|  |
| --- |
| import cv2 import numpy as np from sklearn.linear\_model import LinearRegression  # 그레이스케일 이미지 불러오기 original\_image = cv2.imread('difficult2.png', cv2.IMREAD\_GRAYSCALE)  # 큰 ROI 설정 x, y, w, h = 30, 30, 200, 370 # difficult2  # ROI 시각적 표시를 위한 컬러 변환 image\_with\_roi = cv2.cvtColor(original\_image, cv2.COLOR\_GRAY2BGR)  # ROI 강조 표시 cv2.rectangle(image\_with\_roi, (x, y), (x + w, y + h), (0, 255, 0), 2)  # 원본 이미지 전체에 밝기 값 45 이하를 0으로 처리 threshold\_value = 45 \_, thresholded\_image = cv2.threshold(original\_image, threshold\_value, 255, cv2.THRESH\_TOZERO)  # Non-Local Means 필터 적용 nlm\_denoised = cv2.fastNlMeansDenoising(  thresholded\_image, None, h=10, templateWindowSize=7, searchWindowSize=21 )  # 첫 번째와 두 번째로 찍힌 점들의 리스트 초기화 first\_points = [] second\_points = []  # ROI 내부에서 밝기 변화 감지하여 점 찍기 for i in range(y + 1, y + h - 1): # ROI 내부의 y 좌표 (위에서 아래로)  points\_marked = 0 # 매 행(row)마다 points\_marked를 초기화  previous\_value = None # 각 행(row)마다 previous\_value 초기화  last\_marked\_position = None   for j in range(w - 1, -1, -1): # ROI 내부의 x 좌표 (오른쪽에서 왼쪽으로)  pixel\_value = int(thresholded\_image[i, x + j]) # 현재 (x + j, i) 위치의 픽셀 값   if previous\_value is not None:  delta = abs(pixel\_value - previous\_value) # 이전 픽셀과의 밝기 차이 계산  if delta >= 5:  if points\_marked == 0 or (points\_marked < 2 and abs(j - last\_marked\_position) > 5):  # 변화 감지 지점에 빨간 점 표시  cv2.circle(image\_with\_roi, (x + j, i), 1, (0, 0, 255), -1)   # 첫 번째와 두 번째 점에 따라 리스트에 추가  if points\_marked == 0:  first\_points.append((x + j, i)) # 첫 번째 점 리스트에 추가  elif points\_marked == 1:  second\_points.append((x + j, i)) # 두 번째 점 리스트에 추가   points\_marked += 1 # 변화 지점 카운트 증가  last\_marked\_position = j   # 두 개의 변화 지점을 찾았으면 더 이상 점 찍기 중지  if points\_marked == 2:  break   previous\_value = pixel\_value # 이전 픽셀 값 업데이트   # 결과 시각화 cv2.imshow('ROI Visualization', image\_with\_roi) cv2.waitKey(0) cv2.destroyAllWindows() |

실행결과

스크린샷, 텍스트, 멀티미디어 소프트웨어이(가) 표시된 사진

자동 생성된 설명

|  |
| --- |
| 첫 번째와 두 번째 점의 기준 좌표를 구하는 데 있어, 각각의 좌표를 대표할 수 있는 방법을 선택하는 것은 목표에 따라 달라질 수 있습니다. 각 방법의 장단점을 고려하여 어떤 경우에 적합한지 설명하겠습니다.  **1. 평균값 (Mean)**   * **설명**: 각 점들의 좌표의 평균값을 구하여 기준 좌표로 사용하는 방식입니다. * **장점**: 데이터가 정상적으로 분포되어 있으면 모든 점을 고려하기 때문에, 편향 없이 전체적인 중심을 잘 나타낼 수 있습니다. * **단점**: 아웃라이어(이상치)에 영향을 많이 받습니다. 특정 좌표가 극단적으로 크거나 작다면 전체 평균값이 왜곡될 수 있습니다. * **적합한 경우**: 점들이 대체로 균일하게 분포되어 있고, 이상치가 많지 않은 경우.   **2. 중앙값 (Median)**   * **설명**: 각 점의 x좌표와 y좌표 각각의 중앙값을 사용하여 기준 좌표를 설정합니다. * **장점**: 아웃라이어에 덜 민감합니다. 이상치가 있더라도 중앙값은 큰 영향을 받지 않습니다. * **단점**: 대칭적인 분포가 아닌 경우, 중앙값이 데이터의 중심을 항상 잘 나타내지는 않을 수 있습니다. * **적합한 경우**: 이상치가 존재하거나, 점들이 고르게 분포되어 있지 않은 경우.   **3. 선형 회귀 (Linear Regression)**   * **설명**: 첫 번째와 두 번째 점들이 어떤 패턴을 형성한다고 가정할 때, 해당 패턴을 직선으로 근사하여 그 중심을 대표 좌표로 설정합니다. * **장점**: 점들이 특정 방향으로 정렬되었거나 직선 형태로 나타나는 경우 효과적입니다. * **단점**: 점들이 산발적으로 분포된 경우, 선형 회귀를 사용하면 대표 좌표가 실제 중심에서 벗어날 수 있습니다. * **적합한 경우**: 점들이 일정한 방향으로 패턴을 가지고 있는 경우(예: 경계선 상의 점들).   **4. 최빈값 (Mode)**   * **설명**: 가장 빈번하게 나타나는 좌표 값을 대표로 사용합니다. * **장점**: 특정 좌표에 점이 집중되어 있을 때, 이를 기준으로 삼기 쉽습니다. * **단점**: 점들의 분포가 고르지 않은 경우, 실제 중심을 잘 나타내지 못할 수 있습니다. 모든 좌표가 고유하면 최빈값을 구하기 어려울 수 있습니다. * **적합한 경우**: 점들이 몇몇 특정 위치에 집중되어 있을 때.   **권장 사항**   * **데이터가 특정 패턴 없이 고르게 분포**되어 있다면, **평균값**이나 **중앙값**이 좋은 선택입니다. * **이상치가 많은 경우**라면, **중앙값**이 더 안정적인 기준 좌표가 될 것입니다. * **점들이 경계선을 따라 특정 방향으로 정렬된 경우**라면, **선형 회귀**를 통해 경향을 파악한 후 중심을 구하는 것이 좋습니다. * **특정 위치에 점이 많이 집중된 경우**라면, **최빈값**을 사용해 해당 좌표를 대표 좌표로 삼을 수 있습니다. |

|  |
| --- |
| 각 방법의 특성과 현재 점의 분포를 고려할 때, **중앙값**이나 **선형 회귀**가 적합해 보입니다. 이유는 다음과 같습니다:   1. **중앙값**:    * **이상치**(outlier)에 강하고, 분포가 일정하지 않더라도 대표성을 잘 유지합니다.    * 점들이 ROI 경계에 따라 줄지어 찍혀있는 경우, 특정 방향으로 분포가 있어도 중앙값은 중심 좌표를 잘 반영할 가능성이 큽니다. 2. **선형 회귀**:    * 빨간 점들이 경계선이나 특정 패턴에 따라 연속적으로 찍혀 있는 경우, 선형 회귀를 사용해 이들의 경향성을 반영할 수 있습니다.    * 이 경우, 선형 회귀를 통해 각 좌표에 대한 회귀선을 만들고, 이 선의 중심을 기준 좌표로 잡는 방식이 유리할 수 있습니다.   **방법 선택 기준**   * **중앙값**은 간단하게 점의 중심을 찾는 데 적합하며, 이상치에 덜 민감합니다. * **선형 회귀**는 경계선을 따라 점들이 일직선이나 특정 경향을 띄고 있을 때 적합합니다. 현재 빨간 점들이 경계선에 줄지어 있다면, 선형 회귀가 더 의미 있는 결과를 줄 수 있습니다. |

|  |
| --- |
| import cv2 import numpy as np from sklearn.linear\_model import LinearRegression  # 그레이스케일 이미지 불러오기 original\_image = cv2.imread('difficult2.png', cv2.IMREAD\_GRAYSCALE)  # 큰 ROI 설정 x, y, w, h = 30, 30, 200, 370 # difficult2  # ROI 시각적 표시를 위한 컬러 변환 image\_with\_roi = cv2.cvtColor(original\_image, cv2.COLOR\_GRAY2BGR)  # ROI 강조 표시 cv2.rectangle(image\_with\_roi, (x, y), (x + w, y + h), (0, 255, 0), 2)  # 원본 이미지 전체에 밝기 값 45 이하를 0으로 처리 threshold\_value = 45 \_, thresholded\_image = cv2.threshold(original\_image, threshold\_value, 255, cv2.THRESH\_TOZERO)  # Non-Local Means 필터 적용 nlm\_denoised = cv2.fastNlMeansDenoising(  thresholded\_image, None, h=10, templateWindowSize=7, searchWindowSize=21 )  # 첫 번째와 두 번째로 찍힌 점들의 리스트 초기화 first\_points = [] second\_points = []  # ROI 내부에서 밝기 변화 감지하여 점 찍기 for i in range(y + 1, y + h - 1): # ROI 내부의 y 좌표 (위에서 아래로)  points\_marked = 0 # 매 행(row)마다 points\_marked를 초기화  previous\_value = None # 각 행(row)마다 previous\_value 초기화  last\_marked\_position = None   for j in range(w - 1, -1, -1): # ROI 내부의 x 좌표 (오른쪽에서 왼쪽으로)  pixel\_value = int(thresholded\_image[i, x + j]) # 현재 (x + j, i) 위치의 픽셀 값   if previous\_value is not None:  delta = abs(pixel\_value - previous\_value) # 이전 픽셀과의 밝기 차이 계산  if delta >= 5:  if points\_marked == 0 or (points\_marked < 2 and abs(j - last\_marked\_position) > 5):  # 변화 감지 지점에 빨간 점 표시  cv2.circle(image\_with\_roi, (x + j, i), 1, (0, 0, 255), -1)   # 첫 번째와 두 번째 점에 따라 리스트에 추가  if points\_marked == 0:  first\_points.append((x + j, i)) # 첫 번째 점 리스트에 추가  elif points\_marked == 1:  second\_points.append((x + j, i)) # 두 번째 점 리스트에 추가   points\_marked += 1 # 변화 지점 카운트 증가  last\_marked\_position = j   # 두 개의 변화 지점을 찾았으면 더 이상 점 찍기 중지  if points\_marked == 2:  break   previous\_value = pixel\_value # 이전 픽셀 값 업데이트  # 각 행마다 첫 번째 점들과 두 번째 점들의 리스트 출력 print("첫 번째 점들의 리스트:", first\_points) print("두 번째 점들의 리스트:", second\_points)  # 첫 번째 점들의 x, y 좌표 추출 first\_x = [point[0] for point in first\_points] first\_y = [point[1] for point in first\_points]  # 두 번째 점들의 x, y 좌표 추출 second\_x = [point[0] for point in second\_points] second\_y = [point[1] for point in second\_points]  # 중앙값 계산 first\_median = (np.median(first\_x), np.median(first\_y)) second\_median = (np.median(second\_x), np.median(second\_y))  # 선형 회귀 계산 # 첫 번째 점들에 대한 선형 회귀 first\_x\_np = np.array(first\_x).reshape(-1, 1) first\_y\_np = np.array(first\_y) first\_regressor = LinearRegression() first\_regressor.fit(first\_x\_np, first\_y\_np) first\_line\_center\_x = np.mean(first\_x) first\_line\_center\_y = first\_regressor.predict(np.array([[first\_line\_center\_x]]))[0]  # 두 번째 점들에 대한 선형 회귀 second\_x\_np = np.array(second\_x).reshape(-1, 1) second\_y\_np = np.array(second\_y) second\_regressor = LinearRegression() second\_regressor.fit(second\_x\_np, second\_y\_np) second\_line\_center\_x = np.mean(second\_x) second\_line\_center\_y = second\_regressor.predict(np.array([[second\_line\_center\_x]]))[0]  # 결과 출력 print("첫 번째 점들의 중앙값:", first\_median) print("두 번째 점들의 중앙값:", second\_median) print("첫 번째 점들의 선형 회귀 중심:", (first\_line\_center\_x, first\_line\_center\_y)) print("두 번째 점들의 선형 회귀 중심:", (second\_line\_center\_x, second\_line\_center\_y))  # 결과 시각화 cv2.imshow('ROI Visualization', image\_with\_roi) cv2.waitKey(0) cv2.destroyAllWindows() |

결과

|  |
| --- |
| 첫 번째 점들의 중앙값: (np.float64(207.0), np.float64(214.5))  두 번째 점들의 중앙값: (np.float64(142.0), np.float64(214.5))  첫 번째 점들의 선형 회귀 중심: (np.float64(205.27445652173913), np.float64(214.5))  두 번째 점들의 선형 회귀 중심: (np.float64(143.0516304347826), np.float64(214.5)) |

|  |
| --- |
| 출력된 결과를 보면, 중앙값과 선형 회귀 중심이 각각 비슷한 값을 보이고 있으며, **y 좌표**는 두 경우 모두 **214.5로 동일**합니다. 이는 빨간 점들이 수직 방향으로 일관되게 정렬되어 있음을 시사합니다.  **결과 해석 및 추천 기준**   1. **중앙값**:    * 중앙값이 이상치에 강하고 전체 데이터의 중심을 잘 나타내는 특성을 가지고 있으므로, 각 행의 중심을 찾는 데 적합합니다.    * 결과에서 (207.0, 214.5)와 (142.0, 214.5)로, 점의 분포 중심을 비교적 잘 나타냅니다. 2. **선형 회귀 중심**:    * 선형 회귀 중심은 각각 (205.27, 214.5)와 (143.05, 214.5)로 계산되어 있습니다. 이는 각 점들이 거의 직선으로 분포되어 있다는 의미입니다.    * 점들이 수직 방향으로 정렬되어 있는 경우 선형 회귀를 통한 중심 계산이 중앙값과 크게 차이 나지 않으므로, 선형 회귀가 데이터를 복잡하게 처리할 필요가 없는 단순 수직 분포에서는 추가적인 이점을 제공하지 않을 수 있습니다.   **결론 및 추천**  **중앙값**을 사용하여 (207.0, 214.5)와 (142.0, 214.5)를 기준 좌표로 사용하는 것이 좋습니다. 중앙값이 계산도 간단하고, 이 경우 선형 회귀와 큰 차이가 없으므로 추가적인 계산 부담 없이 적합한 결과를 얻을 수 있습니다.  중앙값이 최종 기준으로 결정되었다면, 코드에서 선형 회귀 부분을 제거하고 중앙값을 기준으로 설정하시면 됩니다. |

**방법 비교**

| **방법** | **장점** | **단점** | **추천 상황** |
| --- | --- | --- | --- |
| **KMeans 2번** | 직관적이며 군집 수가 명확할 때 효과적 | 군집 수가 적합하지 않을 경우 부정확할 수 있음 | 군집 수가 두 그룹으로 나뉘는 경우 |
| **DBSCAN** | 군집 수를 사전 설정하지 않음 | eps와 min\_samples 설정에 민감 | 데이터 분포가 불균등할 때 적합 |
| **히스토그램 기반 필터링** | 간단하고 빠름 | 군집화보다 정밀도가 떨어질 수 있음 | 대략적인 y값 탐지가 필요한 경우 |

|  |
| --- |
| **eps와 min\_samples에 대한 설명**  **1. eps (군집화 반경)**   * eps는 DBSCAN에서 **포인트 간 거리**를 나타냅니다. * 하나의 데이터 포인트가 군집의 일부로 간주되려면, 해당 포인트를 중심으로 한 eps 반경 내에 min\_samples 개 이상의 데이터 포인트가 존재해야 합니다. * **값의 의미**:   + eps가 **작을수록** 데이터가 더 조밀해야 군집이 형성됩니다.   + eps가 **클수록** 더 넓은 영역에서 포인트들을 군집으로 묶습니다.   **2. min\_samples (최소 샘플 수)**   * min\_samples는 군집을 구성하기 위해 **eps 반경 내에 포함되어야 하는 최소 데이터 포인트 수**를 설정합니다. * 군집을 이루는 데이터의 밀도 기준을 결정합니다. * **값의 의미**:   + 값이 **작을수록** 군집이 더 쉽게 형성됩니다.   + 값이 **클수록** 군집이 형성되기 더 어려워지고, 더 강한 밀도를 요구합니다.   **왜 eps=3과 min\_samples=5로 설정했는가?**  **1. eps=3**   * 좌표 데이터는 (x, y)로 구성되어 있으며, 데이터 간 거리의 단위는 Euclidean distance(유클리드 거리)입니다. * eps=3은 데이터 포인트 간 거리가 3 이하일 때 군집으로 묶이도록 설정합니다. * **직관적인 이유**:   + 주어진 좌표 데이터를 보면 많은 포인트가 비슷한 범위에 몰려 있습니다. 거리 3을 반경으로 설정하면 이 밀집된 데이터들을 적절히 군집으로 묶을 수 있습니다.   **2. min\_samples=5**   * 군집이 형성되려면, 반경 eps=3 내에 적어도 **5개의 데이터 포인트**가 있어야 합니다. * **값을 설정한 이유**:   + 데이터가 비교적 촘촘히 분포된 경우, 5개 정도의 포인트를 기준으로 하면 노이즈를 걸러내면서도 실제 군집을 탐지할 수 있습니다.   + 더 큰 값을 설정하면 데이터 밀도가 더 높아야 군집으로 인식되므로 군집이 잘 형성되지 않을 수 있습니다.   **eps와 min\_samples 값을 이렇게 설정한 이유 요약**   1. **eps=3**: 주어진 좌표 데이터가 특정 범위 안에서 비교적 조밀하게 분포되어 있으며, 반경 3 내에서 군집을 감지하는 것이 적합할 것으로 판단했습니다. 2. **min\_samples=5**: 군집이 형성되기 위해 요구되는 최소 밀도(5개 포인트)가 적절하다고 보았습니다. 이는 노이즈를 효과적으로 제외하면서 군집을 탐지하기 위함입니다.   **eps와 min\_samples 값 조정 가이드**   * **eps를 조정하는 방법**:   + eps를 너무 작게 설정하면 군집이 작고 조각조각 나뉩니다.   + eps를 너무 크게 설정하면 군집이 너무 커지고, 서로 다른 군집이 합쳐질 수 있습니다.   + **k-거리 그래프**를 사용하여 적절한 eps를 선택할 수 있습니다.     - 그래프에서 거리가 급격히 증가하는 지점을 선택하면 적절한 eps 값이 됩니다. * **min\_samples를 조정하는 방법**:   + min\_samples를 낮추면 군집이 더 쉽게 형성되지만, 노이즈 데이터가 군집으로 포함될 가능성이 높습니다.   + min\_samples를 높이면 데이터 밀도가 높은 군집만 형성되므로 노이즈 제거가 효과적입니다.   **데이터 특성에 따라 eps와 min\_samples를 재설정해야 하는 경우**   * 데이터가 더 조밀하게 분포했다면:   + eps를 줄이고, min\_samples도 줄입니다. * 데이터가 불규칙하고 넓게 분포했다면:   + eps를 늘리고, min\_samples를 높입니다. |