

遺伝的アルゴリズムを用いた高解像度2値画像データの可逆符号化

坂 無 英 徳[†] 岩 田 昌 也[†] 樋 口 哲 也[†]

本稿では、次世代の印刷・出版技術を支える文書フォーマットとして重要な電子製版画像データにおいて高い圧縮効率を得るため、遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm; GA) などの最適化手法により符号化器のパラメータを最適化する手法を提案する。提案手法は、2 値画像符号化に関する現行の国際標準である JBIG2 方式における符号/復号化機構の拡張と、符号化パラメータの最適化機構からなり、後者は拡張 GA と高速な統計処理で構成される。計算機シミュレーションでは、標準カラー画像の一部を高解像度印刷用に変換して得た 2 値画像を使用し、提案手法と JBIG2 方式における符号化器のパラメータを、どちらも十分な時間をかけて最適化した場合でも、提案手法が最大で 20% 以上高い圧縮効率を達成できたことを示す。また、JBIG2 方式の初期状態よりも約 2 倍の圧縮効率を、提案手法の高速統計処理による数秒程度のパラメータ最適化で得られたこと、拡張 GA の探索速度は従来手法よりも約 20 倍高速であったことを明らかにする。なお、本手法で用いられている技術の一部は、JBIG2 規格の追補として採用され、国際標準 (ISO/IEC 14492 Amd.2:2003) となった。

Lossless Compression of Very High Resolution Bi-level Images Using Genetic Algorithm

HIDENORI SAKANASHI,[†] MASAYA IWATA[†] and TETSUYA HIGUCHI[†]

This paper proposes the new image compression methods for the raster image file interchange format which is attracting considerable attention in graphic arts industry. The present international standard for bi-level image coding, JBIG2, is modified in the proposed method to achieve high compression ratio, and its compression parameter is optimized by the search methods, mainly the genetic algorithm (GA) which is extended and specialized for this problem. The proposed method consists of the enhanced codec and the parameter-optimization mechanism. The results of computer simulations show that the enhanced codec achieves the 20% better compression ratio than JBIG2 after the enough optimization of their parameters, and that the proposed parameter-optimization can find the good parameter very quickly. Furthermore, the activity in standardization for adopting a part of this method as an amendment of the present international standard is also described.

1. はじめに

印刷および出版産業において、アナログ媒体を用いた手作業に代わり、1980 年代後半から DTP (Desk Top Publishing) が普及し、1990 年代後半に CTP (Computer To Plate) が登場して以来、デジタル化が急速に進み、近年、ネットワーク技術の導入によるオンデマンド出版や電子出版なども始まっている。

デジタル文書フォーマットには様々な種類があるが、

次の 3 つに大別できる。すなわち、(a) DTP アプリケーションの固有フォーマット、(b) Postscript や PDF などのページ記述言語、(c) 1 bit TIFF などの画像データである。(a) は修正や再編集が容易で、データサイズが小さいという利点を持つ反面、ワークフローを構成する各種装置やソフトウェア間での互換性はきわめて低い。(b) は原則的にアプリケーション非依存のため互換性が比較的高く、データサイズもあまり大きくならず、小規模あるいは部分的な修正ならば可能である。ところが、フォントやページ記述言語の解釈に関する処理系ごとの微妙な差異に起因して最終出力 (印刷) 結果が必ずしも保証されなかったり、出力時にエラーを起こしたりする危険性がある。

これに対し、(c) の 1 bit TIFF は印刷以前の処理がすべて完了したデータであるため、最終出力結果を保

[†] 独立行政法人産業技術総合研究所次世代半導体研究センター半導体 MIRAI プロジェクト

MIRAI Project, Advanced Semiconductor Research Center (ASRC), National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (AIST)

証することができ、複雑なデータ処理を行わずに印刷できるため、印刷事故などのトラブルを起こしにくく、出力機側に要する設備や人的コストを大幅に抑えることも可能である¹⁾。このように互換性や安全性、低コスト性に優れていることから、1 bit TIFF による電子製版画像データは、オンデマンド出版や電子出版のフォーマットとして期待されている。しかし、解像度の高い商用印刷物ではデータサイズが非常に大きいため、通信やデータ保管に要するコストが高くなるという問題が、実用上の障害となっている。

画像データ圧縮はこの問題を解消するための最も有効な方法とされているが、既存技術では十分な性能を得られなかった。その原因として、最終出力結果の画質劣化を避けるために、可逆圧縮を行わなければならないという制約が第 1 にあげられる。一般に、可逆よりも非可逆圧縮の方が圧倒的に高い圧縮効率を得られるが、非可逆圧縮では高解像度画像の細部までを正確に再現できないためである。また、電子製版画像データは特殊なハーフトーン画像であり、複雑な画素パターンを有するため、G4²⁾ や JBIG (Joint Bi-level Image experts Group) 方式³⁾ といった従来の可逆圧縮技術では高い圧縮効率を得ることができない。これが第 2 の原因である。

これらの問題に対して、我々は以前、圧縮対象である画像データに適した符号化方法を遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm; GA)⁴⁾ により最適化する手法を提案した⁵⁾。この手法は当時の国際標準に対して 2 倍弱の圧縮効率を達成したが、その後の技術開発が進んだ現在、圧縮効率に関する優位性は薄れ、逆に探索に要する高い計算コストが問題となっている。その原因として、古い国際標準をベースとしていたこと、初期化時に実行される重回帰分析に要するコストが大きいこと、探索が完了するまでに多くの世代数を必要とすること、などがあげられる。

そこで本研究では、より高い圧縮効率を高速に得るための新しい方法を提案する。具体的には、最新の国際標準である JBIG2 方式⁶⁾ をベースとすること、また簡素な計算でありながら効果的な分析による初期化操作と、染色体集団の評価の簡略化と拡張された交叉処理を導入することにより、上記問題点の解決を目指す。

以降では、まず 2 章において、電子製版画像データの性質と、従来の可逆圧縮手法では対応が困難であった原因に関して検討する。3 章では、GA に関する簡単な説明を行った後、GA により符号化方法を探索するための方法と問題点について述べ、それを解決する

ための拡張型 GA を提案する。4 章は計算機実験結果と考察、5 章は本稿のまとめである。

2. 電子製版画像データの可逆圧縮符号化

本章では、電子製版画像データの性質について検討し、これを従来の可逆圧縮符号化方式により圧縮する際に生じる問題点について議論する。

2.1 電子製版画像データ

一般のカラー印刷では、シアン (C)、マゼンタ (M)、イエロー (Y)、ブラック (K) の 4 色のインクにより色が再現される (必要に応じて、金や銀などの特色インクが追加使用されることもある) ため、カラー原稿を CMYK の 4 色要素に分解した刷版を使い、色ごとの重ね刷りが行われる。また、インク自体に濃淡をつけることはできないため、濃度に応じて大きさの異なる、網点と呼ばれるドットを並べることにより階調表現を行っている。このとき、複数色のインクが混ざり合うことによる発色の濁りを避けるため、各色で網点の並ぶ角度をずらした版が使用される。この角度のことをスクリーン角度という。

電子製版画像データは、このような刷版をデジタル表現したもので、下記のような特徴を有する。

- 高解像度の 2 階調の画像である。
- 各色ごとにスクリーン角度が異なる。
- 網点を表現するため、主走査方向 (横, x 方向) および副走査方向 (縦, y 方向) で画素値 (白/黒) の切替わり頻度が高い。

2 値画像の可逆圧縮方式としては、FAX 用の 2 値画像符号化に関する国際標準として知られる G4 がある²⁾。しかし、これは各ラインにおける画素値の変化点を符号化する方式であるため、ハーフトーン画像などの、画素値の切替り頻度が高いデータには不向きである⁷⁾。スクリーン角度が 0 度でない場合には、その傾向が顕著に現れる。

一方、汎用の 2 値画像符号化については、マルコフモデルに基づく算術符号化⁸⁾ である JBIG 方式³⁾ があり、2000 年にはその後継である JBIG2 方式が国際標準化されている⁶⁾。JBIG2 は、JBIG の可逆符号化方式を高度化するとともに、ハーフトーンや文字パターンを辞書化し、同一パターンに対しては辞書インデックスのみの符号化を行う非可逆符号化モードや、非可逆符号化された画像と元画像との差分を可逆圧縮することで補償するモードなどが追加されている。なお本稿では可逆符号化に着目しているため、次節以降では JBIG2 の可逆符号化モード (マルコフモデルに基づく算術符号化) のみを取り扱うこととする。

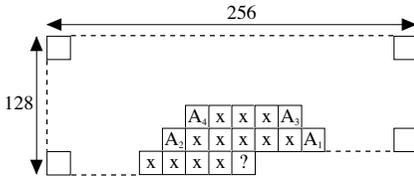


図1 JBIG2のデフォルトテンプレート
Fig.1 Default template used by JBIG2.

2.2 JBIG2方式による可逆符号化

画像のマルコフモデルに基づく算術符号化では、ある注目画素が特定の値をとる確率は、先行する有限個の画素値により決定されるという仮説(モデル)に基づいた処理が行われる。すなわち、マルコフモデルにより得られる生起確率を用いて、各画素値に対して半開区間 $[0, 1)$ の部分領域を割り当ててゆき、該当範囲を判定するのに必要な座標情報をその符号語としている⁷⁾。ところで、JBIG2方式では算術符号化器としてMQ-Coderを使用することが規定されており、その詳細は本稿で扱う範囲を超える。そこで、算術符号化の原理やMQ-Coderの手続きについては、それぞれ文献8)や文献6)などを参照されたい。以降では、モデル化方式に限定した議論を進める。

JBIG2では、注目画素がとりうる値 $\{0, 1\}$ の生起確率を求めるために、最大16個の先行画素値を観測する。ここで、観測される画素のことを参照画素、注目画素から見た参照画素の配置パターンのことをテンプレートという。図1は、JBIG2で使用される16参照画素のテンプレートの模式図である。図中の“?”は注目画素であり、テンプレートの一部ではない。“x”はテンプレートを構成する参照画素を示す。 $A_i \{i = 1, \dots, 4\}$ はAT画素と呼ばれる特殊な参照画素で、点線で示される枠の範囲内でその位置を任意に変更することができ、周期構造を持つハフトーン画像において有効とされている。しかし、電子製版画像データのように高解像度な画像において、このテンプレートは必ずしも有効に機能するわけではない。

図2は、2,400 dpiの電子製版画像データの1つの画素に図1で示されたテンプレートを適用した状況を示している。図中、ハッチングされた領域がテンプレートに相当するが、1つの網点の大きさに対してテンプレートが小さすぎるため、デフォルト配置のままでは、複数の網点を観測することができない。通常の画像において近傍の画素値の相関が強いことと同様に、電子製版画像データでは近接する網点の大きさには強い相関があるものと推測できるため、このような状態ではモデルがうまく機能せず、高い圧縮効率を得るこ

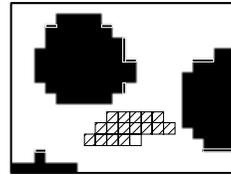


図2 高解像度画像における網点とJBIG2のテンプレートの大きさ

Fig.2 Sizes of JBIG2 template and halftone dot in high-resolution image.

表1 従来法による圧縮率と処理時間

Table 1 Compression ratio and time achieved by the conventional and previously proposed methods.

方式	(a)	(b)	(c)	(d)	(e)
圧縮率	3.3	5.5	11.3	13.5	12.6
時間	0.5秒	2秒	約2日	約9日	約10時間

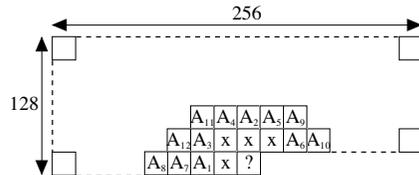


図3 本稿で提案する拡張テンプレート

Fig.3 Extended template proposed in this paper.

とができない。

2.3 JBIG2方式の拡張

近接網点を十分にカバーできるようにするためには、AT画素数を増やすことが最も単純なアプローチであるが、今度はテンプレート最適化のためのコストが急激に増大してしまう。このことを示すために、簡単な予備実験を行った。表1は、(a) TIFF(LZW圧縮⁹⁾、(b) デフォルト配置のテンプレートを使用したJBIG2、(c) 貪欲法¹⁰⁾で最適化したテンプレートを使用したJBIG2、(d) 図3のような12個のAT画素を貪欲法で最適化した拡張テンプレートを使用した方式、(e) 遺伝的アルゴリズム(GA)を用いた従来法⁵⁾による圧縮効率と、テンプレート探索と実際の圧縮に要した計算時間の合計を示す。なお、本予備実験では、テスト画像として、SCID¹¹⁾におけるN5画像の面積比1/9に相当する部分を切り出し(図4(a)の四角で囲まれた領域)、2,400 dpiで色分解することで得られた4つの電子製版画像データ(5048 × 4037)のうち、シアンに対応する画像を使用した。また、表中の計算時間はPentium4(1.8 GHz)搭載の計算機を使用して計測した。

表1における圧縮率は圧縮効率の高さを示す量で、「元のデータサイズ ÷ 圧縮後の符号サイズ」として

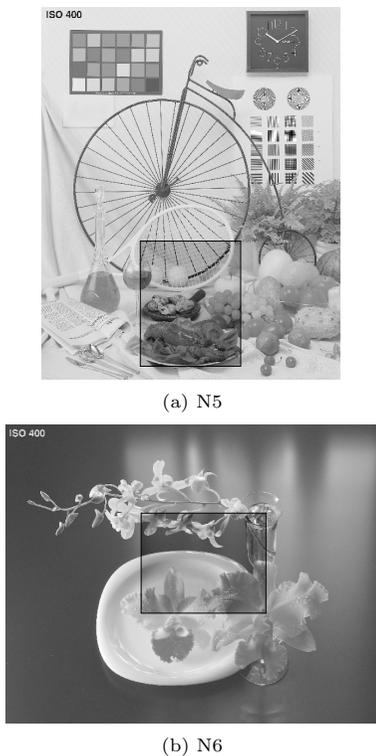


図 4 本稿で使用したテスト画像
Fig. 4 Test images used in this paper.

定義される。この表より、圧縮率は参照画素を最適化することにより向上し ((b)→(c)), AT 画素の多い拡張テンプレートの使用によりさらに約 20%向上する ((c)→(d)) ことが分かる。ただし、拡張テンプレートの最適化には膨大な計算コストが必要であり、とても実用的ではない。GA を使用することにより、わずかな圧縮率低下に抑えつつ計算時間を短縮できるものの、まだ十分ではない。

図 5 は、予備実験 (c), (d), (e) の結果として得られたテンプレートである。各グラフ中の原点は注目画素位置、白抜き四角は参照画素位置を示し、縦軸および横軸ともに、32 画素ごとに目盛りが刻まれている。

各テンプレートと比較すると、(c) と (d) の AT 画素には包含関係があったものの、周期性や規則性は認められないことが分かる。むしろ、GA を用いた従来法である (e) において規則性が強く現れているが、図 6 に示す網点配置との類似性は低い。このような配置が得られた原因は、AT 画素の複製や交換を行う機能を付加した拡張 GA 操作の影響である (詳細については文献 5) を参照されたい) 。

以上の予備実験により、図 3 に示す拡張テンプレートの有効性は示されたが、これを効率的かつ高速に最

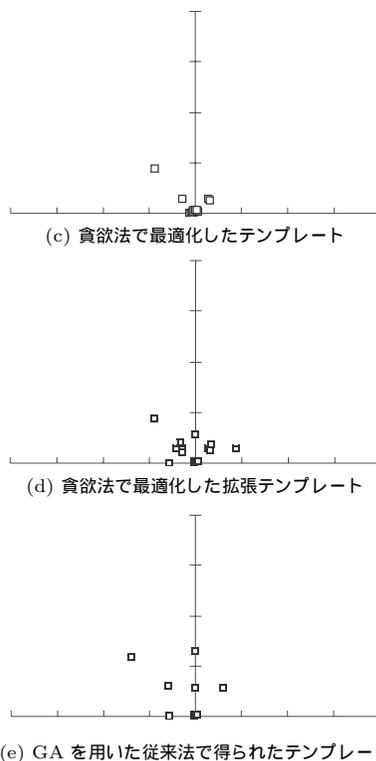


図 5 予備実験により得られたテンプレート
Fig. 5 Templates achieved in the preliminary experiments.

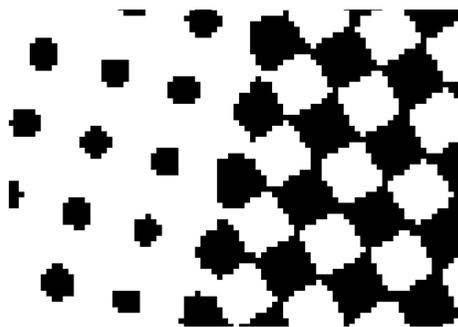


図 6 N5 (シアン) の網点形状
Fig. 6 Shape of halftone-dots in N5 (cyan) image.

適化する手法が未整備であることが明らかとなった。そこで、次章ではこの問題を解消するための拡張 GA を提案する。

3. 提案手法：テンプレート最適化のための拡張 GA

本章では、はじめに基本的な遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm; GA) の計算手続きについて説明する。つづいて、GA によりテンプレート最適化を

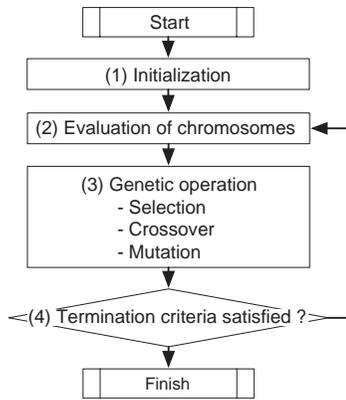


図7 単純GAのフローチャート
Fig.7 Procedures of simple GA.

行うための設定と問題点について検討しつつ、これを解決するための拡張方式を提案してゆく。

3.1 単純遺伝的アルゴリズムの計算手順

GAは、集団遺伝学をモデルとした探索手法で、対象とする問題に依存せずに高い最適化性能を示せるなどの優れた性能が知られている¹²⁾。GAでは、探索問題の解候補を染色体と呼ばれるビット列で表現し、複数の染色体からなる集団に対して文字列操作を行い、生存競争を行わせる。各染色体は探索問題そのものである目的関数により評価され、その結果はスカラー値である適応度として計算される。高い適応度を持つ染色体には、多くの子孫を残す機会を与える。さらに、集団内での染色体どうして交叉を行ったり、突然変異を施すことにより、新しい染色体を生成する。このようなプロセスを繰り返すことにより、より高い適応度を持つ染色体が生成され、適応度の最も高い染色体が最終的な解となる。

図7は上記の動作を実現する、GAの最もシンプルな処理手順である。各処理の目的や概要は下記のとおりである。

- (1) 染色体集団の初期化：解候補としての染色体をランダムに複数生成し、集団を形成する。解くべき問題はスカラー値を返す目的関数として表現される（⇒ 3.2 節にて拡張）。
- (2) 染色体の評価：目的関数を用いて染色体を評価し、各染色体の適応度を計算する（⇒ 3.3 節にて拡張）。
- (3) 次世代集団の生成：遺伝的操作（選択、交叉、突然変異）を用いて、高い適応度を持つ染色体ほど多くの子孫を残せる機会を与える（⇒ 3.4 節にて拡張）。

- (4) 停止基準判定：あらかじめ与えられた条件が満たされるまで、上記(2)、(3)の処理を繰り返す。次節以降では、GAを用いてテンプレートを最適化するための具体的な設定について述べ、その際に生じる問題点を明らかにし、これらを解決するための拡張方式について説明する。

3.2 染色体集団の初期化に関する拡張（相関強度の利用）

図3で示されるように、各AT画素位置は $256 \times 128 = 2^{8+7}$ の領域内に収まるため、1画素あたり $8+7=15$ bit で位置を特定することができる。ゆえに、AT画素数を M とすると、染色体長は $15M$ bit となる。本稿では、12個のAT画素 ($M=12$) を持つ拡張テンプレート（図3）を使用するので、染色体長は180 bit となる。また、後述の計算機実験では、集団内の染色体数 $N=30$ とした。

通常、初期染色体集団はまったくランダムに生成されることが多いが、探索を効率化および高速化するために、何らかの先験的知識に基づく偏りを持った集団を生成させることもある。従来法では、重回帰分析により種となるテンプレートをはじめに求めておき、これ自体を初期集団に埋め込んだり、含まれる参照画素のうちいくつかをランダムに移動させたテンプレートで初期集団を構成したりするなどしていた^{5),15)}。しかし、厳密な重回帰分析のための計算量は莫大である。そこで本研究では単純に、注目画素との相関が強い順に参照画素をテンプレートの構成要素として採用することにする。

相関強度を求めるためには、すべてのAT画素候補について、画像全体を走査しながら注目画素と同じ画素値であった回数を調べればよい。ここで画像の大きさを $X \times Y$ とすると、AT画素候補の数は約 256×128 であることから、必要な画素値観測と比較の回数は約 $XY \times (256 \times 128) = 32768XY$ となる。扱う画像サイズが小さければ問題となる計算量ではない。ところが本研究で対象とする電子製版画像データの解像度は高いため、それにとまって画像サイズも大きい。たとえばA4サイズ、2,400 dpiの場合、1版あたり約 $20,000 \times 28,000$ 画素から構成されるため、必要な回数は約 1.8×10^{13} にも達する。

そこで、この画素値比較回数を減少させるために、低い確率でランダムに選ばれた画素についてのみ、そのAT画素候補との相関を調べることにし、そのために必要なサンプル数について検討する。

表2は、テスト画像として2.3節で用いたN5（シアン）に加えて、N5（マゼンタ）と、さらに両者の面

表 2 圧縮率と相関強度分析に用いたサンプル数
Table 2 Compression ratio and number of samples used
in correlation analysis.

(a) N5 (シアン)					
サンプル数	500	1000	5000	10000	50000
平均圧縮率	9.09	9.20	9.08	9.10	9.11
標準偏差	0.21	0.33	0.17	0.15	0.12
(b) N5 (マゼンタ)					
サンプル数	500	1000	5000	10000	50000
平均圧縮率	9.67	9.63	9.65	9.63	9.61
標準偏差	0.16	0.15	0.08	0.07	0.04
(c) N5 (シアン) 元サイズ					
サンプル数	500	1000	5000	10000	50000
平均圧縮率	9.54	9.41	9.50	9.52	9.50
標準偏差	0.16	0.19	0.09	0.12	0.12
(d) N5 (マゼンタ) 元サイズ					
サンプル数	500	1000	5000	10000	50000
平均圧縮率	9.02	9.11	9.25	9.30	9.26
標準偏差	0.31	0.18	0.09	0.06	0.11

積を 1/9 にする前の画像を使用し、上記の手順で得られたテンプレートをそのまま用いる圧縮処理を、各サンプル数ごとに 10 回繰り返したときの平均圧縮率と標準偏差を示す。試行回数が少ないため、平均圧縮率および標準偏差とともに、サンプル数の増大にともなって単調に減衰しているわけではないが、5,000 画素以上に増やしても大きく変動しないことと、この傾向はスクリーン角度や画像サイズによらないことを表から推測することができる。よって、サンプルとして必要な画素数は 5,000 で十分といえる。

また、画像サイズ XY が 5000 未満の小さな画像の場合、全画素をサンプリングするとしても大きな計算時間を必要としない。よって本稿では、GA の初期集団生成時に使用するテンプレートを生成するため、確率 $P_{scan} = \min(1.0, 5000/(XY))$ でサンプリングした画素についてのみ、その AT 画素候補との相関強度を調べることにする。

以上、本節で述べてきた手続きで得られたテンプレートは、ビット列表現へと変換され、GA の初期集団中の 1 つの染色体にそのままコピーされる。残る染色体には、コピーされた染色体に対して、後述する突然変異率の 2 倍の確率で突然変異させたビット列をコピーして、初期化処理を完了する。

3.3 染色体の評価方式の拡張 (ランダム間引き評価法の提案)

適応度を計算するための目的関数として、染色体により表現されるテンプレートを使用して、実際に圧縮符号化を行うことで得られる圧縮符号サイズの逆数を採用する。これは「圧縮率 ÷ 元のデータサイズ」に相当し、元のデータサイズは定数なので、実質的に圧

縮率と等価となり、GA による探索は圧縮率を最大化する方向へと進行する。

なお、情報理論の観点からは、実際の圧縮率ではなくエントロピも目的関数として使用可能であるが、本稿で圧縮率を目的関数として採用した理由は下記のとおりである。すなわち、(1) エントロピを得るために行う条件付き確率の計算に要するコストと、JBIG2 方式の MQ-Coder を使用して実際に圧縮処理を行うために要するコストとに大きな違いがなかったことと、(2) MQ-Coder 自体が学習機能を持ち、内部状態が符号化処理の最中に動的に更新されるため、静的に計算されたエントロピを最小にするテンプレートが必ずしも圧縮率を最大にするものではないことが、予備実験において確認されたためである。

ところでこの評価方法では、1 つの染色体を評価するためにデータを実際に圧縮符号化しなければならない。つまり、染色体集団の大きさを N 、探索停止までの世代数を G とすると、テンプレート最適化を行わずに画像圧縮を行った場合と比較して、 $N \times G$ 倍もの計算時間がかかる。しかし、この莫大な計算コストを抑えるために評価処理を安易に省略および簡略化すると、染色体評価の精度が落ち、適応度に対する信頼性が低下してしまう。当然、信頼性の低い適応度を基に探索を進めた結果得られる解 (= 染色体 = テンプレート) の信頼性も低いので、圧縮符号サイズを最小にするテンプレートを得ることは望むべくもない。たとえば、画像全体ではなく部分領域だけの圧縮処理を行って評価することで、計算量を削減することはできるが、部分領域に対して過剰に適応したテンプレートしか得られず、このようなテンプレートが対象画像全体にわたって良好に機能するとは限らない。

そこで本研究では、テンプレート評価の計算量を削減しつつ、局所領域への過剰適応を避けるため、以下の 2 つの対策を施す。

- (1) 世代ごとに異なる部分領域をランダムに切り出して評価に使用する。ただし、環境の激しい変動に GA が追従できず、探索が進まないという事態を避けるため、集団中で最良の個体が一定世代 $G_{interval}$ 更新されなかった場合のみ、新たな部分領域をランダムに切り出すこととする。
- (2) 集団内の最良染色体が更新されたときに、山登り法を実行する。このとき、それまでの評価方法のままで山登り法を行ってしまうと過剰適応が促進されてしまうため、切り出した部分領域ではなく、画像全体から一定確率 P_{sample} でランダムにサンプリングした画素だけを圧縮し、

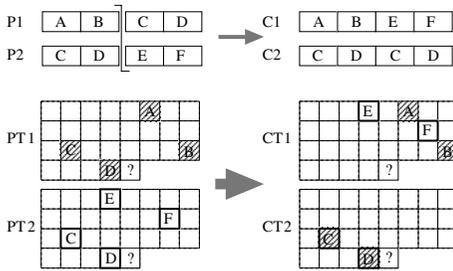


図 8 共通 AT 画素を有する染色体対の一点交叉 (例)

Fig. 8 Example of one-point crossover of a pair of chromosomes representing templates having common AT pixels.

得られた圧縮符号サイズの逆数を評価値として使用する。

本稿では、この評価方法をランダム間引き評価法と呼ぶことにする。後述する実験において、各パラメータ $G_{interval} = 20$, 切り出す部分領域の大きさは 1024×1024 , $P_{sample} = 0.3$ とした。

3.4 次世代集団の生成方法の拡張 (テンプレート交叉の提案)

次世代集団の生成は、選択、交叉、突然変異の3つの遺伝的操作により行われる。まず選択により、集団内から染色体対を一定の割合で選び出す。この選び方には様々な方法が提案されているが、本研究ではトーナメント選択¹³⁾を採用した。なお4章の計算機実験では、選び出される染色体対の数は集団サイズの0.4倍、トーナメントサイズ $T = 2$ としている。

次に、選び出された各染色体対の交叉が行われる。単純な交叉方式として n 点交叉や一樣交叉などが知られている¹⁴⁾が、必ずしも本研究での利用目的に適していない。これは、テンプレートにおいて参照画素の順番という概念はなく、当然ながら最終結果である圧縮率にまったく影響を及ぼさないにもかかわらず、染色体では AT 画素を順序付きで並べなければならないという表現上の相違に起因している。

具体的な現象としては、単純な交叉方式を使用すると、重複する参照画素を有する染色体が発生しやすいという問題があげられる。たとえば図8は、参照画素 {A, B, C, D} からなるテンプレート PT1 を表現している染色体 $P1=A|B|C|D$ と、参照画素 {C, D, E, F} からなるテンプレート PT2 を表現している $P2=C|D|E|F$ が一点交叉して、染色体 C1 と C2 が生成されたときの状況を示している。ここで、記号 “|” は単純な連結を示すものとする。交叉点として第2と第3画素の間が選ばれたとき、生成された染色体のうちの $C2=C|D|C|D$ は、CT2 で示されるように、実

質的に2つしか参照画素を持たない。一般に、参照画素個数が多くなるほど圧縮率が高くなる傾向があるため、このように重複した参照画素を含むテンプレートを表現する染色体は、不利な評価を受けやすくなってしまう。

そこで本研究では下記のようなテンプレート向き交叉方式を提案し、本稿においてはこれをテンプレート交叉と呼ぶことにする。

- (1) 染色体対 $P1, P2$ において、共通する参照画素を抜き出して、これを P_{common} とする。
- (2) $P1, P2$ から P_{common} に含まれる参照画素を削除し、結果を $P1', P2'$ とする。
- (3) $P1'$ および $P2'$ の長さが0の場合、 $P2'$ に後述の突然変異を施して終了する。
- (4) $P1'$ と $P2'$ を、ビット単位ではなく、参照画素単位で一樣交叉させ、 $P1'', P2''$ を生成する。
- (5) $P1''$ と $P2''$ 両方の末尾に P_{common} を結合し、それぞれを元の $P1$ と $P2$ にコピーする。

上記手続きのステップ(3)では、染色体対がテンプレート表現において同一であるか否かが自動的にチェックされ、同一である場合には、一方が突然変異により集団から確実に排除される。これによって、探索空間を大幅に限定して、探索効率を向上させるという副次的な効果が生まれる。すなわち、参照画素の個数を m とすると、同一テンプレートの異なる染色体表現が $mP_m = m!$ 通りも存在するが、実質的に同一な染色体を排除することによって、無駄な評価回数を大幅に削減できる。

交叉により新たに生成された染色体は、最後に突然変異を受ける。本提案手法においては、最も一般的なビット反転による突然変異方式(突然変異率=1/180)を採用した。

また、これまでに述べた評価および遺伝的操作の繰返しの停止基準として、本稿では評価回数を採用し、後述の計算機実験では、10,000回の評価が行われたときに探索を終了させるものとした。

4. シミュレーション

本章では、提案手法の性能を評価するために行ったシミュレーションの結果を示す。計算機実験では、SCID¹¹⁾におけるN5とN6画像から、2.3節の予備実験と同様に面積比1/9に相当する部分を切り出し、2,400 dpiで色分解することで得られた8つの電子製版画像データ(5,048 × 4,037画素)のうち、シアンとマゼンタに対応する4つを使用した。

はじめに、前章で導入された拡張機能の効果を検証

表 3 実験条件と使用した拡張機能
Table 3 Conditions of simulation and proposed functionality used by them.

		テンプレート交叉	
		OFF	ON
相関強度を 利用した初期化	OFF	I	II
	ON	III	IV

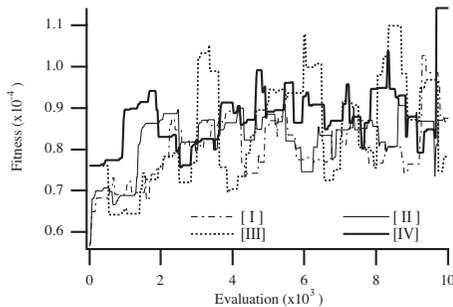


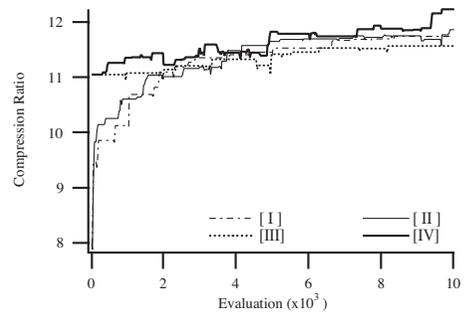
図 9 適応度の遷移
Fig. 9 Transition of fitness.

するため、N5 のシアン画像を用いて、表 3 に示すような 4 つの実験条件による比較実験を行った。

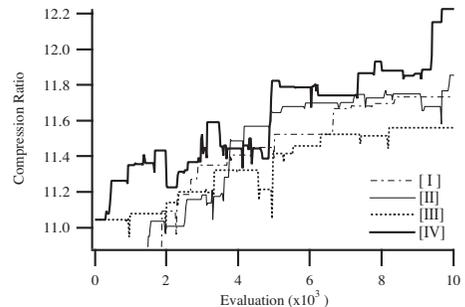
図 9 は、それぞれの条件において、乱数系列の初期値を変えながら 5 回ずつ GA による学習を行わせる実験を行い、集団中で最良適応度の平均値を世代ごとにプロットして得られたグラフである。評価に使用する画像の部分領域が切り替わることの影響で、適応度は激しく変動しており、全体として右肩上がりの傾向がわずかに見られるだけである。また、このグラフからだけでは、各実験条件間での有意な差を確認することはできない。

この実験において、各世代で得られた最良の染色体が表現するテンプレートを用いて、画像全体を圧縮して得られた圧縮率をプロットしたのが図 10 である。図中 2 つのグラフでは、探索の進行にともなって、圧縮率が確実に向上しており、ランダム間引き評価法が正しく機能していることが分かる。すなわち、評価に使用する画像の部分領域が変化しても適応度 (= 圧縮率) に関する集団内での順位をつねに高く保てる、ロバスタな染色体が生き残り、このような染色体が表現するテンプレートは、画像全体に適用されても高い圧縮率を得られることを示している。

図 10 では、実験条件 [I]、[II] と [III]、[IV] は初期状態においてそれぞれ同じ圧縮率であるが、これは乱数系列の初期値として同じ値を使用したためである。そして、最終的には [I] よりも [II]、[III] よりも [IV] の方が高い圧縮率を得ており、テンプレート交叉の有効性が確認できる。さらに、[IV] で得られた結果の方



(a) 探索の開始から終了まで



(b) 縦軸 (圧縮率) に関する拡大図

図 10 学習の進行にともなう圧縮率の遷移
Fig. 10 Improvement process of compression ratio.

が [II] よりも良好であったことから、3.2 節で導入した初期化方式も有効に機能していたことが分かる。

図 11 は、提案方式により得られたテンプレートの例である。図中の白抜ききの四角は図 5 と同様に参照画素位置で、条件 [III] と [IV] の図における微小な点は、相関強度を利用した初期化で得られた参照画素配置を示す。

この初期化のみで得られたテンプレートには、テスト画像における網点配置の周期性に基づく規則性が強く認められる (図 11 (a))。一方、この状態を用いて拡張 GA による探索を開始した条件 [III] と [IV] において、最終的に得られた最良解までそのまま維持、もしくは近傍に画素が配置されていた AT 画素は、それぞれ注目画素に最も近い 2 画素 (図 11 (d)) と 4 画素 (図 11 (e)) であった。このことから、テンプレート交叉が高圧縮効率に必要な AT 画素をよく保持しながら、さらに有効な AT 画素の探索を行えていることが分かる。

また、貪欲法で得られたテンプレート (図 5 (d)) よりも提案方式によるもの (図 11 (b) ~ (e)) の方が、はるかに広範囲にわたって AT 画素が分布している。これは、探索領域が広すぎる可能性を示す結果であり、感度解析技術の導入などにより、探索領域そのものを制御することの必要性を示している。

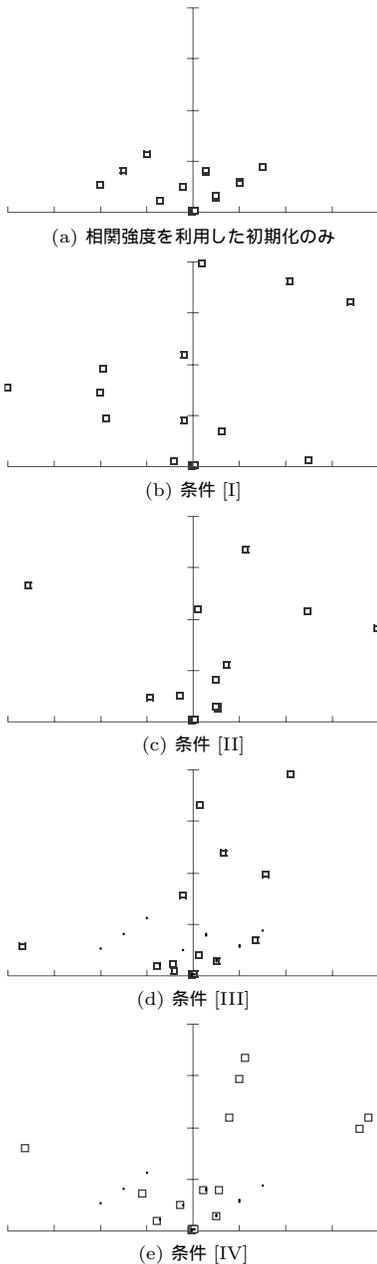


図 11 提案手法により得られたテンプレート例

Fig. 11 Examples of templates achieved by the proposed method.

つづいて、すべてのテスト画像を対象として、本稿で提案した方式（実験条件 [IV]）と JBIG2 の性能比較を行った結果を表 4 に示す。

実験条件 [IV] による提案手法を用いることで、貪欲法で最適化したテンプレートを使用した JBIG2 方式よりも非常に短い計算時間で高い圧縮率を達成できることが示された。ただし、拡張テンプレートを貪欲法

表 4 圧縮率の比較
Table 4 Comparison of compression ratio.

		JBIG2 (貪欲法)	提案手法 (GA なし)	提案手法 (実験条件 IV)
N5	C	11.3	10.5 (-7.0%)	12.3 (+8.8%)
	M	10.7	9.58 (-10%)	11.4 (+6.5%)
N6	C	12.0	11.8 (-1.6%)	12.7 (+5.8%)
	M	12.7	11.7 (-7.8%)	13.4 (+5.5%)
計算時間		13 時間	6 秒	28 分

で探索した場合（表 1 における手法 (d)）よりは圧縮率という点で劣っている。計算時間を現状以下に抑えながら、この値以上の圧縮率を得るためのテンプレート探索方式の研究開発が、今後の課題である。

一方、拡張 GA を使用せずに、初期化のみで圧縮を行ったときの圧縮率は“貪欲法+JBIG2 方式”よりも最大で 10%程度劣るものの、圧倒的に少ない計算時間で処理を完了した。また、デフォルトのテンプレートを使用した JBIG2 方式（表 1 (b)）と比較しても、数秒程度の計算時間増加にとどまっており、圧縮率については約 2 倍を達成できている。このことより、本手法は非常に実用性の高い画像データ圧縮方式といえることができる。

最後に、拡張 GA のための計算コストに関する観点から、提案手法の実験条件 [IV] と表 1 における手法 (e) とを比較すると、ほぼ同等の圧縮率でありながら、提案手法が 1/20 以下の計算時間で処理を完了していることが分かる。その理由は以下のとおりである。

本稿で導入された技術のうち、拡張テンプレートの使用と相関強度を利用した初期化による、計算コストへの影響がほとんどないということは、表 1 の (b) と、表 4 における「提案手法 (GA なし)」差が 4 秒程度であったことより明らかである。また、総計算時間に占める遺伝的操作（選択、交叉、突然変異）の割合を、Linux 上でコマンド gprof により計測したところ、0.01%未滿で計測不能であった。よって、テンプレート交叉によって増加する計算コストも無視できる。すなわち、提案手法に要する計算コストの大部分は染色体評価のために費やされており、従来法に対して約 20 倍もの処理速度向上は、ランダム間引き評価法によりもたらされたものといえる。実際、本稿で使用したテスト画像の場合、評価時にテスト圧縮される画素数と、総画素数を比較すると $(1,024 \times 1,024) / (5,048 \times 4,037) \approx 5.2\%$ となり、実際の結果とほぼ一致した。

5. おわりに

本稿では、電子製版画像データに対する圧縮効率を高めるため、2 値画像符号化に関する現行の国際標準

である JBIG2 方式を拡張し、さらに遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm; GA) などにより符号化器のパラメータを最適化する手法を提案した。具体的には、圧縮効率向上のために拡張テンプレートを採用し、GA の探索速度向上のためにランダムサンプリングによる画素間相関強度分析で得られたテンプレートを利用した初期集団生成、ランダム間引き評価法、テンプレート交叉を新たに導入した。

標準カラー画像 (SCID¹¹⁾) の一部を色分解して作成した 2 値画像データを使用した計算機実験の結果、

- 十分な処理時間が許される場合、拡張テンプレートは、JBIG2 方式のテンプレートを最適化した場合よりも、最大で 20% 以上高い圧縮効率を達成できたこと (2.3 節)、
- JBIG2 方式の初期状態よりも約 2 倍の圧縮効率を、ランダムサンプリングによる画素間相関強度分析により数秒程度で得られたこと (4 章)、
- ランダム間引き評価法とテンプレート交叉を導入した拡張 GA は、従来手法⁵⁾ よりも約 20 倍高速であったこと (4 章)

などが確認された。

このような優れた圧縮性能が認められ、本手法で用いられている技術の一部は、JBIG2 規格の追補として採用され、国際標準 (ISO/IEC 14492 Amd.2:2003) となった¹⁶⁾。今後は、ISO TC 130/WG2 において、電子製版画像データのファイルフォーマットに関する国際標準へも、本技術の採用を目指して活動を開始する予定である。

なお、我々は以前に本技術をベースとした LSI を製作しており、これを利用することでさらなる高速化が実現可能となるものと期待される。

謝辞 本研究は、新エネルギー・産業技術総合開発機構および経済産業省による委託事業の一環として行われたものである。本研究の機会を与えていただいた産業技術総合研究所フェロー・大津展之氏、また日頃ご指導いただく次世代半導体研究センター長・廣瀬全孝氏に感謝いたします。

参 考 文 献

- 1) 相馬謙一ほか：CTP データの電子送稿は PDF か？ 1 bit TIFF か？, プリンターズサークル, Vol.36, No.5, 日本印刷技術協会 (2002).
- 2) CCITT Recommendation T.6: Facsimile Coding Schemes and Coding Control Functions for Group 4 Facsimile Apparatus (1988).
- 3) ISO/IEC International Standard 11544 | ITU-T Recommendation T.82: Coded Representa-

tion of Picture and Audio Information — Progressive Bi-level Image Compression (1993).

- 4) Holland, J.H.: *Adaptation in Natural and Artificial Systems*, University of Michigan Press (1975).
- 5) Sakanashi, H., et al.: Evolvable Hardware Chip for High Precision Printer Image Compression, *Proc. 15th National Conf. on Artificial Intelligence*, pp.486–491, AAAI Press (1998).
- 6) ISO/IEC International Standard 14492 | ITU-T Recommendation T.88: Information Technology — Lossy/lossless coding of bi-level images (2000).
- 7) 加藤茂夫ほか：参照画素のダイナミック選択による 2 値画像の適応マルコフモデル符号化, 電子情報通信学会論文誌, Vol.J70-B, No.7, pp.798–804 (1987).
- 8) Sayood, K.: *Introduction to Data Compression*, 2nd edition, Morgan Kaufmann (2000).
- 9) Ziv, J. and Lempel, A.: A universal algorithm for sequential data compression. *IEEE Trans. Inf. Theory*, Vol.23, No.3, pp.337–343 (1977).
- 10) 五十嵐善英, 西谷泰昭：アルゴリズムの基礎, コロナ社 (1997).
- 11) 画像処理技術標準化委員会 (監修)：高精細カラーデジタル標準画像データ ISO/JIS-SCID, 日本規格協会 (1995).
- 12) Goldberg, D.E.: *Genetic algorithms in search, optimization and machine learning*, Addison Wesley (1989).
- 13) Goldberg, D.E. and Deb, K.: *A Comparative Analysis of Selection Schemes Used in Genetic Algorithms*, Foundations of Genetic Algorithms, pp.69–93, Morgan Kaufmann (1991).
- 14) L. デービス：遺伝的アルゴリズムハンドブック, 森北出版 (1992).
- 15) Sakanashi, H., Iwata, M. and Higuchi, T.: A Lossless Compression Method for Halftone Images using Evolvable Hardware, *Evolvable Systems: From Biology to Hardware*, LNCS 2210, pp.314–326, Springer (2001).
- 16) ISO/IEC International Standard 14492 Amendment 2 | ITU-T Recommendation T.88 Amendment 2: Information Technology — Lossy/lossless coding of bi-level images: Extension of adaptive templates for halftone coding (2003).

(平成 15 年 4 月 21 日受付)

(平成 16 年 3 月 5 日採録)



坂無 英徳 (正会員)

1996年北海道大学大学院工学研究科情報工学専攻博士後期課程修了。博士(工学)。1996年~1998年日本学術振興会特別研究員。1998年電子技術総合研究所(現、産業技術総合研究所)入所。人工知能(特に進化的計算および進化型ハードウェア)、データ圧縮、アナログLSIの調整技術等に関する研究に従事。



岩田 昌也 (正会員)

1993年大阪大学大学院工学研究科応用物理学専攻後期課程修了。工学博士。1993年~1994年フランス国立航空宇宙研究所ツールーズ研究センター客員研究員。1994年電子技術総合研究所(現、産業技術総合研究所)入所。進化型ハードウェアの研究に従事。電子情報通信学会会員。



樋口 哲也

1982年慶應義塾大学大学院工学研究科博士課程修了。工学博士。1983年電子技術総合研究所(現、産業技術総合研究所)入所。1990年~1991年カーネギーメロン大学客員研究員。筑波大学連携大学院教授兼任。進化型ハードウェア、遺伝的アルゴリズムの研究に従事。第25回市村学術賞受賞、電気学会ミレニアム論文賞等。現在、産業技術総合研究所次世代半導体研究センター回路システムグループ長(MIRAIプロジェクト)。電子情報通信学会会員。