

---

# 얼굴 영상에서 유전자 알고리즘 기반 형판정합을 이용한 눈동자 검출

이찬희\* · 장경식\*\*

Detection of Pupil using Template Matching Based on Genetic Algorithm  
in Facial Images

Chan-Hee Lee\* · Kyung Shik Jang\*\*

---

이 논문은 2008년도 동의대학교 교내학술연구 지원사업 연구비(과제번호 2008AA200)를 지원받았음

---

## 요 약

본 논문에서는 다양한 조명하에서의 단일 얼굴 영상에 대해 유전자 알고리즘과 형판 정합을 이용하여 빠르게 눈동자를 검출하는 방법을 제안한다. 유전 알고리즘을 이용한 기존의 눈동자 검출 방법은 초기 개체군의 위치에 민감하여 낮은 검출율을 보이며, 또한 그 결과가 일관적이지 않은 문제점을 갖는다. 이와 같은 문제점을 해결하기 위해 얼굴영상에서 지역적 최소치를 추출하고 형판과 가장 높은 적합도를 가지는 개체들로 초기 개체군을 생성하였다. 각각의 개체는 형판의 기하학적 변환 정보로 구성되며, 형판 정합에 의해 눈동자가 검출된다. 실험을 통하여 본 논문에서 제안한 눈 후보 검출을 통하여 단일 영상에서도 눈 검출의 정확도와 높은 검출률을 확인하였다.

## ABSTRACT

In this paper, we propose a robust eye detection method using template matching based on genetic algorithm in the single facial image. The previous works for detecting pupil using genetic algorithm had a problem that the detection accuracy is influenced much by the initial population for its random value. Therefore, their detection result is not consistent. In order to overcome this point we extract local minima in the facial image and generate initial populations using ones that have high fitness with a template. Each chromosome consists of geometrical informations for the template image. Eye position is detected by template matching. Experiment results verify that the proposed eye detection method improve the precision rate and high accuracy in the single facial image.

## 키워드

얼굴 인식, 눈동자 검출, 유전자 알고리즘, 형판 정합

---

\* 동의대학교 디지털미디어공학과 석사과정

\*\* 동의대학교 멀티미디어공학과 교수(교신저자)

접수일자 2009. 01. 12

심사완료일자 2009. 02. 17

## I. 서 론

얼굴 특징 검출 기술은 검출된 얼굴 영역을 검증하고, 얼굴 인식을 위한 정보를 검출하는 등 여러 응용분야에 적용할 수 있는 중요한 기술이다. 얼굴의 특징으로는 눈, 코, 입, 귀, 얼굴의 윤곽선 등을 들 수 있는데 그 중 눈은 얼굴 인식에 있어서 중요한 요소가 되며, 눈 검출의 에러가 얼굴 인식률에 크게 영향을 미치는 것으로 알려져 있다. 특히, 얼굴 인식 시스템의 경우 얼굴이 입력 영상에서 검출되면 이를 일정한 사이즈로 정규화하는 것이 필요하다. 얼굴을 정규화하는 과정에서 눈은 가장 확실한 특징점이기 때문에 눈좌표 검출은 정규화 과정에 앞서 매우 중요한 과정이다.

눈 검출에 대해 많은 연구가 진행되고 있는데, 현재까지의 연구에는 SVM의 입력으로 밝기값 대신 Zernike 모멘트를 이용하는 눈 검출 방법[1], 눈에 대한 형판을 만들고 이에 기반한 형판 정합을 이용하는 방법[2], Eigenspace를 사용한 눈 검출[3] 등이 있다. Eigenspace는 형판 정합보다 더 나은 성능을 보여주기도 하지만 학습 영상에 많은 영향을 받는다. 또 다른 방법으로는 입력 영상의 명암도와 가장자리 정보를 통하여 눈동자를 찾는 방법[4]이 있다. 이러한 연구들은 얼굴 표정, 영상에서의 얼굴 회전 및 자세, 눈의 응시 방향 등의 어려운 문제에 높은 성능 개선을 가져왔으나 각각의 방법들은 조명 조건과 헤어스타일 그리고 균등하지 않은 배경에 민감한 경향이 있다. Yuile는 취득한 얼굴 영상에 여러가지 가변 형판을 적용하여 눈 위치를 검출하는 방법[2]을 제안했다. 이러한 가변 형판 정합 방법은 이후 다른 많은 방법에 사용되었으며[5,6], 이는 눈 모델을 디자인하여, 다양한 형판에 대한 순환적 처리에 의해 눈 위치를 얻어내는 방법이었다. 하지만 이 방법은 다양한 형태의 가변 형판을 사용함으로써 처리 시간이 많이 소요되었다. 또한 기존의 형판 정합과 유전자 알고리즘을 이용한 눈 검출 방법[7~9]은 이전 프레임의 유전자 정보를 다음 프레임에 상속 시킴으로써 해서 실시간 눈 검출이 가능하였으나, 매번 초기 개체군을 랜덤하게 생성하는 단일 영상의 경우 낮은 검출률을 보이는 문제점을 가지고 있다.

이러한 유전자 알고리즘을 이용한 눈 검출의 단점을 보완하고, 형판 사용으로 인한 처리시간 등의 제약 조건에 강건한 눈 검출을 위해 본 논문에서는 다양한 조명하에서의 단일 얼굴 영상에서 유전자 알고리즘(genetic

algorithm)[10,11]을 통한 형판 정합을 이용하여 빠르게 눈을 검출하는 방법을 제안하고자 한다.

본 논문에서 제안하는 방법은 SIFT(scale invariant feature transform)[12,13]에서 이용한 지역적 최대/최소치 추출 방법(detection of scale space extrema)을 사용하여 단일 얼굴 영상에서 눈의 후보점을 먼저 찾고, 각각의 적합도를 평가하여 높은 적합도를 가지는 눈 위치에 근접한 상위 5개의 눈 후보점을 초기 개체군으로 설정하여 유전자 알고리즘 과정을 수행하는 것이다.

실제로 눈 후보점 추출 과정을 도입함으로써 이전의 처리시간 문제를 해결하였고, 97%의 높은 검출률을 확인 할 수 있었다. 이러한 결과는 눈 후보점 추출로 생성된 초기 개체군의 유전자들은 얼굴 영상에서 눈에 근접한 위치정보와 스케일링 정보를 가지는 유전자들으로써 높은 적합도를 가지므로 본 논문에서 사용한 엘리트 법에 의해서 다음 세대까지 보존되며, 그레이 코드에 의해서 눈에 근접한 지역을 계속적으로 탐색함으로써 정확하고, 신속한 눈 검출이 가능하기 때문에 얻어질 수 있다.

## II. 유전자 알고리즘을 이용한 눈 검출

### 2.1 전체 과정

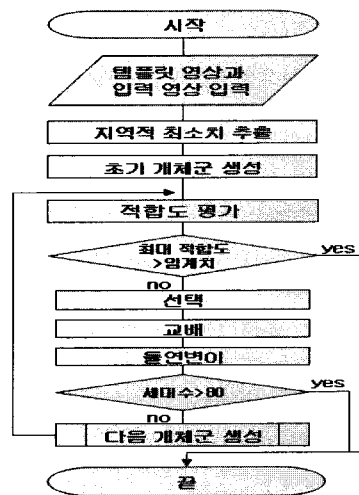


그림 1. 전체 과정  
Fig. 1 System flow

본 논문에서는 유전자 알고리즘을 이용한 눈 모양 형판 정합을 통해 눈의 위치를 검출하였다. (그림 1)은 전체 과정을 나타내는 순서도이다. 전체 과정은 크게 후보 점을 찾는 과정과 유전자 알고리즘을 이용하여 눈을 찾는 과정으로 나눌 수 있다. 입력 영상은 명암도 영상(gray image)으로 변환 되고, 순서도이다.속도와 정확도를 높이기 위하여 지역적 최소치를 추출하여 눈 후보점을 찾는다. 유전자 알고리즘 과정으로 눈 후보점에서 형판을 정합하여 각각의 적합도를 평가하고, 적합도가 높은 상위 5개의 후보점의 정보를 이용하여 초기 개체군을 생성한다.

각 개체의 유전자는 형판 정합에 필요한 평행이동 정보와 크기변환 정보로 구성된다. 자식 개체의 생성은 개체군에서 선택(selection)연산자, 교배(crossover) 연산자, 돌연변이(mutation) 연산자를 통하여 이루어진다. 생성된 자식 개체의 적합도를 계산하고, 이전 개체들과의 적합도와 비교하여 적합도가 높은 5개의 개체는 다음 개체군으로 선택된다. 세대별로 개체군의 가장 큰 적합도와 임계치를 비교하여 적합도가 더 클 경우 눈으로 판정하고 종료된다.

### 2.2 지역적 최소치 추출

유전자 알고리즘의 속도와 검출 성공률을 높이기 위하여 초기 개체군 생성에 사용할 눈 후보점을 찾는다. 본 논문에서는 눈의 홍채(iris) 부분은 공막(sclera)으로 둘러싸여 주위 값보다 지역적으로 작은 값을 가진다는 점에 착안하여 SIFT(Scale Invariant Feature Transform)에서 이용한 지역적 최대/최소치 추출 방법(detection of scale space extrema)을 사용하였다.

각각의 입력 영상의 스케일 공간(scale space)  $L(x, y, \sigma)$ 는 (식 1)과 같이 분산을 달리하는 가우시안(Gaussian) 커널  $G(x, y, \sigma)$ 을 입력 영상  $I(x, y)$ 에 적용하여 축소하는 과정을 반복하여 얻어진 영상을 뜻한다. 이러한 과정은 다양한 해상도를 가진 이미지들로 구성된 영상 피라미드를 생성한다.

$$L(x, y, \sigma) = G(x, y, \sigma^*) * I(x, y) \quad (1)$$

$$\begin{aligned} DoG(x, y, \sigma) &= (G(x, y, k\sigma) - G(x, y, \sigma)) * I(x, y) \\ &= L(x, y, k\sigma) - L(x, y, \sigma) \end{aligned} \quad (2)$$

피라미드가 완성되면 (식 2)를 이용하여 각각의 다른 분산을 적용시킨 두 개의 가우시안 이미지의 차이를 구하여 DoG(Difference of Gaussian)이미지  $DoG(x, y, \sigma)$ 를 생성한다.

(그림 2)는 DoG 영상 내에서 눈 후보점을 찾는 과정이다. 이러한 과정은 현재의 DoG 영상과 현재 DoG 영상에 대응되는 이전 층의 2배 스케일 DoG 영상, 그리고 다음 층의 1/2배 스케일에 해당되는 DoG영상과의 화소값 비교로 이루어진다. 눈 후보점을 찾기 위해 DoG 영상의 현재 위치의 화소를 중심으로 주변 3×3영역 화소값과 2배 스케일 DoG영상, 그리고 다음 층의 1/2배 스케일 DoG영상에서 각각의 같은 위치에 있는 화소의 주변 3×3영역에 포함되는 26개의 화소 값을 현재 위치의 화소와 비교하여 최소의 값 또는 최대의 값이면 눈 후보점으로 등록한다.

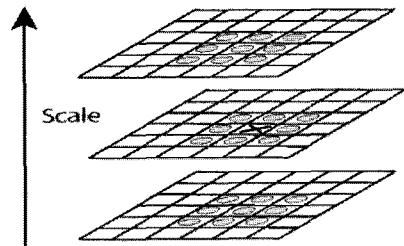


그림 2. 영상 스케일 공간상의 후보 특징점  
Fig. 2 Feature points on the scaled image space

### 2.3 형판 정합을 이용한 유전자 알고리즘

#### 2.3.1 형판 영상

입력영상은 형판영상과 한쪽 눈을 포함하는 얼굴영상이다. (그림 3)은 본 논문에서 사용하는 형판과 얼굴영상이다. 형판영상의 크기는 16×16이며 일반적으로 눈은 홍채, 공막, 눈꺼풀을 포함하고, 형판은 이러한 각 부분의 특징들을 이용하여 구성한다.[8] 눈의 각 부분의 밝기 대비를 이용하여 홍채 부분은 그레이 값으로 0를 설정하고, 홍채를 둘러싸고 있는 공막의 경우 255, 눈꺼풀은 170으로 설정한다.

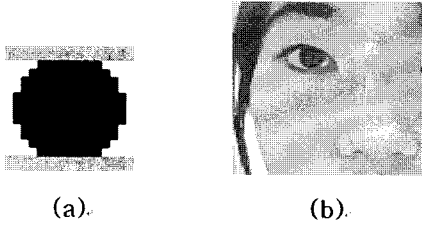
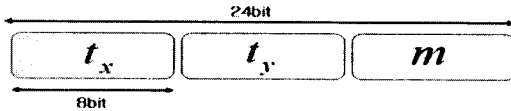


그림 3. (a)형판 영상; (b) 얼굴영상  
Fig. 3 (a) Artificial iris template; (b) facial image

2.3.2 유전자 구조

(그림 4)는 본 논문에서 사용하는 유전자 구조이다. 유전자 구조는 얼굴영상의 원점을 기준으로 한 평행 이동 정보( $t_x, t_y$ )와 형판의 크기 변환정보( $m$ )로 구성된다. 평행 이동 인자의 경우 이진 스트링(binary string)으로 표현하고, 크기 정보는 실수(real number)를 사용한다[14].



$$0 \leq t_x \leq \text{Width of target image}$$

$$0 \leq t_y \leq \text{height of target image}$$

$$1.6 \leq m \leq 2.2$$

그림 4. 유전자 구조  
Fig. 4 Structure of chromosome

인자의 범위는 얼굴영상의 사이즈와 영상 안에서의 눈의 크기를 고려하여 결정한다. 이러한 인자들은 형판 영상의 얼굴영상 위로의 기하학적 변환을 위한 정보이며, 평행 이동에 대한 인자들은 그레이 코드(gray-code)[15]화 하여 사용된다. 그레이 코딩은 인접한 수는 단 한 비트만 차이가 나도록 하는 코드체계이다. 각 인자들은 8bit로 코딩하고, 전체 24bit이다.

2.3.3 유전자 정보를 이용한 기하학적 변환

형판영상은 유전자 정보를 이용하여 얼굴영상위로 평행 이동하고, 스케일 변화하여 정합되며 적합도 함수에 의해서 평가된다. 이동과 스케일 변환은 선형 기하학

적 변환인 affine 변환을 통하여 이루어지며, 각 변환 함수는 간단히 행렬로 표현할 수 있다.

$$M = \begin{bmatrix} m & 0 & 0 \\ 0 & m & 0 \\ 0 & 0 & m \end{bmatrix} \tag{3}$$

$$T = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ t_x & t_y & 1 \end{bmatrix} \tag{4}$$

$M$ 은 크기 변환 행렬이고,  $T$ 는 평행 이동 행렬이다.  $A$ 를 형판영상의 한 점이고,  $A^*$ 를  $A$ 가  $M, T$ 에 의해서 변환된 얼굴영상의 한 점이라고 하자. (식 5)와 (식 6)의 점 표현을 사용하여 기하학적 변환은 (식 7)을 이용하여 쉽게 이루어진다.

$$A = [X, Y, 1] \tag{5}$$

$$A^* = [X^*, Y^*, 1] \tag{6}$$

$$A^* = AMT \tag{7}$$

2.3.4 적합도 함수(Fitness function)

형판영상은 유전자 정보에 의한 기하학적 변환 후에 형판영상과 형판이 위치한 얼굴영상 부분과의 픽셀 값 차이를 이용하여 적합도가 평가 되어진다. 여기서 목적 함수(objective function)값을 구하고, 이 값을 이용하여 적합도를 구할 수 있다. 목적 함수는 최소화 문제, 적합도 함수는 최대화 문제로 생각할 수 있다.

$w$ 와  $h$ 를 형판영상의 폭과 높이라고 하자. 목적 함수  $O$ 는 (식 8)과 같이 정의 할 수 있다.

$$O = \sum_{j=1}^h \sum_{i=1}^w |a_{ij}^* - a_{ij}| \tag{8}$$

$a_{ij}$ 는 형판영상의 좌표( $i, j$ )에서 픽셀 값 이고,  $a_{ij}^*$ 는 얼굴 영상의 ( $i, j$ )에서의 픽셀 값이다. 적합도 함수는 목적 함수를 이용하여 (식 9)과 같이 정의 한다.

$$fitness = 1.0 - \frac{O}{(w \times h)(A_{max})} \tag{9}$$

여기서  $O$ 는 목적 함수 값을 나타내고,  $fitness$ 는 적합도,  $A_{max}$ 는 형판의 픽셀 최대값이다. 적합도 함수 식에

서 목적 함수 값은 [0 1]사이로 정규화되며 목적 함수 값은 0에 가까울수록 적합도 함수는 1에 가까울수록 눈으로 판단하기 좋은 값이다.

### 2.3.5 유전자 알고리즘 연산자

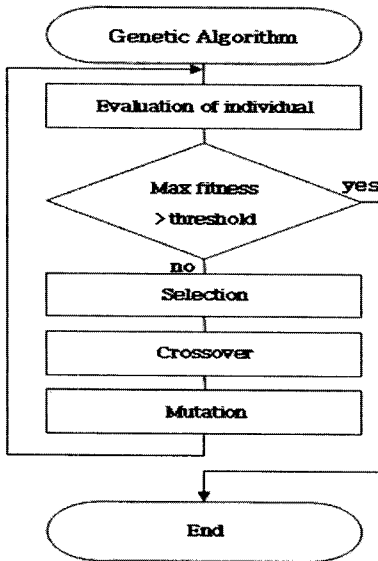


그림 5. 유전자 알고리즘  
Fig. 5 Genetic Algorithm

본 논문의 유전자 알고리즘은 simple GA(SGA)[16]와 동일하다. (그림 5)는 유전자 알고리즘의 순서도이다. 적합도 함수에 의해서 평가된 개체는 선택 연산자에 의해서 부모 개체로 선택 되고, 교배 연산을 한다. 기본적으로 적합도가 높은 개체를 다음 세대에서 계속 개체군에 포함시키는 엘리트 선택법에 의하여 재생산 연산을 수행하며, 부모 개체가 자식 개체를 복제하고, 사라지는 것이 아니라 좋은 개체는 다음 세대에도 남게 되며, 대신 개체군 내에서 가장 적합도가 작은 개체는 개체군 내에서 사라지게 된다.

선택 연산자는 주어진 환경에 잘 적응하는 개체들은 살아 남기고 그렇지 못한 개체들은 도태되는 자연계의 자연 선택(natural selection)현상을 모델링 한다. 이 과정은 환경에의 적응 정도를 수량적으로 나타내는 적합도에 의하여 개체가 선택 된다. 본 논문에서는 룰렛 휠(roulette wheel) 선택법을 사용하였다.

교배란 두 개의 부모 개체로부터 새로운 자식을 생성

해내는 것을 말한다. 교배의 방법에는 가장 일반적으로 단순 교배, 다중 교배, 균등 교배 등이 있다. 본 논문에서는 균등 교배를 사용하였다. 균등 교배는 자름 선을 이용하지 않고, 스트링의 길이만큼 랜덤 수를 발생시켜서 정해놓은 임계치와 비교하여 클 경우 첫 번째 부모의 유전자를 갖고, 작을 경우 두 번째 부모의 유전자를 선택하는 방식이다.

개체군 내의 개체들이 현재 가지고 있는 정보들을 이용해서 결합하고 탐색하는 선택과 교배 연산자와 달리 돌연변이 과정은 현재 집단에 존재하지 않는 새로운 정보로 초기 유전자 조합 이외의 공간을 탐색할 수 있게 되어 지역적 최적해에 빠지지 않도록 하는 중요한 기법이다. 이는 아주 낮은 돌연변이율(mutuation rate: P)로 스트링의 한 bit를 0에서 1로 혹은 1에서 0으로 우연히 바꾸는 것으로 구현한다.

### III. 실험 및 분석

실험은 눈 후보점을 이용한 실험과 이용하지 않은 실험을 수행하여 각 결과를 비교 하였다. 테스트 영상으로 총 10명의 얼굴 영상을 20장씩 200장을 사용하였고, MATLAB을 이용하여 각각 10회씩 실험하였다. (표 1)은 본 논문에서의 유전자 알고리즘 사용자 필요한 파라메타 값들이다.

표. 1 유전자 알고리즘 파라메타  
Table 1. Genetic algorithm configuration

Parameter	Value
Min scaling factor	1.6
Max scaling factor	2.2
Generation number	80
Numberof individuals	5
Crossover probability	50 %
Mutation probability	2 %

(그림 6)은 찾아진 눈 후보점을 표시한 영상들이다. 눈 주위에서 많은 점들이 발견되는 것을 확인할 수 있다. 눈 이외의 위치에서도 많은 점들이 발견되는데 이러한 점들은 적합도 평가 시 눈에 비해 낮은 적합도를 가지므로 초기 개체 생성시 삭제된다.

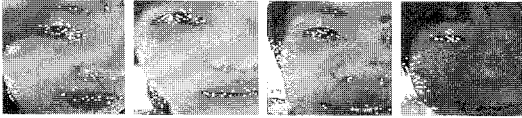


그림 6. 후보 특징점 영상  
Fig. 6 Feature points on the facial images

(그림 7)은 (그림 6)의 찾아진 후보점에서 적합도가 높은 5개의 개체로 구성된 초기 개체군의 유전자 정보를 이용한 형판 정합 영상이다. 다음과 같이 눈의 위치에 아주 근접한 정보를 가지는 초기 개체군을 생성하게 되고, 200장의 초기 개체군의 약 70% 정도가 눈 후보점 검출에 의해 정확한 눈의 위치를 찾게 되며, 임계치를 이용하여 검출 된다.

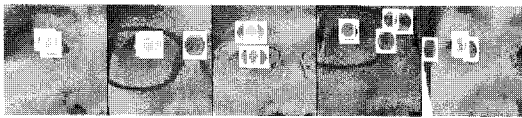


그림 7. 초기 개체군의 정보를 이용한 형판 정합  
Fig. 7 Template matching using initial population

(표 2)의 결과 1은 눈 후보점 추출 부분을 수행하지 않고 실험한 결과이다. 10번의 테스트 결과 79.5%의 비교적 낮은 결과를 확인할 수 있다. 결과 2는 본 논문에서 제안하여 추출한 눈 후보점을 사용하여 눈동자를 검출한 결과이다. 모든 테스트에서 95% 이상의 검출률을 얻을 수 있다.

표. 2 실험결과  
Table 2. Test result

Test	결과 1 (%)	결과 2 (%)
Test1	82.5	97.5
Test2	80.0	97.5
Test3	80.5	98.5
Test4	79.0	97.0
Test5	82.5	99.0
Test6	75.0	97.5
Test7	83.5	98.0
Test8	77.0	97.5
Test9	77.0	97.0
Test10	77.5	97.5
평균	79.5	97.7

(그림 8)은 본 논문에서 제안한 방법으로 눈을 검출한 결과영상이다. 200장 중의 결과 영상 중 가장 높은 적합도는 0.85정도 이고, 평균은 0.78정도의 적합도를 가진다.

첫번째 테스트 영상에서처럼 기울어진 얼굴에서도 높은 검출률을 확인 하였다. 이러한 결과는 눈 후보점에서 그 이유를 찾을 수 있다. 눈 후보점으로 눈의 위치에 근사한 초기 개체군을 생성할 수 있고, 유전자 알고리즘의 재생산 연산 시 엘리트 법의 사용으로 높은 적합도를 가지는 눈 주변의 유전자들은 다음 세대에 살아남게 되며, 교배연산 시 평행 이동 인자를 그레이 코드화 하여 사용하였기 때문에 눈 후보지역을 이탈하지 않고 계속적으로 눈 주변 지역을 탐색할 수 있다. 이러한 결과로 눈 주위의 후보들이 선택되더라도 유전자 알고리즘에 의해서 눈의 위치로 비교적 쉽게 찾아가는 것을 확인할 수 있었다.

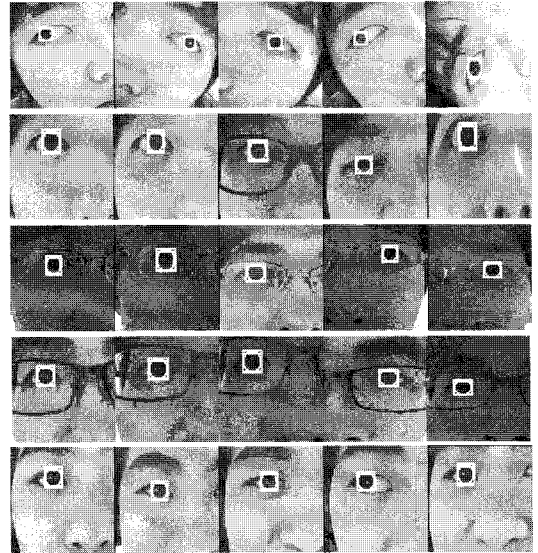


그림 8. 올바르게 검출된 영상  
Fig. 8 Example of the best result images



그림 9. 오검출 영상  
Fig. 9 Example of error result images

(그림 9)는 가장 많이 발생하는 오 검출 영상이다. 결과의 정확성은 형판의 홍채 부분과 실제 얼굴영상에서의 홍채의 위치 차이에 의해서 결정된다. 정확하게 눈의 위치에 정합되지 않을 경우 위에서와 같이 검정 계열의 영역에서 오 검출이 발생한다. 위의 결과 영상들은 실제로 눈의 위치를 찾지 못하는 것이라고 하기 보다는 눈 주위에서의 적합도 값보다 위에서 검출된 영역의 적합도가 더 크게 나타나는 현상에 의해서 발생한다. 더욱이 엘리트 법과 그레이 코드를 이용하여 교배하고, 재생산하므로 마지막 개체군의 형판들은 돌연변이가 적절하게 생성되지 않을 경우 다른 곳을 탐색하지 못하고 한곳에 집중되는 경향이 있다. 이러한 성질은 종종 위와 같은 좋지 않은 결과를 산출 한다.

#### IV. 결론

기하학적 특징에 기반한 순수 얼굴영역의 눈 검출기법과 같이 스케일 변화 및 이동 변화를 보상할 수 있는 강건한 과정을 도입할 경우, 본 논문에서 제안한 간단한 형판 정합기법이 높은 성능을 가짐을 확인 하였다. 직관적으로 이전 프레임영상에서의 유전자 정보를 넘겨 받는다면 실시간 검출이 가능하게 된다. 실제로 이러한 연구가 이미 발표 되었고, 계속해서 연구 중에 있다. 본 논문은 낮은 검출률을 보이는 단일 얼굴영상에서의 눈 검출에 대해 눈 후보점을 이용하여 실시간 영상에서와 같이 유전자 정보를 상속 받는 효과를 얻음으로써 검출률을 높이는 데 성공 하였다. 또한 이러한 과정은 잘못된 유전자 정보로 인하여 유전자 알고리즘에서 발생할 수 있는 속도 지연 문제와 최적해 찾기 문제를 어느 정도 해결하였다고 볼 수 있다. 현재 눈 모양에 더 근사한 형판을 이용하여 위와 같은 오 검출을 줄이기 위한 연구와 엘리트 법과 그레이 코드에 의해서 발생하는 오 검출을 줄이기 위해 연구 중에 있다.

#### 참고문헌

[ 1 ] Hyoung-Joon Kim, Whoi-Yul Kim, "Eye Detection in Facial Images Using Zernike Moments with SVM, [ETRI]ETRI Journal-제30권 제2호, 2008.4

[ 2 ] A.L. Yuille, P.W. Hallinan, D.S. Cohen, "Feature extraction from faces using deformable templates", *Int. J. Comput. Vision* 8 (2) (1992) 99 - 111

[ 3 ] A. Pentland, B. Moghaddam, and Thad Starner, "View-based and modular eigenspaces for face recognition", In *Proceedings of IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pp.84-91,1994

[ 4 ] T. Kawaguchi, and M. Rizon, "Iris detection using intensity and edge information", *Pattern Recognition*, Vol. 36, Num. 22, pp. 549-562, 2003

[ 5 ] Fei Zuo, Peter H.N. de With. "Real-time Face Detection and Feature Localization for Consumer Applications," *Proceedings of the PROGRESS/STW*, pp.257-262, 2003.

[ 6 ] Jürgen Rurainsky, Peter Eisert, "Template-Based Eye and Mouth Detection for 3D Video Conferencing," *LNCS*, Vol. 2849, pp.23-31, 2003.

[ 7 ] A. Cagatay Talay, "An Approach for Eye Detection Using Parallel Genetic Algorithm" *HComputational Science - ICCS 2005*

[ 8 ] T. Akashi, Y. Wakasa, K. Tanaka, S. G. Karungaru, and M. Fukumi, "Genetic eye detection using artificial template," *Journal of Signal Processing*, vol. 10, no. 6, pp. 453 - 463, November 2006.

[ 9 ] Nishimura, T. Nakashige, M. Akashi, T. Wakasa, Y. Tanaka, K "Eye interface for physically impaired people by Genetic Eye Tracking", *SICE Annual Conference 2007 Sept. 17-20, 2007.*

[10] Hitoshi Iba. *Genetic Algorithms*. IGAKUSHUPPAN, Tokyo, Japan, 2002.

[11] Kjellström, G. (January 1996). "Evolution as a statistical optimization algorithm". *Evolutionary Theory* (11): 105 - 117.

[12] Nowozin, Sebastian (2005). "Hautopano-siftH". Retrieved on H2008H-H08-20H.

[13] Scovanner, Paul; Ali, S; Shah, M (2007). "A 3-dimensional sift descriptor and its application to action recognition". *Proceedings of the 15th International Conference on Multimedia*: 357-360. HdoiH: H10.1145/1291233.1291311

- [14] L. Davis, *Handbook of Genetic Algorithms*. New York: Van Nostrand Reinhold, 1991.
- [15] R. A. Caruana and J. D. Schaffer, "Representation and hidden bias: Gray vs. binary coding for genetic algorithms," in *Fifth International Conference on Machine Learning*, San Mateo, USA, 1988, pp. 153 - 161.
- [16] D. E. Goldberg, *Genetic Algorithms in search optimization & Machine learning*. Boston, MA, USA: Addison-Wesley Publishing Company, Inc., 1989

### 저자소개



이찬희(Chan-Hee Lee)

동의대학교 이학사(수학)  
2008년 - 현재 동의대학교  
디지털미디어공학과  
석사과정

※관심분야: 컴퓨터 비전, 패턴 인식, 신호처리 등



장경식(Kyung Shik Jang)

연세대학교 공학사(전자공학)  
연세대학교 공학석사(전자공학)  
연세대학교 공학박사(전자공학)  
1998년 - 현재 동의대학교 멀티미디어공학과 교수

※관심분야: 컴퓨터 비전, 패턴 인식, 인공지능 등