

ステレオ視の対応点問題における遺伝的アルゴリズムの適用

2P-5

浅井 宏司 渡部 広一 河岡 司

同志社大学 工学研究科 知識工学専攻

1. はじめに

ロボットの視覚による実世界からの三次元情報の取得において、ステレオ視は左右一対の画像における対応点の視差の違いから対象物体の三次元座標を取得することができる。ステレオ画像から三次元形状復元を行う際に左右画像から一対の対応点を求めなければならない。しかし、この対応点の探索がステレオ視による三次元形状復元の問題となっている。そこで、本研究では遺伝的アルゴリズムを用いることにより自動的に対応点を求める手法を提案し、評価実験によりこの問題に遺伝的アルゴリズムを用いる有効性について検証した。

2. 対応点問題

対応点問題は、一般的にエピポーラ線を用いた 1 次元探索で求めている。この方法はステレオ画像上にエピポーラ線という線を引きその線上を探索するため単純に対応点を探索できるが、誤差などの問題が生じるのである。本稿では、この問題をより適切な対応点の組み合わせを見出す最適化問題の一種と捉え遺伝的アルゴリズムを用いる方法を考察する。

3. 実験方法

デジタルカメラで撮影したステレオ画像にあらかじめ特徴となる点を入力し、その点の列を遺伝子型として対応点探索を行う。本研究では、左右の画像に入力する点を同数とし、左右の点は必ず対応点となるものとして実験を行う。

4. 遺伝的アルゴリズムの適用

4.1 コード化

各画像に入力した点に対し入力された順に番号を振り、その番号 i と番号に対応する座標 r_i, l_i を格納した列を定める。

Adaptability of Genetic Algorithm for A Stereo Correspondence Problem
 ASAI Koji, WATABE Hirokazu, KAWAOKA Tsukasa
 Department of Knowledge Engineering and Computer Sciences, Graduated School of Engineering, Doshisha University

右画像: $(r_0, r_1, \dots, r_{n-1})$

左画像: $(l_0, l_1, \dots, l_{n-1})$ (n : 入力点の数)

右画像の点列を固定し左画像の点列の番号 i の列を遺伝子型とするため、遺伝子型は 0 から 1 までの順列で表現する。

4.2 初期集団の生成

順列 $(0, 1, 2, \dots, n-1)$ を元にランダムに並び替えたものを初期集団として生成する。なお生成された遺伝子型 L の i 番目の要素を $L(i)$ と表す。

4.3 適応度

適応度は Susan principle [1]による輪郭情報を元に各対応点の相関値を計算し、その平均を取ったものと、各対応点のベクトルの差を元に相関値を算出する。前者と後者の和を適応度とする。適応度は -2 から +2 までの値を取り、この値が +2 に近づくほど適応しているといえる。

4.3.1 輪郭情報を用いた相関値

Susan principle による輪郭情報は RGB ベクトルを用いて計算されるため、今回は色情報のない濃淡画像ではなく Susan principle を用いた。輪郭情報はマスク M を用い次式で表される。

$$N(p_0) = \sum_{p \in M} \{1 - \delta(\|I(p) - I(p_0)\| - t)\}$$

$$\delta(x) = \begin{cases} 1, & x > 0 \\ 0, & x \leq 0 \end{cases}$$

$N(p)$: 点 p における輪郭情報の値

p : 点の座標, p_0 : マスクの中心座標

M : マスクの範囲, I : RBG ベクトル

t : 閾値

上記の輪郭情報 $N(x, y)$ を用いて相関値を求める。ウィンドウ $((2n+1) \times (2m+1))$ を設定することにより相関値は次式で求めることができる。

$$S(r, l) = \frac{\sum_{i=-n}^n \sum_{j=-m}^m k(r, l, i, j)}{(2n+1)(2m+1)\sqrt{\sigma^2(r) \times \sigma^2(l)}}$$

$k(p1, p2, i, j) =$

$$(N_r(p1_x + i, p1_y + j) - N_r(p1_x, p1_y)) \times (N_l(p2_x + i, p2_y + j) - N_l(p2_x, p2_y))$$

S : 相関値

$\sigma(p)$: 座標 p を中心としたウィンドウ内の標準偏差

p_x : 座標 p における x 座標, p_y : 座標 p における y 座標
 N_R : 右画像の輪郭情報, N_L : 左画像の輪郭情報
 $\overline{N(p_x, p_y)}$: 座標 p を中心としたウィンドウ内の平均値
 上記の相関値を用いて, 全対応点の相関値の平均を求める.

$$avrS = \frac{\sum_{i=0}^{n-1} S(r_i, l_{L(i)})}{n}$$

$avrS$: 輪郭情報を用いた相関値

n : 入力点の数

4. 3. 2 ベクトルを用いた相関値

ベクトル差は n 番目と $n-1$ 番目の距離の差を用いる。これを次式で表す。

$$D(r_m) = \|r_m - r_{m-1}\| \quad (m: 1 \dots n)$$

$$D(r_0) = \|r_0 - r_{n-1}\| \quad (m = 0)$$

上記からベクトル差を用いた相関値は次式で表す。

$$Svec = \frac{\sum_{i=0}^n (D_R(r_i) - \overline{D_R}) \times (D_L(l_{L(i)}) - \overline{D_L})}{n \sqrt{\sigma^2(D_R) \times \sigma^2(D_L)}}$$

$D(r)$: 遺伝子 r におけるベクトル差

$\overline{D_R}$: 右画像の全ベクトル差の平均

$\overline{D_L}$: 左画像の全ベクトル差の平均

σ : ベクトル差の標準偏差

適応度は輪郭情報を用いた相関値とベクトル差を用いた相関値の和であるため, 次式で表される。

$$fitness = avrS + Svec$$

4. 4 オペレータ

遺伝子の重複ができないため交叉を用いることができない。そこで, 突然変異のみを用いることにした。突然変異は乱数 $(i, j)(i, j < n, i \neq j)$ を用いて i 番目と j 番目を入れ替えるものとする。

5. 実験と結果

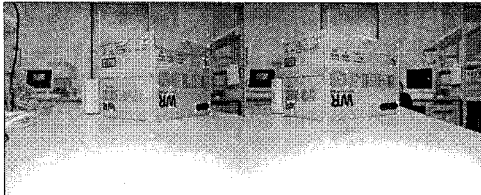
本実験はデジタルカメラによるステレオ画像を用いて行う。取得した各々の画像に対応する同じ数の点を手動で入力する。その後, 遺伝的アルゴリズムを用いて対応点探索を行う。実験に用いた画像と入力した点を図1に示す。

対応点問題における遺伝的アルゴリズムの有効性を確認するために入力する点の数を30~70で本実験を行う。本実験は二通りの実験方法で行った。実験方法1: 適応度が収束しやすいように遺伝的アルゴリズムを2段階に分ける。1段階目は適応度に $avrS$ のみを用いて計算を行い, 2段階目は1段階目で得た結果を初期集団に反映し適応度に $avrS$ と

$Svec$ の和を用いる。

実験方法2: 単純に適応度に $avrS$ と $Svec$ の和を用いて1段階のみで実験を行う。

この実験結果を表1・表2に示す。



左画像 右画像

図1: ステレオ画像

表1: 実験方法1の結果

入力点の	30	40	50	60	70
収束世代	488	1135	2885	3845	8056
適応度	1.663	1.686	1.648	1.601	1.525
正解率(%)	100	100	100	85	65.7

表2: 実験方法2の結果

入力点の	30	40	50	60	70
収束世代	488	1135	2885	3845	8056
適応度	1.363	1.418	1.347	1.42	1.366
正解率(%)	30	35	20	18.3	22.9

点の数が50程度までならば有効性を確認することができたが, 60以上になると精度が悪くなることがわかる。表1・表2から2段階に分けたほうが収束しやすいのが確認できる。今回は点の数が50程度までの有効性を確認できたが, さらに多くの点に適用するためには遺伝的アルゴリズムの改良が必要である。

6. おわりに

本研究では, ステレオ視の対応点問題における遺伝的アルゴリズムの適用を試みた。対応点が少ない場合には, 十分適応可能であることがわかった。今回は対応しない点は存在しないことを仮定にしていたが, 対応しない点が存在する場合, 今回のアルゴリズムでは適用できないため, さらに改良する余地があると考えられる。

謝辞

本研究は文部科学省からの補助を受けた同志社大学の学術フロンティア研究プロジェクト「知能情報科学とその応用」における研究の一環として行った。

参考文献

- [1] 徐 剛, 辻 三郎: “3次元ビジョン”(共立出版社)
- [2] 萩原 正文: “ニューロ・ファジィ・遺伝的アルゴリズム”(産業図書株式会社)