

진화파티클필터를 이용한 비디오 세그먼트 전환점 추정

Video Segments Change Point Inference with Evolutionary Particle Filter

요약

데이터의 규모 및 활용도, 그리고 사용자 접근성 측면에서 실세계 데이터에서 가장 중요한 이슈가 되는 것은 비디오 데이터이다. 장르나 등장인물, 배경 등이 매우 상이한 대량의 비디오 데이터들이 등장하고 있기 때문에, 통일된 사전지식을 이용한 비디오 데이터 분석이 매우 비현실적이 되어가고 있으며 사전지식을 활용하지 않는 비디오 분석기법의 중요성이 커지고 있다. 본 논문에서는 진화 파티클 필터링과 우점 이미지를 이용하여 비디오 데이터를 분절(Segmentation)하는 기법을 소개한다. 이미지 분절화 과정에서 해결해야 할 난점은 시점 변화 및 움직임 등에 의해 발생하는 사소한 변화가 컴퓨터 관점에서는 무시하기 어려운 큰 변화로 해석될 수 있다는 점이다. 동일장면에서의 시점 변화와 같은 사소한 변화로 인하여 동일 세그먼트를 추정하지 못하는 어려움을 해결하기 위하여 우리는 이미지 일부를 표현하는 파티클의 개체군을 생성하여 협력적인 방식으로 개별 이미지 세그먼트를 표현하는 방법을 개발하였다. 또한 동일 인물의 움직임과 같은 변화에 대응할 수 있도록 진화 파티클 필터링 방법을 컬러 히스토그램 방법과 결합하여 추론 성능을 한층 개선하였다. 실제 TV 드라마에 대하여 수행된 인간 평가자의 분절 평가 결과와 비교하여 제안 방법의 성능을 확인하였다.

1. 서론

비디오 데이터의 규모와 중요성이 증대하면서 많은 분석 방법들이 제안 되었다. 기존 연구들 역시 장면(Scene) 분석이나 픽셀 단위의 변화나 칼라히스토그램의 변화를 감지해 내는 방법 [1, 2] 혹은 동일 샷(Shot)들이 반복되는 경우를 미리 정의하여 샷을 클러스터링 하는 방법 [3, 4] 등에 주목하였으나 이들 연구는 픽셀 수준의 하위 레벨에 주목하거나 도메인에 대한 사전지식에 의존한 방법들이었다. 그러나 이와 같은 접근에는 각각 문제가 있다. 하위 레벨 영역에서는 극심한 변화가 발생하기 때문에, 인간 관점에서는 사소하지만 컴퓨터 관점에서는 매우 중요한 변화를 견뎌낼 수 있는 강건한 기계 학습 방법론을 개발하기가 매우 어렵다. 또한 사전지식을 활용하는 경우는 도메인의 영향을 받지 않고 공통으로 사용할 수 있는 사전 지식을 찾기 어려우므로 범용성이 뛰어난 방법론을 개발하기 어렵다.

이와 같은 난점을 극복하기 위하여 본 논문에서는, 사전 지식을 거의 활용하지 않으면서 사소한 변화에 강건한 방법론인 진화 파티클 필터링(Evolutionary particle filtering) [5, 6] 방법을 개발하였다. 진화 파티클 필터링 방법에서는 이미지의 일부만을 표현하는 파티클 집합의 협력을 통해 전체 이미지 세그먼트를 표현할 수 있기 때문에, 이미지 일부에서 발생하는 사소한 변화를 극복

할 수 있다. 또한 등장 인물의 움직임과 같은 변화에 대응할 수 있도록 진화 파티클 필터링 방법을 컬러 히스토그램과 결합하여 보다 강건한 방법을 개발하였다. 우리는 제안 방법을 실제 TV 드라마에 적용하여 그 성능을 확인하였다.

2. 우점이미지와 진화파티클필터링

[그림 1]은 파티클을 이용한 우점이미지의 표현을 설명하고 있다. 우점이미지(Dominant Image)는 현재 주어진 이미지에서 자신이 포함된 이미지를 가장 잘 설명하는 부분이미지로 정의한다. 본 논문에서는 이미지의 SIFT(Scale Invariant Feature Transform) 특징점에서 일정한

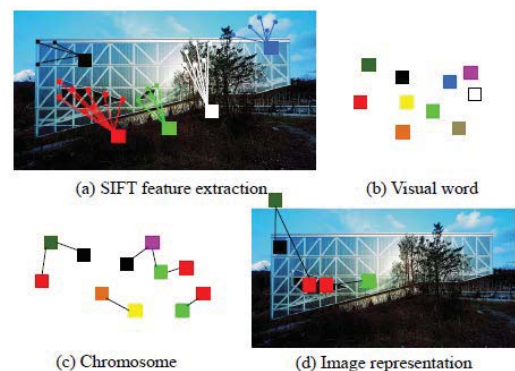


그림 1 파티클의 생성방법

크기의 이미지 패치를 추출한 후 이를 파티클로 구성하여 우점이미지를 표현한다. 이어 파티클 개체군에 진화 연산자를 적용하여 우점이미지를 구성하는 패치사이의 거리가 짧고, 패치의 수가 지나치게 많지 않으며, 패치가 커버하는 영역이 넓은 파티클들 혹은 우점이미지를 찾아낸다.

통상적인 파티클 필터링을 이용하면 한정된 분포에서 파티클들이 샘플링되기 때문에 퇴보(Degeneracy)라는 중요한 문제가 발생한다. 이런 문제점을 막고 개체군에 필수적인 다양성을 극복하기 위하여 우리는 파티클 집합의 협력적 이미지 표현 및 진화 연산자를 활용하였다 [표 1].

표 1 진화파티클 방법을 적용한 장면전환 추정 알고리즘

입력: $D = \{y_{1:T}\}$ (D : SIFT로 표현된 장면)

출력: $Pr = \{Pf_i: i = 1, \dots, n\}$

Pf_i : i 번째 상태의 파티클들의 집합.

Begin

°초기화:

1. 초기 프레임에서 노드들의 집합을 구성.
2. 구성한 노드들을 이용하여 유전체들을 초기화.

°시퀀스 추정 및 상태 요약

A. Expectation

$$Q(Pf_t | Pf_{t-1}, y_{s:t}) = E[\Pr(y_{s:t} | Pf_t) | Pf_{t-1}, y_{s:t-1}] \quad (3)$$

$$\propto Pr(y_{s:t} | Pf_t) \Pr(Pf_t' | y_{s:t}, Pf_{t-1}) \quad (4)$$

$$\rightarrow \Pr(y_t | Pf_t) \Pr(Pr_t' | y_{s:t-1}, Pf_{t-1}) \quad (5)$$

(y_s : 현재 세그먼트의 첫번째 프레임.)

B. Maximization

$$Pf_t \leftarrow \operatorname{argmax}_{Pf_t \in Pf} Q(Pf_t | Pf_{t-1}, y_{s:t}) \quad (6)$$

- 진화적 파티클 기법

- Stage 1: 파티클들을 선택하고 교배연산을 적용.
- Stage 2: 퇴보를 막기 위해 돌연변이 연산을 적용.

- Fitness function

$$F_1 = f_{Cr_{\{a,b,c\}}}(Pf_i) \quad (7)$$

(Cr_a : inter-closeness, Cr_b : coverage, Cr_c : penalty)

°Likelihood

$$F_2 = f(Pr(y_t | Pf_{t-1}), T(y_{s:t})) \quad (8)$$

- $\left\{ \begin{array}{l} F_2 < \gamma: Pf_t \text{를 초기화 하고 새로운 세그먼트를 시작.} \\ F_2 \geq \gamma: y_t \text{는 } Pf_{t-1} \text{의 원소로 간주} \end{array} \right.$

[표 1]의 $Cr_{\{a,b,c\}}$ 가 의미하는 바는 다음과 같다.

- Cr_a : 파티클이 가지고 있는 복수개의 SIFT 포인트들간의 기하학적인 거리에 반비례한 값.
- Cr_b : 파티클이 가지고 있는 복수개의 SIFT 포인트에서 추출한 이미지 패치가 원본 이미지를 표현해 내는 정도에 비례한 값.
- Cr_c : 파티클이 가지고 있는 복수개의 SIFT 포인트들의 수에 반비례한 값.

3. 실험결과

본 논문에서는 진화 파티클 필터링 방법만을 이용했을 때 이미지 분절화 성능 및 진화 파티클 필터링과 컬러 히스토그램을 결합했을 경우 이미지 분절화 성능을 확인하였다. 실험을 위해 사용한 교차연산은 Uniform-Crossover로, 각 유전자(SIFT set)은 0.5의 확률로 유전된다.

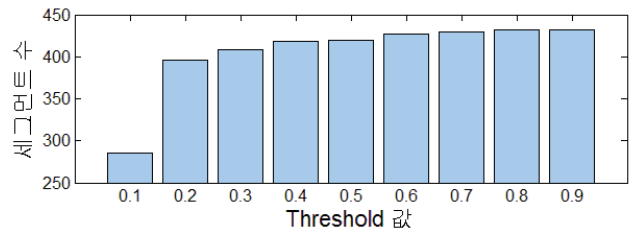
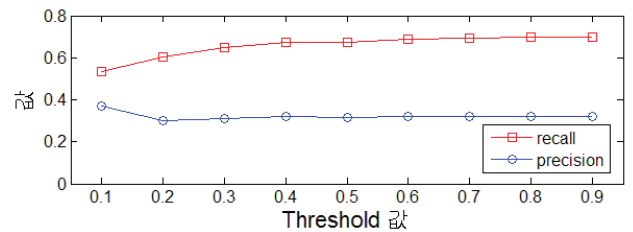


그림 2 Threshold 값의 변화에 따른 Precision & Recall의 변화

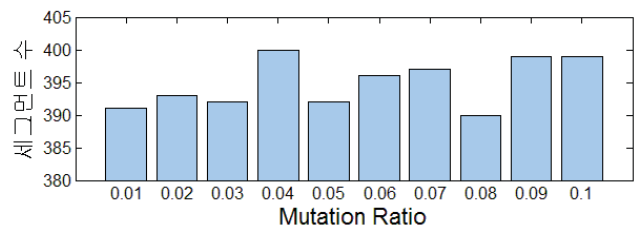
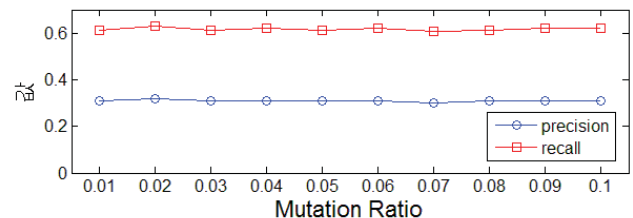


그림 3 Mutation Ratio 값의 변화에 따른 Precision & Recall의 변화

[그림 2]는 진화파티클필터링 방법을 이용하여 세그먼트를 만들 때 사용되는 기준인 역치값(Threshold)을 변경하여 실험을 한 결과이다. 이 값은 이전 세그먼트와 현재 세그먼트의 유사도를 나타내는데, 0.2 이상의 값에서 두드러지는 차이를 보이지 않았다. 그러나 세그먼트 수가 많아질수록 좋지 못한 결과가 나오므로, 0.5를 취하여 돌연변이확률 실험을 진행하였다[그림 3]. 실험 결과로, 돌연변이 확률이 결과에 미치는 영향이 미미한 것을 알 수 있다. 칼라히스토그램과 진화파티클필터링 방법을 결합하는 실험에서는 0.05값을 돌연변이확률로 채택하여 진행되었다[그림 5].

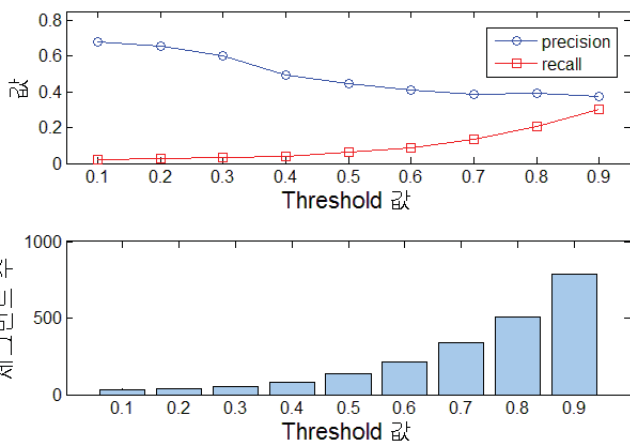


그림 4 칼라히스토그램 역치에 따른 Precision & Recall

[그림 4]는 칼라히스토그램의 상관계수를 구하고, 상관계수가 역치보다 낮은 경우 분절화 하는 방법만 사용했을 때의 성능을 나타내는 그림이다. Precision과 Recall을 보면, 칼라히스토그램만 비교해서는 진화파티클필터링 방법보다 좋지 못한 성능이 나온다.

표 2 칼라히스토그램 방법과 제안한 방법의 결과 비교

	Precision	Recall	# of segment
Color Historgam	0.68	0.60	735
Proposed Method	0.68	0.77	935

표 3 칼라히스토그램 방법과 제안한 방법의 F1-Score

	F1 score
Color Historgam	0.64
Proposed Method	0.72

[표 2][표 3]은 칼라히스토그램 방법(이하 '가' 방법)을 칼라히스토그램과 진화 파티클 필터링 방법을 결합한 방법(이하 '나' 방법)과 비교한 실험 결과이다. Precision 값에서는 큰 변화가 없었으나, Recall에서는 큰 폭으로 상승한 것을 알 수 있다.

4. 결론

본 논문에서는 진화 파티클 필터링 방법을 이용하여 동영상 데이터를 분절화 하는 데에 효과적인 파라미터를 찾는 실험과 보다 나은 분절화를 위해 칼라히스토그램 비교 방법을 기존 방법과 결합하여 그 결과를 칼라히스토그램 방법과 비교하였다. 기존의 칼라히스토그램은 비디오 데이터를 분절하는데 자주 사용되고 있으나, 본 논문에서 제안하는 방법이 더 나은 결과를 보여주고 있다. 또한, 제안방법은 파라미터의 특성을 크게 타지 않기 때문에 데이터의 특성에 관계 없이 범용적으로 사용될 수 있을 것으로 기대된다.

참고문헌

- [1] J. M. Gauch, S. Gauch, S. Bouix, and X. Zhu, "Real time video scene detection and classification," *INFORMATION PROCESSING AND MANAGEMENT*, pp. 47-52, 1999.
- [2] Z. Rasheed and M. Shah, "Detection and representation of scenes in videos," *Multimedia, IEEE Transactions on*, vol. 7, no. 6, pp. 1097 - 1105, 2005.
- [3] S. Zhu and Y. Liu, "Automatic scene detection for advanced story retrieval," *Expert Systems with Applications*, vol. 36, no. 3, Part 2, pp. 5976 - 5986, 2009. [Online]. Available: <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0957417408004351>
- [4] J. Kender and B.-L. Yeo, "Video scene segmentation via continuous video coherence," *Computer Vision and Pattern Recognition*, 1998, pp. 367-373, 1998
- [5] N. M. Kwok, Fang, Gu, and W. Zhou, "Evolutionary particle filter: re-sampling from the genetic algorithm perspective", *IEEE/RSJ International Conference on Intelligent Robots and Systems 2005*, pp. 2935 - 2940, 2005.
- [6] S. Park, J. P. Hwang, E. Kim, and H.-J. Kang, "A new evolutionary particle filter for the prevention of sample impoverishment", *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, vol. 13, no. 4, pp. 801 - 809, 2009.