

遺伝的アルゴリズムによる帰納的特徴抽出

4 P-2

村瀬一朗、金子俊一、本多庸悟
東京農工大学工学部

1. はじめに 本論文では、遺伝的アルゴリズム (1)(Genetic Algorithm ; GA)を用いて、画像群の特徴を帰納的に抽出する手法について述べる。

現在のパタン認識は、照合用の特徴を記述したモデルを計算機内部に持つことで認識を行っている。その際に用いられる特徴量は認識の対象と手法に強く依存し、ヒューリスティックに決められている。筆者らは、これらの問題に対して、(1)特徴単位の統合によって新たな特徴が構成可能である、(2)有効な特徴どうしの融合により、さらに有効な特徴が構成可能である、(3)サンプル画像群に対する適合度の検討により特徴の評価が可能である、という着想に基づき、GAを用いた構造的特徴の帰納的抽出を試みた。GAは、目的関数にほぼ制約の無い最適化手法で、局所解に捕らわれづらく、大域解を得ることが可能とされている。本研究では、多点探索手法であるGAの特徴を生かし、最適解だけではなく優良な解の集合を評価することも検討課題にしている。

2. GAを用いた特徴抽出手法

2.1 対象画像 図1のようなエッジで構成した多角形(頂点数27)を基に、頂点座標を正規分布に従う乱数で配置したものを20枚作成し原画像群とする。原画像に平滑化处理(図2)を行い、これをエッジポテンシャル画像(2)とし、エッジの原画像に対する照合性を評価するために用いる。

2.2 遺伝子型の定義 遺伝子は、原画像に含まれるエッジ内のひとつを値として持つ。個体は、任意個の遺伝子で構成する。

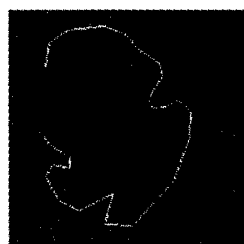


図1 シミュレーション対象の原画像の例

| | | | | |
|---|---|---|---|---|
| 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| 1 | 2 | 2 | 2 | 1 |
| 1 | 2 | 3 | 2 | 1 |
| 1 | 2 | 2 | 2 | 1 |
| 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |

図2 原画像に対する平滑化处理用マスク(5x5)

2.3 遺伝子の照合度 次式によりある画像に対する遺伝子の照合度 m を定義する。

$$m = \frac{1}{a} \sum_{i=1}^a p(x_i, y_i) \quad (1)$$

ただし、 a はエッジのピクセル数を表し、 $p(x_i, y_i)$ は、エッジ上のピクセル (x_i, y_i) におけるエッジポテンシャル値とする。

2.4 個体の適合度 遺伝子数が1個の個体の適合度 F を次式に示す。

$$F = \mu_m \cdot \sigma_d \cdot f(l) \cdot L \quad (2)$$

μ_m は、構成遺伝子の平均照合度、 σ_d は、エッジの midpoint と個体の重心間距離の標準偏差、 $f(l)$ は、個体の l の正規分布関数を表し平均長さの個体をある程度優遇するために導入している。 L は、個体のエッジの総延長 Σa とエッジ相互の端点間距離の最小値の総和 Σd_{min} を用いて、次式で表されるものであり、エッジの局在性を得るために導入する。

$$L = \frac{\Sigma a + \Sigma d_{min}}{\Sigma d_{min}} \quad (3)$$

3. シミュレーション 今回は、シミュレーション開始時点の個体の遺伝子数を1、個体数を50として個体の集団を生成した。遺伝子は、全画像からランダムにエッジを選択して決めた。これを第0

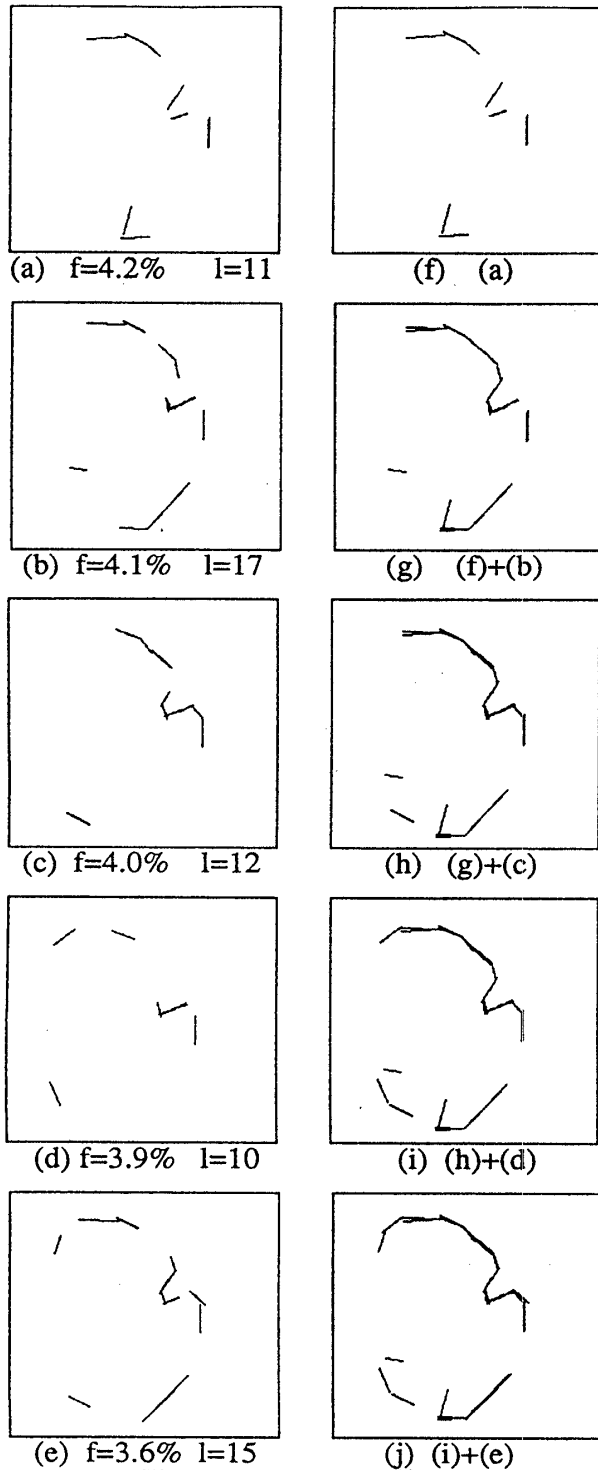


図3 シミュレーション結果
 (a)~(e)は、シミュレーション終了後の個体を適合度の高い順に5個体を示したものである。
 (f)~(j)は、適合度の高い個体から順に重ねて表示したものである。
 f は、集団全体に対する適合度の割合を示し、 l は、遺伝子数を示す。

世代の集団とし、各画像に対するシミュレーションを開始する。各世代では、選択、交叉、突然変異を行う。選択は、個体の適合度に比例する確率で次世代への生き残りを決めることで行う。交叉は、ランダムに組み合わせた二個体間に対して行い、遺伝子の表すエッジ間の距離に比例する確率で切断箇所を決め二分し、個体間で交換することで行う。遺伝子数が1の場合は、交叉相手に含まれるか否かを決定する。交叉確率0.6とした。突然変異は全画像からランダムにエッジを選択し、遺伝子に再割当てをすることで行う。さらに、交叉で切断された遺伝子の並びを逆転する変異も加えた。両変異の適用確率は、ともに0.1とした。これらの操作をひとつの画像に対して50回繰り返した。

4 考察 シミュレーションの結果を図3に示す。視察により、各個体は原画像の右上が「くびれている」という特徴の抽出に成功していると思われる。また、適合度の上位4個体で、原画像の形状がほぼ再構成可能であることから、有効な特徴単位が、適合度上位の個体に内在されていることが予想される。今回用いた適合度の式(2)には、画像群への照合性の評価項(μ_m)に加え、局在性(L)、非局在性(σ_d)、および、遺伝子数の抑制効果項($f(l)$)を用いた。これらの項の妥当性に関しては、今後、さらに検討を行う。

参考文献

(1)Goldberg,D.E.: Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning, Addison-Wesley Publishing Company, Inc.(1989).
 (2)長尾,安居院,長橋: 遺伝的アルゴリズムを用いたパターンマッチング法, PRU91-92, pp.33-40 (1991).
 (3)山岸, 富川: 遺伝的アルゴリズムによる閉曲線の多角形近似, 電子情報通信学会論文誌 D-II Vol. J76-D-II No.4 pp.917-919 (1993).