

工學碩士 學位論文

경계선 정보와 유전 알고리즘을 이용한
스테레오 정합

Stereo Matching Using Edge Information
and a Genetic Algorithm

指導教授 趙 爽 濟

2008年 2月

韓國海洋大學校 大學院
制 御 計 測 工 學 科
洪 錫 根

本 論文을 洪錫根의 工學碩士 學位論文으로 認准함

委員長 工學博士 陳 康 奎 (印)

委 員 工學博士 劉 永 昊 (印)

委 員 工學博士 趙 爽 濟 (印)

2008年 1月 3日

韓國海洋大學教 大學院

制御計測工學科 洪錫根

목 차

1. 서 론	1
2. 스테레오 시각과 유전 알고리즘.....	4
2.1. 스테레오 시각.....	4
2.2. 스테레오 정합.....	7
2.3. 유전 알고리즘.....	11
3. 경계선 정보와 유전 알고리즘을 이용한 스테레오 정합.....	16
3.1. 경계선 정보에 의한 염색체 구조 정의.....	16
3.2. 유전 알고리즘을 이용한 스테레오 정합.....	20
3.2.1. 염색체 표현 및 집단의 초기화.....	20
3.2.2. 유전 연산자.....	22
3.2.3. 목적 함수 및 적합도.....	28
4. 실험 및 고찰.....	32
4.1. 합성 영상 실험.....	33
4.2. 실제 영상 실험.....	44
5. 결 론	48
참고 문헌	50

Stereo Matching Using Edge Information and a Genetic Algorithm

Seok-Keun, Hong

*Dept. of Control & Instrumentation Engineering,
Graduate School, Korea Maritime University*

Abstract

Stereo matching is one of the most active research areas in the field of computer vision. In this paper, we propose a stereo matching scheme using edge information and a genetic algorithm. Genetic algorithms are efficient search methods based on the principle of population genetics, i.e. mating, chromosome crossover, gene mutation, and natural selection. The proposed approach considers the matching environment as an optimization problem and finds the solution by using a genetic algorithm. Accordingly, genetic operators are adapted for the circumstances of stereo matching. An individual is a disparity set. Horizontal pixel line of image is considered as a chromosome. A cost function composes of certain constraints which are commonly used in stereo matching. Since

the cost function consists of intensity, similarity and disparity smoothness, the matching process is considered at the same time in each generation. The LoG edge is extracted and use in the determination of the chromosome. We validate our approach with experimental results on stereo images.

제 1 장 서 론

최근 인간의 시각(human vision)과 같은 기능을 컴퓨터에 부여하는 컴퓨터 시각(computer vision)에 대한 연구가 활발히 이루어지고 있다. 컴퓨터 시각은 영상을 얻고 분석하여 영상의 내용을 인식(recognition)하거나 이해(understanding)하는 기술이다. 스테레오 시각(stereo vision)은 인간이 두 눈과 뇌로 장면의 공간을 인식하는 것처럼 컴퓨터가 두 장의 영상으로 3차원 정보를 얻어 장면을 인식하는 컴퓨터 시각 기술이다. 스테레오 시각으로 얻은 3차원 정보는 물체 인식, 지능형 로봇의 시각 기능의 구현, 운전 시뮬레이터, 물체의 3차원 재구성 및 건축물 시각화 등에 응용되고 있다[1-6].

스테레오 시각은 영상의 획득 방법에 따라 능동적 방법(active method)과 수동적 방법(passive method)이 있다[7]. 능동적 방법은 레이저 광빔과 측정 장비가 필요하며 엄격한 수행환경과 가격이 높아 일반적으로 적용하기 어렵다. 수동적 방법은 단지 두 대의 카메라로 획득한 영상을 사용하므로 비교적 비용이 적게 들고 구현이 간단하여 많이 이용된다. 수동적인 방법으로 3차원 정보를 추출하는 과정은 영상획득(image acquisition), 카메라 보정(camera calibration), 정합(matching) 및 3차원 위치결정으로 이뤄진다. 여기에서 두 영상의 대응점(corresponding point)을 찾는 정합(stereo matching) 과정이 가장 중요하고 어려운 과정이다. 정합된 두 영상의 변위(disparity)로부터 삼각측량법을 이용하여 대응점의 3차원 위치 정보를 검출할 수 있다.

스테레오 정합에 관한 대부분의 연구는 정확한 변위를 얻는 것에 초점이 맞추어져 있다[7]. 스테레오 정합은 정합요소 선택에 따라 특징기반 정합(feature-based matching method)과 영역기반 정합(area-based matching method)으로 나눌 수 있다. 특징기반 정합은 좌우영상에서 경계, 영교차점, 윤곽, 분할영역 등 영상에서 특징점을 추출하여 정합하는 기법이다[8-12]. 특징점에 대해 얻는 변위가 정교하고 처리속도가 빠른 장점이 있지만 변위의 정확

도가 특징점 추출 과정에 의존적이고 특징점이 아닌 부분에 대해서는 정확도가 떨어지기 때문에 보간(interpolation)과정을 거쳐야 한다.

영역기반 정합은 화소의 명암도 혹은 정의된 크기의 영역에 대한 최대 상관도(cross correlation)나 최소 제곱차합(SSD: Sum of Squared Difference), 최소 절대차합(SAD: Sum of Absolute Difference)등 정합비용함수를 구하여 대응점을 찾는 방법이다[13-14]. 이 기법은 영상의 명암도를 이용하여 한 점이나 국부적으로 작은 영상 영역을 정합시킴으로써 영상 전체에 대해 조밀한 변위도를 구할 수 있지만, 명암도 변화가 심한 경계부분이 모호해지거나 질감이 약한 부분에서는 정확도가 떨어지는 단점이 있다. 영역기반 정합에서 화소 단위 정합보다는 창을 기반으로 한 국부영역끼리의 정합이 더 좋은 성능을 보인다. 그러나 알맞은 창의 크기를 결정하기가 쉽지 않다. 그밖에 정합 알고리즘으로 신경회로망[15], 창기반 푸리에 위상[16], 웨이블릿 변환 영상[17]을 이용하는 방법 등이 소개되었지만 이들도 특징기반이나 영역기반 기법들의 정합 요소를 사용하기 때문에 비슷한 문제점을 안고 있다.

최근 복잡한 최적화 문제에 강인한 유전 알고리즘을 이용한 방법들이 소개되고 있다. 유전 알고리즘은 자연 진화와 적자 생존 원리에 기반을 둔 탐색방법으로써 크고 복잡한 해공간에서도 최적해를 찾아 수렴하는 특징이 있다 [18-19]. 이러한 특징 때문에 신호처리, 시스템 식별, 제어 및 스테레오 정합 등 여러 복잡한 최적화 문제를 해결하는 도구로 많이 쓰이고 있다.

Saito 등은 유전 알고리즘을 사용한 효율적인 영역기반 정합 방법을 제시하였다[18]. 그러나 창기반의 영역기반 정합으로 초기집단을 얻기 때문에 영역기반 정합의 단점을 개선하지 못했다. 이를 해결하기 위해 Han 등이 분할영역을 추출하는 과정과 유전 알고리즘을 결합한 방법을 제시하였다[19]. 이 방법은 영역기반 정합의 단점을 개선하였지만 분할영역의 추출과정이 복잡하고 결과의 정확도가 분할영역에 의존적인 단점이 있다.

본 논문에서는 영역기반 정합에서 발생하는 경계선 주변의 오정합 발생 문제를 해결하고 전체적으로 조밀한 변위도를 얻기 위해 기준영상의 경계선 정보와

유전 알고리즘을 이용하는 스테레오 정합 방법을 제안한다. 경계선 정보는 특징기반 정합에서 주로 사용하는 정합요소이지만 제안한 방법에서는 개체의 영역을 결정하고 염색체의 구조를 정의하는데 사용하였다. 같은 개체영역의 화소들을 하나의 유전자로 대치시켰다. 염색체는 변위도의 수평라인을 대표하고 유전자들로 구성된 1차원 벡터로 표현된다. 유전 연산자를 스테레오 정합 문제 해결에 맞게 하였다. 초기집단은 여러 개의 창을 이용하여 구한 후보변위들을 할당하여 생성하고, 스테레오 정합을 변위 벡터에 대한 정합비용함수와 스테레오 정합에서 이용하는 제약조건들이 조합된 최적화 문제로 보고 유전 알고리즘을 사용하여 최적의 변위를 탐색한다. 제안한 유전 알고리즘은 특징기반 정합에서 필요로 하는 복잡한 보간 과정 없이 전체적으로 조밀한 변위값을 얻을 수 있고 영역기반 정합에서 발생하는 경계선 부근에서의 오정합 문제를 개선할 수 있었다.

본 논문의 구성은 다음과 같다. 제 2 장에서는 스테레오 시각과 유전 알고리즘에 대해 살펴보고, 제 3장에서는 본 논문에서 제안하는 경계선 정보와 유전 알고리즘을 이용한 스테레오 정합 방법에 관해 설명한다. 제 4 장에서는 제안한 방법과 기존의 방법들을 여러 종류의 영상에 적용하여 비교 및 고찰하고, 제 5 장에서 전체 내용에 대해 결론을 내린다.

제 2 장 스테레오 시각과 유전 알고리즘

2.1 스테레오 시각

스테레오 시각은 한 장면을 담은 서로 다른 두 개의 영상에서 위치 차이를 계산하여 그 장면의 3차원 깊이(depth) 정보를 추출하는 과정이다. 3차원 정보를 2차원의 영상 평면에 표현하면 공간상의 여러 점들이 영상의 한 점에 대응되기 때문에 깊이 정보를 잃어버리게 된다. 깊이 정보를 표현할 수 없는 2차원 영상으로부터 3차원 정보를 복원하려면 다른 시점에서 같은 장면을 촬영된 영상이 추가적으로 필요하다. 이는 인간의 시각 시스템이 양안(binocular vision)에서 발생하는 시차를 3차원 깊이 정보로 변환시키는 점에서 착안한 것이다. 즉 두 대의 카메라와 컴퓨터로 인간 시각의 깊이 추출 능력을 구현하는 것이 스테레오 시각이다[14].

3차원 공간상의 한 점이 두 영상에 투영 됐을 때 좌우 영상에 존재하는 두 정합점간의 거리를 변위라고 한다. 변위는 영상 평면에서 물체의 표면까지의 거리인 깊이를 알아내는데 상당히 중요한 단서가 될 수 있다. 사람의 두 눈으로 본 시각의 차이를 시차라고 한다. 이는 두 눈에 맺히는 상의 위치 차이이므로 변위라고도 할 수 있다. 사람은 변위로 상대거리를 인식할 수 있다. 즉 좌우 시각간의 변위가 큰 지점은 사람의 눈으로부터 가까이 있는 것이고, 변위가 작은 지점은 사람의 눈과 멀리 떨어져 있는 것으로 인식한다. 두 개의 카메라로부터 그림 2.1과 같이 두 영상이 얻어질 때 3차원 공간상의 한 점 P 가 좌우 영상에 P_ℓ , P_r 로 맺히고 그 두 점 간의 변위가 d 이다. 한 변위 d 와 3차원 깊이 z 의 관계는 식 (2.1)과 같다.

$$d \propto \frac{1}{z} \quad (2.1)$$

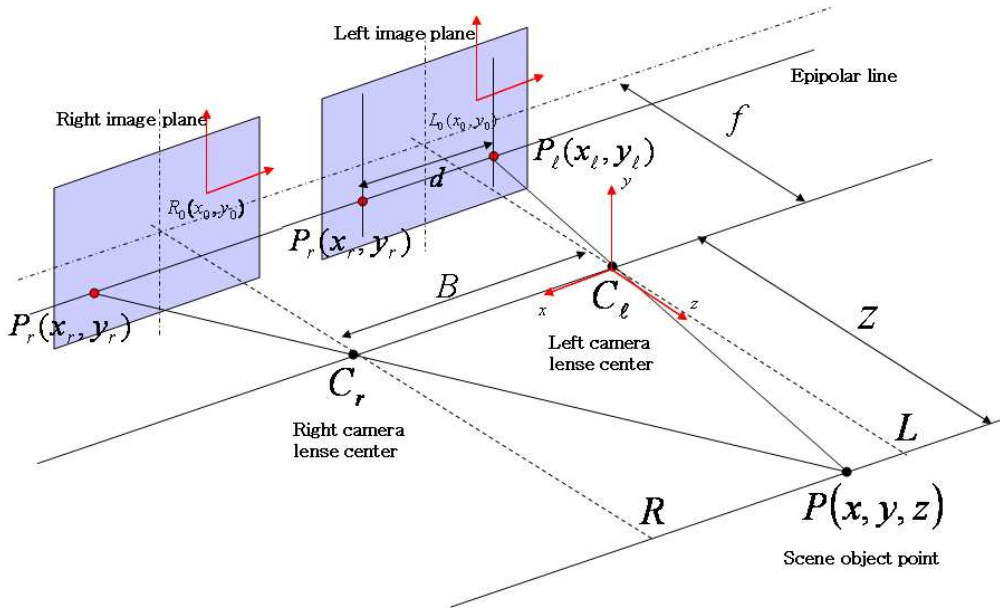


그림 2.1 스테레오 시각의 카메라 기하학

Fig. 2.1. Camera geometry of stereo vision

변위와 카메라 기하학의 특성을 이용하면 절대거리를 구할 수 있다. 물체 P 가 좌영상의 P_l 과 우영상의 P_r 라는 점에 각각 투영된다. 물체 P 의 위치를 실세계 좌표계에서 (x, y, z) 로 표현될 때, P 의 x 좌표는 좌영상이나 우영상 중 하나를 이용하여 구할 수 있다. 실세계 좌표계의 원점이 좌측 카메라 렌즈의 중심에 있다고 가정하자. 좌영상을 이용한다면 닳은꼴 삼각형 PLC_ℓ 과 $P_\ell C_\ell L_0$ 를 비교하여 점 P 의 x 좌표는 식(2.2)으로 구할 수 있다.

$$x = z \frac{x_\ell}{f} \quad (2.2)$$

여기서 x_ℓ 은 P_ℓ 의 수평좌표이고 f 는 카메라 초점거리이다.

점 P 의 y 좌표는 식(2.3)으로 구할 수 있다.

$$y = z \frac{-y_\ell}{f} = z \frac{-y_r}{f} \quad (2.3)$$

여기서 y_ℓ 과 y_r 은 각각 P_ℓ 과 P_r 의 수직좌표이다.

C_1 에서 C_2 를 잇는 선을 기준선(Base-line)이라고 하고 그 길이를 B 라고 했을 때, 점 P 의 거리 z 는 각 영상의 수평좌표 x_ℓ 과 x_r 의 차이 즉 변위 d 를 이용하여 식(2.4)으로 구할 수 있다.

$$z = \frac{Bf}{x_\ell - x_r} = \frac{Bf}{d} \quad (2.4)$$

식 (2.4)를 통해 초점거리와 기준선의 길이를 알고 있다면 변위를 계산함으로써 개체의 z 좌표를 구할 수 있다는 사실을 알 수 있다[2,4,14,16,21].

한편 위의 관계는 기본적으로 세 가지 사항을 만족하고 있다고 가정한다. 첫

째로, 영상을 획득하는 두 렌즈의 특성이 동일하여 스테레오 영상 간의 왜곡이 없다고 가정한다. 두 번째로는 두 카메라의 좌표계가 정확히 정렬되어 있으며, 영상 좌표의 원점의 위치만 다르다고 가정한다. 그리고 마지막으로, 정합의 편의를 위해 두 스테레오 영상이 극상선 제약(epipolar line constraint)을 준수한다고 가정한다. 극상 제약조건은 스테레오 정합에서 쓰이는 가장 대표적인 제약조건이다. 극상선 제약조건에 따라 스테레오 영상에서 한 점을 정합할 때 대응점을 찾기 위해 전 영상영역을 탐색하지 않고 극상선을 따라 수평방향으로만 대응점을 찾으면 된다. 좌영상을 기준 영상이라 했을 때 극상 제약조건에 따르면 좌측 영상에 있는 한 점에 대한 대응점은 같은 극상선상에 있는 오른쪽 영상의 점과 정합되어야 한다[21].

2.2 스테레오 정합

스테레오 시각은 설치된 카메라의 기하학적 특성이 주어진 상태에서 카메라로부터 얻어진 한 장면에 대한 두 개의 영상에서 찾아낸 상호간의 정합점으로부터 3차원 깊이 정보를 추출하는 과정을 거친다[21]. 이 과정에서 좌우 영상의 정합점을 찾아내는 과정이 매우 어렵기 때문에 대부분의 스테레오 시각에 대한 연구는 대응성 문제, 즉 정합점을 찾는데 초점을 맞추고 있다. 일반적으로 스테레오 정합의 결과는 영상에서 얻어진 정합점의 상대적인 거리 차이를 나타내는 변위도로 나타난다.

두 카메라로부터 얻은 좌우 영상의 한 점 (x, y) 에 대한 정합요소 혹은 기본 특징(primitive feature)을 변위도 $d(x, y)$ 과 함께 계산하면 식 (2.5)를 만족해야 한다.

$$I_{Ref}(x, y) - I_{Tar}(x - d(x, y), y) = 0 \quad (2.5)$$

여기서 $I_{Ref}(x, y)$ 와 $I_{Tar}(x, y)$ 는 각각 기준영상과 대상영상의 정합요소이다.

스테레오 정합은 정합요소에 따라 특징기반 정합과 영역기반 정합으로 나눌 수 있다[21]. 특징기반 정합은 영상으로부터 정합을 위한 기본요소인 특징을 추출하여 정합을 수행하는 방법이다[8-12]. 기본정합요소로 경계, 영교차점, 윤곽, 분할영역 등을 사용한다[22,24-29]. 특징기반 기법에서는 좌우 영상으로부터 특징을 추출하고 추출한 특징을 기본 단위로 하는 집합을 만든다. 같은 장면을 포함하는 서로 다른 두 영상의 정합은 추출한 특징집합 사이의 공간적 관계를 기하학적 변환으로 나타낼 수 있다. 특징기반 정합은 추출한 영상특징이 분포된 공간에서 특징들의 정합이 정확히 이뤄지기 때문에 정확한 변위를 구할 수 있고 조명의 영향이나 잡음에 강인하다. 그리고 객체의 특징점을 이용한 객체추적이 가능하다는 장점이 있다. 하지만 특징점에 대해서만 정합을 하기 때문에 연산 속도는 빠르지만 영상의 전체 영역에 대한 정교한 변위를 얻어낼 수 없다. 따라서 전체 영상에 대한 정교한 변위도를 구하기 위해서는 반드시 복잡한 보간 과정을 거쳐야한다. 특징기반 정합의 모든 과정은 영상의 밝기 정보와는 무관하게 처리되는 경향을 가지고 있다. 또한 기준 영상에 존재하는 특징 정보가 다른 영상에서 존재하지 않거나 추출되지 않는 경우에는 정합이 잘 이뤄지지 않기 때문에 부가적인 제한 조건을 두어야한다. 대표적인 제한 조건으로는 유일성(uniqueness), 연속성(continuity), 순서성(ordering) 조건 등이 있다[21]. 분할영역간의 인접관계를 사용함으로써 특징기반 기법의 단점을 보완할 수 있지만[22-24], 이 방법은 경계나 영역분할 결과에 많은 영향을 받을 뿐만 아니라, 분할 영역이 필요이상으로 많이 검출되는 복잡한 영상에 대해서는 정합이 제대로 이뤄지지 않으며, 모든 정합영역에 대해서 일률적으로 변위를 추정하기 때문에 정합 영역의 유형이 다른 영역에 대해서는 변위의 정확도가 떨어진다.

영역기반 정합은 영상의 명암도 자체를 기본 정합단위로 사용한다. 정합요소는 영상의 명암도 자체, 명암도 정보의 변화가 평탄하거나 동일한 영역의 모양, 영역의 평균 명암도 및 면적 등이 있다. 이들은 명암도 정보에 많이 의존하기 때문에 잡음에 약한 면이 있지만 화소값을 직접 사용하기 때문에 영상의 모든

점에 대한 변위를 얻을 수 있다는 장점이 있다. 영역기반 정합은 상관도나 이진화소(binary pixel), 제곱차합, 절대차합 등의 정합비용함수를 이용하여 대응점의 상관관계 또는 유사도를 계산한다.

상관도를 정합비용함수로 사용할 때는 상관도를 가장 크게하는 변위를 구한다. 정규화된 상관계수는 (NCC: Normalized Correlation Coefficient)는 (x,y) 의 위치에서 기준영상과 대상영상의 상관계수 $r(x,y)$ 로 나타낼 수 있고 식 (2.6)과 같이 나타낼 수 있다.

$$r(x,y) = \frac{\sqrt{S_{Ref, Tar}}}{\sqrt{S_{Ref, Ref}} \sqrt{S_{Tar, Tar}}} \quad (2.6)$$

여기서 $S_{Ref, Tar}$ 는 기준영상과 대상영상의 공분산(covariance)이고 $S_{Ref, Ref}$, $S_{Tar, Tar}$ 은 각각 기준영상과 대상영상의 분산(variance)이다. 이들은 다음 식으로 구할 수 있다.

$$S_{Ref, Tar} = \sum_{I_{Ref} \in W, I_{Tar} \in W} I_{Ref} I_{Tar} - N_W^2 \overline{I_{Ref}} \overline{I_{Tar}} \quad (2.7)$$

$$S_{Ref, Ref} = \sum_{I_{Ref} \in W} I_{Ref}^2 - N_W^2 (\overline{I_{Ref}})^2 \quad (2.8)$$

$$S_{Tar, Tar} = \sum_{I_{Tar} \in W} I_{Tar}^2 - N_W^2 (\overline{I_{Tar}})^2 \quad (2.9)$$

여기서 W 는 상관도를 구하려는 영역이고 $\overline{I_{Ref}}$ 와 $\overline{I_{Tar}}$ 은 각각 상관도를 구하려는 영역에서의 기준영상과 정합대상영상 평균명암도이다. N_W^2 은 W 의 화소수를 나타낸다. 상관도를 이용한 방법은 상관도를 최대화 시키는 (x,y) 를 얻는 방법이다.

상관도와 다른 정합비용함수로 제곱차합 또는 절대차합을 사용한다. 제곱차

합은 식(2.10)과 같고 절대차합은 식(2.11)과 같다.

$$C_{SSD}(x, y, d) = [I_{Ref}(x, y) - I_{Tar}(x - d(x, y), y)]^2 \quad (2.10)$$

$$C_{SAD}(x, y, d) = |I_{Ref}(x, y) - I_{Tar}(x - d(x, y), y)| \quad (2.11)$$

영역기반 정합은 화소단위보다는 주로 정해진 크기의 영상영역단위로 비교하여 대응점을 찾는 창기반 기법을 많이 사용한다. Wei와 Quan은 개개의 화소보다는 일정하게 정의된 영역이 정보를 더 풍부하게 포함하고 있다는 사실에 기반한 새로운 영역 기반의 정합 알고리즘을 제안하였다[22]. 이러한 과정에서 정합비용함수는 그 주위의 정보도 함께 이용하므로 정합의 정확성을 높일 수 있다. 조밀한 변위도를 얻기 위해 국부적으로 작은 영상영역을 정합시킬 수 있으며 안정된 정합 성능을 위해 영역의 크기를 최적화할 필요가 있다. 영역을 고려할 때 주로 3×3 , 5×5 , 7×7 , 9×9 등 정방형창을 사용하며 필요에 따라 창 모양을 다르게 정의할 수 있다. 창 크기가 작으면 잡음에 민감하고 반대로 창 크기가 너무 크면 일종의 저역통과필터 역할을 하기 때문에 불연속점을 놓치기 쉽다. 스테레오 영상에 맞는 최적의 창 크기를 미리 알아내는 것은 대단히 어렵다. 이런 문제를 해결하기 위해 Kanade와 Okutomi가 확률론 기반의 적응형 창기법(adaptive window method)[14]을 제안했지만 연산 시간이 오래 걸리는 단점이 있다. 연산 시간을 단축시키기 위해 다중창 기법(multiple window technique)[15]이 소개되었지만 폐색 영역(occluding region)을 극복하지 못한다. 이 밖에 가우시안 컨벌루션(Gaussian convolution), 변위 기울기(disparity gradient) 등을 사용하기도 하지만 궁극의 해결책은 되지 못한다[24].

제곱차합 또는 절대차합을 이용해 국부영역을 정합하는 정합비용함수는 각각 식 (2.12)와 식 (2.13)으로 나타낼 수 있다.

$$C_{SSD}(x,y,d) = \frac{1}{N_W^2} \sum_{(x,y) \in W} [I_{Ref}(x,y) - I_{Tar}(x-d(x,y),y)]^2 \quad (2.12)$$

$$C_{SAD}(x,y,d) = \frac{1}{N_W^2} \sum_{(x,y) \in W} |I_{Ref}(x,y) - I_{Tar}(x-d(x,y),y)| \quad (2.13)$$

여기서 N_W 은 창의 크기이다.

영역기반 정합은 정합시키는 영상영역내의 모든 지점의 변위가 서로 유사하다고 가정하기 때문에 경계 부분에서 많은 오차가 나타나며 표면이나 반복되는 무늬가 있는 경우 질감이 약한 영역에 대한 정합의 정확도가 떨어지는 단점이 있다. 이런 단점을 보완하기 위해 문턱치값을 두어 정합비용함수의 최소값을 제한하거나 다른 최소값의 10%보다 작을 수 없다는 제약조건을 두기도 한다 [26]. 그러나 이 방법은 변위의 유일성을 보장하지 못한다. 또한 주어진 변위 탐색범위 내 모든 변위값에 대해 정합비용함수를 계산하고 이들 중에서 최소화 되는 영역을 찾는 정합과정을 영상의 전영역에서 수행해야하므로 전체적인 계산량이 많아진다. 이러한 문제를 해결하는 방안으로 계층구조적 방법 (hierarchical method)을 택하지만 저해상도(coarse level)의 변위 정보가 하위로 전달되기 때문에 고해상도(fine level)에서 정확한 변위를 찾지 못하는 경우가 발생한다[15].

2.3 유전 알고리즘

유전 알고리즘(GA: Genetic Algorithm)은 Holland에 의해 제안된 범용 전역 최적화 기법으로써 유전학과 자연 진화를 흉내낸 적응탐색법이다[26]. 확률에 기반을 두고 자연 세계의 진화 과정을 모방해 문제 풀이 또는 모의 실험에 이용하는 방법으로써 문제해결을 위해 하나의 해를 다루기보다는 집단을 취급한다[30].

유전 알고리즘의 순서도는 그림 2.2와 같다. 초기화 단계에서 주어진 문제의

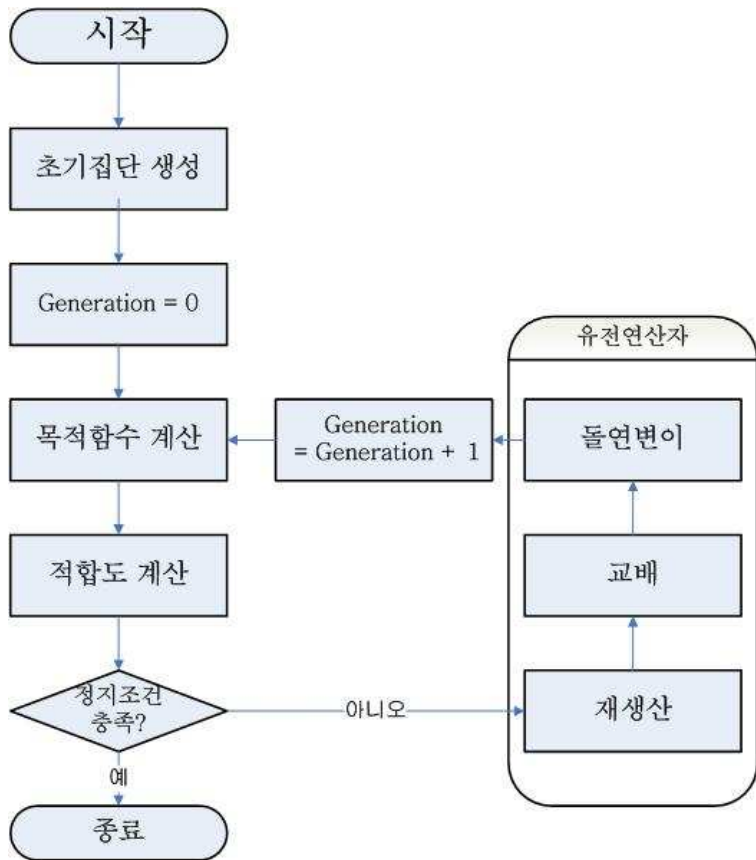


그림 2.2 유전 알고리즘의 순서도

Fig. 2.2. Flow graph of a genetic algorithm

해가 될 가능성이 있는 개체들의 집단을 형성한다. 초기개체들은 해공간 내에 무작위로 분포되도록 선택되거나 아니면 경험적인 방법으로 선택된다. 다음 단계에서 주어진 목적함수를 계산하고 적합도를 계산하여 개체의 강점과 약점을 평가한다. 적합도에 따라 개체를 선택하여 다음 세대를 위해 살려둘 것인지 도태시킬 것인지를 결정한다. 그리고 유전연산자를 적용하여 집단을 변형시킨다. 현 세대에 생성된 개체집단에서 정지조건을 만족하는 개체가 있을 경우 알고리즘을 종료하고 그렇지 않을 경우 같은 과정을 반복한다.

초기집단 생성 단계에서 주어진 문제의 해가 될 수 있는 염색체들의 집단을 그림 2.3와 같이 형성한다. 염색체는 한 개 이상의 유전자로 구성된다. 유전자 표현 방식에 따라 이진 코딩이나 부호 코딩, 실수 코딩으로 분류할 수 있고 실수 코딩 방식을 사용하면 복호화 과정 없이 목적함수를 바로 계산할 수 있다. 개체들은 적합도에 따른 선택과정을 거치게 되는데 적합도가 높은 개체들은 다음 세대를 위해 복제되고 낮은 개체들은 소멸된다. 복제된 개체들에 유전연산자를 적용하여 집단 내 염색체들을 점차적으로 변형시켜서 점점 더 좋은 집단을 형성한다. 교배(crossover)와 돌연변이(mutation)가 대표적인 유전 연산자이다.

교배는 두 부모 염색체가 가지고 있는 유전자 정보의 일부를 교환하여 새로운 자식 염색체를 생성해내는 과정이다. 이런 원리를 이용하여 여러 형태의 교배 연산자를 정의하여 적용할 수 있다. 단순 교배 연산은 그림 2.4와 같이 교배점이 정해지면 유전자 정보를 두 염색체가 교환하여 자식 개체를 두 개 생산한다. 교배는 주어진 확률에 따라 실행된다.

돌연변이는 염색체에서 변형시킬 유전자를 선택하고 그 유전자 값을 변형시키는 과정이다. 교배와 마찬가지로 돌연변이 연산 또한 유전 알고리즘을 적용하는 문제공간의 특성에 따라 특별하게 정의될 수 있다. 단순 돌연변이 연산은 그림 2.5와 같이 무작위로 선택된 유전자의 내용을 임의의 값으로 바꾼다. 돌연변이 연산도 주어진 확률에 따라 실행된다.

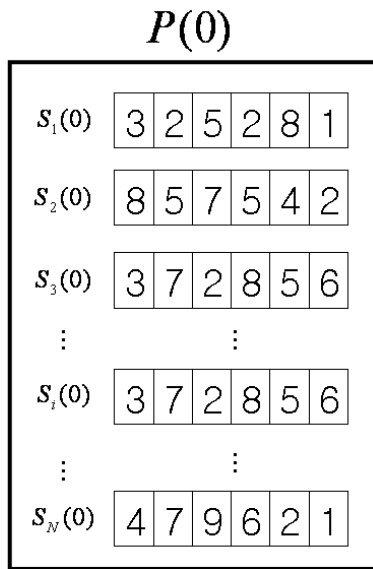


그림 2.3 염색체 집단

Fig. 2.3. A chromosome population

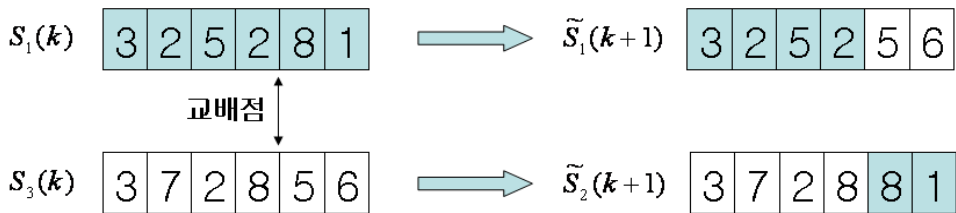


그림 2.4 단순교배 연산자의 예

Fig. 2.4. Examples of simple crossover operator

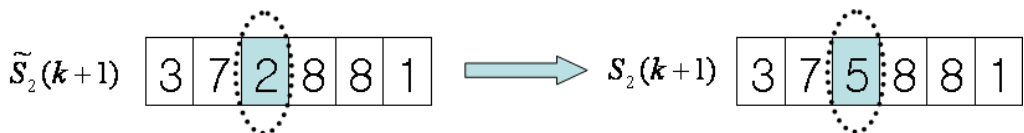


그림 2.5 단순돌연변이 연산자의 예

Fig. 2.5. Examples of simple mutation operators

매 세대마다 정해진 확률에 따라 교배와 돌연변이 연산을 수행하여 집단을 변형시키고 적합도를 계산하여 선택과정을 거친다. 선택과정에서 적합도가 낮은 개체들은 도태되고 적합도가 높은 개체들은 다음 세대의 더 나은 개체생산을 위해 부모염색체로 선택되어 새로운 개체들을 도입할 수 있다.

유전연산자에 의해 오히려 적합도가 낮아지더라도 엘리트 전략(Elitist strategy)을 통해 변형되기 전 세대의 최고 적합도를 갖는 개체는 다음 세대까지 보존이 되도록 하였다. 엘리트 전략은 교배와 돌연변이 연산을 통해 만들어진 집단의 최고 적합도가 이전 부모 집단의 최고 적합도보다 낮을 때 이전 집단의 최고 적합도를 가진 개체를 만들어진 집단에서 가장 낮은 적합도를 갖는 개체와 교체하는 과정이다. 따라서 적합도가 낮아지는 방향으로 집단이 생성되는 것을 막고 최적 개체의 생존을 보장할 수 있다.

유전 알고리즘은 탐색면에 대해 일방적으로 하강 또는 상승하며 최적해를 찾는 기율기법과 달리 집단내 해들의 위치에 따라 탐색 방향이 결정되기 때문에 탐색 방향이 다양하면서도 효율적이다. 최적화 문제에 대해 유전 알고리즘을 사용하면 탐색 경험을 통해 단계적으로 해를 찾는 것이 가능하다.

스테레오 정합 문제를 최적화 문제의 입장에서 본다면 앞 절에서 언급했던 정합비용함수와 스테레오 정합에서 고려하는 여러 가지 제약조건들이 조합된 목적함수를 최소화 시키는 문제라 할 수 있다. 해를 화소 위치에 대한 변위를 요소로 갖는 벡터로 정의하고 이를 해결하기 위해 유전 알고리즘을 이용하면 변위탐색범위가 커질수록 모든 변위탐색범위에 대해 일정한 간격의 변위를 일률적으로 계산하는 기존의 방법들보다 효율적으로 정확한 해를 얻을 수 있을 것이다. 따라서 본 논문에서는 스테레오 정합에 유전 알고리즘을 이용하여 정확한 변위도를 얻고자 한다.

제 3 장 경계선 정보와 유전 알고리즘을 이용한 스테레오 정합

본 논문에서는 경계선 정보와 유전 알고리즘을 이용한 스테레오 정합 방법을 제안한다. 좌우영상을 획득하고 기준영상의 경계선을 검출한다. 변위도의 수평 라인을 염색체로 표현하며 기준영상에서 검출된 경계화소의 개수에 따라 염색체의 유전자 개수를 결정하고 수평라인별로 같은 구조의 염색체를 정해진 개수만큼 채워서 집단을 형성한다. 미리 선택한 q 개의 크기가 서로 다른 창에 대해 절대차합을 계산하여 각각의 절대차합을 최소화시키는 변위값들을 유전자에 할당한다. 초기집단을 형성하면 유전알고리즘을 적용하여 정해진 목적함수를 최소화시키는 변위도를 구한다. 유전알고리즘은 최적의 개체들이 3세대 연속으로 최고 적합한 개체로 인정받을 때 종료한다. 제안한 방법의 순서도는 그림 3.1과 같다.

3.1 경계선 정보에 의한 염색체의 구조 정의

염색체 구조를 정의하기 위해 기준영상의 경계선 정보가 필요하다. 일반적으로 많이 알려진 경계 연산자는 소벨(Sobel) 연산자, 라플라시안(Laplacian) 연산자 등이 있는데 소벨연산자를 이용할 경우 경계가 필요이상으로 두껍게 나오는 단점이 있다. 라플라시안 방법은 2차 미분 연산자로서 소벨에 비해 경계가 얇게 나오지만 잡음에 민감해서 의미없는 경계를 추출한다. 제안한 방법은 가우시안을 두 번 미분한 LoG(Laplacian of Gaussian) 연산자를 경계검출에 사용한다. LoG 연산자는 영상에 가우시안 처리를 하여 저역통과필터를 통과시킨 효과를 얻을 수 있다. 여기에 2차 미분 연산자를 적용함으로써 라플라시안보다 잡음에 강인하면서 경계선을 1개화소의 두께로 얻을 수 있다. 경계선 검출에 사용하는 LoG 함수는 식 (3.1)와 같다.

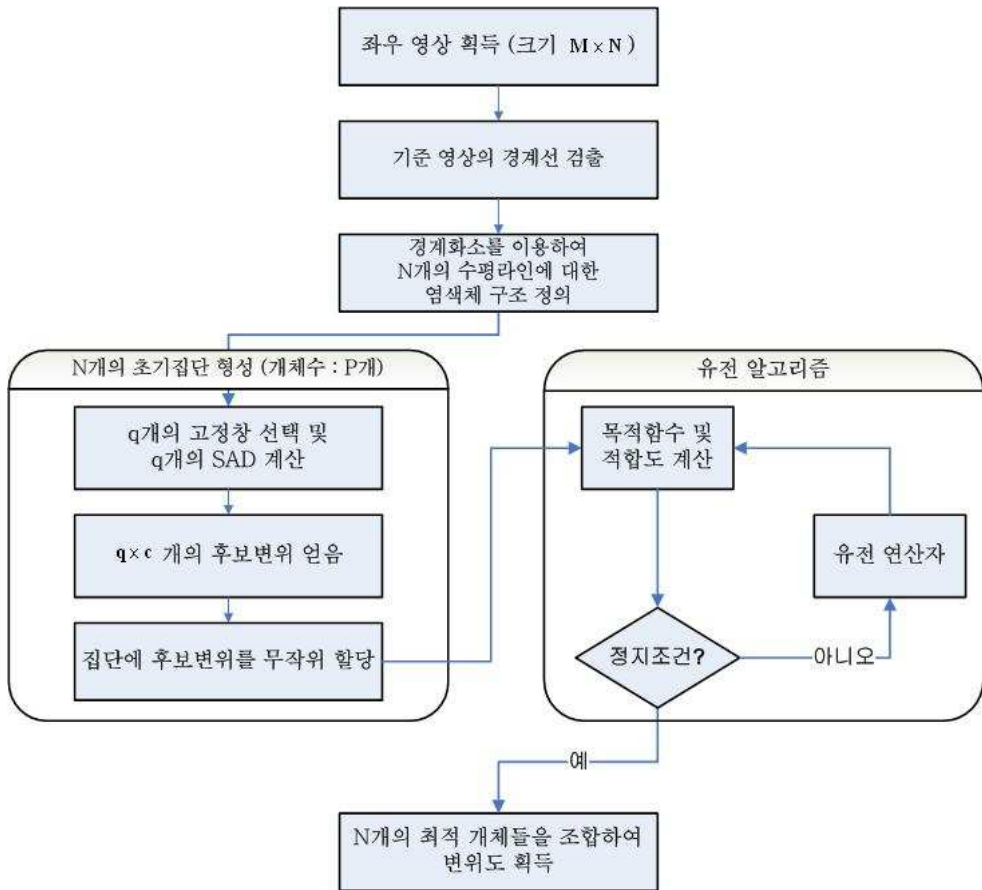


그림 3.1 제안한 방법의 순서도

Fig. 3.1. Flow chat of the proposed method

$$\nabla^2 h(r) = - \left[\frac{r^2 - \sigma^2}{\sigma^4} \right] e^{-\frac{(r^2 - \mu^2)}{2\sigma^2}} \quad (3.1)$$

여기서 $r^2 = x^2 + y^2$ 이고 μ 와 σ 는 각각 평균과 표준편차를 나타낸다.

특징기반 기법에서는 기준영상과 대상영상 경계선을 추출하고 각 영상의 경계화소를 정합하지만 본 논문에서는 경계선을 정합요소로 사용하지 않고 염색체 구조를 정의하는데 사용한다. 따라서 경계선은 기준영상에서만 추출한다.

제안한 방법에서 염색체는 변위도의 수평라인을 대표한다. 염색체를 구성하는 유전자의 개수는 경계선 추출과정에서 얻은 경계화소 개수에 의해 정해진다. 경계영상에서 폐곡선을 이루는 영역은 동일한 영역이라 볼 수 있다. 따라서 기준영상으로부터 얻은 경계영상을 참조하여 임의의 경계화소부터 그 다음 경계화소 이전 화소까지 동일한 변위값을 갖는다고 보고 그 화소들을 하나의 유전자로 취급한다.

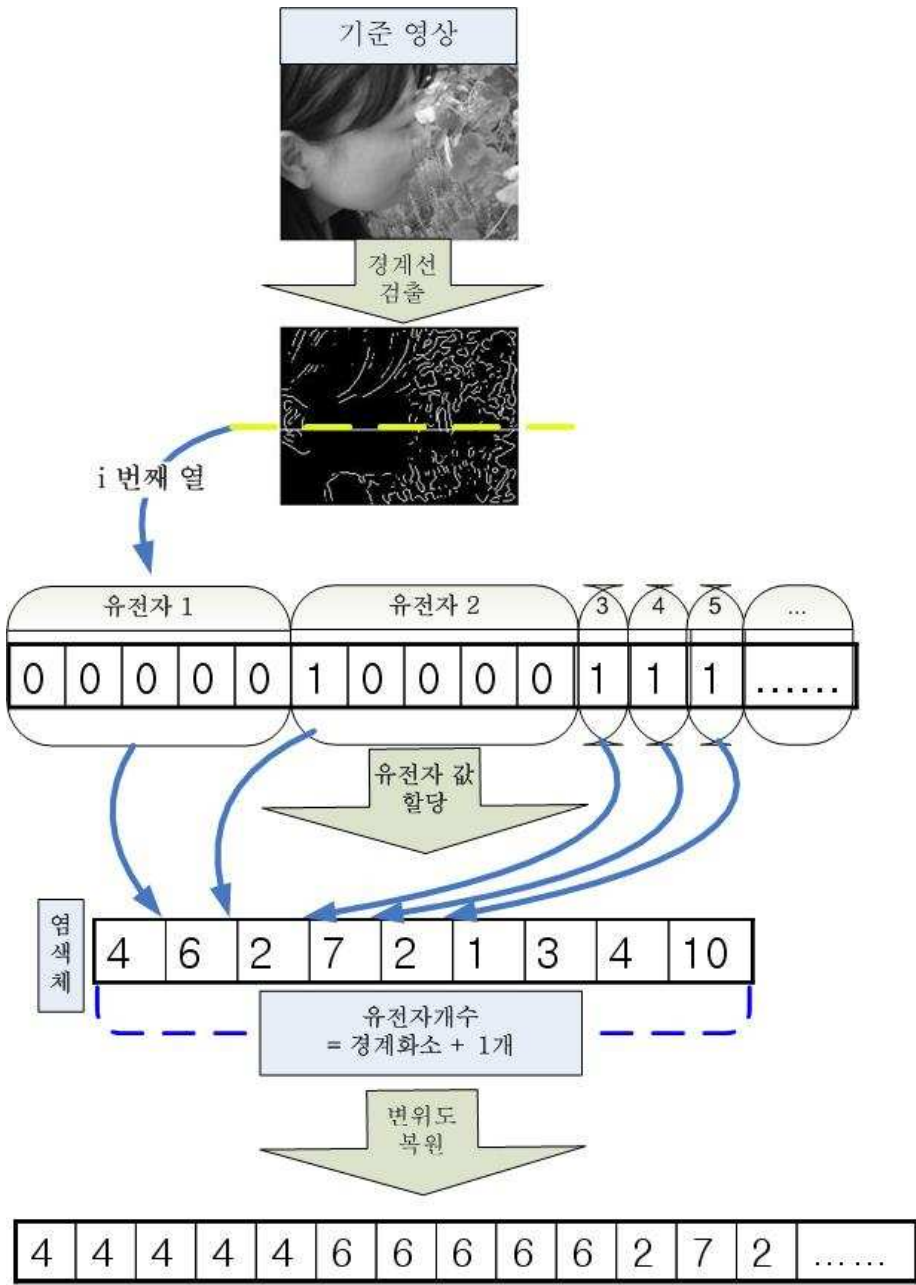


그림 3.2 염색체 정의

Fig. 3.2. Definition of a chromosome

3.2 유전 알고리즘을 이용한 스테레오 정합

3.2.1 염색체 표현 및 집단의 초기화

염색체 표현 방식은 유전 알고리즘을 스테레오 정합에 이용하기 위해 유전자들이 변위값 자체를 나타내도록 실수코딩을 사용하였다. 실수코딩은 실수 변위값을 유전자 정보로 직접 이용하므로 다른 코딩기법에서 거치는 부호화, 복호화 과정이 필요없어 계산시간을 단축시킬 수 있다.

유전 알고리즘은 집단 내에서 해를 탐색하므로 초기집단을 형성하는 것이 중요하다. 앞 절에서 언급한 염색체 정의 단계에서 경계화소의 위치와 개수에 따라 각 수평라인별로 염색체의 길이가 다르게 나올 수 있다. 따라서 제안한 방법에서는 수평라인별로 집단을 각각 형성시킨다. 집단 내 염색체의 유전자 정보는 정해진 변위탐색 범위 내에서 난수를 발생시켜서 만들 수 있지만 사전에 변위도에 관한 정보를 알고 있다면 정합의 효율성을 위해 정보를 사용하는 편이 낫다. 따라서 제안한 방법은 크기가 서로 다른 정사각형 창에 대한 절대차합을 이용해 초기집단을 형성하는데 필요한 변위값의 후보들을 얻었다.

영역기반 정합에서 단일화소가 아닌 정방형창을 이용하여 정합을 시도하면 더 정확한 변위를 구할 수 있다. 이 때 창의 크기에 따라 변위도의 정확도가 좌우된다. 한 개의 고정된 크기의 창을 쓰는 것보다 여러 개의 창을 이용하면 더 정확한 변위를 구할 수 있다. 제안한 방법은 q 개의 정방형창을 정의하고 q 개의 창에 대해 절대차합을 계산한다. 각각의 창에 대한 절대차합의 값을 작게 하는 순서로 변위값들을 c 개를 선택하면 한 화소에 대해 $q \times c$ 개의 후보 변위들을 얻을 수 있다. 이 때 각 화소에서 선택된 변위값들이 중복되었다면 그 다음 순서의 변위값을 선택하여 정해진 개수의 후보 변위들을 얻어낸다. 이렇게 얻어진 $q \times c$ 개의 변위들을 무작위로 퍼뜨린다. 그리고 변위도의 한 개체 영역 내에서 중앙값을 구하고 초기집단의 유전자에 값을 할당한다. 초기집단 형성은 그림3.3으로 표현했다.

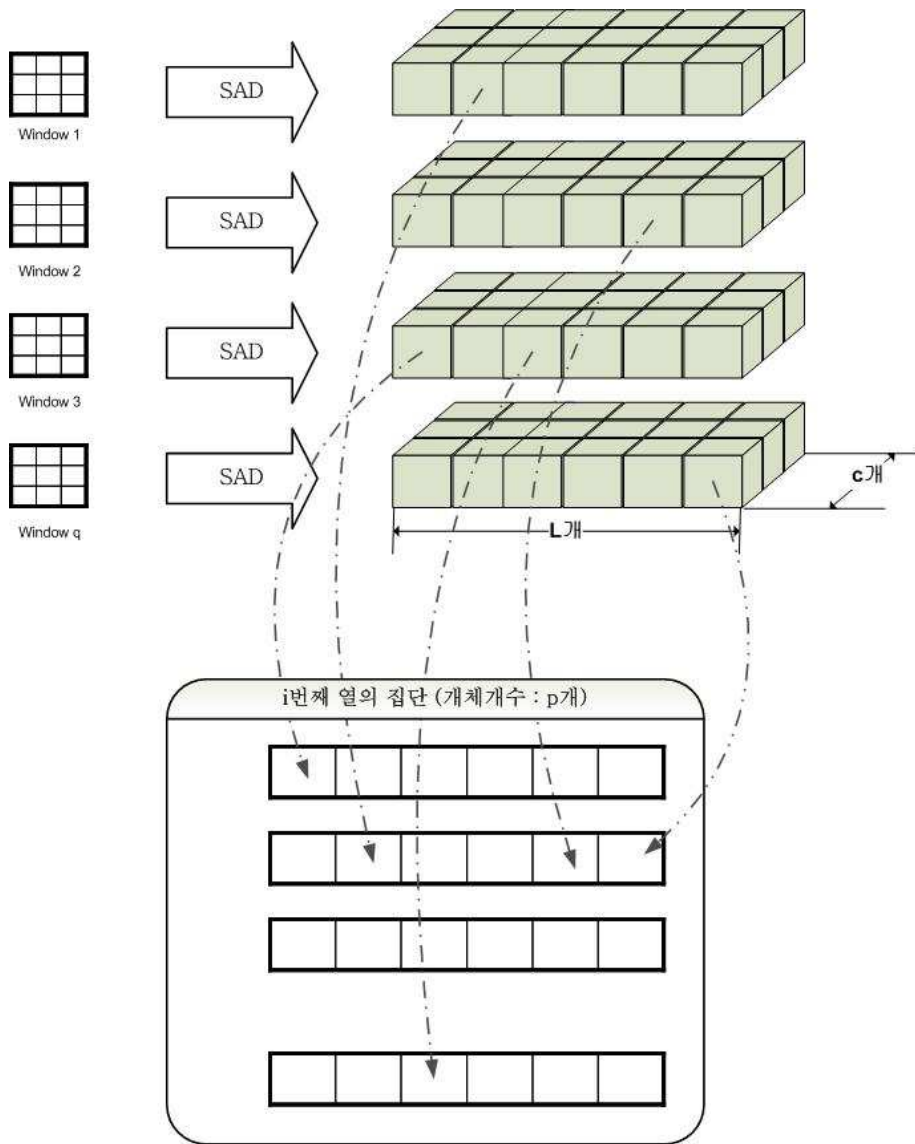


그림 3.3 초기집단 형성

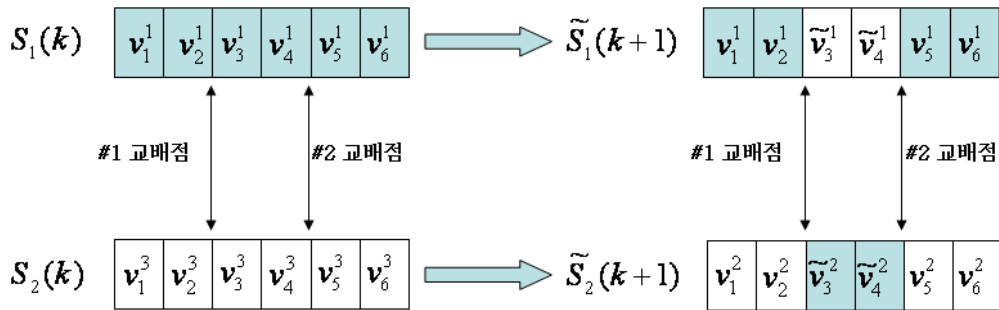
Fig. 3.3. Generation of the initial population

3.2.2 유전 연산자

일반적인 유전 알고리즘의 유전 연산자들은 집단 내에서 상대적으로 적합도가 높은 개체들을 이용해 다음 세대의 개체들을 강인하게 만드는 역할을 한다. 그렇기 때문에 초기에 적합도가 높은 개체가 전역해가 아니라 지역해에 가깝다면 집단내 모든 개체들이 지역해 근처로 수렴해버리는 단점이 있다. 유전 알고리즘을 통해 스테레오 정합이 정확히 이루어지려면 스테레오 정합 환경을 감안하여 유전 연산자를 설계해야 한다.

교배는 개체들 간에 정보 교환을 가능하게 하므로 유전알고리즘에서 대단히 중요하다. 실수코딩을 채용한 유전 알고리즘에서 많이 사용하는 교배기법은 볼록 교배(convex crossover), 선형 교배(linear crossover), 지역 교배(local crossover)이다[22-24]. 볼록 교배는 두 부모 염색체의 유전자에 가중치를 곱하고 결합하여 두 개의 자손을 만들어낸다. 볼록 교배는 두 부모 염색체가 가지고 있는 유전자 값의 범위 내에서 자손 유전자의 값이 결정되므로 단순히 유전자 값을 교환하는 교배방법에 비해 다양한 값을 가질 수 있고 부적합한 자손의 생성을 방지할 수 있는 장점이 있다. 하지만 부모 염색체가 가지고 있는 유전자 값 이외의 범위에 적합한 해가 있는 경우 돌연변이 연산을 제외한 다른 방법으로는 해에 접근할 수 없는 단점이 있다. 이런 단점을 극복하기 위해 Lee와 Mohamed는 복합 교배(hybrid crossover) 연산자를 제안했다[36]. 복합 교배 연산자는 염색체내의 모든 유전자에 대해 변형을 시도하므로 알고리즘 후반부로 갈수록 부분적인 염색체의 교환을 요구하는 스테레오 정합 문제에서 좋지 않은 결과를 초래할 수도 있다. 따라서 제안한 방법에서는 다점 교배와 복합 교배를 혼합하여 사용하였다. 이 교배 방법은 그림3.4와 같이 교배점에 의해 교배 대상이 되는 유전자들에 복합 교배를 실시하고 나머지 유전자들은 그대로 물려받는다.

k 번째 세대에 교배를 위해 선택한 두 부모 염색체를 식(3.2)와 같이 벡터로 표현할 수 있다.



$$\begin{aligned} \tilde{v}_i^1 &= \lambda_i (\tilde{v}_i^2 - \tilde{v}_i^1) + \tilde{v}_i^1 \\ \tilde{v}_i^2 &= (1 - \lambda_i) (\tilde{v}_i^1 - \tilde{v}_i^2) + v_i^2 \end{aligned} \quad (0 < \lambda_i < 1)$$

그림 3.4 복합 교배 연산의 예

Fig. 3.4. Example of the hybrid crossover operator

$$S_1(k) = [v_1^1 v_2^1 \dots v_m^1 \dots v_n^1] \quad (3.2a)$$

$$S_2(k) = [v_1^2 v_2^2 \dots v_m^2 \dots v_n^2] \quad (3.2b)$$

여기서 v_m^1 과 v_m^2 는 각각 첫 번째 염색체와 두 번째 염색체를 구성하는 m 번째 유전자이다.

교배점의 위치와 개수는 무작위로 발생된다. 그리고 두 부모 염색체의 적합도를 계산하고 비교한다. 만약 적합도 비교 결과가 식(3.3)와 같을 때 식(3.4)와 같은 이동벡터(shifting vector)를 계산한다.

$$Fitness(S_1(k)) < Fitness(S_2(k)) \quad (3.3)$$

$$\zeta(k) = \tau(S_2(k) - S_1(k)) \quad (3.4)$$

여기서 τ 는 식 (3.5)을 통해 구한다.

$$\tau = \left(\tau_0 + \frac{t}{\mu} \right) \quad (3.5)$$

여기서 τ_0 는 미리 정의한 이동요소(shifting factor)이고 t 는 상수이다. μ 는 두 부모 염색체의 적합도 평균인데 세대가 거듭될수록 집단 내 개체들의 적합도가 비슷해지기 때문에 μ 가 커지게 된다. 그 결과 τ 와 $\zeta(k)$ 도 점점 줄어들기 때문에 최초 알고리즘을 시작할 때 $\zeta(k)$ 이 충분히 크게 주어지고 그 후 점점 작아지도록 τ_0 와 t 를 설정하는 것이 중요하다.

이동벡터 $\zeta(k)$ 가 구해지면 다음과 같이 두 부모 염색체를 변형시킨다.

$$\widehat{S}_1(k) = S_1(k) \quad (3.6a)$$

$$\widehat{S}_2(k) = S_2(k) + \zeta(k) \quad (3.6b)$$

자손 염색체는 식 (3.7a)와 식(3.7b)로 각각 표현된다.

$$\widetilde{S}_1(k+1) = [\widetilde{v}_1^1 \widetilde{v}_2^1 \dots \widetilde{v}_m^1 \dots \widetilde{v}_n^1] \quad (3.7a)$$

$$\widetilde{S}_2(k+1) = [\widetilde{v}_1^2 \widetilde{v}_2^2 \dots \widetilde{v}_m^2 \dots \widetilde{v}_n^2] \quad (3.7b)$$

이 때 그림3.4와 같이 최초 발생한 교배점에서 절단되는 부스트링 (substring)에 따라 교배되는 유전자들은 식(3.8a)와 식(3.8b)로 표현된다.

$$\widetilde{v}_m^1 = \lambda_m (\widehat{v}_m^2 - \widehat{v}_m^1) + \widehat{v}_m^1 \quad (3.8a)$$

$$\widetilde{v}_m^2 = (1 - \lambda_m)(\widehat{v}_m^1 - \widehat{v}_m^2) + \widehat{v}_m^2 \quad (3.8b)$$

여기서 λ_m 는 m 번째 유전자에 곱해지는 0과 1사이의 가중치이다.

교배점에 의해 교배되지 않는 유전자들은 식(3.9)과 같이 나타낸다.

$$\widetilde{v}_m^1 = v_m^1 \quad (3.9a)$$

$$\widetilde{v}_m^2 = v_m^2 \quad (3.9b)$$

복합 교배를 사용하면 그림3.5처럼 알고리즘 시작할 때 탐색 공간을 충분히 넓히고 시작할 수 있다. 단순 교배연산자는 그림3.5의 (a)처럼 선택된 두 부모 염색체의 유전자값을 교환하는 방식이다. 블록 교배 연산의 결과로 얻을 수 있는 유전자값의 범위는 그림3.5의 (b)와 같다. 단순 교배연산자에 비해 다양한

값을 기대할 수 있지만 두 유전자값 범위내로 국한된다. 복합 교배 연산의 결과로 얻을 수 있는 유전자값의 범위는 그림3.5의 (c)와 같다. 복합 교배가 적용되는 두 유전자값 중 적합도가 큰 방향으로 ζ 만큼의 범위가 더 보장된다. 이는 부모 염색체들의 적합도와 유전자 정보에 직접적으로 영향을 받는 일반 교배법과는 달리 주어진 유전자 정보와 적합도로 해공간을 확장하고 점점 좁혀가며 탐색할 수 있기 때문에 알고리즘 후반부에서 해가 안정적으로 수렴하는 장점이 있다.

돌연변이 연산은 집단 내에 없는 정보를 얻을 수 있는 유용한 연산이다. 일반적인 유전 알고리즘에서는 돌연변이 연산은 알고리즘 초기에 고정된 확률에 의해 동작하는데 제안한 방법에서는 i 번째 집단의 평균 적합도를 이용하여 돌연변이 연산이 일어날 확률을 식 (3.10)와 같이 계산하였다.

$$P_{mt}^i(k) = \frac{MaxFitness_i(k) - AVFitness_i(k)}{MaxFitness_i(k) - MinFitness_i(k)} \quad (3.10)$$

여기서 $MaxFitness_i$, $MinFitness_i$, $AVFitness_i$ 는 각각 영상 i 번째 열의 염색체 집단의 최대적합도, 최소적합도 그리고 개체들의 평균적합도이다. 집단 내 개체들의 적합도가 높은 쪽에 분포되어 있을수록 돌연변이가 일어날 확률이 높아진다. 이는 적합도가 높은 개체를 돌연변이를 통해 적합한 개체의 변이를 시도하려는 것이다.

제안한 방법에서는 세대가 거듭될수록 전역탐색 영역을 좁혀가는 동적돌연변이(dynamic mutation)를 사용하였다[30]. 주어진 돌연변이 확률에 의해 j 번째 유전자에 돌연변이가 일어나면 m 번째 유전자는 다음 식을 통해 결정된다.

$$v_m = \begin{cases} \widetilde{v}_m + \Delta(\alpha, v_m^{(U)} - \widetilde{v}_m), & \text{if } \tau = 0 \\ \widetilde{v}_m + \Delta(\alpha, \widetilde{v}_m - v_m^{(L)}), & \text{if } \tau = 1 \end{cases} \quad (3.11)$$

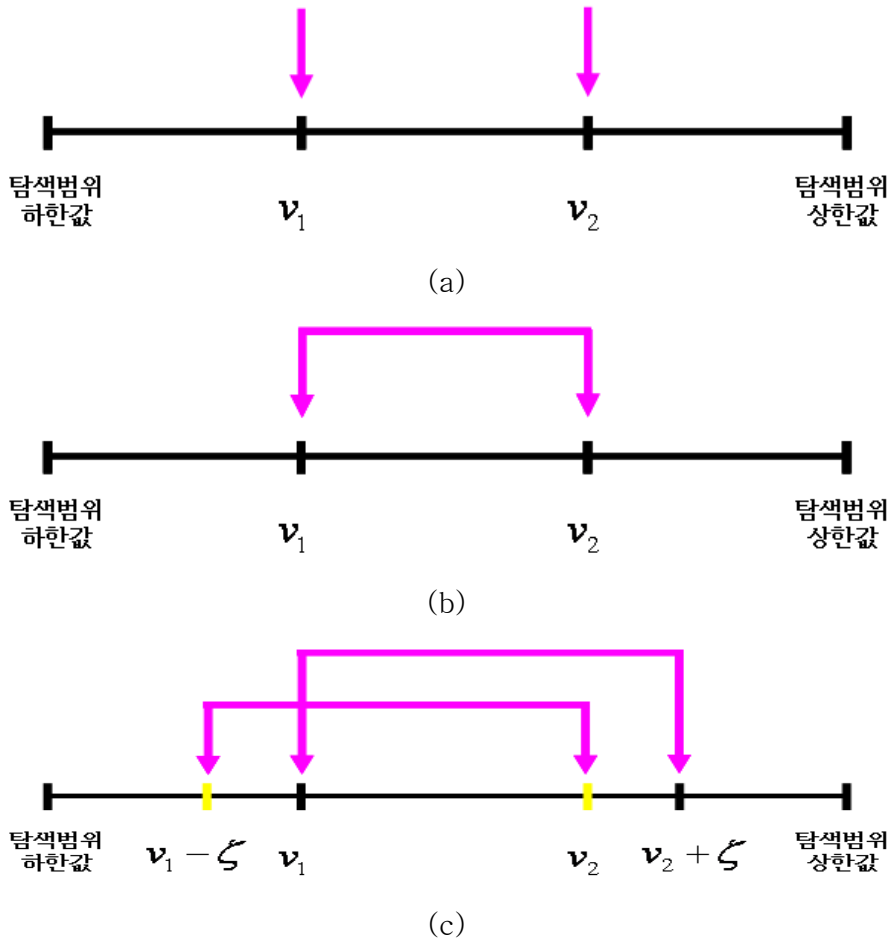


그림 3.5 교배 결과의 범위

(a) 단순 교배 (b) 볼록 교배 (c) 복합 교배

Fig. 3.5. Range of crossover result

(a) simple crossover (b) convex crossover (c) hybrid crossover

여기서 τ 는 0 또는 1 둘 중에서 하나를 취하는 난수이다. $\Delta(\alpha, y)$ 로 다음 함수가 이용될 수 있다.

$$\Delta(\alpha, y) = y \cdot r \cdot \left(1 - \frac{\alpha}{T}\right)^b \quad (3.12)$$

여기서 r 은 0과 1사이의 실수 난수이고 T 는 최대 세대수이며 b 는 사용자에게 의해 정의되는 매개변수이다. 동적돌연변이의 특징은 세대초기에는 전체 탐색공간에 대해 균등한 확률로 전역탐색을 하게 되지만, 세대수가 증가함에 따라 지역적으로 탐색하게 된다[19].

유전연산자에 의해 오히려 적합도가 낮아지더라도 엘리트 전략(Elitist strategy)을 통해 변형되기 전 세대의 최고 적합도를 갖는 개체는 다음 세대까지 보존이 되도록 하였다[30].

3.2.3 목적함수 및 적합도

제안한 방법은 유전 알고리즘으로 정합한다. 그러기 위해서는 목적함수를 정의하여 목적함수에 따른 적합도를 계산해야 한다. 목적함수는 매 세대 형성하는 해집단에 대한 명암도 차이와 변위 평활성, 그리고 염색체 순서성 제약조건으로 얻어진 비용함수요소들의 조합으로 정의할 수 있다.

k 번째 세대에서 영상 i 번째 열의 j 번째 염색체의 명암도 차이는 식 (3.13)와 같이 절대차합을 이용하여 구할 수 있다.

$$C_{SAD_j}^i(k) = \sum_x \left[\frac{1}{N_W^2} \sum_{(x,y) \in W} |I_{Ref}(x,y) - I_{Tur}(x - d_j^i(x,y), y)| \right] \quad (3.13)$$

여기서 $d_j^i(x,y)$ 는 영상 i 번째 열의 j 번째 염색체를 변위도의 i 번째 열로 변환한

것이다. 위 식은 스테레오 정합에서 제약조건이 없는 조건에서 주어진 변위도 수평라인 한 개에 대한 좌우영상의 정합비용을 의미한다.

변위 연속성은 변위도의 일정한 영역에서 주변 변위와 얼마나 유사성을 갖는지를 나타내는 척도로 쓰인다. k 번째 세대에서 영상 i 번째 열의 j 번째 탐색체의 변위 평활성은 식 (3.14)로 나타낼 수 있다.

$$ADS_j^i(k) = \frac{1}{4} \sum_x |\nabla^2 d_j^i(x, y)| \quad (3.14)$$

여기서 $\nabla^2 d_j^i(x, y)$ 는 식 (3.15)과 같이 구할 수 있다.

$$\nabla^2 d_j^i(x, y) = d_j^i(x+1, y) + d_j^i(x-1, y) + d_j^i(x, y+1) + d_j^i(x, y-1) - 4d_j^i(x, y) \quad (3.15)$$

식 (3.16)는 변위의 연속성을 수직방향으로 구하는 식이다. 이는 명암도를 고려해서 구한 변위값의 수직방향오차를 의미한다.

$$VDG_j^i = \sum_x [DG_j^{i+1}(x, y) + DG_j^{i-1}(x, y)] \quad (3.16)$$

여기서 $DG_j^i(x, y)$ 와 $DG_j^i(x, y)$ 는 다음과 같이 구할 수 있다.

$$DG_{i+1}^i(x, y) = \left| \begin{array}{l} (I_{Ref}(x, y) - I_{Tar}(x - d_j(x, y), y)) \\ - (I_{Ref}(x, y+1) - I_{Tar}(x - d_j(x, y+1), y+1)) \end{array} \right| \quad (3.17a)$$

$$DG_{i-1}^i(x, y) = \left| \begin{array}{l} (I_{Ref}(x, y) - I_{Tar}(x - d_j(x, y), y)) \\ - (I_{Ref}(x, y-1) - I_{Tar}(x - d_j(x, y-1), y-1)) \end{array} \right| \quad (3.17b)$$

변위 평활성은 식(3.14)과 식(3.16)를 합하여 식(3.18)와 같이 나타낸다.

$$DS_j^i(k) = ADS_j^i(k) + VDG_j^i(k) \quad (3.18)$$

경계화소의 개수에 따라 염색체의 길이가 달라지고 염색체의 길이가 길어질 수록 모든 화소에 대한 정확한 변위값을 한번에 얻을 가능성도 적어진다. 따라서 제안한 방법은 k 번째 세대에서 영상 i 번째 열의 j 번째 염색체 변위 순서성을 식 (3.19)과 같이 계산하여 정합비용함수의 요소로 사용한다.

$$CO_j^i(k) = \sum_i [f_o(D_j^i(m) - D_j^i(m-1)) + f_o(D_j^i(m+1) - D_j^i(m))] \quad (3.19)$$

여기서

$$f_o(x) = \begin{cases} |x|, & x < 0 \\ 0, & x \geq 0 \end{cases} \quad (3.20)$$

이다. $D_j^i(m)$ 는 j 번째 염색체의 m 번째 유전자의 값을 나타낸다.

구해진 변위 평활성과 염색체 변위 순서성을 조합하여 식 (3.21)과 같이 변위총비용을 계산한다.

$$TDC_j^i(k) = \omega_d DS_j^i(k) + (1 - \omega_d) CO_j^i(k) \quad (3.21)$$

여기서 ω_d 는 가중치이다.

명암도 차이와 변위총비용의 합을 정합비용함수로 정의할 수 있다. 제안한 방법의 정합비용함수는 유전 알고리즘의 목적함수로 쓰이며 식 (3.22)와 같다.

$$F_j^i(k) = \omega_f C_{SAD_j}^i(k) + (1 - \omega_f) TDC_j^i(k) \quad (3.22)$$

여기서 w_f 는 가중치이다.

적합도는 식 (3.23)와 같다.

$$Fitness_j^i(k) = \frac{1}{F_j^i(k)} \quad (3.23)$$

제 4 장 실험 및 고찰

제안한 방법을 평가하기 위해 합성 영상과 실제 영상에 적용하여 실험했다. 성능을 평가하기 위해 기존의 방법들과 제안한 방법으로 얻은 변위도를 제시하였고 더욱 객관적인 비교분석을 위해 일반적으로 사용하는 사실 변위도와의 평균제곱오차(Mean square error: MSE)와 정합율(Matching rate)을 계산하여 비교하였다[38-39]. 평균제곱오차는 사실 변위도와 실험으로 얻은 변위도의 변위차이가 얼마나 많은가를 나타내고, 정합율은 실험으로 얻은 변위도를 바탕으로 좌우영상의 정합정확도를 나타낸다.

$M \times N$ 크기의 영상에 대한 변위도의 평균제곱오차는 식(4.1)과 같다.

$$MSE = \frac{1}{MN} \sum_{y=0}^{M-1} \sum_{x=0}^{N-1} [d_c(x,y) - d_{gt}(x,y)]^2 \quad (4.1)$$

여기에서 $d_c(x,y)$ 는 주어진 방법으로 얻은 변위도이고 $d_{gt}(x,y)$ 는 사실 변위도이다.

정합율은 식(4.2)과 같다.

$$MR = \frac{1}{MN} \sum_{y=0}^{M-1} \sum_{x=0}^{N-1} f(x,y) \quad (4.2)$$

여기서 $f(x,y)$ 는 다음과 같이 정의한다.

$$f(x,y) = \begin{cases} 1 & \text{if } I_{Ref}(x,y) - I_{Tar}(x - d_c(x,y), y) \leq \theta \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad (4.3)$$

여기서 명암도 문턱치 θ 는 최대 명암도차이의 5%인 12로 설정하였다. 이것은

전체화소수와 좌우 영상의 정합 화소의 명암도 차이가 12이내인 정합화소수의 비율을 의미한다.

4.1 합성 영상 실험

합성영상을 이용한 실험에서 50% RDS(Random dot stereogram)을 사용하였다. 비교에 쓰인 기존방법은 3×3크기의 창기반 SAD방법, 5×5로 크기가 고정된 창을 사용한 SAD방법을 사용하였다. 제안한 방법과 비교 방법으로 얻은 변위도는 후처리 과정을 거치지 않았다. 그 외 실험 조건은 표(4.1)과 같다.

표 4.1 50% RDS에 대한 실험 조건

Table 4.1 Experimental condition about 50% Random Dot Stereogram

영상 크기	256 × 256
실제 변위범위	[0, 9]
변위 탐색범위	[0, 12]
후보 변위를 얻는데 쓰인 창개수와 종류	3개 (3×3, 5×5, 7×7)
명암도 차이에 쓰인 창크기	5×5
교배확률	0.9 (90%)
교배와 돌연변이 연산에 쓰인 매개변수	$\tau_0 = 1, t = 0.3, \beta = 5$
정합비용함수 가중치(ω_f/ω_d)	0.25/0.6
집단내 개체개수	50

실험에 쓰인 영상은 그림4.1과 같다. RDS의 사실 변위도는 그림4.1의 (a)와 같다. 창의 크기를 3×3로 하고 절대차합을 이용해 얻은 변위도가 그림4.2의 (b)이다. 그리고 5×5로 하고 절대차합을 이용해 얻은 결과가 그림4.3의 (c)이다. 영역기반 정합에서 창의 크기가 결과에 어떤 영향을 주는지 그림4.2의 (b)와 (c)를 통해 알 수 있다. 창의 크기가 작을수록 경계주변에서 오정합은 적게 발생하지만 전체적으로 고르게 오정합이 발생한다. 이는 창의 크기가 작아서 정합할 때 포함하는 주변의 정보도 적어지기 때문에 작은 차이에도 민감해지기 때문이다. 반면 창의 크기가 클수록 평탄한 영역의 변위를 정확히 얻을 수 있

지만 명암도 차이가 나는 경계선 영역에서 오정합이 발생하거나 무더지는 단점이 있다. 창 크기에 영향을 받는 영역기반 정합의 문제점을 개선하기 위한 방법인 5×5 크기의 창을 9가지 형태로 적용해서 최소 변위를 찾은 다중창 기법[15]으로 얻은 변위도가 그림4.2의 (d)와 같다. (b)와 (c)에 비해 전체적인 오정합은 눈에 띄게 감소했지만 경계선 부근의 폐색 영역에서의 오정합은 여전히 발생한다.

RDS 기준영상에 LoG를 취하여 얻은 경계영상이 그림4.3이다. 그림4.4는 제안한 방법으로 변위도를 얻은 과정을 그림4.4의 (a)부터 (d)으로 나타내었다. 변위값들이 세대를 거듭할수록 뚜렷해지는 것을 볼 수 있다. 그림4.4의 (d)는 제안한 방법이 19세대 진행된 후 얻은 최종 결과이다. 그림(4.2)에서 확인했던 영역기반 정합의 문제점인 경계선 부근의 오정합 문제가 개선되었으며 전체적으로 정확한 변위도를 구할 수 있었다.

각각의 방법으로 얻은 변위도의 평균제곱오차와 정합율을 표(4.2)로 나타내었다.

표 4.2 50% RDS의 평균제곱오차와 정합율 비교
 Table 4.2 Comparison of MSE and matching rate
 for 50% Random dot stereogram

	MSE	정합율(%)
3×3 SAD	1.9065	74.934
다중창 기법	0.62855	94.124
제안한 방법	0.48269	95.154

이 실험을 통해서 제안한 방법이 질감영상에서 영역기반 방법보다 더 좋은 결과를 얻을 수 있음을 확인할 수 있었다.

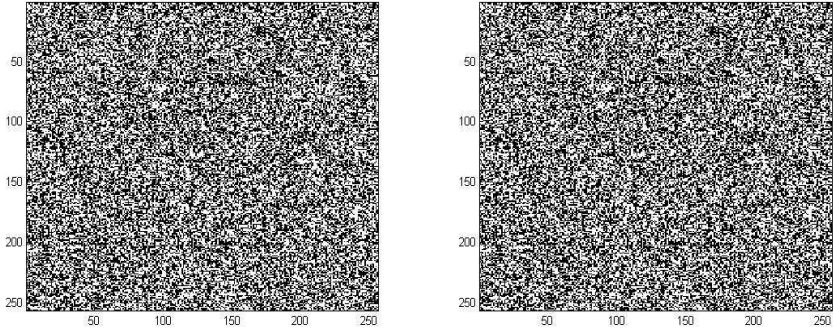


그림 4.1 50% RDS 영상

Fig. 4.1. 50% Random Dot Stereogram

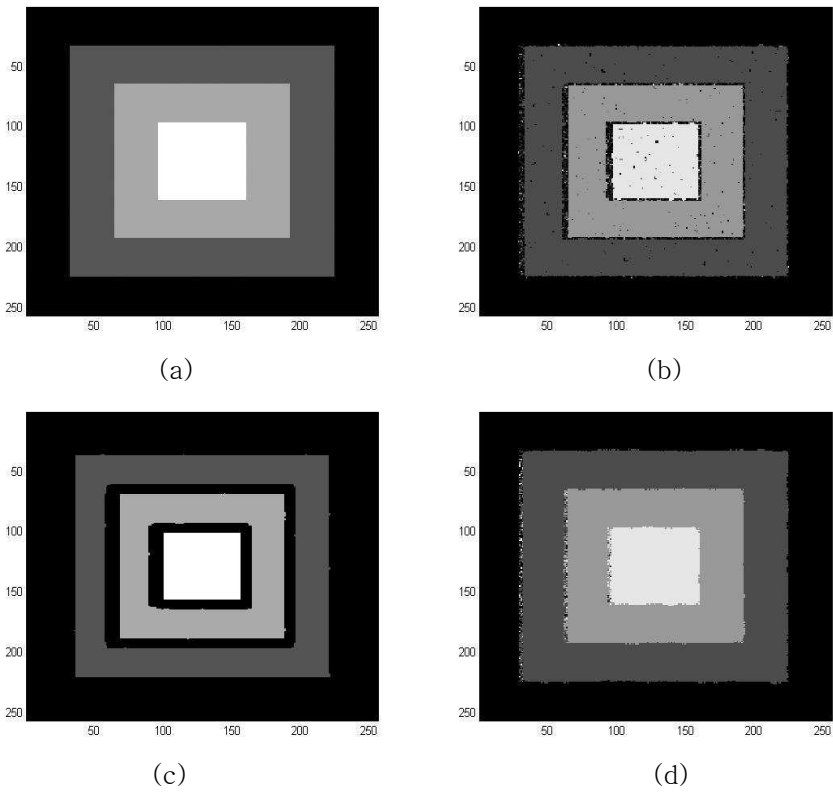


그림 4.2 사실 변위도와 여러 가지 영역기반 정합으로 얻은 RDS의 변위도

(a) 사실 변위도 (b) 3×3 (c) 5×5 영역 SAD (d) 다중창 기법

Fig. 4.2. Ground truth and disparity maps obtained with several area-based methods

(a) Ground truth (b) 3×3 (c) 5×5 -windowed SAD (d) Multiple window method

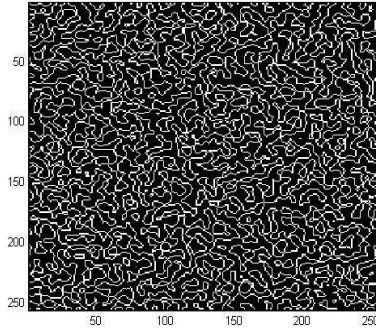
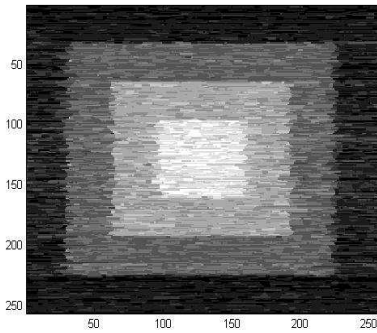
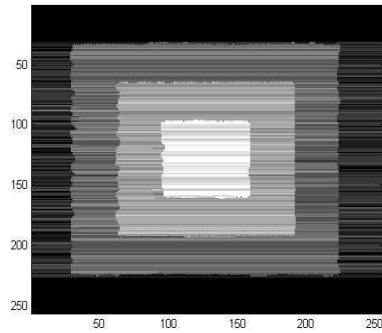


그림 4.3 RDS의 좌영상의 LoG경계영상

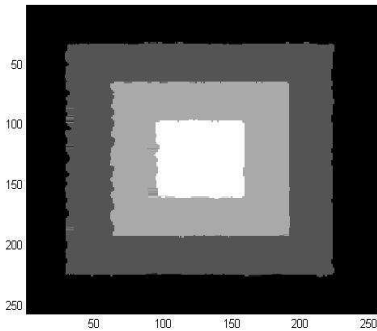
Fig. 4.3. LoG edge image extracted from left image of RDS



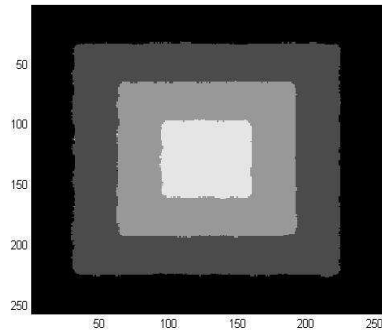
(a)



(b)



(c)



(d)

그림 4.4 (a) 4, (b) 9, (c) 14, (d) 19세대 후 결과

Fig. 4.4. (a) 4, (b) 9, (c) 14, (d) Result after 19 generations

합성영상에 대한 다른 실험은 50% RDS영상에 각각 분포가 다른 20%의 소금후추(salt & pepper) 잡음을 첨가하여 실험하였다. 교배확률, 돌연변이확률, 정합비용함수의 가중치와 초기집단을 형성하는 모든 조건들이 이전 실험과 동일하게 주어졌다. 영역기반 정합으로 얻은 정합비용함수의 최소값과 그 다음 최소값의 차이가 10% 미만이어야 한다는 최소값 제약조건을 추가하여 실험하였다.

실험에 사용한 잡음이 섞인 RDS영상은 그림4.5와 같다. 3×3 창기반의 SAD로 얻은 결과가 그림4.6과 같다. 좌우영상에 각각 다르게 분포된 잡음으로 인해 정합이 제대로 이루어지지 않았다. 5×5 다중창 기법[15]을 사용하여 얻은 결과가 그림4.6의 (a)이다. 전체적인 오정합 빈도는 눈에 띄게 줄어들었지만 경계선부근에서 오차가 심하게 나타나는 것을 확인할 수 있다. 제안한 방법으로 30번 반복시켜 얻은 변위도가 그림4.7과 같다. 잡음의 영향으로 부분적인 오정합이 발생했지만 경계선 부근에서 다른 방법들에 비해 정확한 변위를 얻을 수 있었다.

표 4.3은 다중창 기법과 제안한 방법에 대한 평균제곱오차와 정합율을 나타내고 있다.

표 4.3 20% 잡음 섞인 50% RDS의 평균제곱오차와 정합율 비교

Table 4.3 Comparison of MSE and matching rate for 50% Random dot stereogram with 20% noise

	MSE	정합율(%)
다중창 기법	3.3577	74.714
제안한 방법	0.75791	75.15

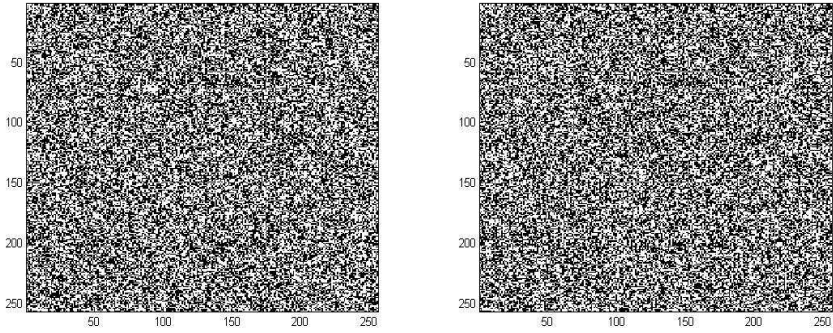


그림 4.6 50% RDS with 20% noise

Fig. 4.6. 50% Random Dot Stereogram with 20% noise

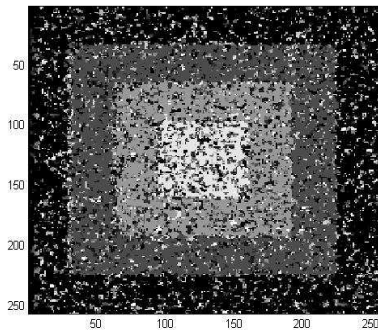
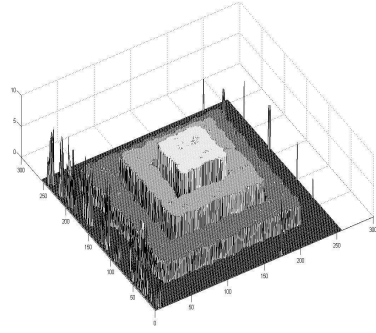
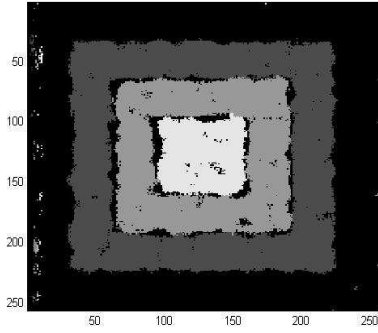
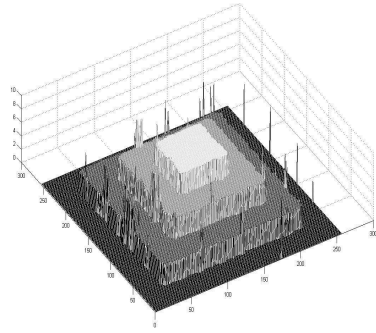
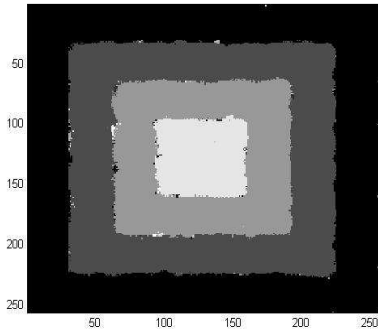


그림 4.7 3×3 SAD로 얻은 결과

Fig. 4.7. Result of 3×3 -windowed SAD



(a)



(b)

그림 4.8 (a) 다중창기법

(b) 제안한 방법으로 30세대 반복해서 얻은 결과

Fig. 4.8. (a) Multiple-window method

(b) Result of the proposed method after 30th generation

venus 영상[42]을 사용하여 다른 방법들로 얻은 변위도와 비교해보았다. venus영상은 수평방향으로 변위의 불연속이 다른 영상들에 비해 심하고 수직 방향으로 세밀하게 변위가 변하는 특징을 가지고 있다. 혼합기법, 동적계획법 그리고 multi-resolution GA로 얻은 결과와 제안한 방법의 결과를 비교하였다. 그 외 실험조건은 표(4.4)과 같다.

표 4.4 Venus 영상에 대한 실험 조건

Table 4.4 Experimental condition about Venus image

영상 크기	434 × 383
실제 변위범위	[4, 14]
변위 탐색범위	[0, 20]
후보 변위를 얻는데 쓰인 창개수와 종류	4개 (3 × 3, 5 × 5, 7 × 7, 9 × 9)
명암도 차이에 쓰인 창크기	5 × 5
교배확률	0.9 (90%)
교배와 돌연변이 연산에 쓰인 매개변수	$\tau_0 = 2, t = 0.2, \beta = 5$
정합비용함수 가중치 (ω_f/ω_d)	0.5/0.2
집단내 개체개수	50

실험에 사용한 venus영상이 그림4.9와 같다. 사실 변위도는 그림4.10이다. 동적계획법으로 얻은 결과가 그림4.11의 (a), 혼합기법(cooperative method)로 얻은 결과가 그림4.11의 (b), multi-resolution 유전 알고리즘으로 얻은 결과가 그림4.11의 (c)이다. 기준영상을 LoG처리하여 얻은 경계영상과 제안한 방법으로 얻은 결과를 각각 그림4.12과 그림 4.13로 나타내었다.

육안으로 각각의 방법으로 얻은 변위도를 확인했을 때 제안한 방법의 결과가 다른 방법들에 비해 경계선 부근에서 정확도가 많이 떨어졌고 점진적으로 변하는 수직방향의 변위도 정확히 반영하지 못했다. 이 영상의 좌우에 위치한 신문과 포스터의 변위가 뒷 배경에 비해 상대적으로 크다. 즉 두 영상중 한쪽에만 존재하는 폐색(occluding) 영역이 다른 실험영상에 비해 크므로 경계선 부근에서 다른 실험에 비해 오정합의 정도가 심하다. 그리고 영상의 모든 개체들이 뒤쪽으로 기울어져있어서 수직방향으로 변위가 점진적으로 변한다. 이 실험에

서 제안한 방법이 좋은 성능을 보이지 못하는 이유는 정합비용함수의 수직방향 변위 평활성 요소가 정확한 정합을 방해했기 때문이다. 수직방향 변위 평활성 요소는 수직방향으로 근처의 변위값과 유사하다는 의미를 갖는 요소이므로 본 영상에는 적합하지 않은 비용함수요소이다.



그림 4.9 Venus 영상

Fig. 4.9. Venus images

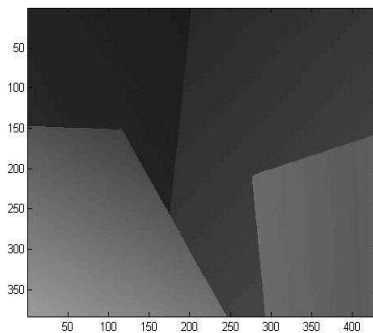
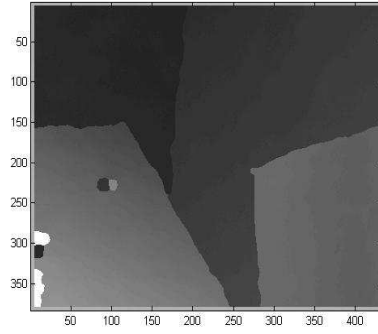
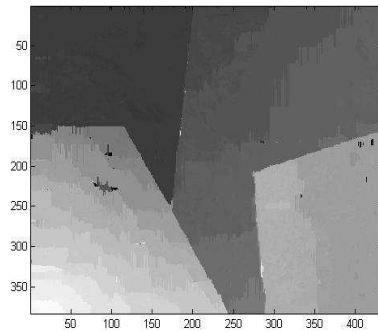


그림 4.10 사실 변위도

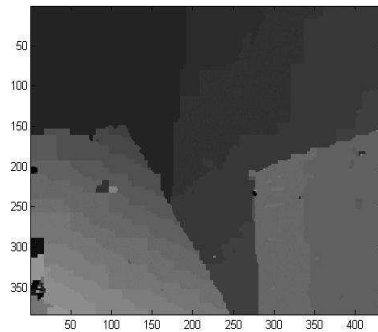
Fig. 4.10. Ground truth image



(a)



(b)



(c)

그림 4.11 Venus 영상의 변위도

(a) 혼합기법 (b) 동적계획법 (c) Multi-resolution 유전 알고리즘

Fig. 4.11. Disparity map of venus

(a) Cooperative method (b) Dynamic programming (c) Multi-resolution GA

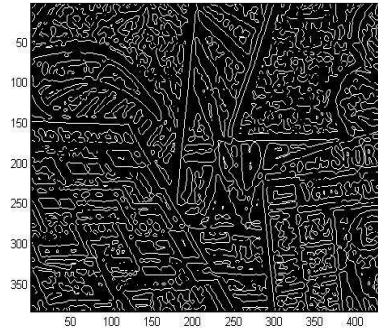


그림 4.12 경계 영상
Fig. 4.12. Edge image

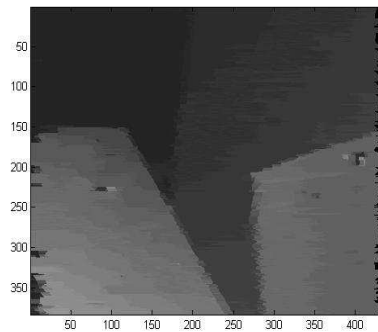


그림 4.13 제안한 방법으로 얻은 변위도
Fig. 4.13. Disparity map obtained with the proposed method

4.2 실제 영상 실험

실제 영상을 이용하는 실험에는 Tsukuba 대학에서 촬영한 Tsukuba 영상 [14]을 사용했다. 이 영상은 24비트 RGB영상이다. 칼라 공간은 Ohta가 제안한 R, G, R-B를 사용하였다[40]. 21×21 창기반의 min filtered-SAD 기법, 혼합기법(cooperative method), 동적계획법(dynamic programming) 그리고 일반적인 유전 알고리즘으로 얻은 결과와 비교하였다[30,40-41]. 그 외 실험 조건은 표 4.5와 같다.

표 4.5 Tsukuba 영상에 대한 실험 조건

Table 4.5 Experimental condition about Tsukuba

영상 크기	384×288×3 (칼라영상)
실제 변위범위	[5, 14]
변위 탐색범위	[0, 20]
후보 변위를 얻는데 쓰인 창개수와 종류	4개 (3×3, 5×5, 7×7, 9×9)
명암도 차이에 쓰인 창크기	5×5
교배확률	0.9 (90%)
교배와 돌연변이 연산에 쓰인 매개변수	$\tau_0 = 3, t = 0.2, \beta = 5$
정합비용함수 가중치(ω_f/ω_d)	0.3/0.2
집단내 개체개수	50

사실 변위도는 그림4.15의 (a)와 같다. 21×21 창기반의 SAD에 같은 크기의 최소값 필터를 통과시켜 얻은 변위도가 그림 4.15의 (b)이다. 혼합기법으로 얻은 변위도가 그림4.15의 (c)이고, 동적계획법을 적용하여 얻은 변위도가 그림 4.15의 (d)이다. (b)와 (c)는 변위 평활성에 중점을 두고 동작하는 방법들이기 때문에 전체적으로 평활한 변위도를 얻을 수 있는 반면 객체의 경계선을 보존하지 못하는 단점이 있음을 확인할 수 있었다. 동적계획법을 적용한 방법은 다른 방법들에 비해 경계선 부근이 뚜렷하게 보존되지만 전체적으로 평활한 변위도를 얻기 힘들다.

Tsukuba 영상의 기준영상을 LoG처리하여 얻은 경계영상이 그림4.16과 같다.

초기집단을 무작위로 생성하여 일반적인 유전 알고리즘을 강제적으로 30세대 반복한 결과가 그림4.17와 같다. 유전 연산자로는 블록교배(교배확률 0.9)와 무작위 돌연변이(돌연변이확률 0.01)를 사용하였다. 강제적으로 30세대를 반복했지만 10세대가 끝날 때 이미 지역해에 수렴하여 집단 내 모든 개체가 똑같아졌다. 제안한 방법을 30 세대 반복한 후 얻은 결과가 그림4.18이다. 경계선 부근에서 다소 부정확한 변위값을 얻었지만 영역기반 정합에 비해 전체적인 오정합의 빈도가 개선되었다. 경계선 부근에서 오정합이 발생한 영역은 대응점을 찾지 못한 폐색 영역이다.

표 4.6은 각각의 방법으로 얻은 변위도에 대한 평균제곱오차와 정합율을 나타낸다.

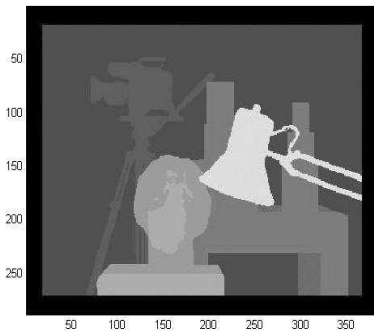
표 4.6 Tsukuba 영상의 평균제곱오차와 정합율 비교

Tabel 4.6 Comparison of MSE and matching rate for Tsukuba image

	MSE	정합율
Min-filtered SAD	4.0212	82.70
Cooperative method	2.5666	86.51
Dynamic programming	2.0707	81.40
제안한 방법	1.4598	95.39



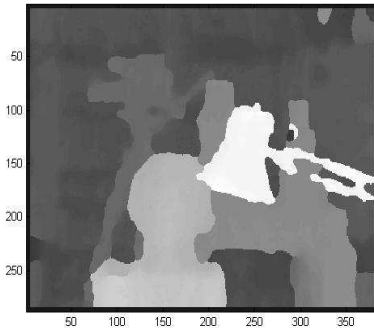
그림 4.14 Tsukuba 영상
 Fig. 4.14. Image pair of Tsukuba



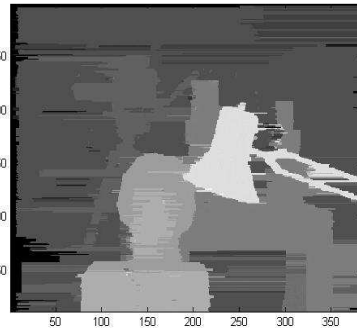
(a)



(b)



(c)



(d)

그림 4.15 사실 변위도와 여러 가지 방법으로 얻은 변위도

(a)사실 변위도 (b) min-fitered SAD

(c) 혼합기법 (d) 동적계획법

Fig. 4.15. Ground truth and disparity maps obtained with several methods

(a) Ground truth image (b) min-fitered SAD

(c) cooperative method (d) dynamic programming

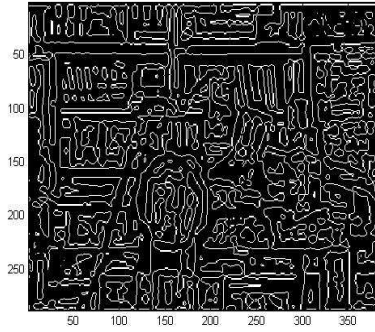


그림 4.16 Tsukuba 좌영상에서 얻은 경계영상

Fig. 4.16. Edge of left image of Tsukuba

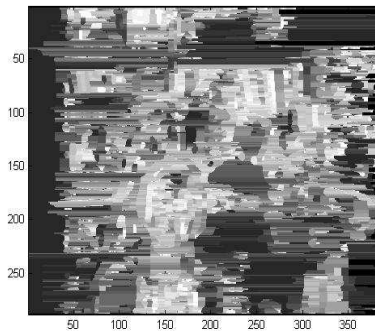


그림 4.17 무작위로 초기집단 생성 후 유전 알고리즘을 적용한 영상

Fig. 4.17. Result of the GA after generating initial population randomly

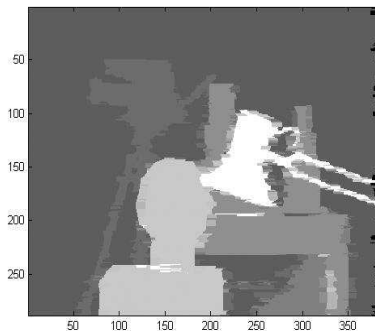


그림 4.18 제안한 방법으로 얻은 변위도

Fig. 4.18. Disparity map obtained with the proposed method

제 5 장 결 론

본 논문에서는 경계선 정보와 유전 알고리즘을 사용하는 스테레오 정합 방법을 제안하였다. 제안한 방법은 조밀한 기준영상의 경계선을 검출하기 위해 LoG 연산자를 사용하였고 이를 이용해 동일한 변위값을 갖는 개체의 영역과 염색체의 구조를 정의하였다. 그리고 스테레오 정합문제를 최적화 문제로 간주하고 최적화 문제 해결에 좋은 성능을 보이는 유전 알고리즘을 스테레오 정합 환경에 맞게 변형하여 적용하였다.

제안한 방법은 경계선 정보를 이용함으로써 개체의 영역을 쉽게 추정할 수 있었고 이를 통해 경계선 부근에서 오정합을 발생시키는 영역기반 정합의 단점을 보완할 수 있었다. 그리고 검출한 경계선 정보로 염색체의 구조를 영상에 따라 적응적으로 정의할 수 있기 때문에 유전 알고리즘을 적용하기가 용이했다.

유전 알고리즘을 적용하기 위해 후보변위를 얻어서 초기집단을 정의하였고 산술적인 복합 교배와 다점 교배를 혼합한 교배연산자를 사용하여 해를 탐색하였다. 이는 기존의 유전 알고리즘을 이용한 방법들과 달리 후보변위를 통해 유력한 탐색범위를 제한할 수 있으므로 효율적으로 해를 탐색할 수 있었고 교배 연산시 제한된 해공간을 약간 확장하여 탐색할 수 있기 때문에 초기집단이 포함하지 못한 정보를 찾아낼 수 있었다. 그리고 정합비용함수를 영역기반 정합의 정합비용함수와 변위 평활성, 변위 순서성의 조합으로 정의하고 유전 알고리즘의 목적함수로 사용함으로써 진화를 통해 정확한 결과를 얻을 수 있었다.

제안한 방법으로 경계선 부근이나 질감이 약한 영역에서의 오정합을 감소시켰고 전체적으로 조밀한 변위도를 얻을 수 있음을 실험을 통하여 확인할 수 있었다. 여러 가지 영상에 대해 실험을 한 결과 제안한 방법이 기존의 영역기반 정합과 비교해 오정합의 빈도가 줄었고 오정합의 오차도 많이 감소시킨다는 사실을 확인할 수 있었다. 이는 영역기반 정합의 장점인 전체적인 변위도의 정확

도가 보장되는 동시에 영역기반 정합의 단점인 경계선 부근에서 오정합이 발생하는 문제를 제안한 방법이 보완해준다는 것을 의미한다.

그러나 깊이 정보가 불연속적인 영상에 존재하는 거대한 폐색영역에서 오정합이 발생하는 단점이 있었다. 따라서 제안한 방법에 깊이의 변화가 심한 영상에 존재하는 큰 폐색영역을 검출하여 정확한 변위를 추정할 수 있는 방법에 연구가 계속 되어야 하겠고 비용함수에 쓰이는 적당한 가중치를 자동으로 산출할 수 있는 방법과 제안한 방법의 효율성과 정확성을 향상시킬 수 있는 경계선 검출 방법 및 계산 시간 단축을 위한 연구도 계속 되어야 하겠다.

참고 문헌

- [1] S. Thompsom and S. Kagami, "Humanoid robot localisation using stereo vision," *In Proceedings of 2005 5th IEEE-RAS International Conference on Humanoid Robots*, pp. 19-25, 2005.
- [2] W. Burgard, D. Fox, D. Henning, and T. Schmidt, "Estimating the absolute position of a mobile robot using position probability grids," *In Proceedings of National Conference on Artificial Intelligence (AAAI'96)*, 1996.
- [3] Y. Matsumoto, M. Inaba, and H. Inoue, "Memory-based navigation using omni-view sequence," *International Conference of Field and Service Robotics*, pp. 184-191, 1997.
- [4] S. Thompson and A. Zelinsky, "Accurate local positioning using visual landmarks from a panoramic sensor," *In Proceedings of IEEE International Conference on Robotics and Automation*, vol. 3, pp. 2656-2661, 2002.
- [5] U. Franke and A. Joos, "Real-time stereo vision for urban traffic scene understanding," *In Proceedings of the IEEE Intelligent Vehicles Symposium 2000*, Dearborn, USA, pp. 273-278, 2000.
- [6] J. Kogler, H. Hemetsberger, B. Alefs, W. Kubinger, and W. Travis, "Embedded stereo vision system for intelligent autonomous vehicles," *Intelligent Vehicles Symposium 2006*, Tokyo, Japan, pp. 64-69, 2006.
- [7] G. Stockman, S. Chen, G. Hu, and N. Shrikhande, "Sensing and recognition of rigid objects using structured light," *IEEE Control Systems Magazine*, vol. 8(3), pp. 14-22, 1988.
- [8] W. Eric L. Grimson, "Computational experiments with a feature

- based stereo algorithm," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 7(1), pp. 17-34, 1985.
- [9] G. Medioni and R. Nevatia, "Segment-based stereo matching," *Computer Vision Graphics Image Process*, vol. 31, pp. 2-18, 1988.
- [10] R. Horadu and Th. Skordas, "Stereo correspondence through feature grouping and maximum cliques," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 11(11), pp. 1168-1180, 1989.
- [11] N.M Nasrabadi, "A stereo vision technique using curve segments and relaxation matching," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 14(5), pp. 566-572, 1992.
- [12] S.B. Marapane and M.M. Trivedi, "Region-based stereo analysis for robotics applications," *IEEE Transactions on Systems Man and Cybernetics*, vol. 19(6), pp. 1447-1464, 1989.
- [13] M. Okutomi and T. Kanade, "A multiple-baseline stereo," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol. 15(4), pp. 353-363, 1993.
- [14] T. Kanade and M. Okutomi, "A stereo matching algorithm with an adaptive window: theory and experiment," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol. 16(9), pp. 920-932, 1994.
- [15] A. Fusiello, V. Roberto, and E. Trucco, "Efficient stereo with multiple windowing," *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR '97)*, pp. 858-868. 1997.

- [16] J.-J. Lee, J.-C. Shim, and Y.-H. Ha, "Stereo correspondence using hopfield neural of new energy function," *The Journal of the Pattern Recognition Society*, vol. 27, pp. 1513-1522, 1994.
- [17] J. (Juyang) Weng, "Image matching using the windowed Fourier phase," *International Journal of Computer Vision*, vol. 11(3), pp. 211-236. 1993.
- [18] H. Saito and M. Mori, "Application of genetic algorithms to stereo matching of images," *Pattern Recognition Letters*, Vol. 16(8), pp. 815-821, 1995.
- [19] K.-P. Han, K.-W. Song, E.-Y. Chung, S.-J. Cho, and Y.-H. Ha, "Stereo matching using genetic algorithm with adaptive chromosomes," *The Journal of the Pattern Recognition*, Vol. 34(9), pp. 1729-1740, 2001.
- [20] Y.S. Kim, J.-J. Lee, and Y.-H. Ha, "Stereo matching algorithm based on modified wavelet decomposition process," *The Journal of the Pattern Recognition*, vol. 30, pp. 929-952, 1997.
- [21] J.K. Aggarwal and U.R. Dhond, "Structure from stereo - a review," *IEEE Transactions on Systems Man and Cybernets*, vol. 19(6), pp. 1489-1510, 1989.
- [22] J. Holland, *Adaptation in natural and artificial systems*, MIT Press, Cambridge, MA, USA, 1992.
- [23] Y. Wei and L. Quan, "Region-based prograssive stereo matching," *In Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, vol. 1, pp.106-113, 2004
- [24] R. Collins and J. Beveridge, "Matching perspective views of

- coplanar structures using projective unwarping and similarity matching," *In Proceedings on International Conference of Computer Vision and Pattern Recognition*, pp 240-245, 1993.
- [25] E. Zagrouba and C. Krey, "Region matching by adjacency propagation in stereo vision," *In Proceedings on Second International Conference on Automation, Robotics and Computer Vision(ICARCV'92)*, Hyatt Regency, Singapore, pp. CV. 8.5.1-CV .8.5.5, 1992.
- [26] W. Eric L. Grimson, "Computation experiments with a feature based stereo algorithm," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol. PAMI-7(1), pp. 17-33, 1985.
- [27] G. Fielding and M. Kam, "Applying the Hungarian method to stereo matching," *In Proceedings on 1997 IEEE Conference on Decision and Control*, pp. 549-558, 1997.
- [28] C. Sun, "*A fast stereo matching method*," *Digital Image Computing: Techniques and Applications*, pp. 95-100, 1997.
- [29] S. Randriamasy and A. Gagalowicz, "Region based stereo matching oriented image processing," *In Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, Lahaina, Hawaii, IEEE Computer Society Press, pp. 736-737, 1991.
- [30] 진강규, "유전 알고리즘과 그 응용," 교우사, 2000.
- [31] L. Eshelman and J. Schaffer, "Real-coded genetic algorithms and interval-schemata," *Foundations of Genetic Algorithms*, Vol. 2, Morgan Kaufmann Publishers, San Francisco, pp. 187-202, 1993.
- [32] P.H. Winston, "*Learning by simulating evolution, artificial*

intelligence," 3rd Edition, Addison-Wesley, New York, pp. 505-528, 1993.

[33] D.B. Fogel, "Evolutionary computation: comments on the history and current state," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, vol. 1(1), pp. 3-17, 1997.

[34] M. Gen and R. Cheng, "*Genetic algorithms and engineering optimization*," John Wiley & Sons, New York, 2000.

[35] D. Dumitrescu, B. Lazzarini, L.C. Jain, and A. Dumitrescu, "*Evolutionary computation*," CRC Press International Series on Computational Intelligence, 2000.

[36] Kwang Y. Lee and P.S. Mohamed, "A real-coded genetic algorithm involving a hybrid crossover method for power plant control system design," *Proceedings of the 2002 Congress on Evolutionary Computation(CEC '02)*, vol. 2, pp. 1069-1074, 2002.

[37] 주재흠, 신흥철, 강창순, 이상욱, 남기곤, "폐색 영역을 고려한 밝기 기반 쌍방향 스테레오 정합," 대한전자공학회논문지, vol. 36, no. 5, pp. 88-95, 1999.

[38] 주재흠, 오종규, 설성욱, 이철훈, 남기곤, "에지 정보를 강조한 동적계획법에 의한 스테레오 정합," 대한전자공학회논문지, vol. 36, no. 10, pp. 123-131, 1999.

[39] Y. Ohta, T. Kanade, and T. Sakai, "Color information for region segmentation," *Computer Graphics and Image Processing*, vol. 13-2, pp. 222-241, 1980.

[40] L. Zitnick and T. Kanade, "A cooperative algorithm for stereo matching and occlusion detection," *IEEE Transactions on Pattern*

Analysis and Machine Intelligence, vol. 22(7), pp. 675-684, 2000.

- [41] 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.