

확률맵 기반 유전자 알고리즘에 의한 ROI 검출

박희정*

¹안동과학대학 컴퓨터정보과

ROI Detection by Genetic Algorithm Based on Probability Map

Hee-Jung Park^{1*}

¹Dept. of Computer Information, Andong Science College

요 약 본 연구에서는 인물영상에서 입술영역을 검출하기 위한 확률맵 기반 유전자 알고리즘을 제안한다. 하나의 최적해 탐색에 사용되었던 기존 유전자 알고리즘을 수정하여 입술과 같은 영역 검출에 부합하는 다수의 해를 얻도록 적용한다. 이를 위해 공간좌표를 의미하는 염색체로 각 개체를 표현하고, 보존구간, 세대수에 따른 부분 균일교배, 비중복 선택 등의 유전연산 방법을 도입한다. 또한 HSV 칼라공간에서 HS성분에 대한 확률맵을 제안하고, 이를 적용함으로써 유전자 알고리즘의 속성인 유사 색상에 대한 적응성을 더욱 증대한다.

실험을 통하여 제안한 알고리즘의 성능을 좌우하는 주요 파라미터 분석, 종료 함수의 종료 조건 β 의 최적값 평가 분석 그리고 교배 방법에 따른 성능 평가 결과를 분석하였으며, 입술 이외의 관심객체 변경에 따른 다른 ROI(Region Of Interest)의 검출에도 유연하게 적용할 수 있음을 관찰하였다.

Abstract This paper propose a genetic method based on probability map to detect region of the lips on a natural image with the faces. The method has many solutions in order to detect regions such as the lips instead of one optimal solution of existing methods. To do this, it represents a pair of spatial coordinates as a chromosome, and introduces genetic operations like conservation interval, the number of generations and non-overlapping selection. By using the probability map of the HS in HSV color space, it increases adaptability to similar color that is a property of genetic algorithm.

In our experiments, the optimal value of the important parameter β was analyzed, which was used as the condition of an ending function and affected performance of the proposed algorithm. Also the algorithm was analyzed on what performance it has when its mating methods are different. The results of the experiment showed that our algorithm could be flexibly adapted for detecting other ROIs.

Key Words : Genetic Algorithm, Probability Map, Lips Detection, Region of Interest

1. 서론

멀티미디어 기술의 급속한 발전과 더불어 문자 정보뿐만 아니라 영상, 음성 등을 포함한 대용량의 멀티미디어 정보가 가용하게 되었다. 영상 데이터로부터 관심영역의 추출은 그 내용에 기반한 색상, 질감, 모양 등의 시각적 특징 정보를 이용하여 고속으로 수행되어야 한다. 잡음이 많은 환경의 자동 음성인식 시스템에서 입술 움직임과 같은 시각적인 정보의 이용은 시스템 성능 개선에 효율

적이다[1-3]. 특히, 영상 분할은 주어진 영상에서 동일 영역 내의 화소들간 동질성을 갖지만 서로 다른 영역간의 화소들간에는 동질성을 가지지 않도록 몇 개의 영역들로 구분하게 된다. 기존의 분할방법은 에지 기반 방법, 영역 기반 방법, 분리 및 병합 방법, 클러스터링 기반 방법 등 4가지로 구분할 수 있다[4]. 또한 최근에는 분할을 위해 유전자 알고리즘을 도입하는 연구가 활발히 진행되고 있다[5-13]. 유전자 알고리즘에 의한 영상 분할은 Bhanu[10]에 의해 처음으로 적용되었으며, GA의 학습 기

본 연구는 안동과학대학을 통해 2010년 교육과학기술부의 교육역량강화사업으로부터 지원받아 수행되었습니다.

*교신저자 : 박희정(kissphj@daum.net)

접수일 10년 07월 23일

수정일 10년 08월 09일

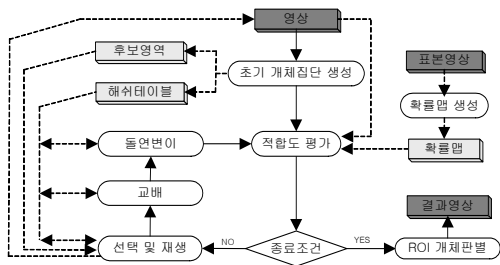
게재확정일 10년 08월 10일

능을 이용하여 환경 변화에 따른 최적의 분할 특징 값을 추출하였다. 또한 클러스터링의 결과를 이용하는 퍼지 (fuzzy) 함수에 기반 유전자 알고리즘에 의한 분할 방법도 제시되고 있으나, 클러스터 개수를 미리 지정해 주어야 하므로 일반 응용에는 한계가 있다[11]. Andrey[12,13]에 의한 연구에서는 입력영상 전체를 하나의 염색체로 표현함으로써 많은 처리시간을 요구하는 문제점을 가지고 있다.

따라서, 기존의 분할 알고리즘들과 최근의 유전자 알고리즘에 의해 지적되는 문제점인 입술과 피부와 같이 낮은 대비의 서로 다른 영역의 분할에서 인위적인 개입을 줄이는 강건한 방법이 요구된다. 이를 위해, 본 연구에서는 확률맵을 도입하고, 주어진 환경에 적응성이 우수한 유전자 알고리즘을 수정함으로써 확률맵 기반 유전자 알고리즘에 의한 ROI 검출을 제안한다.

2. 확률맵 기반 유전자 알고리즘

본 연구에서 제안하는 확률맵 기반 유전자 알고리즘의 전체적인 블록도는 그림 1과 같다.



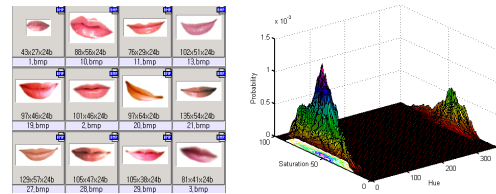
[그림 1] 확률맵 기반 유전자 알고리즘의 블록도

제안한 알고리즘은 표본영상의 칼라 분포를 분석하여 확률맵을 생성하는 과정, 영상에 제안 유전자 알고리즘을 적용하는 과정, 그리고 어떤 개체가 관심영역에 실제 포함될 수 있는지를 판별하는 ROI 개체 판별 과정으로 구성된다.

2.1 확률맵

확률맵 생성은 입술 성분만을 갖는 RGB 표본영상들을 HSV 칼라공간으로 변환하고, H와 S성분에 대한 누적빈도를 계산한다. 이러한 과정을 다수의 표본영상에 대해 수행한다. 이 결과의 누적빈도에는 특정 H,S좌표에 대해 값이 없거나 지나치게 큰 값으로 나타난다. 이를 제거하

기 위해 H,S 좌 누적빈도에 3x3 평균필터를 이용하여 저역통과 필터링을 하고, 필터링된 최종 누적빈도를 확률분포로 변환함으로써 확률맵을 생성한다. 그림 2의 (a)는 입술의 표본영상들을, (b)는 표본영상을 이용하여 생성된 H,S 확률맵을 나타낸다.

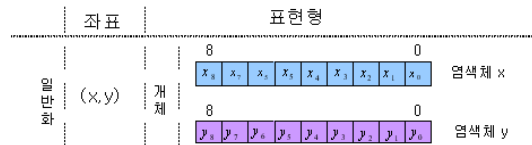


(a) 표본 영상 (b) 확률맵

[그림 2] 표본영상과 확률맵

2.2 초기 개체집단

제안 유전자 알고리즘은 입력영상의 공간좌표인 x와 y를 이진스트링으로 표현하여 염색체로 사용한다.



[그림 3] 공간좌표 및 개체의 표현형

```
typedef struct tagGENOTYPE{
    unsigned short  nChromX : CHROM_LENGTH;
    // 염색체 X
    unsigned short  nChromY : CHROM_LENGTH;
    // 염색체 Y
    double          dIFit; // 개체적합도(Individual Fitness)
    double          dRFit; // 상대적합도(Relative Fitness)
} GENOTYPE;
```

[그림 4] 개체의 유전자형

즉, 본 논문의 개체 표현형(phenotype)은 그림 3과 같다. 또한 개체에 대한 유전자형(genotype)은 그림 4와 같이 염색체 x와 y, 그리고 개체적합도와 상대적합도로 정의된다.

유전 연산자에 의해 연산할 때 염색체 x와 염색체 y는 서로 독립된다. 즉, 개체간 교배 등의 유전연산이 이루어질 때, 한 개체의 염색체 x는 다른 개체의 염색체 x하고만, 염색체 y는 다른 개체의 염색체 y하고만 연산한다. 본 연구의 실험에서 입력 영상의 최대 크기를 512x512로 제한하였기 때문에, 좌표를 나타내는 염색체 x와 y의 길

이는 각각 9비트를 사용한다.

초기 개체집단의 크기는 유전자 알고리즘의 처리시간에 영향을 주기 때문에 가능한 그 크기를 줄이기 위해 후보영역 개념을 도입한다. 후보영역은 YCbCr칼라공간에서 피부색의 범위를 이용한 식(1)에 의해 결정한다.

$$I_{cand}(Cb, Cr) = \begin{cases} 1, & \text{if } (77 \leq Cb \leq 132) \text{ and } (133 \leq Cr \leq 171) \\ 0, & \text{otherwise} \end{cases} \quad (1)$$

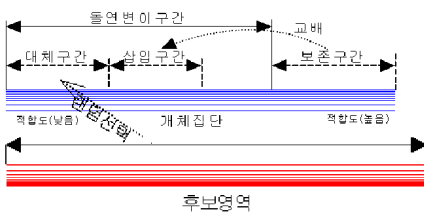
후보 영역의 크기 S_{cand} 가 결정되면 초기 개체집단의 크기 S_{pop} 는 식(2)와 같이 결정하며, 후보영역으로부터 그 크기만큼 개체를 추출하여 초기 개체집단을 형성하고 해쉬 테이블에 표시한다. 여기서, R_{pop} 는 후보영역의 크기에 대 초기 개체집단의 크기 비인 개체 집단을 나타낸 상수이다.

$$S_{pop} = R_{pop} \times S_{cand}, \quad 0 \leq R_{pop} \leq 1 \quad (2)$$

2.3 유전연산자 및 적합도 평가

적합도 평가는 개체집단에 포함된 개체를 대상으로 확률맵을 참조하여 평가하고, 적합도에 따라 내림차순 정렬하여 재배치한다. 임의의 개체의 적합도는 해당 개체의 염색체 x, y의 값을 이용하여 입력영상에서 해당 좌표의 화소 값을 HSV로

변환한 후, H, S값을 이용하여 확률맵에 대응하는 좌표의 값이다.



[그림 5] 대체 구간의 개체 선택

그림 5는 유전자연산에 의해 개체집단 내에 개체를 형성할 때의 방법을 나타낸다. 교배연산은 적합도가 높은 보존구간 내 개체 간에 발생하여 삽입구간에 삽입하며, 적합도가 낮은 대체구간에는 후보영역으로부터 랜덤선택하고, 돌연변이가 연산은 보존구간을 제외한 구간의 개체에 서만 발생된다.

유전연산자로 개체의 중복을 허용하지 않는 선택, 세대수가 진행됨에 따라 범위를 달리하는 부분 균일교배, 돌연변이가 사용되며, 이들 과정에서 각 개체의 적합도를

평가한다. 또한 각 연산은 각 개체의 염색체 x, y에 대해 모두 이루어진다.

2.3.1 비중복 개체선택

부모세대에서 자손세대로 유전시킬 개체를 취하는 선택 및 재생방법으로는 적합도가 높은 개체는 보존하고 적합도가 낮은 개체는 도태시키는 수정된 엘리트 보존 선택법을 사용한다. 도태된 개체의 자리는 후보영역에서 랜덤하게 선택하여 채우게 된다. 이 과정에서 개체집단에 대체되거나 삽입되는 개체는 해쉬집단을 이용하여 비중복 검사를 수행한다. 이미 개체집단에 포함된 개체는 버리는 반면, 그렇지 않은 개체는 해쉬테이블에 표시하고 개체집단에 포함시킨다.

보존개체수 S_{pre} 와 대체개체수 S_{rep} 는 식(3)과 식(4)와 같이 보존률 R_{pre} 과 대체율 R_{rep} 에 의해 결정된다. 여기서, 보존률과 대체율간에는 조건식 $0 \leq (2R_{pre} + R_{rep}) \leq 1$ 을 충족해야 한다.

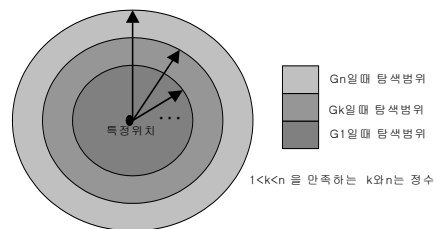
$$S_{pre} = R_{pre} \times S_{pop}, \quad 0 \leq (2R_{pre} + R_{rep}) \leq 1 \quad (3)$$

$$S_{rep} = R_{rep} \times S_{pop}, \quad 0 \leq (2R_{pre} + R_{rep}) \leq 1 \quad (4)$$

2.3.2 부분 균일교배

지역해를 찾기 위한 교배연산은 개체집단의 보존구간에 있는 개체에 대해서만 이루어지며, 적합도가 높은 순으로 상위 2개씩의 개체를 선택하여 변형된 균일교배를 실시한다. 이는 보존구간에 존재하는 개체들은 적합도가 높은 개체이기 때문에 다음 세대에 해당 우성의 유전자를 전달하기 위함이다.

본 연구에서의 변형된 균일교배 방법은 선택된 두 부모개체의 염색체간 균일교배를 하되, 하위 유전자 좌부터 교배를 시작하여 세대수가 증가할수록 점차 상위 유전자 좌로 교배점을 이동한다.



[그림 6] 세대수에 따른 탐색범위

따라서 보존구간 내 개체가 의미하는 화소의 인접 화

소와 대응하는 개체를 다음 세대에 유전시키면 다음 세대에서 보존구간에 남을 가능성이 그만큼 커지게 되는 것이다. 이러한 이유로 인접한 화소에 대응하는 개체를 선택할 수 있도록 하기 위해 초기 세대에서는 하위 유전자 좌를 교배하지만 세대가 증가할수록 바깥 화소에 대응하는 개체를 검색하기 위해 점점 상위 유전자 좌로 교배점을 이동시킨다.

그림 6는 세대에 따라 부분 균일교배에 의해 생성되는 개체의 탐색범위의 추이를 나타낸다. 변형된 균일교배를 위해서는 마스크를 결정하여야 한다. 이러한 마스크는 현재의 세대번호, 염색체 길이, 최대 세대수 및 최대 탐색범위 상수에 의해 결정된다. 교배점의 위치는 식 (5)에 의해 계산되며, 균일교배를 위한 마스크는 식 (6)에 의해 생성된다. 여기서, $\lceil \cdot \rceil$ 와 $\lfloor \cdot \rfloor$ 은 상한과 하한을 나타내며, G_{max} 는 최대 세대수, x 는 현재 세대 번호, C_{length} 는 염색체 길이, r 은 최대 탐색범위 상수, mod 는 나머지 연산자, num_{rand} 는 랜덤수, $pos(x)$ 는 교배점의 위치를 나타낸다.

$$pos(x) = \frac{C_{length} - \frac{C_{length}(G_{max} - x)}{G_{max} + 1}}{r}, \text{ for } 1 \leq x \leq G_{max} \quad (5)$$

$$mask = num_{rand} \bmod 2^{\lceil pos(x) \rceil} \quad (6)$$

일단, 식 (5)와 식(6)에 의해 교배에 사용될 마스크가 결정되면 개체집단의 보존구간에 있는 인접한 개체들 간에 식 (7)과 같은 방법으로 교배한다. 여기서 S_1 과 S_2 는 교배에 의해 생성되는 개체들이며, and, or 및 '은 각각 비트 논리연산자 AND, OR, NOT을 의미한다. $mask$ 는 식 (6)에 의해 세대에 의존하여 교배가 발생할 영역을 마스크된 비트열이다.

$$\begin{aligned} S_1 &= [P_1 \text{ and } mask'] \text{ or } [P_2 \text{ and } mask] \\ S_2 &= [P_2 \text{ and } mask'] \text{ or } [P_1 \text{ and } mask] \end{aligned} \quad (7)$$

교배연산을 통해 재생된 개체는 해쉬 테이블을 이용하여 개체 중복여부를 검사한 후 이미 개체집단에 있으면 폐기하고, 중복이 없으면 개체집단 내의 삽입구간에 삽입한다. 삽입구간은 보존구간을 제외한 개체집단 내의 적합도가 낮은 구간이다.

2.3.3 돌연변이

전역해를 찾기 위한 돌연변이는 보존구간을 제외한 개체집단내의 개체에서 발생되며, 돌연변이에 의해 발생한

개체는 후보영역을 포함한 입력영상의 전체공간을 탐색 영역으로 한다.

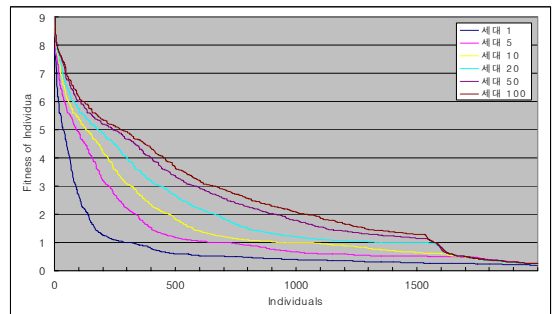
본 연구에서 돌연변이 개수 S_{mut} 는 돌연변이율 R_{mut} 에 의해 결정되며 식 (8)과 같다. 여기서, S_{mut} 는 돌연변이 크기를, R_{mut} 는 돌연변이율을, R_{pre} 는 개체보존률을, S_{pop} 는 개체집단 크기를, 그리고 C_{length} 는 염색체 길이를 의미한다.

$$S_{mut} = R_{mut}(1 - R_{pre})S_{pop}C_{length} \quad (8)$$

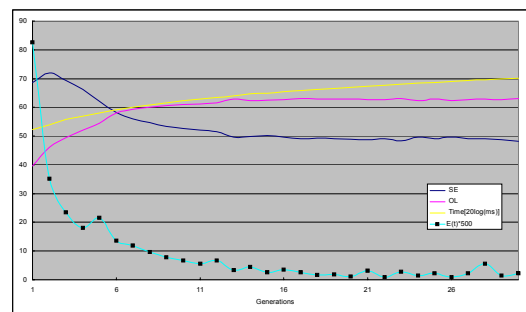
돌연변이가 발생하면 부모개체는 새로운 개체에 의해 그 자리에서 대체된다. 물론, 돌연변이가 발생한 개체도 교배에서와 마찬가지로 개체집단에 이미 포함되어 있는지를 검사하기 위해 해쉬 테이블을 참조하며, 포함되지 않은 경우에만 대체한다.

2.4 종료 조건

유전자 알고리즘은 그림 7과 같이 세대를 반복할수록 이전 세대와 현 세대간 개체적합도의 차가 일정 값으로 수렴되는 특성을 가진다. 이러한 특성을 이용하여 세대간 적합도의 차이를 고려하면 종료 함수 및 종료 조건을 결정할 수 있다.



[그림 7] 세대에 따른 개별 적합도 분포



[그림 8] 세대별 성능 분석

본 연구에서는 이러한 특성을 반영하도록 식(9)와 같이 종료함수를 정의한다. 여기서, t 는 세대 번호를, $f(t, i)$ 는 개체집단에서 세대 t 의 i 번째 개체의 적합도, S_{pop} 는 개체집단의 크기를 나타낸다.

$$E(t) = \sum_{i=0}^{S_{pop}-1} [f(t, i) - f(t-1, i)] \quad (9)$$

종료 조건으로 세대 t 에서 $E(t) < \beta$ 이면, 더 이상 세대 진행을 하지 않는다.

2.5 ROI 개체 판별

ROI 개체 판별은 최후까지 환경에 적응한 개체집단 중 실제로 관심영역에 포함되는 개체를 판별하는 과정이다. 상대적합도 곡선에서 기울기를 계산할 때 특정 개체에 의존하지 않도록, 식(10)과 같이 폭을 n 으로 하는 이동 평균 필터(moving average filter)를 이용하여 개체집단 내에서 기울기가 최대인도 치 cut_{pos} 를 결정한다. 정렬된 개체집단에서 cut_{pos} 를 경계로 적합도가 높 의췌 의입술 개체로 간주된다. 그러나 상대적합도의 크기가 10^{-m} 과 같이 매우 작할때문에 로그함수 $D_{log}(t, i)$ 를 통곡선 증폭한다. 여기서 T_{avg} 는 이동 평균 필터이고 $f_i(t, i)$ 는 세대 t 에서 i 번째 개체의 상대적합도이다.

$$\begin{aligned} cut_{pos} &= i \text{ if } \max [D_{avg}(t, i) - D_{avg}(t, i-1)], \text{ for } i = 0 \dots n \\ D_{avg}(t, i) &= T_{avg} [D_{log}(t, i)] \\ D_{log}(t, i) &= \begin{cases} \log_{10}^{f_i(t, i)} & \text{for } f_i(t, i) \neq 0 \end{cases} \end{aligned} \quad (10)$$

이는 관심영역에 포함된 개체와 관심영역 밖에 있는 개체간의 상대적합도의 차이가 크다는 사실에 기반하여 개체를 판별하는 것이다.

3. 실험 및 결과 분석

본 장에서는 관심영역인 입술영역의 분할을 위해 칼라의 얼굴영상을 대상으로 제안한 확률맵 기반 유전자 알고리즘을 적용하여 파라미터를 분석하고, 기존 방법과의 성능비교를 한다.

3.1 성능 평가 기준

제안 알고리즘의 성능 평가 기준으로 중첩백분율과 분할오류율, 처리시간, 그리고 세대수를 사용한다.

중첩 백분율(OL)은 제안 알고리즘에 의해 분할된 입술 영역 O 와 기준영상 R 간에 중첩 정도를 백분율로 나타낸 것으로 식 (11)과 같이 정의한다. 분할 오류율(SE)은 입술 영역의 화소가 입술영역이 아니라고 출력된 개수와 입술영역이 아닌데 입술영역의 화소로 출력된 개수를 기준영상의 전체 입술 화소 수에 대한 비율로 식 (12)와 같이 정의한다.

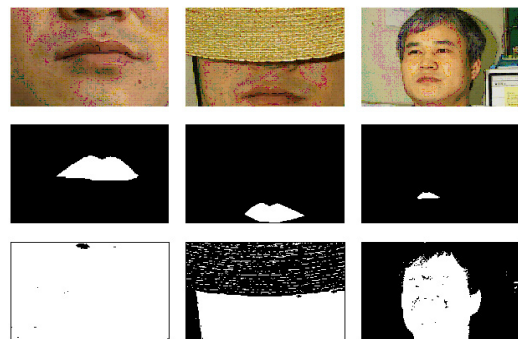
$$OL = \frac{2 \times |O \cap R|}{|O| + |R|} \times 100\% \quad (11)$$

$$SE = \frac{|R| + |O| - 2|R \cap O|}{2|R|} \times 100\% \quad (12)$$

또한 20log(ms)로 표현되는 처리시간(Time)과 유전자 알고리즘의 종료조건에 의한 세대수(Gen)를 사용한다.

3.2 주요 파라미터 분석

후보영역과 관심영역의 상대적인 크기에 따라 세종류의 영상 LL, SL, LS유형의 영상에 대해 주요 파라미터의 값을 가변하면서 성능을 평가한다. 그림 9은 분석에 사용된 각 유형의 입력영상과 관심객체, 후보영역의 영상을 나타낸다.



(a) LL유형 (b) SL유형 (c) LS유형

[그림 9] 분석 유형별 입력 영상

[표 1] 영상 유형에 따른 파라미터의 최적값

파라미터	설 명	LL	SL	LS
R_{pop}	초기개체집단을	0.3~0.5	0.3~0.5	0.5~0.8
R_{pre}	개체 보존률	0.3	0.3	0.1
R_{rep}	개체 대체율	0.3	0.3	0.2~0.3
R_{mut}	개체 돌연변이율	-	-	-

각 영상별로 파라미터를 0.1단위로 가변하면서 얻은 결과는 표 1과 같다. 초기개체집단의 크기는 ROI크기와 비슷하게 초기화할 때 우수하며, 보존률과 대체율은 후보

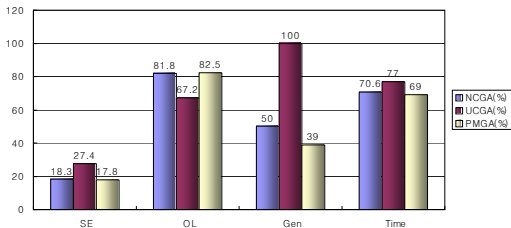
영역에 대한 ROI의 상대적인 크기에 비례하게 설정하는 것이 바람직한 것으로 나타났으며, 개체 돌연변이율은 성능에 큰 영향을 주지 않는 것으로 나타났다.

또한, 종료 조건을 분석한 결과, 정확도를 유지하면서 세대수를 최소로 하고자하는 경우는 $\beta=0.03$ 으로, 육안식별이 불가능한 정도의 정확도 유지를 원하는 경우는 $\beta=0.01$, 그리고 비교적 정확한 결과를 요구할 때는 $\beta=0.002$ 로 처리하는 것이 효과적임이 관찰되었다.

3.3 교배방법에 따른 성능 비교

그림 10은 동일한 입력 영상에 대해 교배방법을 사용하지 않은 경우(NCGA), 균일교배를 사용한 경우(UCGA), 그리고 제안 방법(PMGA)의 성능 비교 결과를 보여준다.

실험에 따르면, 기존 유전자 알고리즘에서 사용되는 대표적인 교배방법인 균일교배를 사용한 경우, 오히려 교배연산을 하지 않은 경우보다 성능이 낮다. 반면, 기존의 균일교배를 수정하여 제안한 부분 균일교배를 적용한 경우는 두 방법보다 성능이 개선된 것을 관찰할 수 있다.

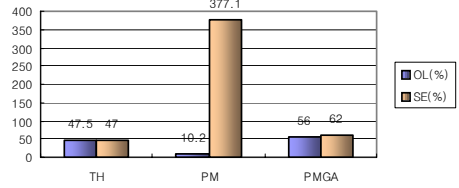
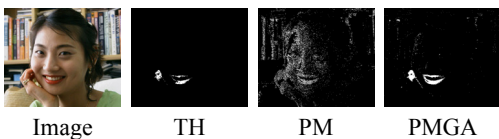


[그림 10] 성능의 비교 분석

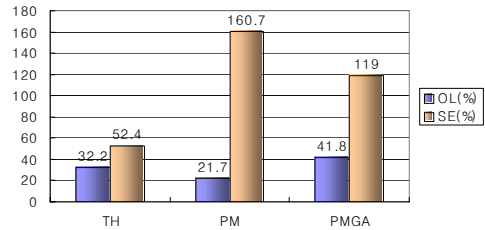
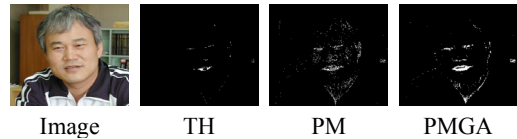
3.4 적응성 비교 분석

적응성 분석은 입력영상을 달리하였을 때의 성능을 분석하는 것으로, 화장여부에 따른 영상을 대상으로 제안 알고리즘을 적용한다. 실험결과 영상은 비교를 위해 ROI개체 판별처리를 수행하기 이전의 결과를 보인다.

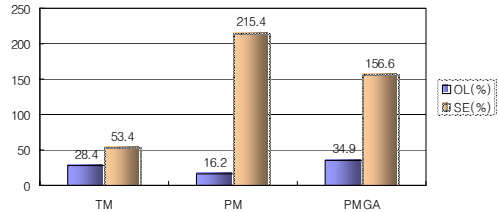
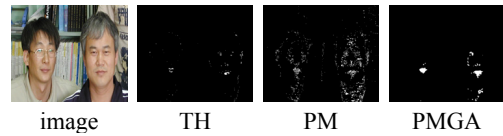
그림 11의 (a)는 makeup 입술에 대해, (b)는 no-makeup 입술에 대해 임계화방법(TH), 확률맵(PM), 제안 알고리즘(PMGA)에 처리한 결과 및 성능 그래프를 나타낸다.



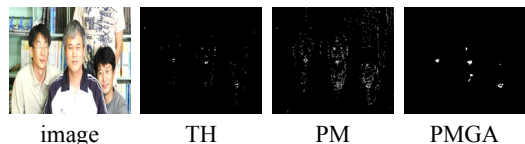
(a) makeup 영상

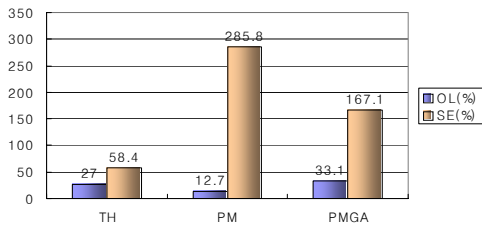


(b) no-makeup 1인 영상



(c) no-makeup 2인 영상





(d) no-makeup 3인 영상
[그림 11] 적응성 분석

그림 11의 결과 영상에서 TH방법이 우수한 듯 보이나, ROI의 윤곽이 분명치 않음을 관찰할 수 있다. 반면, PMGA에서는 적응성으로 인하여 주변의 다른 부분이 ROI화소로 출력되나, ROI의 윤곽은 보다 정확히 검출된 것을 확인할 수 있다. 이러한 기타의 잡음은 ROI 개체판별 처리에 의해 제거될 수 있다. 또한 실험 결과 입술영역이 2인 이상의 영상과 1인 영상은 유사한 결과를 나타내고 있음을 성능 평가 결과를 통해서 확인할 수 있었다. 결국 제안 방법이 makeup 혹은 no-makeup 영상에 대해 다른 방법에 비해 우수한 결과를 보임을 관찰할 수 있다.

4. 결론

본 연구는 단일 최적해의 검출을 목적으로 하는 것이 아니라 ROI의 최적 영역을 검출하는 것이 목적이다. 대부분의 ROI 분할 알고리즘은 색상 변화에 민감한 반응을 나타낸다. 본 논문에서는 유사한 칼라정보로 구성되는 관심객체내의 각 화소에 대한 적응성, 그리고 관심 객체의 종류 변경에 따른 유연성을 제공할 수 있는 확률맵 기반 유전자 알고리즘을 제안하였다. 또한, 관심영역을 구성하는 화소의 색상 정보에 대한 발생확률인 확률맵을 이용함으로써 직접적인 색상 정보 이용할 때 보다 넓은 색상 범위를 수용할 수 있다.

실험을 통하여, 첫째, ROI 분할에 있어 유전자 알고리즘의 성능을 좌우하는 주요 파라미터들을 가변하면서 출력된 결과를 통하여 최적값을 분석하였다. 둘째, 제시한 유전자 알고리즘에서 종료 함수의 종료 조건 β 의 최적값을 평가 분석하였다. 셋째, 교배 방법에 따른 성능 평가 결과를 분석하였다. 넷째, 객체 분할에 주로 이용되는 임계화방법과 본 논문에서의 확률맵에 의한 분할, 그리고 제안한 확률맵 기반 유전자 알고리즘간의 성능 비교를 하였다.

그러나, 근본적으로 HS 확률맵을 이용한다는 것은 칼라정보에 의존하므로 칼라정보가 빈약한 검정색 계열의

ROI 분할에 있어 제안 알고리즘의 적용은 부적합하다. 따라서 향후 연구방향은 질감, 모양 정보 등을 함께 고려한 검출 알고리즘 연구가 필요하다.

참고문헌

- [1] Liew A. W. C., Leung S. H., Lau W. H., "Lip Contour Extraction Using a Deformable Model", 2000 International Conference on Image Processing, Vol. 2, pp. 255-258, 2000
- [2] E.D. Petajan, "Automatic Lipreading to Enhance Speech Recognition", Proceeding of IEEE Global Telecommunication Conference, Atlanta, Georgia, pp. 265-272, 1984.
- [3] C. Bregler, H. Hild, S. Manke and A. Waibel, "Improving Connected Letter Recognition by Lipreading", IEEE International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing, pp. 557-560, 1993.
- [4] Y. J. ZHANG, "A Survey on Evaluation Methods for Image Segmentation," Pattern Recognition, Vol 9, No. 8, pp 1335-1346, 1996.
- [5] 류위, "유전 알고리즘에 기반한 클러스터링의 영상분할", 전북대학교 대학원 석사학위논문, 2006.
- [6] 임혁순, 박상성, 장동식, "유전자 알고리즘을 이용한 반자동 영상분할 시스템 개발", 한국컴퓨터정보학회 논문집, Vol. 11, No. 4, pp. 283-289, 2006.
- [7] 임혁순, "유전자 알고리즘을 이용한 대화형 영상분할 시스템 개발", 고려대학교 대학원 석사학위논문, 2007.
- [8] 오준택, 김현욱, "영역정보기반의 유전자알고리즘을 이용한 텍스트 후보영역 검출", 전자공학회논문지-SP, Vol. 45, No. 6, pp. 70-77, 2008.
- [9] Fu. X., Ding. M., Zhou. C., Sun. Y., "Multi-threshold image segmentation with improved quantum-inspired genetic algorithm", Progress in Biomedical Optics and Imaging (SPIE Proceedings Series), Vol. 7495, No. 1, 7495 18, 2009.
- [10] Bir Bhanu, Sungkee Lee, John Ming "Adaptive Image Segmentation Using a Genetic Algorithm," Transactions on Systems, Man., and Cybernetics, Vol. 25, No 12, pp. 1543-1567, 1995.
- [11] DAE N. CHUN, HYUN S. YANG, "Robust Image Segmentation Using Genetic Algorithm with a Fuzzy Measure," Pattern Recognition, Vol 29, No 7, pp. 1195-1211, 1996.

- [12] P. Andrey, P. Tarroux, "Unsupervised Image Segmentation Using a Distributed Genetic Algorithm," Pattern Recognition, Vol 30, No 7. pp. 659-673, 1994.
- [13] Philippe Andrey, "Selectionist Relaxation : Genetic Algorithms Applied to Image Segmentation," Image and Vision Computing, Vol. 17, pp. 175-187, 1999.

박 희 정(Hee-Jung Park)

[정회원]



- 1990년 2월 : 충북대학교 전자계산기공학과 졸업 (공학사)
- 1997년 2월 : 원광대학교 컴퓨터공학과 졸업 (공학석사)
- 2004년 8월 : 충북대학교 컴퓨터공학과 졸업 (공학박사)
- 1992년 3월 ~ 1997년 8월 : 백제예술대학 전산계장
- 1997년 9월 ~ 현재 : 안동과학대학 컴퓨터정보과 조교수

<관심분야>

영상처리, 컴퓨터그래픽스