

ベクトル化された閉図形におけるノードのランク付けに関する検討

2N-03

飯村 伊智郎¹ 米村 有元¹ 馬原 洋光¹

加藤 誠巳²

¹熊本県立技術短大 情報システム系

²上智大学 理工学部

1. まえがき

カーナビや各種地理情報システムなどにおいて、デジタル地図を拡大表示する場合は多くのノード情報が必要となるが、逆に縮小表示する場合には多くのノード情報は冗長となる。そこで、必要かつ十分なノードのみを表示するため、それらノード情報を階層付けることが考えられる^{[1][2]}。ここで階層付けとは、図形を構成しているノード群をその重要度に応じて複数の階層に分けることである。筆者らは、まず原図形を構成している全てのノードを重複なく一列にランク付けし、その後、その求めたランクをもとに複数の階層に分けることを考えた。本稿では、原図形を構成している全てのノードを重複なく一列にランク付ける手法として、遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm; GA) を用いた手法を提案する。また、本手法を用いて閉図形をランク付けした実験結果について述べる。

2. 提案する手法

2.1. ランク付け

閉図形を構成する (x, y) 座標からなる N 個のノードを原図形から 1 個ずつ削除していくとき、原図形に対する歪み (周囲長の差) の総和 (以下、累積歪みと呼ぶ) が最も小さくなるノード順列を求める。この順列は、原図形からノードを 1 個ずつ削除していくとき、できるだけ原図形の特徴が残るようにノードを削除する順であると考えられることができる。すなわち、ノード順列の始めの方に位置するノードは、拡大表示時には必要であるが縮小表示時には省略可能なノードであり、逆に末尾に近いノードほど、縮小表示の際にも必要な原図形の特徴をより含んでいるノードであると考えられる。本手法におけるランク付けとは、このノード順列を求めることに対応する。

このノード順列の組合せ数は、閉図形を構成しているノード数を N 個とすると $N!$ 通りとなり、決定論的な手法によって解を探索することは実用的でない。そこで筆者らは、その最適解またはその次善解を探索する手法として遺伝的アルゴリズムを使用した。

2.2. 遺伝的アルゴリズムの適用

2.2.1. 個体の染色体の定義

削除していく順にノードの識別子であるノード番号を並べたものを個体 I_j ($j=0, 1, \dots, M-1$) の染色体 C_j として定義する。すなわち、第 i 番目に削除されるノード番号を P_i ($i=0, 1, \dots, N-1$) とすると、染色体 C_j は次式で表される。

$$C_j = \{P_0^{(j)} P_1^{(j)} \dots P_{N-1}^{(j)}\} \quad \text{但し, } P_i^{(j)} = 0, 1, \dots, N-1$$

この場合、図形を構成する全ノードの番号は、染色体 C_j 中に必ず 1 回のみ現れる。

2.2.2. 適応度

i 番目まで (すなわち、 $i+1$ 個) のノードを削除した場合の原図形に対する累積歪みを D_i とする。ここで、

d_i : i 番目までのノードを削除した図形の原図形に対する歪み

L : 原図形の周囲長

L_i : i 番目までのノードを削除した図形の周囲長

とすると、累積歪み D_i は次式で与えられる。

$$D_i = \sum_{k=0}^i d_k \quad \text{但し, } d_k = L - L_k$$

求める累積歪み D は、原図形からノードを削除していき最終的に 2 点からなる線分となるとすると、0 番目から順に $N-3$ 番目までのノードを削除した図形に対する累積歪みと考えることができる。したがって、求める累積歪み D は次式で与えられる。

$$D \equiv D_{N-3}$$

この累積歪み D が小さいほど、高い適応度を持つ個体であると考えられる。

2.2.3. 淘汰・増殖

本手法では、個体の重複を認めないものとした。よって、各世代において、重複する個体は淘汰するものとした。一方、増殖は、ルーレットルールで選ばれた 2 個体を交叉確率に従って交叉させ、2 個の新しい個体を発生させることにより行った。交叉確率により交叉が行われなかった場合、ルーレットルールで選ばれた 2 個体自身を新たに発生された個体として扱った。なお、個体総数は常に M 個で一定になるようにした。

2.2.4. 交叉

本手法では、ヒューリスティックを採り入れた交叉^{[3][4]}を行った。まず、子の先頭遺伝子のノード番号 P_0 をランダムに発生させる。次に、親である 2 個体からそれぞれノード番号 P_0 の次にくるノード番号 P' 、 P'' を求める。ここで、 P_0 が削除されている図形から P' を削除したときの歪みと P'' を削除したときの歪みを比較し、 P' と P'' のうちで歪みが少ない方を子の遺伝子の 2 番目の候補とする。以下同様なことを繰り返し、子の染色体を生成する。

また、上記交叉により得られた子に対して、2 つのノードをランダムに選択し、それらを入れ替えることで局所的に解を改善する手法 (2-opt)^[5] を用いている。

なお、突然変異は用いないものとした。

3. 実験方法及び結果

3.1. 実験方法

実験は、表 1 に示す 3 種類のベクトル化された閉図形に対して行った。各図形は、横 20,000、縦 20,000 の範囲で定義されている。また、本手法における交叉法の効果を確認するため、致死遺伝子を抑制するための順序表現^[4]及び代表的な交叉法である一点交叉を用いた手法を従来手法として、合わせて実験を行った。

A Method for Grading Node of Vectorized Line Data
Ichiro IIMURA¹, Yugen YONEMURA¹, Hiromitsu MAHARA¹,
Masami KATO²

¹Kumamoto Prefectural College of Technology,

²Sophia University

表1 実験に用いた閉図形

閉図形	ノード数[個]
アステロイド	16
ジュコフスキーの翼型	32
佐渡島	3,545

3.2. 実験結果

以下に、3種類の閉図形に対し、本手法と従来手法による遺伝的操作を施した結果を示す。結果は、10回の実験結果の平均値を示している。

個体数 M を 20, 交叉確率を 70%, 打ち切り世代数を 100 とした場合のアステロイドの実験結果を図1に示す。

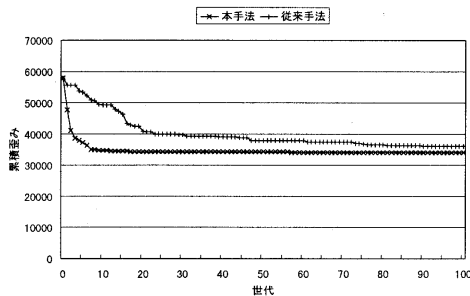


図1 アステロイドに対する累積歪みの推移

個体数 M を 30, 交叉確率を 70%, 打ち切り世代数を 100 とした場合のジュコフスキーの翼型の実験結果を図2に示す。

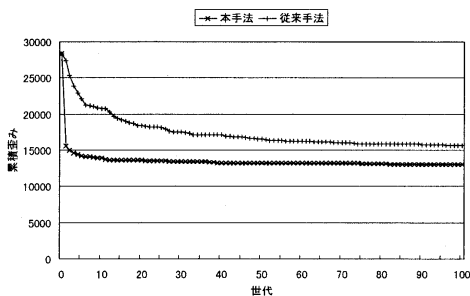


図2 ジュコフスキーの翼型に対する累積歪みの推移

個体数 M を 50, 交叉確率を 70%, 打ち切り世代数を 200 とした場合の佐渡島の実験結果を図3に示す。

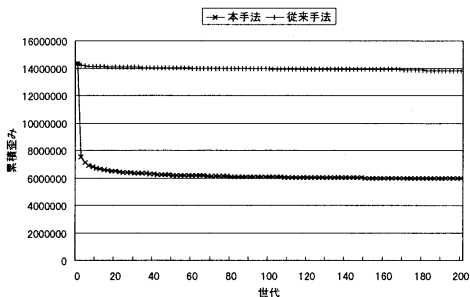


図3 佐渡島に対する累積歪みの推移

4. 考察

図1,2,3 から、本手法における交叉法は、従来手法より

早く最適解またはその次善解に至る傾向が認められる。但し、全ての遺伝規則について実験したわけではないため、本稿で取り上げた遺伝規則が最良であるか否かについては不明である。

また、本手法によるランク付けの結果をもとに、ノードを削除した様子を図4,5に示す。これらの結果から、本手法は、原図形の特徴を残すようにノードをランク付ける傾向にあることが認められる。

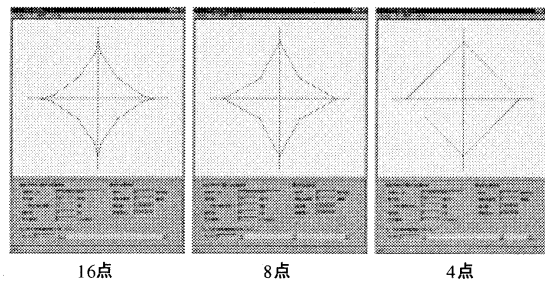


図4 アステロイドのノードを削除した様子

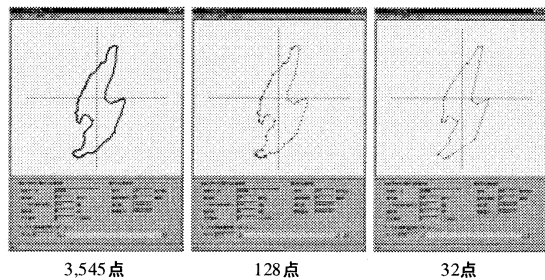


図5 佐渡島のノードを削除した様子

5. むすび

原図形を構成している全てのノードを重複なく一列にランク付ける手法として、遺伝的アルゴリズムを用いた手法を提案した。そして、実験により本手法は原図形の特徴を残すようにノードをランク付ける傾向にあることを示した。また、本手法における交叉法が、従来手法より早く最適解またはその次善解に至る傾向にあることを示した。

しかし、通常、円を階層付けることを考えた場合、円を構成しているノード群からノードを1つ置きに削除したものが原図形を1段階近似した図形と考えられるが、本手法を円に適用した場合、1つ置きにノードが削除されないという問題がある。このため、染色体や適応度の定義、交叉法など今後十分検討する必要がある。

参考文献

- [1] 加藤, 石田, 能見, 倉川: “デジタル地図におけるノードのランク付けに関する検討,” 情処第50回全大, 3T-10 (1995).
- [2] Iimura, M.Kato: “A Unified Managing Method for Multiple Scale Vectorized Map Data Using a Hierarchical Structure,” 5th World Congress on Intelligent Transport Systems, 3071 (1998).
- [3] 北野: “遺伝的アルゴリズム,” 産業図書 (1997).
- [4] Grefenstette, J., Gopal, R., Rosmatia, B. and Gucht, V.: “Genetic Algorithms for the Traveling Salesman Problem,” Proceeding of the 1st International Conference on Genetic Algorithms and Their Applications, pp.160-168 (1985).