역을 칼라 히스토그램으로 물체를 찾은 결과 (58세대)



(d) (c)의 결과에서 탐색 영역을 인접 색 히스토그램으로 물체를 찾은 결과

그림 4. 순차적으로 얻어진 비교 영역을 칼라 히스토그램을 이용하여 물체를 찾은 결과와 제안한 방법을 이용하여 물체를 찾은 결과

- Computer Vision and Pattern Recognition*, Santabarbara, California, pp. 232-237, June, 1993
- [2] P. Suetens, P. Pua and A. J. Hanson, "Some Computational Strategies for Object Recognition," *ACM, Survey*, Vol. 24, No.1, pp. 5-62, Mar. 1992
- [3] M. J. Swain and D. H. Ballard, "Color Indexing," *Int. Journal of Computer Vision* Vol. 7 No. 1, pp. 11-32 Nov. 1992
- [4] Greg Pass and Ramin Zabih, "Histogram Refinement for Content-Based Image Retrieval," *3<sup>rd</sup> IEEE Workshop on Application of Computer Vision*, pp. 96-102, Dec. 2-4, 1996
- [5] Virginia E. Ogle and Michael Stonebraker, "Chabot: Retrieval from a Relational Database of Images," *IEEE Computer*, Vol. 28, No. 9, pp. 40-48, Sep. 1995
- [6] Ballard "Generalizing the Hough transform to detect arbitrary shapes," *Pattern Recognition*, Vol.13 , pp. 111-122, 1981
- [7] Roberto Brunelli and Tomaso Poggio, "Face Recognition: Features versus Templates," *IEEE Trans. of pattern analysis and machine intelligence*, Vol. 15. No. 10, Oct. 1993
- [8] V. V. Vinod and H. Murase, "Focused Color Intersection with Efficient Searching For Object Extraction," *Pattern Recognition*, Vol. 30, No. 10, pp. 1787-1797, 1997
- [9] 안명석, 신현욱, 조석제 "인접 색 분포 특성을 이용한 물체 추출," *춘계 대한전자공학회, 한국통신학회 합동발표대회 논문집* 제 8권 1호, pp.141-145, 1999
- [10] Milan Sonka, Vaclav Hlavac and Roger Boyler, *Image Processing, Analysis and Machine vision*, *Champ-man & Hall. Computing*, 1993
- [11] D.E.Goldberg, *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*, Reading, MA:Addition-Wedley, 1989.
- [12] D.E.Goldberg, "Optimal Initial Population size for Binary-Coded Genetic Algorithms," TCGA Report No.85001, Tuscaloosa, University of Alabama, 1985.
- [13] Zbigniew Michalewicz, *Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs*, Springer-Verlag, 1994.
- [14] Branko Soucek, *Dynamic, Genetic, and chaotic Programming*, John Wiley & Sons, 1991.