

## GA を併用した風景画像の構造的領域分割法の検討

今井 直樹      和田 成夫

東京電機大学大学院 工学研究科

〒101-8457 東京都千代田区神田錦町 2-2

電話 03-5280-3314

E-mail 99gme03@ed.cck.dendai.ac.jp

wada@cck.dendai.ac.jp

あらまし 画像の領域分割は画像解析において重要な処理であり、また、画像領域を部品単位として扱う符号化の応用においては不可欠な処理である。本研究では、濃度値を用いた四分木構造のしきい値処理による正方領域の画像分割の後、注目画素を含む領域と隣接領域とで判定に基づく併合を行う。この様な構造的領域分割により、複数領域に分割された画像が得られるが、境界領域の近傍等に未分割と判断される残領域が存在することがある。そこで、この境界領域等を併合するために遺伝的アルゴリズムを適用する方法を提案し、検討する。なお、領域分割の前処理として、擬似 KL 変換を原画像に施し、プレーン間の相関を少なくして処理を行った。

キーワード 領域分割、ラベリング、しきい値処理、遺伝的アルゴリズム

## On A Method for Structural Segmentation of Scene Image with Genetic Algorithm

Naoki IMAI      Shigeo WADA

Graduate School of Engineering, Tokyo Denki University

2-2 Nishiki-cho, Kanda, Chiyoda-ku, Tokyo 101-8457, Japan

Tel 03-5280-3314

E-mail 99gme03@ed.cck.dendai.ac.jp

wada@cck.dendai.ac.jp

Abstract Segmentation of the image region is an important processing in image analysis. It is essential to divide the region into components of image in an image coding application. We introduce a structural segmentation method for scene image using four-structural split and merging technique of neighboring regions together with the genetic algorithm. First, pseudo KL transform is applied for the original image to reduce brightness correlation between RGB planes. Next, the split-merge technique is practiced to the planes. Finally, when small unsegmented region exist particularly around the boundary, the genetic algorithm is utilized to optimize the segmentation. The effectiveness of the method is examined in the simulations.

key words Segmentation, Labeling, Threshold, Genetic Algorithm

## 1. はじめに

領域分割は画像解析や符号化において重要な処理である。例えば画像の二次元構造を利用した符号化アルゴリズムとして、領域分割符号化が最近注目を集めている。領域分割符号化とは、画像をその内容に則した均質な領域に分割した後、二次元的な構造情報である領域形状と、波形的な情報である領域内の輝度成分とを個別に符号化する方法である。従って、変換符号化で問題となっていたようなブロック形状に起因した画像劣化は一般に解消され、主観的に優れた再生画質を実現する。また、画像の本質的な情報を多く含む領域形状情報を効率よく記述することで、直交変換等の既存方式を上回る符号化性能を達成することが期待される。さらに、優れた圧縮だけではなく、インデックス、検索、部分画像の再利用等にも有効と考えられる。ところが、これらの前処理としての領域分割法は、屋外自然風景を含む画像に対しては良好な結果を得る方法が確立されておらず、領域分割符号化（領域分割圧縮法）の障害となっている [1]。

領域分割の方法として、マルコフ確率場モデルに基づきカラーテキスト画像の分割を行う手法などが提案されている [1],[2]。しかし、GMRF モデルに基づく分割はテキスト特徴を有効に利用できるものの、パラメータ推定に複雑な計算を必要とする。さらに、遺伝的アルゴリズムを画像の特徴のクラスタリングに有効的に適用した領域分割法も検討されており [3],[4]、良好な分割結果を得ている。

本研究では、まず、輝度成分について任意形状領域に適用可能な直交変換の一種であるカラーネン・レーベ (KL) 変換の適用を試みる。続いて、擬似 KL 変換画像で濃度の平均値および分散値に基づく画像分割および領域併合を行う。最後に境界小領域等の残領域が存在する場合には、GA を適用することで併合する。これらの処理を合わせて領域分割とする。本研究では、無相関化された画像プレーンの濃度値だけを用いることで、比較的単純な計算で良好な領域分割が可能である。シミュレーションにより各画像における領域分割例を示し、その有効性を検討する。

## 2. 色プレーン変換

2. では、KL 変換の本手法への適用法について述べる。ある画像  $C$  は  $R$ (赤),  $G$ (緑),  $B$ (青) のそれぞれの組合せにより色が構成されているとする。RGB 表示の画像の画素を  $C(k, l) = [R(k, l), G(k, l), B(k, l)]$  と表すことにする。 $(k, l)$  はサイズ  $M \times N$  の画像に対する各画素の座標とする。

一般に RGB プレーンは各々に輝度情報を持つので、プレーン間での相関が高い。領域分割では、色パラメータに輝度相関がない軸を用いるほうが効果的であり、KL 変換は、相関の強いパラメータ軸を最小となるようにする最適な変換である。ところがこの KL 変換を直接計算すると演算量が多くなり処理に時間がかかってしまうという問題点がある。そこで、大田は複数枚の画像の選択し

た領域に対し固有ベクトルを計算し、その主成分から

$$I_1(k, l) = \{R(k, l) + G(k, l) + B(k, l)\} / 3 \quad (1)$$

$$I_2(k, l) = \{R(k, l) - B(k, l)\} \quad (2)$$

$$I_3(k, l) = \{2G(k, l) - R(k, l) - B(k, l)\} / 2 \quad (3)$$

$$(k \times l \in M \times N)$$

で表される変換式が領域分割に有効であることを示した。対象とした画像はテキストを含む自然画や人物画、人工的模様を含む室内画などである。大田の変換式では、全ての画像において最適な変換が施されるわけではないが、少なくとも上述のような画像に対しては、前処理として KL 変換を行ったのとはほぼ同等の結果が得られる [1]。これを擬似 KL 変換と呼ぶことにして、本研究でも前処理として適用する。

## 3. 任意形状領域分割法

次に、領域分割における判定式、画像分割処理、領域併合処理および GA を用いる残領域の併合処理について述べる。

今、擬似 KL 変換画像の濃度値を  $I(k, l)$  と表す。擬似 KL 変換においては、式 (1)~(3) の変換プレーン  $[I_1(k, l), I_2(k, l), I_3(k, l)]$  の範囲が濃度値と同じ 0~255 の範囲に入るように正規化して表す。正規化した後の各成分を  $J_1(k, l), J_2(k, l), J_3(k, l)$  とすると、 $0 \leq I_1 \leq 255$ 、 $-255 \leq I_2 \leq 255$ 、 $-255 \leq I_3 \leq 255$  であるので、サイズ  $M \times N$  のカラー画像の擬似 KL 変換プレーンは

$$J_1(k, l) = I_1(k, l) \quad (4)$$

$$J_2(k, l) = \{I_2(k, l) + 255\} / 2 \quad (5)$$

$$J_3(k, l) = \{I_3(k, l) + 255\} / 2 \quad (6)$$

$$(k \times l \in M \times N)$$

と表せる。

以下に、式 (4)~(6) の変換プレーン  $[J_1(k, l), J_2(k, l), J_3(k, l)]$  を用いた任意形状領域分割法を示す。[step 1] では最大領域サイズ（画像分割の際になり得る最大の領域サイズ）ともなり得る初期領域を生成し、[step 2] では、ブロック領域  $S$  とその内部の 4 領域でのしきい値判定による画像分割処理を行う。[step 3] では、過分割領域や誤分割領域に対する領域併合処理を実行する。最後に [step 4] では、境界小領域等の残領域を GA により併合する。以上の処理の流れを図 1 に示す。

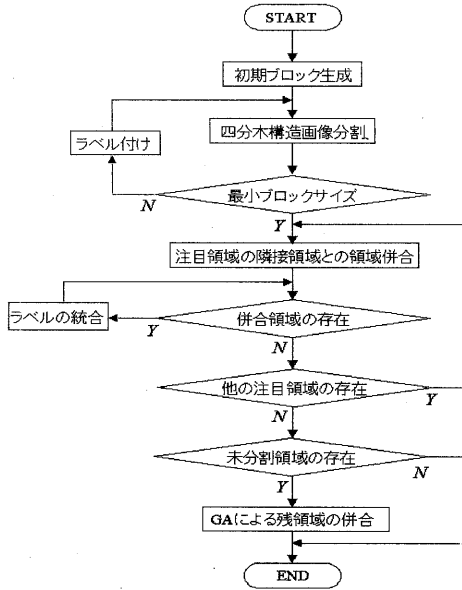


図 1: 処理の流れ

**[step 1]** 複数の初期ブロック領域の生成  
 サイズ  $M \times N$  の画像全体 ( $M = aH, N = bH, a, b \in \mathbb{N}$ ) を  $ab$  個の  $H \times H$  の正方ブロック領域に分割し、それぞれを初期ブロック領域とする。各初期ブロック領域を  $H_i (i = 1, 2, \dots, ab)$  とする。領域  $H_i$  のサイズは画像分割後の最大サイズとなり得る。そして、それぞれの初期ブロック領域  $H_i$  に対して初期ラベル付けを行う。ラベル付けとは、分割によって生成される各領域の全画素に同一の番号  $i$  を割り当てる作業である。ラベル  $i$  のラベル付けの終えた領域をラベル領域  $L_i$  とする。

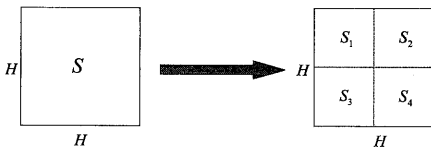


図 2: ブロック領域  $S$  との比較判定領域  $S_u$   
 ( $u = 1, 2, \dots, 4$ )

**[step 2]** 画像分割処理

次に、図 2 に示すようにブロック領域  $S(H_i)$  とその内部の 4 領域に対して、異なる領域であると判定された領域に新たにラベル付けを行うことにする。分割前のある領域を  $S$ 、これを四分木構造分割をしたと仮定した 4 領域をそれぞれ  $S_1, S_2, S_3, S_4$  と表したとき、四分木構造画像分割は

$$S \rightarrow S_1 + S_2 + S_3 + S_4 \quad (7)$$

のように表される。

判定に用いる領域  $S$  における濃度平均値  $\mu^{(S)}$ 、および濃度分散値  $\nu^{(S)}$  は

$$\mu^{(S)} = \frac{1}{z^{(S)}} \sum_{k=1}^H \sum_{l=1}^H J^{(S)}(k, l) \quad (8)$$

$$\nu^{(S)} = \frac{1}{z^{(S)}} \sum_{k=1}^H \sum_{l=1}^H (J^{(S)}(k, l) - \mu^{(S)})^2 \quad (9)$$

$$(k, l \in H \times H)$$

と表される。ただし、 $z^{(S)}$  は、領域  $S$  の画素  $J^{(S)}(k, l)$  の数を表し、四分木構造においては、 $z^{(S)} = H^2$  となる。第  $u$  領域の濃度平均値を  $\mu^{(S_u)}$ 、濃度分散値を  $\nu^{(S_u)}$  とすると、初期ブロック領域  $S$  と各分割ブロック領域  $S_u (u \in 1, 2, 3, 4)$  との濃度平均値の差  $\varepsilon_{\mu}^{(S_u)}$  および濃度分散値の差  $\varepsilon_{\nu}^{(S_u)}$  は次式のように与えられる。

$$\varepsilon_{\mu}^{(S_u)} = \mu^{(S)} - \mu^{(S_u)} \quad (10)$$

$$\varepsilon_{\nu}^{(S_u)} = \nu^{(S)} - \nu^{(S_u)} \quad (11)$$

$$(u \in 1, 2, 3, 4)$$

また、領域  $S_u$  を  $S$  から分割するかどうかの判定条件を

$$|\varepsilon_{\mu}^{(S_u)}| > \mu_a \text{ または } |\varepsilon_{\nu}^{(S_u)}| > \nu_a \quad (12)$$

とする。式 (12) をプレーン  $J_1, J_2, J_3$  のいずれかが満たすとき、画像分割 (ラベリング) に反映させることにする。ただし、 $\mu_a$  および  $\nu_a$  は画像分割時のあるしきい値である。

条件式 (12) により濃度平均値もしくは濃度分散値それぞれの差の絶対値がしきい値よりも大きければ異なる領域とみなして分割 (再ラベル付け) し、逆であれば同一領域とみなす (ラベル番号はそのまま)。この一連の処理を順次画像全体のブロック領域に施す。そして、判定により処理されたそれぞれの正方領域  $S_u$  に対して同じ四分木分割処理を再び実行する。以降、判定ブロックサイズを 2 のべき乗で下げていき、同様の処理を繰り返す。処理は最小サイズ ( $2 \times 2$ ) の正方領域までとする。このときの領域分割数を  $RS$  とする。

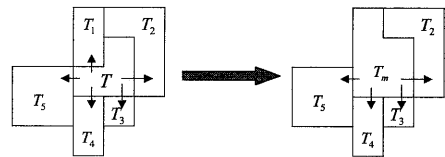


図 3: 注目領域  $T$  に対する隣接領域  $T_v$   
 ( $v = 1, 2, \dots, 5$ ) とその併合

**[step 3]** 領域併合処理

[step 2] では分割領域を表すラベル画像が生成されることになるが、[step 3] ではこの各ラベル領域の隣接領域に対して、併合処理を行うかどうかの判定を行い、図 3 に示すような領域併合処理を実行する。注目領域  $T$  に

対する領域併合処理は、式 (16) を満たす領域を  $T_v$  としたとき、併合後の領域  $T_m$  は

$$T + T_v \rightarrow T_m \quad (13)$$

と表せる。

ある注目領域  $T$  における濃度平均値  $\mu^{(T)}$  を、

$$\mu^{(T)} = \frac{1}{z^{(T)}} \sum_{k,l \in T} J^{(T)}(k,l) \quad (14)$$

$(k,l \in T)$

とする。領域  $T$  に対する全ての隣接領域を  $T_v (v = 1, 2, \dots, V)$  とすると、濃度平均値の差  $\varepsilon_{\mu}^{(T_v)}$  は

$$\varepsilon_{\mu}^{(T_v)} = \mu^{(T)} - \mu^{(T_v)} \quad (15)$$

$(v \in 1, 2, \dots, V)$

で表わされる。

式 (15) の絶対値の中で最も小さい値となる領域が領域併合の時のあるしきい値  $\mu_s$  以下の時に領域  $T_v$  と領域  $T$  とを併合する。つまり

$$\min_{v \in 1, 2, \dots, V} |\varepsilon_{\mu}^{(T_v)}| \leq \mu_s \quad (16)$$

を満たすと併合する事になる。式 (16) の条件が  $J_1, J_2, J_3$  の全てで満たされるときに併合となる。

併合により新たな領域が生成されれば、更にその領域の隣接領域に対して同様に領域併合判定処理を繰り返す。この際、ラベルも併合されること (ラベル値の統合) に注意する。処理条件を満たす隣接領域が存在しなくなれば次の注目領域に移動する。注目領域はラベル値の若い順に移動する。これは、この手法におけるラベル付けの性質上、併合処理前は大領域のラベル値が小さい値になる傾向にあるので、大領域に対して併合をするという意味でもこの順に注目領域を移動する。また、最終的にアルゴリズムが収束した際の領域分割数を  $RM$  とする。

#### [step 4] GA による境界小領域等の残領域の併合

[step 4] では、遺伝的アルゴリズム (GA) を用いて境界小領域等の残領域の併合を行う。これは、[step 3] で境界領域等に未分割と判断される小さな残領域が存在することがあるためである。この問題は残領域の所属すべき領域 (クラスタ) を見つけるための探索問題と考えることができる。以下にその処理を示す。

[step 3] 後の処理画像において最終的な分割領域とすべき領域を指定し、それぞれをクラスタとして順に番号を2進数で与える。クラスタの合計数を  $K$  個とすれば、クラスタの番号を表すためには  $k$  ビット ( $2^{k-1} < K \leq 2^k$ ) 必要となる。このとき、残領域数は  $RE = RM - K$  となる。そこで、個体の遺伝子を残領域一つに対して  $k$  ビットで表し、それを  $RE$  個直列に並べることにより生成する。つまり、GA で用いられる遺伝子は  $k \times RE$  ビットとなる。これを図4に示す。

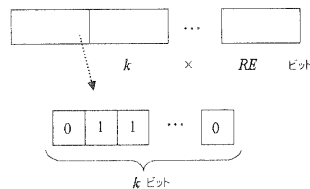


図4: 遺伝子のコーディング

併合の良否を判定するために用いる適応度  $f$  として、式 (17) に示すように対象となる残領域とクラスタ間の  $R, G, B$  値の平均値の2乗誤差の和を用いることにする。すなわち、適応度は

$$f = \sum_{i=1}^{RE} \{ |\bar{R}_i - \bar{R}_{j_i}|^2 + |\bar{G}_i - \bar{G}_{j_i}|^2 + |\bar{B}_i - \bar{B}_{j_i}|^2 \} \quad (17)$$

と表せる。ただし、 $\bar{R}_i, \bar{G}_i, \bar{B}_i$  は  $i$  番目の残領域の  $R, G, B$  値のそれぞれの平均値を表し、 $\bar{R}_{j_i}, \bar{G}_{j_i}, \bar{B}_{j_i}$  は  $j_i$  番目 ( $j_i \in 1, 2, \dots, K$ ) のクラスタの  $R, G, B$  値のそれぞれの平均値を表す。この  $f$  が最小になるように世代交代を繰り返すことにより、より適するクラスタに残領域が併合され、最終的な分割結果が得られる。

また、シミュレーションで用いた単純 GA について以下に説明する [5],[6]。単純 GA は初期生物集団の発生、各個体の適応度の計算、淘汰・増殖の実行、交差の実行、突然変異の実行、生物集団の評価という以上の処理により実行される。これは、終了条件が満たされたときに終了となり、そうでないときは各個体の適応度の計算に戻り処理を繰り返す。

初期生物集団の発生には乱数を用い、0、1で発生させ、淘汰により下位遺伝子を消滅させ、上位遺伝子による交差を行う。その際、上位遺伝子のいくつかの個体を優性保存する。交差については二つの個体をランダムに選びその個体間で2点交差を行い、突然変異については各ビットを一定の確率で反転させる。また、一定の世代回数で終了とする。

#### 4. シミュレーション結果

サイズ  $128 \times 128$  のカラー風景画像の領域分割例を示す。 $M = N = 128, a = b = 4$ 、すなわち、初期ブロック領域 ( $32 \times 32$ ) を  $H_i (i = 1, 2, \dots, 16)$  とする。また、[step 2] ~ [step 3] での最小の正方サイズは  $2 \times 2$  とするが、[step 3] の後に最小の領域が  $n$  画素以上になるような処理を加えた。この処理は [step 3] における式 (16) のしきい値  $\mu_s$  の制約をなくしたものである。つまり、 $n$  画素未満の領域に対して隣接する領域の中で式 (16) の左辺が最小となる領域と併合することになる。これは、残領域を減らし GA 処理において遺伝子のビットが余りにも大きくなりすぎないようにするためである。また、ここでは  $n = 12$  としている。

図5の画像 (草むら) を分割する場合、空と草むらの2領域に分けられればよいと考えられる。[step 3] まで実

行した処理画像を図6に示す。 $\mu_a = 5, \nu_a = 18, \mu_s = 35$ として処理した画像を示す。図6よりこの例では併合処理後も境界近傍や草むら内に残領域が存在する事が分かる。これらを併合するために [step 4] のGAを実行した結果を図7に示す。GAの適用により主観的に良好な分割結果が得られることが示された。また、用いた交差率などのパラメータ値を表1に示す。なお、領域分割後の画像については見やすいように領域ごとに平均色を付けて表示している。

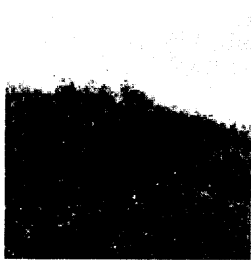


図 5: 原画像 (草むら)

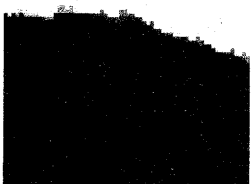


図 6: [step 3] までの分割結果  
( $\mu_a = 5, \nu_a = 18, \mu_s = 35$ )



図 7: 領域分割結果

次に、別の風景画像(空)の例を示す。図8の原画像に対する処理結果を図9~10に示す。また、交差率などのパラメータ値を表1に示す。この場合もGAを適用することにより良好な領域分割を実現している。

表 1: 各画像に対する GA のパラメータ値

	草むら(図5)	空(図8)	家(図11)
個体総数	20	20	100
淘汰率	30%	30%	40%
交差率	10%	10%	100%
突然変異率	3%	3%	4%
終了条件	100 世代	50 世代	200 世代

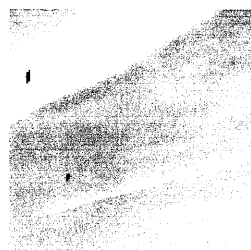


図 8: 原画像 (空)



図 9: [step 3] までの分割結果  
( $\mu_a = 5, \nu_a = 18, \mu_s = 40$ )

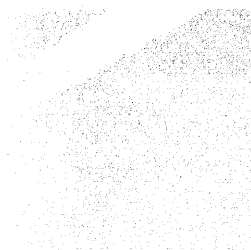


図 10: 領域分割結果

最後に図11(家)について処理を施すが、前述の例とは異なり、GAを適用させる際にクラスタと隣接するかどうかを適応度に反映させた。具体的には、隣接しない領域であるときには式(17)の適応度が最大となるように処理をした。これは別領域と見なしたい部分にほぼ同色の領域が含まれる(家や空など)のために、これらを考慮に入れることで誤分割を避けるためである。図12に [step 3] までの分割結果 ( $\mu_a = 5, \nu_a = 18, \mu_s = 28$ ) を示す。ま

た、適応度の計算に際して  $R, G, B$  ではなく  $J_1, J_2, J_3$  を用いた。これは、図 12 の様に領域数の多い画像では、適応度が  $R, G, B$  であると、見た目としては違う色の領域でも平均値の 2 乗誤差の和をとっているの、相関をなくしたプレーンで計算した方が有効であると判断したためである。更に、家の中央部分の影をクラスタではなく残領域として処理をした場合どの領域に含まれるかも試みた。図 13 に GA を用いた領域分割結果を示す。また、この GA 処理に用いたパラメータ値を表 1 に示し、世代交代数と適応度の関係 (適応度の変化) を図 14 に示す。図 13 より柱付近においてはうまく併合処理がなされているが、空と家の境界部分 (図中右上) などについては多少の誤差も見られる。

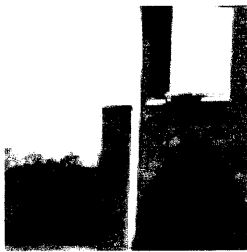


図 11: 原画像 (家)



図 12: [step 3] までの分割結果

( $\mu_a = 5, \nu_a = 18, \mu_s = 28$ )

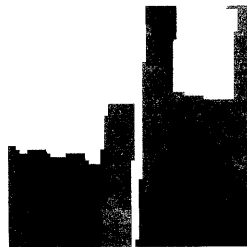


図 13: 領域分割結果

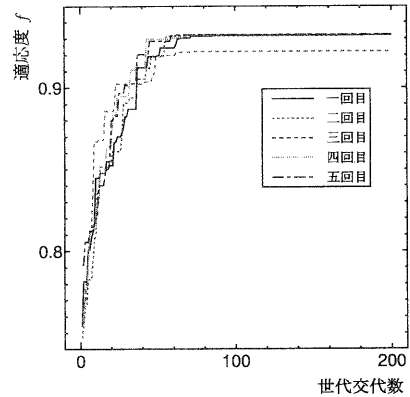


図 14: 世代交代数と適応度の関係

## 5. まとめ

本研究では、GA を併用した濃度平均値と濃度分散値に基づく領域分割法を示した。分割の前処理として擬似 KL 変換を施し、その空間領域でのしきい値処理により分割処理を行った。画像分割と領域併合を行い、その後、GA により、境界小領域等の残領域の併合を行った。シミュレーション結果から、[step 3] の実行により、領域併合後には領域分割の概形が得られることが示された。また、[step 4] の GA を併用することで良好な領域分割を実現できることが確認された。

現時点の問題点として、以下のものを挙げる。

- [step 4] を適用する処理画像の決定 (分割併合時におけるしきい値の選定)
- GA を適用する際のパラメータ (個体数、淘汰率、突然変異率等) や増殖・淘汰、交差法等の模索

## 参考文献

- [1] 越後富夫, 飯作俊一, "複数の GMRF モデルと併合 仮説を用いたカラーテクスチャ画像領域分割," 信学論 (D-II), vol.J81-D-II, No.4, pp.660-670, 1998.
- [2] D.K. Panjwani and G. Healey, "Markov random field models for unsupervised segmentation of textured color images," IEEE Trans. PAMI, vol.17, no.10, pp.939-954, 1995.
- [3] 堀田裕弘, 村井忠邦, 宮原誠, "クラスタリングと遺伝的アルゴリズムを用いたカラー画像の領域分割," 信学技法, PRU94-7, pp.9-16, May 1994.
- [4] 堀田裕弘, 宮本剛, 村井忠邦, "遺伝的アルゴリズムを用いたカラー画像の領域分割," 信学会論文誌 (D-II), vol.J81-D-II, No.11, pp.2685-2687, 1998.
- [5] 安居院猛, 長尾智晴, "ジェネティックアルゴリズム," 昭晃堂, 1996.
- [6] 北野宏明, "遺伝的アルゴリズム," テレビジョン学会誌, vol.50, No.5, pp.609-616, 1996.