

論文99-36S-10-11

# 변형된 개체기반 증가 학습을 이용한 소형 스테레오 정합 알고리즘

## (A Compact Stereo Matching Algorithm Using Modified Population-Based Incremental Learning)

韓 圭 必 \*, 鄭 義 潤 \*, 閔 垸 \*, 金 紀 錫 \*\*, 河 永 浩 \*

(Kyu-Phil Han, Eui-Yoon Chung, Gak Min, Gi-Seok Kim,  
and Yeong-Ho Ha)

## 요 약

유전 알고리즘은 적절한 해를 찾기 위해서 자연선택과 개체군 유전학을 이용한 효율적 탐색기법이다. 그러나, 기존의 유전 알고리즘들은 수렴을 보장하기 위해서 유전자 풀의 크기를 증가시켜야 했고 그 결과 저장 공간과 계산 시간이 많이 소요되었다. 또한, 염색체 교차와 유전자 돌연변이를 사용하여 새로운 염색체를 발생시켰기 때문에 알고리즘이 복잡하다는 단점이 있다. 본 논문에서는 이런 문제를 줄이기 위해서 확률벡터에 기반한 개체기반 증가 학습이라는 소형 유전 알고리즘을 정합 환경에 맞게 변형시킨 새로운 스테레오 정합 방법을 제안하였다. 제안된 알고리즘은 확률벡터의 사용으로 인해 유전자 풀, 염색체 교차, 그리고 유전자 돌연변이 연산을 제거하였다. 그 결과 제안된 정합 알고리즘은 기존 방식보다 구조가 간단하고 계산량의 향상이 있었으며, 영상의 특성에 상관없이 안정된 결과를 얻을 수 있다는 장점이 있었다.

## Abstract

Genetic algorithm, which uses principles of natural selection and population genetics, is an efficient method to find out an optimal solution. In conventional genetic algorithms, however, the size of gene pool needs to be increased to insure a convergency. Therefore, many memory spaces and much computation time were needed. Also, since child chromosomes were generated by chromosome crossover and gene mutation, the algorithms have a complex structure. Thus, in this paper, a compact stereo matching algorithm using a population-based incremental learning based on probability vector is proposed to reduce these problems. The PBIL method is modified for matching environment. Since the proposed algorithm uses a probability vector and eliminates gene pool, chromosome crossover, and gene mutation, the matching algorithm is simple and the computation load is considerably reduced. Even though the characteristics of images are changed, stable outputs are obtained without the modification of the matching algorithm.

## I. 서 론

스테레오 시각 기법은 서로 다른 관점(view point)에

서 얻어진 두 장의 영상으로부터 3차원 거리 정보를 복원하는 수동 거리측정 방법의 하나이다<sup>[1]</sup>. 스테레오 시각에서 가장 중요한 부분은 좌·우 영상 사이의 대응

\* 正會員, 慶北大學校 電子電氣工學部  
(School of Electronic & Electrical Eng., Kyungpook Nat'l Univ.)

\*\* 正會員, 慶州大學校 컴퓨터 情報工學部  
(School of Computer & Information Eng., Kyungju Univ.)

※ 본 연구는 한국학술진흥재단의 '97년도 자유공모과제 지원 연구비에 의해 수행된 것임.(과제번호 : 1997-001-E00374)

接受日字:1999年3月19日, 수정완료일:1999年9月2日

점(corresponding point)간의 거리, 즉 변이(disparity)를 찾아내는 정합(matching) 과정이다. 그러나, 스테레오 정합 과정은 효율적인 정합을 위해서 영상에서의 특징 추출, 추출된 특징들의 결합, 정합 창들의 크기와 형태의 결정, 폐색(occlusion) 영역에서의 처리 등과 같은 문제를 동시에 고려해야 하는 어려움을 가지고 있다<sup>[2]</sup>. 이와 같은 요소들은 스테레오 영상에 잡음이 많거나 좌·우 영상의 일부가 서로 다른 스테레오 영상 처리 시에 더욱 큰 문제점이 따른다.

현재까지 연구되어온 정합 알고리즘은 영상에서 특징을 추출하여 정합하는 특징 기반법(feature-based method)<sup>[3]</sup>과 밝기 값을 그대로 사용하는 휘도 기반법(intensity-based method)<sup>[4]</sup>이 대표적인 방법이었다. 그러나 특징기반 방법은 특징이 있는 부분에서는 정확한 값을 찾을 수 있지만 영상 전체에서 대응점을 구할 수 없고 특징을 추출하는 과정이 추가되기 때문에 알고리즘이 복잡하다는 단점을 가지고 있다. 이에 반해, 휘도 기반 방법은 영상 전체에서 대응점을 구할 수 있지만 그 값들이 잡음에 민감하기 때문에 신뢰도가 떨어지는 단점이 있었다. 그래서 최근 연구되어지는 방법들은 특징을 복합적으로 이용하는 방법<sup>[5]</sup>, 위상을 이용하는 위상기반<sup>[6]</sup>, 변환을 이용하는 방법<sup>[7]</sup> 등이 연구되어지고 있다. 그러나 이들 방법들도 특징 및 휘도 기반의 특성을 포함하기 때문에 상기 서술된 정합문제가 여전히 남아있다.

최근 정합 과정을 최적화 문제로 모델링하여 유전 알고리즘을 적용하는 방법<sup>[8]</sup>이 연구되어오고 있는데, 이 방법은 정합과 이완처리를 동시에 고려하기 때문에 정합결과가 우수하고 이완처리를 포함한 방법들보다 수행 속도가 빠른 장점이 있다. 그러나 여전히 유전 알고리즘이 가지고 있는 많은 저장공간의 요구와 수행속도의 개선이 필요한 실정이다. 그러므로 이런 유전 알고리즘을 단순하게 구현하기 위한 여러 연구 중에서 확률벡터(probability vector)를 사용하는 개체기반 증가 학습(population-based incremental learning: PBIL)<sup>[9]</sup> 방법이 제시되었고 유전 알고리즘의 복잡성을 줄였기 때문에 소형 유전알고리즘(compact genetic algorithm)이라 일컫는다.

본 논문에서 제안하는 정합 알고리즘은 개체기반 증가 학습에 기반한 유전 알고리즘을 스테레오 정합에 맞게 변형하였다. 그 결과 유전자 풀을 제거하여 저장공간의 소모를 줄였고 염색체 교차와 돌연변이 연산

없이 확률벡터의 값만으로 정합을 수행하였다. 그러므로 제안된 방법은 정합 규칙이 단순하며 계산 속도를 감소시킬 수 있었다. 무작위 점 영상(random dot stereogram), 합성 영상(synthetic image), 실 영상(real scene image)에 대한 실험에서 기존정합 방법과 비교되었고 그 결과 잡음에 매우 강하고 수렴성이 높으며, 정확한 변이값을 얻을 수 있었다.

## II. 개체기반 증가 학습법

유전 알고리즘은 보다 적응성(fitness)이 높은 개체(individuals)가 다음 세대에 살아남을 확률이 높다는 자연 선택의 법칙을 가정으로 하는 진화론에 기반한 최적화 방법이다. 이 유전 알고리즘은 적응환경을 염색체 형태로 부호화하여 원하는 방향으로 진화를 시킨 후 적절한 결과를 선택하게 된다. 진화과정은 교배(mating)에서 발생하는 염색체 교차(chromosome crossover)와 유전자 돌연변이(gene mutation) 현상을 사용하여 초기 염색체로부터 보다 적응성이 높은 개체를 발생시킨 다음, 유전자 풀(gene pool)에 추가시킨다. 그리고 매 세대마다 각 염색체에 적응성을 할당한 후 개체를 평가한다. 만약 적자로 선택된 염색체가 원하는 조건을 만족한다면 유전 알고리즘은 종료될 것이고 그렇지 않으면 생산과 평가단계를 반복 수행한다. 이처럼 자연계의 진화 과정을 모방한 유전 알고리즘은 유전 인자의 비용함수 또는 거리척도에 반비례하는 적응치(fitness)를 이용하여 유전 인자의 적응 정도를 판단하며 적응치가 높을수록 다음 세대에서 살아남을 가능성을 높이기 때문에 적응함수(fitness function)을 만족시키는 해를 구할 수 있다.

개체기반 증가 학습은 탐색 기법을 염색체 교차 및 돌연변이에 의존하지 않고 확률값에 의존해서 해를 찾아가는 방법이다. 이 방식은 유전자의 생존가능성을 확률값으로 변환하여 저장하고 매 세대마다 확률값에 기반해서 유전자를 발생시키고, 발생한 유전자는 자신의 적응정도에 따라서 확률값을 변화시키고 사라지며, 다음 세대의 유전자는 또 다시 확률값에 의해 발생된다. 그러므로 일반 유전알고리즘과 같이 생존된 염색체를 계속 저장시킬 필요는 없다. 이런 과정을 반복하여 최종적으로 확률값이 수렴하게 되면 반복 수행을 정지한다. 이진열에서 기본적인 개체기반 증가학습의 의사코드는 그림 1에서와 같다. 여기서 1과  $n$ 은 염색체 길이

와 개체군의 크기를 각각 나타낸다. 먼저 모든 유전자의 초기 확률값을 0.5나 염색체의 크기(유전자의 개수)의 역수로 설정하고 n개의 유전자를 무작위하게 발생시킨다. 염색체 발생은 그 염색체의 확률벡터의 값과 [0, 1]사이에서 무작위하게 발생된 수를 비교해서 간단하게 결정할 수 있다. 만약 어떤 염색체의 확률벡터 값이 0.5이고 무작위하게 발생된 값이 0.3이면 그 염색체는 유전자 풀에 포함되고 그렇지 않으면 다른 염색체를 발생시키게 된다. 이 과정을 거쳐 유전자 풀에 저장된 염색체들은 적응성을 할당받게된다. 할당된 적응성 값을 이용하여 확률벡터를 갱신하고 수렴조건을 검사한 후 반복수행을 한다. 이 과정을 확률벡터의 변화로 살펴보면 그림 2에서와 같다. 이 경우는 발생 가능한 염색체가 8개인 경우이다. 그림 2(a)와 같이 각 유전자에 대한 초기 확률값을 0.5로 정하고 각 개체를 생성시키게 된다. 생성된 염색체의 개수는 정해져 있지 않으므로 2개 이상의 염색체를 만들면 된다. 왜냐하면 적어도 승자가 존재해야 되기 때문이다. 발생된 염색체 중에서 3번째 염색체가 가장 적합하다는 판정이 나면 그 염색체에 해당되는 확률 값을 그림 2(b)에서와 같이 증가시키고 나머지는 감소시킨다. 확률값의 변화 규칙은 거리에 따라서 변화분을 다르게 적용할 수도 있고 같이 적용할 수 있다. 그림 2(b)는 거리를 고려해서 변화분을 결정했기 때문에 3번째 염색체와 많이 떨어진 곳의 확률은 크게 감소한다. 다음 단계의 생성 단계에서는 염색체의 발생도 확률 값에 의존하므로 3번째 염색체가 발생될 가능성이 크며, 연속적으로 세번째 염색체가 선

택되었다면 그림 2(c)의 경우와 같이 될 것이다. 다음 세대에서 3번째 염색체가 발생되지 않고 5번째 염색체가 최적이라고 선택되었다면 그림 2(d)의 경우와 같이 될 것이다. 이런 반복 과정을 거쳐 확률값이 수렴되면 연산을 종료하게 된다.

```

1) initialize probability vector
   for i=1 to l do p[i]=0.5 or 1/l;
2) generate n individuals from the vector
   for j=1 to n do
       gen[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) p presents the final solution
    
```

그림 1. 이진열에서 개체기반 증가 학습의 의사코드  
Fig. 1. Pseudo code of PBIL in a binary string.

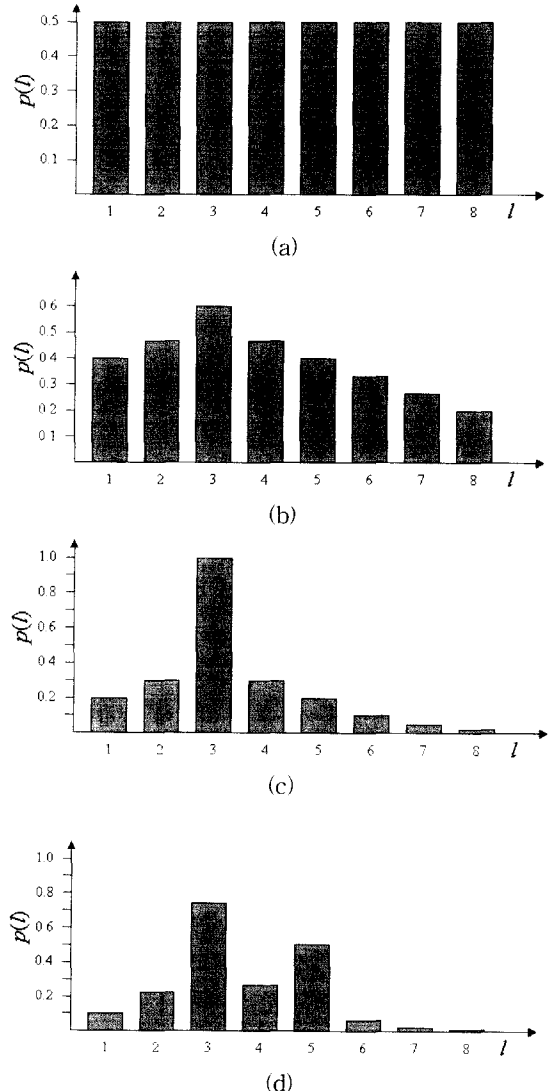


그림 2. 확률벡터의 변화 예 (a) 초기 확률벡터 (b) 3번째 염색체가 적자로 선택된 경우 (c) 연속적으로 3번째 염색체가 선택된 경우 (d) 5번째 염색체가 선택된 경우

Fig. 2. Example of the change of probability vector. (a) Initial probability vector (b) when the third chromosome is selected as the fittest in the generation (c) when the third is selected again as the fittest (d) when the fifth is selected.

이 개체기반 증가 학습법을 살펴보면 한 세대에서 발생된 염색체는 확률값을 갱신하고 소멸되므로 염색체의 정보는 확률벡터에 남아있게 된다. 확률벡터의 개수는 염색체 개수와 동일하기 때문에  $N$ 개의 염색체가 있다면 확률벡터의 개수도  $N$ 개이므로  $2N$ 개의 저장 공간이 필요하다. 그러나 일반 유전 알고리즘은 생존된 염색체를 계속 저장하여야 하고 발생된 염색체의 각 유전자들을 모두 가지고 있어야 하므로 저장 공간이 증가하게 된다. 이것은 유전자 풀의 크기에 따라 달라지게 된다. 만약 저장 공간을 줄이기 위해 풀의 크기를 작게 한다면 수렴성을 보장할 수 없게 된다. 위의 예에서 유전자 풀의 크기가  $M$ 이라고 할 때, 일반 유전 알고리즘의 저장공간은  $M \times N \times I$ 이 된다.

### III. 제안한 소형 정합 알고리즘

제안한 스테레오 정합 알고리즘은 개체기반 증가 학습을 이용한 방법이므로 확률벡터의 구조가 정의되어야 한다. 스테레오 정합에서는 그림 3(a)에서와 같이 2차원 참조 영상(reference image)의 한 화소(혹은 블록)에 일치하는 목표 영상(target image)의 대응점을 찾아야 한다. 다시 말해서 참조 영상의 한 점은 탐색 영역 내에 있는 목표 영상의 각 후보 화소에 정합 되어질 수 있다. 여기서 목표 영상의 후보 화소들을 기준으로 생각하면 각 후보 화소들은 기준 점에 정합 되어질 확률값으로 표현될 수 있다. 그림 3(b)는 각 후보화소의 정합 확률을 표시한 것으로 그림 2에서와 같은 형태를 갖는다. 그러므로 정합 환경을 확률벡터로 모델링하면 변이  $k$ 는 발생 가능한 유전자가 되고 확률값은 정합될 확률을 나타낸다. 그림 3은 한 점에서 1차원 확률벡터를 가지는 경우를 나타낸 것인데, 이것을 2차원 영상형태에 적용하면 그림 4에서 보는 것과 같이 영상의 크기에 변이 범위가 더해진 3차원 확률벡터로 표현될 수 있다. 여기서  $(i, j)$ 는 영상 평면이고  $k$ 는 변이 축이 된다. 3차원 확률벡터 한 점에서 값  $p(i, j, k)$ 는 참조 영상에서의  $(i, j)$ 번째 화소가 목표 영상에서  $k$ 화소만큼 떨어진 점에 정합 되어질 확률을 나타낸다. 그러므로 스테레오 정합에서 정확한 변이를 찾는 문제가 여기에서는 확률벡터 상에서 변이 축 방향으로 가장 큰 확률값을 가지는  $k$ 를 찾아내는 문제로 바뀌게 된다.

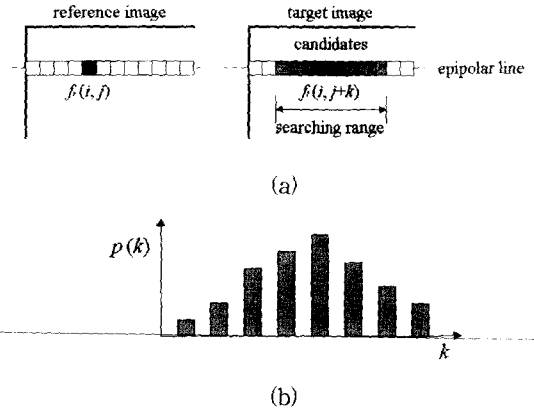


그림 3. 스테레오 정합 환경의 부호화 예 (a) 정합 환경 (b) 목표영상에서 후보 화소들의 정합 확률값

Fig. 3. An encoding example of stereo matching environment. (a) Stereo matching environment (b) Matching probabilities of candidate pixels in target image.

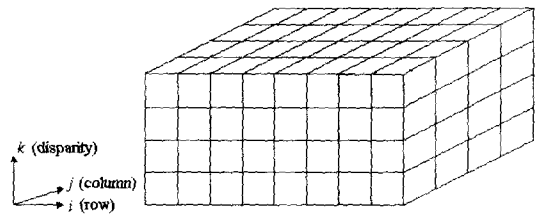


그림 4. 3차원 확률벡터  
Fig. 4. Three-dimensional probability vector.

만약 극상선 제약조건(epipolar constraint)이 만족되지 않는 움직임 예측(motion estimation)과 같은 환경에서 정합을 수행한다면 탐색 영역이 2차원이므로 전체 4차원 확률벡터가 요구된다. 그러나 수평과 수직 방향의 움직임을 분리해서 사용한다면 수평 변이와 수직 변이를 각각 다룰 수 있는 2개의 3차원 확률 벡터가 필요하다.

본 논문에서는 그림 4에서와 같이 정의된 확률벡터의 값을 초기화 한 후 개체기반 증가학습 방법으로 변화를 주어 최종적인 변이 값을 찾아내게 된다. 제안된 정합 알고리즘의 의사코드는 그림 5에서와 같다. 먼저 각 확률벡터의 값을 0.5로 초기화 한 후, 주어진 개수만큼의 염색체를 발생시킨다. 여기서 발생하는 염색체 값은 변이 값이 된다. 발생된 염색체 중에서 승자를 결정하여야 하므로 염색체는 최소 2개 이상 발생되어야만 하는데, 한 세대에서 발생하는 염색체의 수가 작으면

수렴속도가 느려지고 많아지면 수렴속도가 빨라진다. 만약 발생 가능한 모든 염색체를 한 세대에서 발생시킨다면 염색체의 생산단계 없이 바로 평가 단계에서 모든 염색체를 평가하면 된다. 발생되어진 변이 값들, 즉 염색체들은 적당한 평가함수에 의해 적응치(fitness value)를 할당받게 되고 그 중에서 적자를 선택하게 된다. 선택된 적자의 확률 값은 증가되어지고 나머지 확률 값들은 감소되어진다. 이 과정을 반복 수행하여 수렴정도를 검사하고 알고리즘의 종료를 판단한다. 제안된 알고리즘에서 사용된 염색체 생산함수와 평가함수는 다음과 같다.

```

1) initialize probability vector
   for i=1 to row_size
     for j=1 to column_size
       for k=1 to disparity_range do
         p[i][j][k] = 0.5;
2) generate n individuals based on the vector
   for i=1 to row_size
     for j=1 to column_size
       for k=1 to n
         chromo[k]=production(p);
3) compete with them and find the fittest
   evaluate(chromo 1, chromo 2, ..., chromo n);
4) update the probability
   if k-th chromo is the winner then
     p[i][j][k] += Δp;
   else
     for l=1 to disparity_range
       if (l!=k)
         p[i][j][l] -= Δp;
5) check if the vector has converged
   find disparity having maximum probability
   along k-direction
   if previous disparity == current disparity then
     goto step 6;
   else return to step 2;
6) p presents the final solution
    
```

그림 5. 제안한 정합 알고리즘의 의사코드  
Fig. 5. Pseudo code of the proposed matching algorithm..

1. 염색체 생산함수(chromosome production function)  
확률벡터에 기반한 염색체의 생산과정은 무작위 함수(random function)를 이용하였다. 먼저 변이와 생존 확률(survival probability)을 무작위하게 발생시킨다. 발생된 생존확률이 저장된 확률벡터의 값보다 크면 그 발생된 변이를 염색체로 설정하고 그렇지 않다면 생산 함수를 다시 사용하여 재 발생시킨다. 이때 발생되어지는 변이는 중복되지 않게 한다. 생산과정의 의사코드는 그림 6에서와 같다. 여기서 MAX\_NUM은 무작위 함수의 최대 출력값이다.

```

for i=1 to n {
  chromo[i]=random(seed)%(disparity_range+1);
  survival_prob=random(seed)%MAX_NUM;
  if survival_prob>p[i][j][chromo[i]]
    goto regeneration_step;
  if the chromo[i] is a duplicate
    goto regeneration_step;}

regeneration_step:
do{
  generate chromo[i] and survival_prob;
  if chromosome[i] is survived and not a duplicate
    return;}
    
```

그림 6. 염색체 생산과정의 의사코드  
Fig. 6. Pseudo code of chromosome production step.

2. 평가함수(evaluation function)  
생산함수에 의해 발생된 n개의 염색체들 중에서 승자를 결정하기 위해서는 스테레오 정합에서 정확한 정합점을 결정하는 것과 같은 형식의 함수가 사용되어야만 한다. 일반적으로 자신의 화소와 같은 점을 찾을 때 사용되어지는 제약조건은 '대응점의 밝기 값이 자신의 밝기 값과 비슷해야 한다'는 밝기 유사성(intensity similarity)과 '주변 화소의 정합점들과 자신의 정합점은 연속하다'는 변이연속성(disparity continuity)이 보편적이다. 그러므로 본 논문에서 사용된 평가함수는 밝기 유사성과 변이 연속성을 사용하였고 이 함수의 값에 따라 염색체를 평가하여 승자와 패자를 결정하였다. 일반

스테레오 정합에서는 '한 화소는 반드시 한 점에 대응되어야 한다'는 변이 유일성(disparity uniqueness) 제약 조건이 사용되어지는데, 본 방법에는 사용되지 않았다. 왜냐하면 개체기반 증가학습에서는 자신의 확률값을 증가시키면서 다른 확률값은 감소시키기 때문에 항상 한 개의 값만이 수렴하게 된다. 그러므로 유일성 제약 조건은 필요없다고 할 수 있다.

밝기 유사성 함수는 참조 영상의 화소 값과 검색체가 가지는 변이만큼 떨어진 곳에서의 참조 영상의 밝기 값 차이를 나타내기 때문에  $j$ 번째 검색체의 절대값 밝기 차이의 평균은

$$MAD_{ij} = \frac{1}{s^2} \sum_{(x,y) \in W} |f_i(m+x, n+y) - f_r(m+x, n+y + C_j(x,y))| \quad (1)$$

로 표현되어질 수 있다. 여기서  $f$ 는 영상의 밝기 값,  $W$ 는 검색체,  $s^2$ 는 검색체의 크기 그리고  $C_j$ 는 발생된 검색체를 각각 나타낸다. 만약 블록단위로 정합이 이루어진다면  $W$ 는 블록을 나타내고 화소단위로 이루어진다면 한 화소가 된다.

변이의 연속성 함수는 이전 세대의 검색체에서 8-연결성(8-connectivity) 이웃화소의 평균 변이 차를 사용하였다. 그러므로

$$MAD_{dij} = \frac{1}{8} \sum_{k=1}^8 d_k \quad (2)$$

로 표현되어질 수 있다. 여기서  $d_k$ 는 8-연결성에 해당되는 변이 차, 다시 말해서 현재 화소에서의 검색체와 주변화소의 검색체 값의 차이를 나타낸다. 최종적으로 검색체를 평가하는 함수는

$$E(j) = \frac{1}{f(j)} = \begin{cases} MAD_{ij}, & \text{generation} = 0 \\ w_b MAD_{ij} + w_d MAD_{dij}, & \text{generation} > 0 \end{cases} \quad (3)$$

이고  $w_b$ 와  $w_d$ 는 밝기 및 변이 값 차이의 가중치를 각각 나타낸다. 밝기 값의 범위는 256단계이고 변이 값의 범위는 밝기 값의 범위 보다 훨씬 작으므로 각 가중치는 밝기 값과 변이 값의 범위를 고려해서 결정하였다. 만약 변이의 탐색 범위가 20이면  $w_d$ 를 255/20으로 설정하여 밝기 값의 크기만큼 증가시켜서 사용하였다.  $j$ 번째 검색체의 평가함수  $E(j)$ 는 밝기와 변이 값의 오

차를 나타내므로 적응치  $f(j)$ 는 역수로 표현되어질 수 있다. 이것은 오차를 최소로 하는 검색체가 적응성이 높다는 것을 의미한다. 제안한 알고리즘에서는 승자만 결정하면 되기 때문에  $E(j)$ 를 최소로 하는  $j$ 를 선택하면 된다. 그리고 초기 검색체에서는 주변 변이 값이 결정되지 않았기 때문에 평가함수에 밝기 유사성 함수인 식(1)만 사용된다.

일반적으로 유전 알고리즘에 사용되어지는 적응함수(fitness function)는 발생된 검색체 각각에 적응성을 할당하고 이 값을 다시 생존확률로 변환하여야만 한다. 여기에서 변환되는 생존확률은 생산단계에서 무작위하게 발생되어지는 생존확률과는 달리 자연선택(natural selection)을 위해 사용되어지므로 적응성을 생존확률로 변환하는데 많은 어려움이 있다. 왜냐하면 적응성과 생존확률과의 관계를 정확하게 모델링 되어야만하기 때문이다. 그러나 본 논문에서 사용된 식(3)의 평가함수는 검색체들 중에서 적응성이 높은 것만을 판단하면 되기 때문에 특정한 확률 값으로 변환할 필요가 없고 간단히 대소만을 비교하면 된다.

#### IV. 실험

제안한 알고리즘의 성능을 평가하기 위해 기존의 밝기 기반 블록 정합법 그리고 이완처리 방법에 대해서 비교 설명하였다. 밝기 기반 정합법은 상관(correlation) 기반으로 밝기의 평균절대오차(mean of absolute difference: MAD)를 척도로 이용하였다. 실험에 사용된 영상은 계단형 변이를 갖는 50% RDS(random dot stereogram), 실내영상인 "bear", 항공영상인 "pentagon" 영상을 사용하였다. 이 영상들은 그림 7~9에서와 같다.

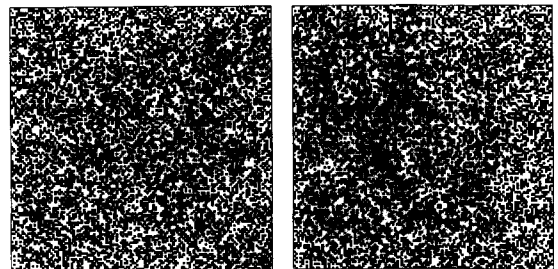


그림 7. 50% RDS(random noise 20%)  
Fig. 7. 50% RDS(20% of dots are randomly decorrelated.).

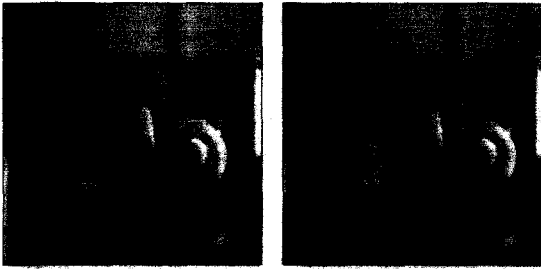


그림 8. "Bear" 스테레오 영상  
Fig. 8. "Bear" stereo image pair.

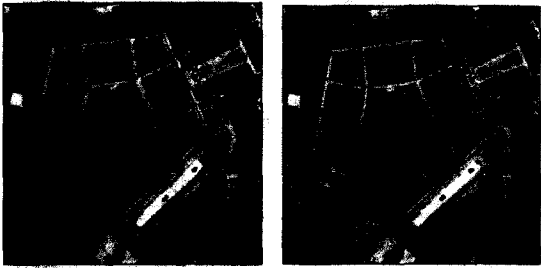


그림 9. "Pentagon" 스테레오 영상  
Fig. 9. "Pentagon" stereo image pair.

각 실험 영상의 정보는 표 1에서와 같다. 합성영상인 RDS는 무작위 잡음을 20% 실었고 나머지 실영상은 잡음을 추가하지 않았다.

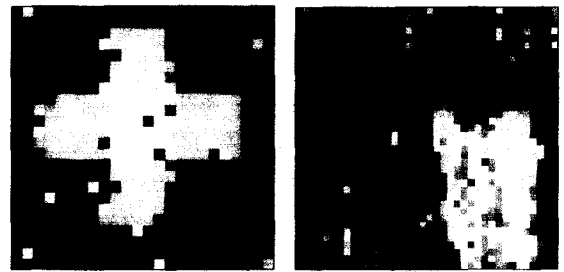
표 1. 실험영상의 정보

Table 1. The information of experimental images.

Items \ Images	50% RDS	"Bear" image	"Pentagon" image
image size	128×128	200×200	512×512
noise type	20% random	none	none
actual disparity	0~3	about 0~7	about -8~8
range of gene value (searching range)	-4~6	5~10	-10~10
chromosome size	5×5	5×5	5×5
$\Delta p$	0.05	0.05	0.05

제안한 방법이 이완처리를 포함한 블록 정합법과 유사하기 때문에, 블록 정합법의 정합 창을 5×5로 같이 설정하였다. 정합 척도는 참조 영상과 목표영상 사이의 평균 절대치오차를 최소로 하는 값을 변이로 결정하였다. 그리고 이완처리 방법은 Marr와 Poggio 방법의

cooperative 알고리즘을 개선한 방법<sup>[10]</sup>과 비교하였다. 그림 10은 5×5 블록으로 블록정합을 수행한 것이고 그림 11은 블록정합을 수행한 후 각 변이에 대해서 주변 값들을 이용하여 반복 이완처리를 10회 수행한 결과이다. 일반적으로 스테레오 정합은 블록 기반이나 특징 기반과 같은 정합 방법으로 먼저 정합을 수행하고 일관성 있는 결과를 얻기 위해 이완처리 과정을 거친다. 정합만을 수행하면 그림 10에서와 같이 많은 부분에서 오정합이 이루어진 결과를 얻게 된다. 그러므로 이들을 없애기 위해서 주변 정합 값을 이용하여 이완처리가 반드시 수행되어야 한다.



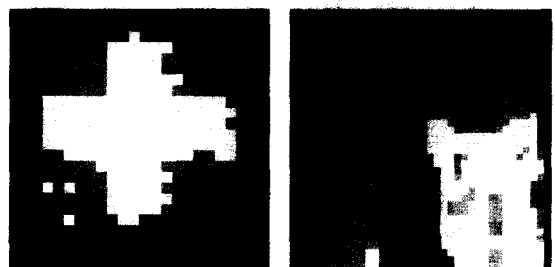
(a) (b)



(c)

그림 10. 5×5 블록정합의 결과 (a) 50% RDS (b) "bear" (c) "pentagon"

Fig. 10. Results of 5×5 block matching. (a) 50% RDS (b) "bear" (c) "pentagon".



(a) (b)

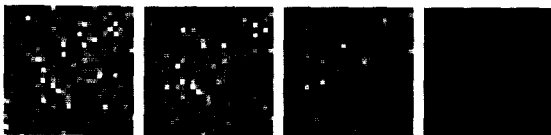


(c)

그림 11. 10회 반복 이완처리 결과 (a) 50% RDS (b) "bear" (c) "pentagon"

Fig. 11. Relaxed results after 10 iterations. (a) 50% RDS (b) "bear" (c) "pentagon".

제한한 유전 알고리즘의 수렴 정도는  $\Delta p$ 의 값에 의존하게 된다. 이 값이 너무 크다면 발산할 수 있고 작다면 수렴 속도가 늦어지게 된다. 초기 확률 값을 0.5로 설정하였기 때문에 약 10세대 후 1이라는 확률 값에 수렴시키기 위해서 증가치를 0.05로 하였다. RDS에 대한 실험에서  $\Delta p$ 를 0.001 미만으로 했을 경우 최종 변이 결과는 0.05로 설정한 경우와 같게 나타났지만, 약 100세대 이후에 수렴하는 것을 볼 수 있었으며,  $\Delta p$ 를 0.25로 설정한 경우의 결과는 아래의 그림 12에서와 같이 나타났다. 이것은 연속 2번 정도 적자로 선택되어지면 확률 값이 1로 수렴하기 때문에 그 염색체는 거의 변화가 없어지게 되므로 특정 부분에서는 잘못된 정합 결과로 수렴하는 것을 볼 수 있다. 다시 말해서, 증가 확률 값이 클 때 발산으로 인한 문제가 발생되고, 확률 값이 작을 때는 결과에 변화가 없지만 수렴이 늦어지게 된다. 본 논문에서는 수렴 속도를 빠르게 하면서 발산이 일어나지 않는 증가치를 설정하려고 여러 실험을 통해 위와 같은 경험적인 값을 설정하였다.



(gen.) 1 2 3 5

그림 12.  $\Delta p$ 를 0.25로 설정한 경우의 결과  
Fig. 12. Results that  $\Delta p$  is set to 0.25 for RDS.

제한한 유전 알고리즘은 매 세대에서 발생된 염색체들에 대해서 밝기 값의 차이가 작고 주변화소와의 변이 값이 유사한 염색체의 확률을 증가시키기 때문에 그림 13~15에서 보는 것과 같이 각 세대에서 정합과 이

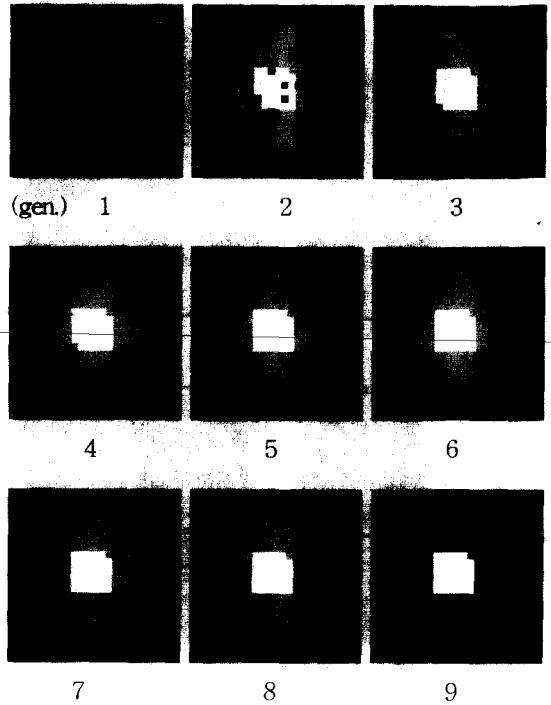


그림 13. 50% RDS에 대한 제안한 알고리즘의 결과  
Fig. 13. Results of the proposed algorithm for 50% RDS.

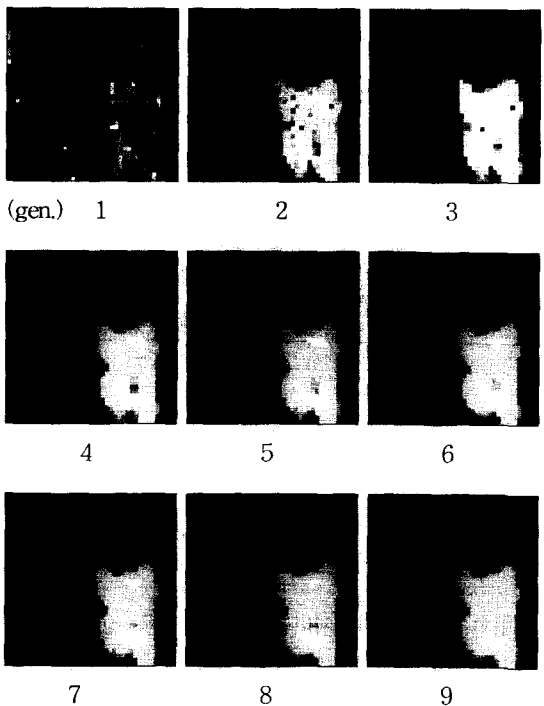


그림 14. "Bear" 영상에 대한 제안한 알고리즘의 결과  
Fig. 14. Results of the proposed algorithm for "bear" image.



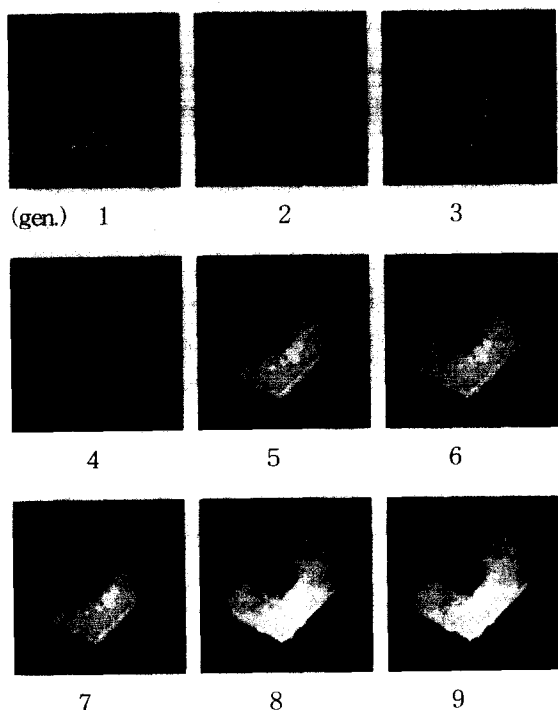


그림 15. "Pentagon" 영상에 대한 제안한 알고리즘의 결과

Fig. 15. Results of the proposed algorithm for "pentagon" image.

완치리가 동시에 이루어진다는 장점이 있다. 특성이 다른 세 영상에 적용해 본 결과 10세대 이전에서 모두 수렴되는 것을 볼 수 있었다. 그림 13~15는 각 세대에서 최대확률을 가지는 변이 값을 밝기 값으로 변환하여 표현한 것이다. 또한 정합 결과의 객관적인 평가를 위해 계산된 변이 결과와 실제 변이 값 사이의 오차를 계산하였다. 실 영상에서는 정확한 변이를 구할 수 없기 때문에 합성영상인 RDS에 대해서 변이 값의 SAD(sum of absolute difference)를 구하였다. 그 결과

그림 11(a)의 오차는 790이었고 그림 13의 최종 결과에 대해서는 25의 오차가 계산되었다. 그러므로 제안된 방법이 정합 성능에서 월등하다는 것을 알 수 있었다.

그림 13은 20%의 무작위 잡음이 실린 영상에서 한 염색체에서만 오정합이 이루어졌고 나머지는 정확 한 변이를 찾을 수 있었다. 그리고 실내 영상인 "bear"에서는 공과 곰 그리고 벽면의 책장 등이 검출되었고 "pentagon" 영상에서는 건물과 우측 상단의 다리가 비교적 정확하게 검출되었다. 표 2는 내부 클럭이 266MHz인 Pentium II PC에서 모의 실험한 결과의 수행시간을 비교한 것이다.

표 2에서 보는 것과 같이 제안된 유전 알고리즘은 블록 정합보다 계산 시간이 평균적으로 66% 정도 작게 소요되었다. 왜냐하면 유전 알고리즘은 정합과 이완처리가 식(3)에서와 같이 매 세대마다 이루어지기 때문에 이완처리와 탐색이 동시에 이루어진다는 장점이 있다. 이상의 실험에서 제안된 정합알고리즘이 계산 속도, 수렴속도 그리고 결과에 개선이 있었다.

### V. 결론

본 논문에서는 소형 유전 알고리즘을 이용한 스테레오 정합 방법을 제안하였다. 기존의 유전 알고리즘은 각 세대에서 개체군의 크기만큼의 저장공간이 필요하고 만약 생존된다면 다음세대에서 부모염색체로서 활동하기 위해 염색체 교차와 유전자 돌연변이와 같은 연산을 수행하여야 하므로 시간이 많이 소요된다. 제안한 방법은 개체기반 증가학습을 이용하여 확률벡터에 기반한 유전 알고리즘을 제시하였고 확률벡터의 사용으로 염색체의 저장공간을 줄일 수 있었다. 그리고 염색체 교차와 돌연변이를 사용하지 않기 때문에 수행시

표 2. 수행시간 비교

Table 2. The comparison of computation time.

Items	conventional method			the proposed method	
	block matching	relaxation (time/iteration)	total time (block matching + relaxation [10-iteration])	1 generation (time/generation)	total time (10-generation)
50% RDS	0.04 sec	0.11 sec	1.14 sec	0.09 sec	0.88 sec
Bear	0.15 sec	0.412 sec	4.27 sec	0.26 sec	2.63 sec
Pentagon	1.28 sec	3.595 sec	37.23 sec	2.19 sec	21.94 sec

간을 줄일 수 있었다. 또한, 발생된 검색체들 중에서 승자를 찾으려면 되기 때문에 정합법이 간단하다는 장점이 있다. 그러나 제안된 알고리즘은 단순히 검색체의 형태를 블록으로 사용하였기 때문에 변이 맵의 구성이 정사각형으로 이루어져 있다. 그러므로 영상의 특성에 부합되는 변이 결과를 얻기 위해서 제안된 알고리즘에 영역 정보와 영상의 국부적인 특성을 고려하여 검색체 형태를 결정하는 방법에 대한 연구가 더 필요하다고 할 수 있다.

참 고 문 헌

[1] K. Sugihara, "Three principle in stereo vision," *Robotics*, vol. 1, no. 4, pp. 391-400, 1986.  
 [2] R. M. Haralick and L. G. Shapiro, *Computer And Robot Vision*, Addison-Wesley Publishing Co., 1993.  
 [3] W. Eric L. Grimson, "Computational Experiments with a Feature Based Stereo Algorithm," *IEEE Trans. Patt. Anal. Machine Intell.* vol. 7, no. 1, 17-34, 1985.  
 [4] D. De Vleeschauwer, "An Intensity-based, Coarse-to-fine Approach to Reliably Measure Binocular Disparity," *CVGIP: Image Understanding* vol. 57, no. 2, 204-218, 1993.

[5] John R. Jordan III and Alan C. Bovik, "Using Chromatic Information in Edge-based Stereo Correspondence," *CVGIP: Image Understanding* vol. 54, no. 1, 98-118, 1991.  
 [6] John (Juyang) Weng, "Image Matching Using the Windowed Fourier Phase," *Intern. J. Comp. Vision* vol. 11, no. 3, 211-236, 1993.  
 [7] Yong-Suk Kim, Jun-Jae Lee, and Yeong-Ho Ha, "Stereo Matching Algorithm Based on Modified Wavelet Decomposition Process," *Pattern Recognition* vol. 30, 929-952, 1997.  
 [8] Kyu-Phil Han, Yong-Suk Kim, and Yeong-Ho Ha, "Stereo Matching Using Genetic Algorithm and Region Information," *FCV'98-4th Japan-Korea Joint Workshop on Computer Vision*, pp. 85-89, 1998.  
 [9] S. Baluja, "Population based incremental learning," *Tech reports*, Carnegie Mellon Univ., 1994.  
 [10] Kyu-Phil Han, Yong-Suk Kim, Young-Sik Park, and Yeong-Ho Ha, "Relaxation Algorithm to Solve Correspondence Problems," *Proceedings of the 3rd Korea-Japan Joint Workshop on Computer Vision [Frontiers of Computer Vision]*, pp. 104-109, 1997.

저 자 소 개

韓圭必(正會員) 第36卷 S編 第3號 參照

金紀錫(正會員) 第35卷 S編 第9號 參照

鄭義潤(正會員) 第36卷 S編 第3號 參照

河永浩(正會員) 第36卷 S編 第3號 參照



閔 垸(正會員)

1990년 2월 경북대학교 전자공학과 졸업(공학사). 1993년 2월 경북대학교 대학원 전자공학과(공학석사). 1993년 1월~현재 한국방송공사 대구방송총국 TV기술부 근무. 1996년 3월~현재 경북대학교 전자공학과

박사과정 수료. 주관심 분야는 영상 신호처리, 컴퓨터비전 등임