

유전자 알고리즘을 이용한 MRF기반의 Texture분할

이 경 미[†] · 김 상 균^{††} · 김 항 준^{†††}

요 약

본 논문에서는 칼라 텍스처 영상의 MRF모델에서 새로운 파라미터 추정 방법을 제안한다. MRF모델은 RGB 칼라 면 내부의 상호작용뿐만 아니라 칼라 면들 사이의 상호작용도 고려한다. 모델에서의 파라미터들은 공간적 상호작용의 정도를 나타내며 균질한 영역들을 구별하기 위해 사용된다. 그러나 MRF모델을 기반으로한 칼라 텍스처 영상 모델링은 추정해야 할 파라미터 수가 너무 많다는 문제를 안고 있다. 본 논문에서는 이러한 계산상의 문제점을 해결하기 위해서 유전자 알고리즘을 사용한다. 제안한 방법의 유효성을 검증하기 위한 실험에서 칼라 자연 영상을 크기에 제한 없이 안정되게 영역 분할하였다.

An MRF-Based Texture Segmentation Using Genetic Algorithm

Kyung-Mi Lee[†] · Sang-Kyoon Kim^{††} · Hang-Joon Kim^{†††}

ABSTRACT

This paper proposes a new method for the parameter estimation in Markov Random Field(MRF) model of textured color images. The MRF models allow an image region to be described using a finite number of parameters that characterize spatial interactions within and between bands of a color image. An important problem is estimation of the parameters since the random field model-based textured color image is the mostly parametric model specified by a number of parameters. To deal with the problem, we use a genetic algorithm. A test with color images of natural scenes to verify the validity of the proposed method proves that the method is not affected by the size of the image and shows well-segmented images.

1. 서 론

영상처리와 분석의 많은 응용 중에 Markov Random Field(MRF)모델 같은 공간적 상호작용(spatial-interaction)모델이 텍스처를 모델링하는데 많이 사용되

고 있다[2,3,4,12]. 이 모델은 실세계의 사진 정보를 많이 필요로 하지 않으며 서로 근접한 이웃간의 공간적 지식을 정형화할 수 있는 효율적인 수단을 제공하기 때문에 영상 처리의 문제에서 효율적이다. 하지만 대부분 명암값(gray-level)으로 표현된 영상을 대상으로 하고 있으며, 보다 정교한 분할을 위해서는 실생활의 영상과 밀접한 칼라 정보를 이용하는 것이 바람직하다. 칼라 영상을 MRF모델에 적용한 연구 중 칼라 특징(feature)으로써 색조(hue)만 사용한 연구[5]가 있으며, 연구 [6]에서는 세 가지 칼라 면(bands)을 고려하였

* 본 논문은 1997년도 인제대학교 신입 교수 연구 정착금 보조에 의하여 연구되었음.

† 정 회 원 : 경북대학교 대학원 컴퓨터공학과

†† 정 회 원 : 인제대학교 정보컴퓨터학부 교수

††† 총신회원 : 경북대학교 컴퓨터공학과 교수

논문접수 : 1998년 3월 9일, 심사완료 : 1998년 7월 9일

으나 단지 경계부분에서만 칼라 면들 사이의 상호의존을 고려하였다.

칼라 텍스처들의 범위(range)를 보다 정확하고 합축적으로 표현하기 위하여, MRF모델의 특별한 경우인 Gaussian Markov Random Field(GMRF)모델이 제시되었다[1]. 칼라 텍스처를 GMRF모델로 표현하기 위해서 선결 되어야할 문제는 효과적인 파라미터 추정이다. 모델들의 파라미터추정은 매우 어려운 문제이며, 해결 방안으로서 기존의 연구[11,12]에서는 영상 유형에 적절한 학습데이터(training data)를 가정하였다. 그러나 이는 실 영상에 적용하기에는 비현실적인 방법이다. 따라서 최근에는 학습데이터를 필요로 하지 않는 자율영역분할을 시도하고 있다[7,8,9,10,13]. 연구[8]에서는 Gibbs 랜덤필드(GRF)의 동시 추정(simultaneous estimation)과 영역분할문제를 다루면서 파라미터들의 최대우도 측정치(MLE)와 분할영역의 최대사후 확률(MAP)을 구하기 위해 추정 공간을 변환하였다. 그러나 이 방법은 계산적으로 복잡한 함수를 필요로 한다. 연구[1]에서는 칼라텍스처를 정형화하기 위해 각 칼라 면들과 다른 칼라 면들 사이의 상호작용 관점에서 MRF모델을 사용하였다. 제약조건으로는 한 영역내의 화소의 개수가 추정되어야할 파라미터들의 수 보다 최소 두 배 이상이어야 된다는 것이다. 따라서 그 보다 작은 영역에서는 MRF모델을 사용할 수 없었다.

본 논문에서는 유전자 알고리즘을 이용한 GMRF 모델기반의 칼라텍스처 영상분할 방법을 제안한다. 유전자 알고리즘이 기존의 최적화 알고리즘과 다른 점은 점(point)이 아닌 군(population)에 기반으로 한 알고리즘으로서 최적화 공간에 대한 연속성이나 미분 가능성 등의 계산상의 제약을 받지 않는다는 점이다. 따라서 파라미터 추정시 복잡한 계산식을 거치지 않고 파라미터 수에 따른 영역의 크기에 제한을 받지 않는 안정된 값을 구할 수 있다.

제안한 방법은 일차적으로 칼라영상을 초기 분할한 뒤, 각 영역을 GMRF로 모델링 한다. 사용된 모델에서 칼라 텍스처는 한 화소에서 측정된 RGB값과 그 이웃 화소들에서 측정된 RGB값의 통계적 의존성의 관점으로 표현된다. 모델 파라미터는 유전자 알고리즘으로 구하며 이때 얻어진 최대 우도값은 이웃한 영역들과 합병하기 위한 기반이 되며, 이 과정을 주어진 조건까지 반복하여 최종 분할 영상을 구한다.

본 논문에서 제안한 방법은 GMRF모델을 이용하고

자율영역분할 방법을 채택하고 있기 때문에 잡음이 많은 영상에 대해서도 효과적인 영상 분할이 가능하다. 또한 유전자 알고리즘을 이용한 파라미터 추정은 영상의 크기에 제한을 받지 않는다는 장점을 가지며, 유전자 알고리즘 특성상 병렬처리를 이용하여 처리속도를 개선 할 수 있다.

본 논문의 구성은 다음과 같다. 제2장에서 GMRF모델과 유전자 알고리즘에 대해서 설명하며, 제3장에서는 파라미터를 추정하는 과정을 보인다. 제4장에서 영역 분할단계를 설명하며, 제5장에서 실험 및 결과를 제6장에서 결론을 내린다.

2. GMRF모델과 유전자 알고리즘

2.1 GMRF모델

임의의 위치 (i, j) 에서의 RGB 값은 그 이웃들의 칼라성분과 첨가된 잡음의 선형조합으로 표현된다. 물론 이때 이웃의 구조가 어떠한 구조를 선택했느냐에 따라 값이 다르게 나타난다. 텍스처 영역 S에서 위치 (i, j) 인 칼라 화소를 $C(i, j) = [R(i, j) \ G(i, j) \ B(i, j)]$ 로 표현하고, μ_R, μ_G, μ_B 는 RGB의 평균 값이라할 때 텍스처영역을 모델화하기 위해 GMRF를 사용한다면 $C(i, j)$ 의 조건부 확률밀도함수[1]는 다음과 같다.

$$P(C(i, j) | S) = \frac{1}{(8 \pi^3 | \Sigma |^3)^{\frac{1}{2}}} \exp \left\{ -\frac{1}{2} [e_r(i, j) \ e_g(i, j) \ e_b(i, j)] \Sigma^{-1} [e_r(i, j) \ e_g(i, j) \ e_b(i, j)]^T \right\} \quad (1)$$

식 (1)에서 잡음 상관 매트릭스 Σ 는

$$\Sigma = \begin{bmatrix} \nu_{rr} & \nu_{rg} & \nu_{rb} \\ \nu_{gr} & \nu_{gg} & \nu_{gb} \\ \nu_{br} & \nu_{bg} & \nu_{bb} \end{bmatrix} \quad (2)$$

이며 잡음 상관 매트릭스의 성분 ν_{pq} 는 영역 S에서 모든 화소의 e_p, e_q 의 기대값이다. 식 (1)에서 e_r, e_g, e_b 는 가우스 잡음벡터이며 다음과 같다.

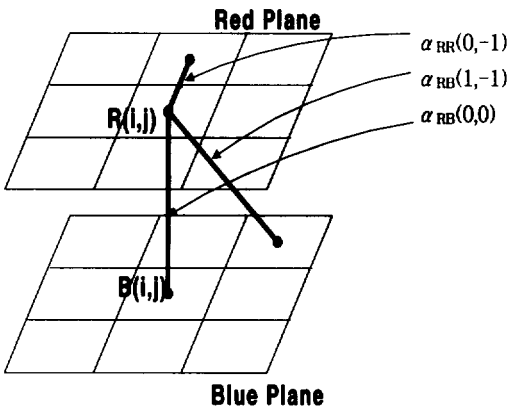
$$e_r = (R(i, j) - \mu_R) - \sum_{(m, n) \in N_r} \alpha_{RR}(m, n) (R(i+m, j+n) - \mu_R)$$

$$\begin{aligned}
 & - \sum_{(m,n) \in N_r} \alpha_{RG}(m,n)(G(i+m,j+n) - \mu_G) \\
 & - \sum_{(m,n) \in N_b} \alpha_{RB}(m,n)(B(i+m,j+n) - \mu_B)
 \end{aligned} \tag{3}$$

$$\begin{aligned}
 e_g = & (G(i,j) - \mu_G) \\
 & - \sum_{(m,n) \in N_r} \beta_{GR}(m,n)(R(i+m,j+n) - \mu_R) \\
 & - \sum_{(m,n) \in N_g} \beta_{GG}(m,n)(G(i+m,j+n) - \mu_G) \\
 & - \sum_{(m,n) \in N_b} \beta_{GB}(m,n)(B(i+m,j+n) - \mu_B)
 \end{aligned} \tag{4}$$

$$\begin{aligned}
 e_b = & (B(i,j) - \mu_B) \\
 & - \sum_{(m,n) \in N_r} \gamma_{BR}(m,n)(R(i+m,j+n) - \mu_R) \\
 & - \sum_{(m,n) \in N_g} \gamma_{BG}(m,n)(G(i+m,j+n) - \mu_G) \\
 & - \sum_{(m,n) \in N_b} \gamma_{BB}(m,n)(B(i+m,j+n) - \mu_B)
 \end{aligned} \tag{5}$$

여기서 N 은 이웃화소 매트릭스이며 α, β, γ 는 모델 파라미터로 공간적 상호작용의 정도를 나타낸다. 그림 1은 red평면에 있는 화소 $R(i,j)$ 가 α 파라미터들을 통하여 red평면과 blue평면에 있는 세 개의 이웃들에 의한 상호작용을 그림으로 나타낸 것이다.



(그림 1) 칼라영상에서의 공간적인 상호작용.
(Fig. 1) Spatial-interaction in the color image.

2.2 유전자 알고리즘

유전자 알고리즘은 다윈의 진화론에 바탕을 둔 문제 해결 방법이다. 이 알고리즘의 목표는 잠재적인 해 집단의 반복적인 변형을 통해 최적 혹은 최적에 가까운 해를 얻고자 하는 것이다. 어떤 문제에 대해 가능한 해 집단은 비트 열로 표현되며 이를 염색체(chromosome)라 한다. 염색체 수의 크기는 문제에 따라 적절하게 주어져야 한다. 이러한 염색체 집단은 적합 함수에 근거한 유전 연산자에 의해 재생산물을 거쳐 세대를 반복하며 개선된다.

일반적인 유전자 알고리즘은 임의의 값으로 초기화된 개체들의 집합으로 시작한다. 각각의 개체는 상대적인 문제해결 능력에 따라 그 적합도(fitness)가 평가되며, 적합도에 따라 다음 세대(generation)에 부모의 유전자가 복제(reproduce)되는 정도를 달리 함으로써 우수 형질을 지닌 개체들은 열성 형질을 지닌 개체들에 비하여 더욱 많은 자식을 생성할 수 있도록 유도된다. 이러한 선택(selection)메카니즘은 다윈의 진화론에서 적자 생존의 원리(survival of the fitness)에 연유한다.

이 알고리즘에서 사용하는 연산자는 재구성 제거기(reproduction operator), 교접기(crossover operator), 돌연변이기(mutation operator)가 있다. 재구성 제거기는 적합도에 따라 모집단에서 두 개의 염색체를 선택하는 기능을 담당한다. 교접기는 재구성 제거기에 의해 선택된 두 염색체의 인자 값을 서로 맞바꾸어 새로운 염색체를 생성한다. 이때 무작위로 선택된 교접위치와 개수에 따라 여러 제거기로 나누어진다. 또한, 인자들 간의 상호 관련성, 즉 인자들 간의 순서, 인자들 간의 인접성 등에 따라 교접 알고리즘이 달라진다. 돌연변이기는 염색체 내의 인자를 무작위로 선택하고, 그 값을 임의로 바꾸어 새로운 염색체를 만드는 기능을 한다. 그러므로 모집단의 특성을 다양화시키며 국부최적을 벗어나게 하는 역할을 담당한다. 기본적인 유전자 알고리즘은 다음과 같다.

Simple Genetic Algorithm()

```

{
  initialize(Population);
  do {
    evaluation(Population);
    // reproduction operator
    Selection_Set = selection(Population);
  }

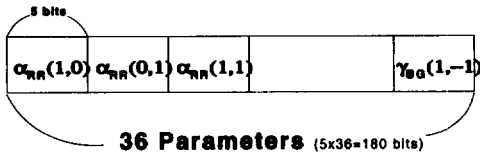
```

```
// crossover operator, mutation operator
recombine(Selection_Set);
}while(stop criterion has not been met);
}
```

3. GMRF파라미터 추정

칼라 텍스처를 GMRF모델로 표현하기 위해 선행되어야 할 문제는 정확한 파라미터 추정이다. GMRF모델에서 신뢰성 있는 파라미터 값은 영상을 올바르게 모델링 할 수 있게 하며 결과적으로 잘 분할된 영상을 얻을 수 있다. 모델들의 파라미터추정은 매우 어려운 문제이며, 여러 연구에서 전통적인 파라미터 추정방법이 제시되고 있다[11]. 본 논문에서는 최대우도(maximum likelihood)방법으로 파라미터를 추정하며 최대우도의 최적해를 얻기 위해서 유전자 알고리즘을 사용한다.

염색체는 식 (3), (4), (5)에 나타난 파라미터들로 구성되며 이를 임의의 값으로 초기화한다(그림 2). 대부분의 경우 염색체는 비트 열로 표현되지만 본 논문에서처럼 해 집단의 범위가 광범위할 경우 염색체를 정수로 표현함으로써 효율을 증가시킬 수 있다.



(그림 2) 염색체의 구성.
(Fig. 2) Configuration of the chromosome.

GMRF 파라미터들로 구성된 염색체를 진화시키면서 최적의 해를 얻기 위해선 다음 세 단계의 반복 수행을 거친다.

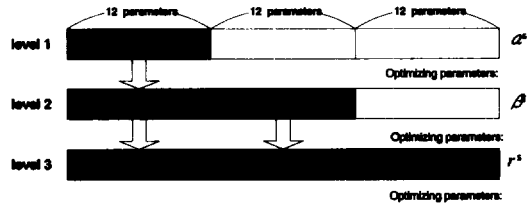
(1) 평가

집단에서 염색체의 성능을 평가하기 위해 목적함수를 필요로 한다. 이 목적함수는 하나의 염색체를 입력으로 받아서 그 염색체의 성능을 평가할 수 있는 수치를 출력하는데 이 값을 적합도라 한다. 이 적합도에 따라 해당 염색체가 다음 세대를 위해 선택될 확률을 결정하는데 본 연구에서 사용한 적합도 함수는 다음과 같은 한 영역 S의 우도함수이다.

$$\prod_{(i,j) \in S} \frac{1}{(8 \pi^3 |\sum_{sl} s_l^3|)^{\frac{1}{2}}} \exp\left\{-\frac{1}{2} [e_r(i,j) e_g(i,j) e_b(i,j)] \Sigma_S^{-1} [e_r(i,j) e_g(i,j) e_b(i,j)]^T\right\} \quad (6)$$

영상의 한 영역 S를 GMRF로 모델링 했을 때 영역 S의 우도는 그 영역에 있는 모든 화소들의 조건부 확률 밀도 곱으로 나타나며 여기서 주변 칼라 벡터들은 통계적으로 독립이 아니므로 실제 우도가 아닌 가상우도이다.

이 함수를 최대로 만드는 상호작용 파라미터들을 추정하기 위해 염색체를 평가, 개선 시켜 나갈 때 염색체를 분리해서 탐색한다(그림 3). 매번의 평가단계에서 전체 식을 다시 계산하지 않고 바뀌는 부분만 계산해서 평가하는 염색체 분리 탐색 방법을 쓰므로 평가 단계의 효율을 높일 수 있다[15].



(그림 3) 파라미터의 분리된 탐색점.
(Fig. 3) Separating searching point of the parameters.

(2) 선택

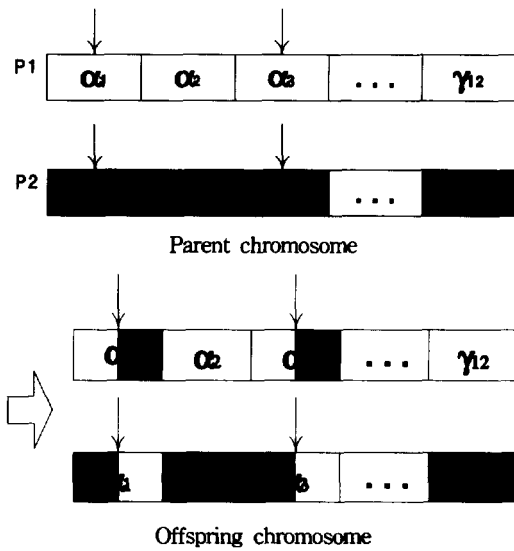
선택기는 교점을 위해 모집단에서 두 개의 염색체를 선택하며 선택 방법으로는 룰렛 휠 선택을 사용한다. 모집단내의 모든 염색체의 적합도의 합과 각 염색체의 적합도의 상대적 값과의 비를 구한 뒤 그 확률만큼 선택될 가능성을 가지므로 우성형질을 지닌 염색체가 평균적으로 다음세대에 더 많이 존재하게되며 열성의 염색체는 도태된다.

(3) 교점과 돌연변이

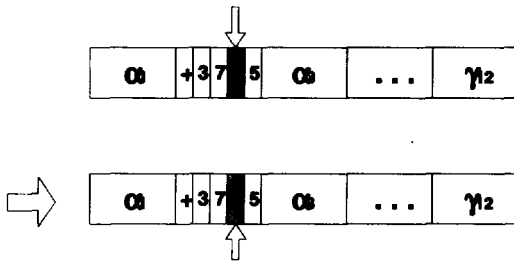
다음 세대의 염색체를 생성하기 위하여 본 연구에서는 단순 두 점 교점(Two point uniform crossover)기를 사용한다. 선택기에 의해 뽑힌 두 염색체를 복

사한 뒤 미리 정해진 규약에 따라 교점할 위치를 선택하며, 그림 4 (a)처럼 염색체의 부분을 서로 바꾼다. 이때 바뀌는 범위는 선택된 위치의 파라미터 내부에 국한시킨다. 교점 뒤 부모 염색체의 유전 인자들은 합성되어 새로운 인자를 가진 자식 염색체를 생성한다.

돌연변이기는 염색체내의 인자를 무작위로 선택하고 그 값을 임의로 바꾸어 염색체에 새로운 인자를 생성시키는 역할을 함으로써 국부 최적화에 빠지는 것을 방지하고 진화 앞 단계에서 잃어버린 유전 인자를 되찾는다(그림 4 b).



(a) 교점(Crossover)



(b) 돌연변이(Mutation)

(그림 4) 평가 연산자.
(Fig. 4) Evaluation operators.

4. 영역분할

4.1 초기영역분할

최적의 분할영상을 얻기 위해 칼라 값으로 만 분할된 초기영상을 사용하며 이때의 한 영역은 더 이상 다른 영역으로 나누어지지 않은 균일 영역으로 가정한다. 대부분 자연 영상에서는 칼라정보만으로 분리된 영역은 실제 같은 영역이지만 잡음이나 빛의 영향으로 인해 다른 영역들로 나누어진다. 따라서 같은 영역으로 간주되어지는 부분들은 합병되어야 한다.

4.2 영역 합병

초기 분할된 영상에서 칼라 GMRF모델을 사용하기 위해 영상이 영역 S_1, S_2, \dots, S_Q 로 분할되었을 때 Q_s 를 μ_R, μ_G, μ_B 와 α, β, γ 파라미터들로 둔다면 GMRF로 모델링된 이웃한 두 영역 S_k, S_l 은 가상우도 파라미터값 (Q_{s_k}, Σ_{S_k}) 과 (Q_{s_l}, Σ_{S_l}) 을 가지며, S_M 은 S_k, S_l 을 합병한 새 영역으로 가상우도 파라미터값 (Q_{s_M}, Σ_{S_M}) 을 가진다.

$P_{p_i}(S_l | \theta_s, \Sigma_s)$ 는 S영역에서 파라미터 θ_s, Σ_s 를 가지는 가상우도라 둔다면 두 영역 S_k, S_l 을 합병하기 전후의 가상우도비 R_{p_i} 는

$$R_{p_i}(k, l) = \frac{\prod_{r=1,2,\dots,Q_i} P_{p_i}(S_r | \theta_{S_r}, \Sigma_{S_r})}{P_{p_i}(S_M | \theta_{S_M}, \Sigma_{S_M}) \prod_{r=1,2,\dots,Q_i, r \neq k, l} P_{p_i}(S_r | \theta_{S_r}, \Sigma_{S_r})} \tag{7}$$

이공 식 (7)을 간략화 하면

$$R_{p_i}(k, l) = \frac{P_{p_i}(S_k | \theta_{S_k}, \Sigma_{S_k}) P_{p_i}(S_l | \theta_{S_l}, \Sigma_{S_l})}{P_{p_i}(S_M | \theta_{S_M}, \Sigma_{S_M})} \tag{8}$$

이다. 가상우도비 $R_{p_i}(k, l)$ 에서 알 수 있는 정보는 그 값이 1에 가까울수록 S_k, S_l 이 서로 유사한 칼라 텍스처 영역이며 그 보다 큰 값을 가질수록 두 영역은 성질이 다르다는 것이다. 잘게 나누어진 영역들은 가상우도비가 1에 가까우면 두 영역을 하나의 영역으로 합병하는데 두 이웃한 영역이 합병되기 위한 조건은 다음과 같다.

$$R(k, l) = \min_{i,j} R(i, j) \tag{9}$$

여기서 i, j 는 이웃한 모든 두 영역들 사이에서 변화하며 최소인 두 영역이 합병되는데, 합병단계가 종료될 조건은

$$(\ln R_{ps}^n - \ln R_{ps}^l) > T \tag{10}$$

이다. 여기서 R_{ps}^n 은 새로 합병하려는 영역의 우도 비이며 R_{ps}^l 은 최종 합병된 영역의 우도 비이다. 두 영역의 우도비 차가 임계값 T 를 넘으면 더 이상 이웃한 영역에서 합병가능한 영역이 없으므로 영역 합병을 종료하며, 최종 분할 영상을 얻게 된다.

5. 실험 및 결과

실험에서 사용된 영상은 256×256 칼라자연 영상이며, 초기 영역을 얻기 위하여 칼라 정보만으로 잘게 분할된 영상을 사용하였다. 실험에서 사용한 이웃화소 매트릭스 N 은 같은 칼라면내에서는 $N_{rr} = N_{bb} = N_{gg}$ 이며, 다른 칼라면들에서 고려한 이웃화소 매트릭스는 $N_{rg} = N_{rb} = N_{gr} = N_{gb} = N_{br} = N_{bg}$ 이다.

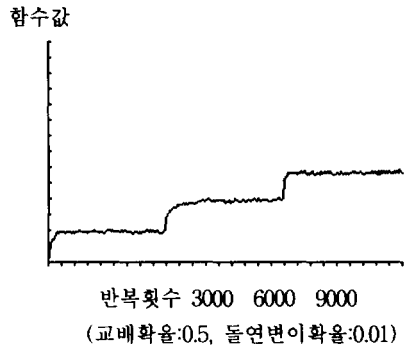
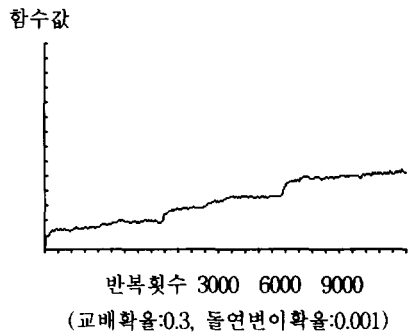
$$N_{rr} = \begin{bmatrix} 4 & 2 & 3 \\ 1 & 0 & 1 \\ 3 & 2 & 4 \end{bmatrix} \quad N_{rg} = \begin{bmatrix} 8 & 6 & 7 \\ 5 & 0 & 5 \\ 7 & 6 & 8 \end{bmatrix}$$

이 이웃화소 매트릭스에서 같은 수로 레이블된 경우는 그 위치의 파라미터를 공유하며, 각 파라미터는 중심위치에서 같은 수로 레이블된 위치들 사이의 상호작용을 나타낸다.

파라미터를 구하는 과정에서 염색체는 실수 값을 가진 36개의 파라미터로 구성되며, 임의의 수로 초기화되었다. 각 세대는 500개의 염색체들로 이루어졌으며 교잡과 돌연변이로 인하여 자식 염색체가 생성된다. 이런 염색체가 다음세대에 살아남기 위한 척도는 식 (6)의 평가함수이며 우수한 결과 값을 지닌 염색체가 다음 세대에 살아 남을 가능성이 더 크다.

평가 단계에서 식(2)의 잡음상관 매트릭스에서 비대각선 성분은 아주 작은 값을 가지므로, 대각선 성분의 값만 유효하다고 보면 α, β, γ 군 파라미터들을 분리시

켜 탐색할 수 있다. 우선 β 군, γ 군 24개의 파라미터를 임의의 값으로 고정시켜 놓고 α 군 12개의 파라미터를 진화시킨다. β 군 파라미터를 진화시킬 때는 α 군과 γ 군을 고정시킨다. 이러한 방법으로 하면 평가 함수를 계산할 때 바뀐 부분만 새로 계산해서 평가하므로 수렴 효율을 높일 수 있다(그림 5). 이때 후보 염색체 수는 500으로 하였으며 교배확률은 0.5 돌연변이 확률은 0.01로 한다. 반복 세대수는 10000번이며 이 세대까지 수행후 종료한다.

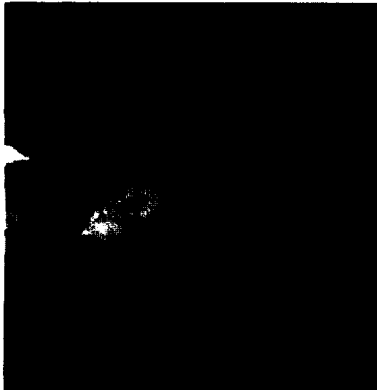


(그림 5) 수렴 과정.
(Fig. 5) Convergence process.

그림 6 (a)는 산, 구름, 하늘로 이루어진 칼라 영상이며 초기 분할 영상 그림6 (b)를 얻기 위해 칼라 정보를 이용한 분할 알고리즘[14]를 사용하였다. 이 영상의 각 영역을 GMRF로 모델링하며 각 영역은 그와 이웃한 영역들과 합병될 가능성을 가진다. 합병하기전의 두 영역의 우도와 합병한 뒤의 새 영역의 우도와의 비가 1에 가까우면 두 영역을 합병한다. 합병이 종료될 조건 T 는 250으로 하였으며 그림 7이 최종적으로 분할된 영상이다.

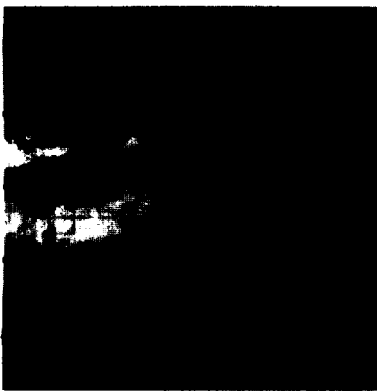


(a) 원 영상 (Original image)

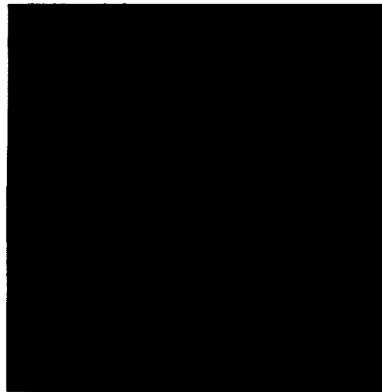


(b) 초기 분할된 영상
(Initially segmented image)

(그림 6) 산 영상.
(Fig. 6) An image of mountains.



(그림 7) 최종 합병된 산 영상.
(Fig. 7) Finally segmented image.



(a) 원 영상(Original image)



(b) 초기 분할된 영상
(Initially segmented image)

(그림 8) 사막 영상.
(Fig. 8) An image of desert.



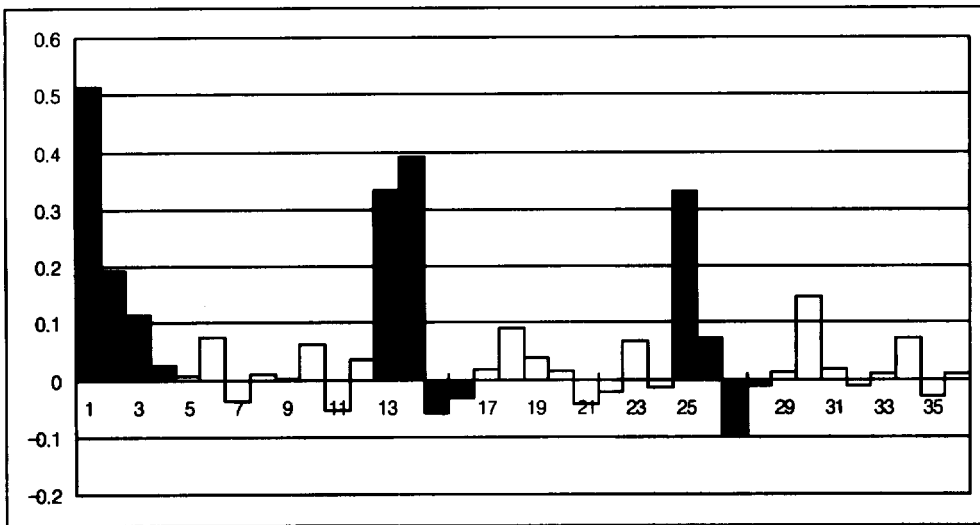
(그림 9) 최종 합병된 사막 영상.
(Fig. 9) Finally segmented image.

그림 8 (a)는 사막이 있는 입력영상으로 하늘, 사막 1, 사막2로 이루어 졌다. 그림 8(b)는 칼라 정보로 분할된 초기 분할영상인데 칼라 정보만으로는 여러 영역으로 나누어져 있음을 보인다. 최종 합병된 영상(그림 9)에서 각 영역의 GMRF파라미터 값은 표 1, 2, 3에

나타내었다. 그림 10, 11, 12는 각 영역의 상호작용 정도를 나타낸다. 검은 막대는 칼라면 내부의 상호작용을, 흰 막대는 다른 칼라면들 간의 상호작용을 보여 준다.

〈표 1〉 하늘 영역의 파라미터값
 〈Table 1〉 Parameters of the sky region

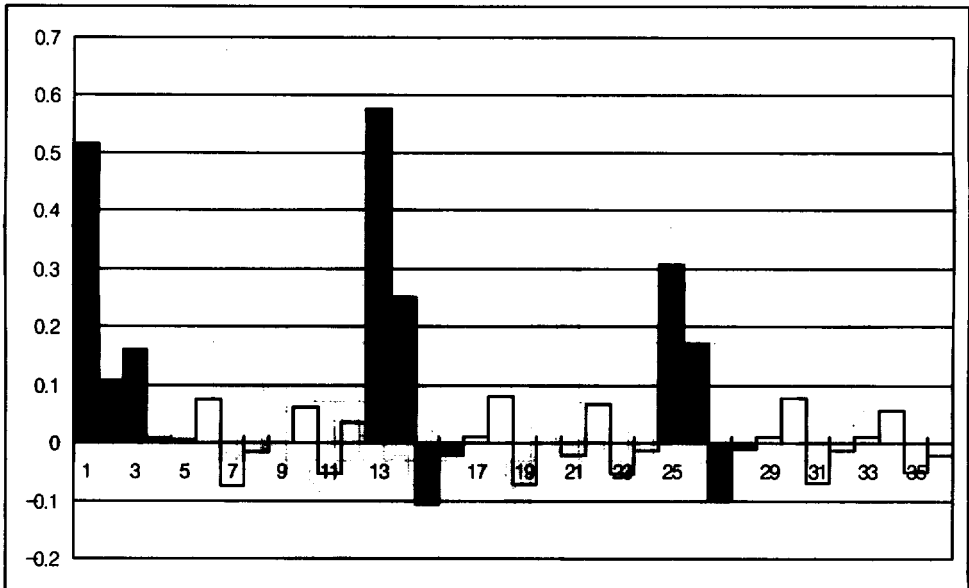
PARAMETER					
$\alpha_{RR(1,0)}$	0.5147	$\beta_{RR(1,0)}$	0.3343	$\gamma_{RR(1,0)}$	0.3371
$\alpha_{RR(0,1)}$	0.1920	$\beta_{RR(0,1)}$	0.3911	$\gamma_{RR(0,1)}$	0.0710
$\alpha_{RR(1,1)}$	-0.11550	$\beta_{RR(1,1)}$	-0.0056	$\gamma_{RR(1,1)}$	-0.1019
$\alpha_{RR(1,-1)}$	0.02550	$\beta_{RR(1,-1)}$	-0.0321	$\gamma_{RR(1,-1)}$	-0.0107
$\alpha_{RG(1,0)}$	0.0065	$\beta_{RG(1,0)}$	0.0106	$\gamma_{RG(1,0)}$	0.0105
$\alpha_{RG(0,1)}$	0.0743	$\beta_{RG(0,1)}$	0.0917	$\gamma_{RG(0,1)}$	0.1450
$\alpha_{RG(1,1)}$	-0.037	$\beta_{RG(1,1)}$	-0.0397	$\gamma_{RG(1,1)}$	-0.0187
$\alpha_{RG(1,-1)}$	-0.009	$\beta_{RG(1,-1)}$	0.0014	$\gamma_{RG(1,-1)}$	-0.0127
$\alpha_{RB(1,0)}$	0.0004	$\beta_{RB(1,0)}$	-0.0421	$\gamma_{RB(1,0)}$	0.0104
$\alpha_{RB(0,1)}$	0.0621	$\beta_{RB(0,1)}$	-0.0212	$\gamma_{RB(0,1)}$	0.0725
$\alpha_{RB(1,1)}$	-0.0527	$\beta_{RB(1,1)}$	-0.0633	$\gamma_{RB(1,1)}$	-0.0295
$\alpha_{RB(1,-1)}$	0.0342	$\beta_{RB(1,-1)}$	-0.0134	$\gamma_{RB(1,-1)}$	0.0091



(그림 10) 하늘 영역의 상호작용정도.
 (Fig. 10) Spatial-interaction of the sky region.

〈표 2〉 사막1 영역의 파라미터값
 〈Table 2〉 Parameters of the desert region 1

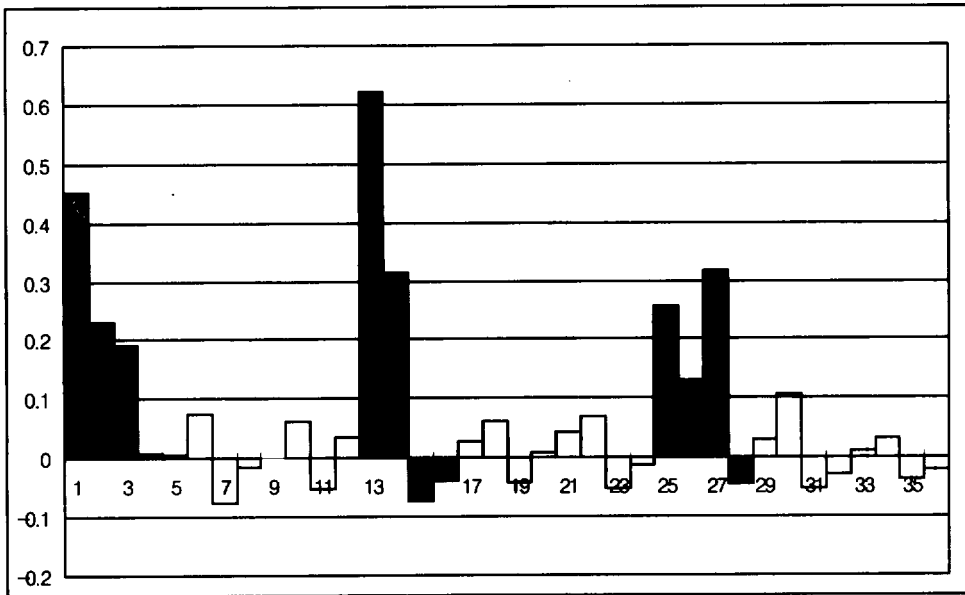
PARAMETER					
$\alpha_{RR(1,0)}$	0.4417	$\beta_{RR(1,0)}$	0.3753	$\gamma_{RR(1,0)}$	0.5701
$\alpha_{RR(0,1)}$	0.1072	$\beta_{RR(0,1)}$	0.1056	$\gamma_{RR(0,1)}$	0.1055
$\alpha_{RR(1,1)}$	-0.1121	$\beta_{RR(1,1)}$	-0.1056	$\gamma_{RR(1,1)}$	-0.1019
$\alpha_{RR(1,-1)}$	0.0058	$\beta_{RR(1,-1)}$	-0.0198	$\gamma_{RR(1,-1)}$	-0.0107
$\alpha_{RG(1,0)}$	0.0065	$\beta_{RG(1,0)}$	0.0106	$\gamma_{RG(1,0)}$	0.0105
$\alpha_{RG(0,1)}$	0.0743	$\beta_{RG(0,1)}$	0.0794	$\gamma_{RG(0,1)}$	0.0766
$\alpha_{RG(1,1)}$	-0.0748	$\beta_{RG(1,1)}$	-0.0634	$\gamma_{RG(1,1)}$	-0.0570
$\alpha_{RG(1,-1)}$	-0.0144	$\beta_{RG(1,-1)}$	0.0014	$\gamma_{RG(1,-1)}$	-0.0127
$\alpha_{RB(1,0)}$	0.0004	$\beta_{RB(1,0)}$	-0.0199	$\gamma_{RB(1,0)}$	0.0104
$\alpha_{RB(0,1)}$	0.0621	$\beta_{RB(0,1)}$	0.0642	$\gamma_{RB(0,1)}$	0.0561
$\alpha_{RB(1,1)}$	-0.0567	$\beta_{RB(1,1)}$	-0.0533	$\gamma_{RB(1,1)}$	-0.0503
$\alpha_{RB(1,-1)}$	0.0362	$\beta_{RB(1,-1)}$	-0.0134	$\gamma_{RB(1,-1)}$	-0.0298



(그림 11) 사막1 영역의 상호작용정도.
 (Fig. 11) Spatial-Interaction of the desert region 1.

〈표 3〉 사막2 영역의 파라미터값
 <Table 3> Parameters of the desert region 2

PARAMETER					
$\alpha_{RR(1,0)}$	0.4535	$\beta_{RR(1,0)}$	0.6223	$\gamma_{RR(1,0)}$	0.2573
$\alpha_{RR(0,1)}$	0.2319	$\beta_{RR(0,1)}$	0.3114	$\gamma_{RR(0,1)}$	0.1310
$\alpha_{RR(1,1)}$	-0.1911	$\beta_{RR(1,1)}$	-0.0741	$\gamma_{RR(1,1)}$	0.3181
$\alpha_{RR(1,-1)}$	0.0078	$\beta_{RR(1,-1)}$	-0.0412	$\gamma_{RR(1,-1)}$	-0.0431
$\alpha_{RG(1,0)}$	0.0065	$\beta_{RG(1,0)}$	0.0261	$\gamma_{RG(1,0)}$	0.0291
$\alpha_{RG(0,1)}$	0.0743	$\beta_{RG(0,1)}$	0.0619	$\gamma_{RG(0,1)}$	0.1064
$\alpha_{RG(1,1)}$	-0.0748	$\beta_{RG(1,1)}$	-0.0421	$\gamma_{RG(1,1)}$	-0.0528
$\alpha_{RG(1,-1)}$	-0.0144	$\beta_{RG(1,-1)}$	0.0008	$\gamma_{RG(1,-1)}$	-0.0292
$\alpha_{RB(1,0)}$	0.0004	$\beta_{RB(1,0)}$	0.0421	$\gamma_{RB(1,0)}$	0.0104
$\alpha_{RB(0,1)}$	0.0621	$\beta_{RB(0,1)}$	0.0682	$\gamma_{RB(0,1)}$	0.0317
$\alpha_{RB(1,1)}$	-0.0527	$\beta_{RB(1,1)}$	-0.0533	$\gamma_{RB(1,1)}$	-0.0362
$\alpha_{RB(1,-1)}$	0.0342	$\beta_{RB(1,-1)}$	-0.0134	$\gamma_{RB(1,-1)}$	-0.0198



(그림 12) 사막2 영역의 상호작용정도.
 (Fig. 12) Spatial-interaction of the desert region 2.

6. 결 론

본 논문에서는 새로운 칼라텍처 영상 분할 방법을 제안하였다. 영상은 GMRF모델로 모델링하였으며, 모델 파라미터는 유전자 알고리즘을 이용하여 추정하였다. 추정된 여러 파라미터들로서 공간적 상호작용의 정도를 알 수 있고 추정과정에서 얻어진 최대 우도값은 이웃한 영역들과 합병하기 위한 기반이 되었으며, 합병과정을 주어진 조건까지 반복하여 최종 분할 영상을 구하였다.

제안된 방법의 정확성을 검증하기 위하여 칼라 자연 영상의 영역 분할에 적용한 결과, 파라미터 추정 시 복잡한 계산식을 거치지 않고 영역의 크기에 제한을 받지 않는 안정된 분할영상을 구할 수 있었다.

본 논문에서 제안한 방법은: (1) 잡음이 많은 자연 영상에 대해서도 효과적인 영상 분할이 가능하다; (2) 영상의 크기에 다른 제약이 없다; (3) 유전자 알고리즘의 특성상 병렬처리를 이용하여 처리속도를 개선 할 수 있다는 장점을 가진다.

향후 연구과제는 HSI 공간에서의 영상 모델링이다. RGB 공간은 서로간의 간섭이 많은 공간인 반면 HSI 공간은 인간의 시각 작용과 유사한 공간이다. 따라서 보다 효과적인 파라미터 추정이 가능할 것이다.

참 고 문 헌

[1] Dileep Klumar Panjwani and Glenn Healey, "Markov Random Field Models for Unsupervised Segmentation of textured Color Images," *IEEE Trans. PAMI*, Vol.17, No.10, pp.939-954, October 1995.

[2] D. Cooper, "Stochastic boundary estimation and object recognition," *Computer Graphics and Image Processing*, pp.326-355, Apr.1980.

[3] J.M Beulieu and M. Goldberg, "Hierarchy in picture segmentation: A stepwise optimization approach," *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol.11, No.2, pp.150-163. Feb. 1989.

[4] R. Chellappa, S. Chatterjee, and R. Bagdazian, "Texture synthesis and compression using Gaussian-Mrcov random field model," *IEEE Trans. systems, Man and Cybernetics*, Vol.8, No.2, pp.

298-303, Mar.-Apr. 1985.

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

[6] T. Pavlidis, *Structural Pattern Recognition*, Springer-Verlag, 1991.

[7] G. J. Klinker, S. A. Shafer, and T. Kanade, "A physical approach to color image understanding," *Int'l J.Computer Vision*, Vol.4, pp.7-38, 1990.

[8] F. Cohen and Z. Fan, "Maximum likelihood unsupervised textured image segmentation," *Computer Vision, Computer Graphics, and Image Processing: Graphical Models and Image Processing*, Vol.54, No.3 pp.239-251, 1992.

[9] G. Healey, S.A.Shafer, and L.B. Wolff, eds., *Physics-Based Vision: Principles and Practice*, COLOR. Jones and Barlett, 1992.

[10] B.S. Manjunath and R. Chellappa, "Unsupervised texture segmentation using Markov random field models," *IEEE Trans. PAMI*, Vol.13, No.5, pp.478-482, May 1991.

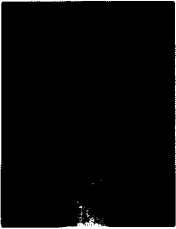
[11] R. Kashyap and R. Chellappa, "Estimation and choice of neighbors in random field models of images," *IEEE Trans. Information Theory*, Vol. 29, No.1, pp.60-72 Jan.1983.

[12] J. Woods, "Two dimensional discrete Markov random fields," *IEEE Trans. Information Theory*, Vol.18, pp.232-240, 1972.

[13] J. Silverman and D. Cooper, "Bayesian clustering for unsupervised estimation of surface and texture models," *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol.10, No.4, pp.232-240, 1972.

[14] H. J. Kim, D. W. Kim, S. K. Kim, and J. K. Lee, "Automatic Recognition of a Car License Plate using Color Image Processing," *Engineering Design and Automation Journal*, Vol.3, No.2, pp.217-225, 1997.

[15] 이경미·강현·김상균·김항준, "유전자 알고리즘을 이용한 MRF모델의 파라미터추정," *한국정보과학회 추계학술 발표논문집*, Vol.24, No.2, pp.501-504, 1997.



이 경 미

- 1983년 경북대학교 전자공학과 졸업(학사)
- 1998년 경북대학교 대학원 컴퓨터공학과(공학석사)
- 1998년~현재 경북대학교 대학원 컴퓨터공학과(박사과정)

관심분야: 영상처리, 유전자알고리즘, 패턴인식



김 상 군

- 1991년 경북대학교 통계학과 졸업(학사)
- 1994년 경북대학교 대학원 컴퓨터공학과(공학석사)
- 1996년 경북대학교 대학원 컴퓨터공학과(공학박사)

1996년~현재 인제대학교 정보·컴퓨터학부 전임강사

관심분야: 영상처리, 패턴인식



김 항 준

- 1977년 서울대학교 전기공학과 졸업(학사)
- 1979년 KAIST 전기 및 전자(공학석사)
- 1997년 시즈오카대학교 전자과학 연구과(공학박사)

1980년~현재 경북대학교 컴퓨터공학과 교수

관심분야: 인공지능, 영상처리, 패턴인식, 병렬처리, 컴퓨터구조 등