

# 遺伝的アルゴリズムによる閉曲線の多角形近似

1 X-4

山岸 貴俊 富川 武彦

神奈川工科大学

## 1. はじめに

本論は、遺伝的アルゴリズム(Genetic Algorithm ; GA)を用いた閉曲線の多角形近似の一手法について述べたものである。閉曲線を細分割し、その細分割した長さを単位として閉曲線の全周を追跡し、遺伝子に記述された情報に従った頂点の決定を行なう。この遺伝子を、淘汰、増殖、交叉および突然変異による世代交代を繰り返すことによって、原図形の近似多角形を得る。

## 2. 処理の概要

GAを適用して閉曲線を近似するアルゴリズムを以下に述べる。但し、近似点は必ず曲線上のいずれかにあるものとする。まず、閉曲線を等分割した長さを持つ単位を考え、閉曲線の全周を追跡しながら、遺伝子に記述された情報に従って多角形の頂点を仮決定する。

- a) 閉曲線の周囲長(L)を任意の整数(N)によって等分割する(L/N)。
- b) (L/N)を1単位として、閉曲線の全周を単位ごとに追跡し、注目点を前進させる。但し、この追跡は、
  - b.1) 頂点候補とせず1単位分の長さだけ注目点を移動させる(図1(a))。
  - b.2) 注目点を多角形の頂点候補とし、1単位分の長さだけ注目点を進める(図1(b))。

のいずれかを選択するが、その決定は遺伝子に記述された情報に従うものとする。

仮決定した頂点の情報を記述した遺伝子を増殖、淘汰、交叉、突然変異からなる世代交代を繰り返し行ない、多角形近似をする。

### 2.1 遺伝子の構成

遺伝子は、前述のb.1)の作業を'0'、b.2)の作業を'1'として表わしたビット列とする。従って、必要な遺伝子の長さは、N [ビット]となる。

### 2.2 環境との適合度

各遺伝子の環境に対する適合度を以下のように定義する。各遺伝子の適合度(f)は、「類似の良さ」、「近似点数の良さ」、の両者についての評価を反映させた値とする。これらの具体的な評価方法を以下に述べる。

- 1) 近似点は必ず曲線上に存在するため、近似点数に

制限を与えなければ、近似した直線の長さが最も長い時、その近似直線は原曲線そのものになる。この点に着目すると、近似した多角形の周囲長を評価の尺度として用いる事ができる。すなわち、

$$(\text{類似の良さ}) \equiv (\text{近似多角形の周囲長}) \quad (1)$$

2) 同じ評価値を持った複数の遺伝子に対しては、近似点数の少ない遺伝子の方が無駄の少ない近似をしていると考えられる。また、式(1)は、近似多角形の全周が長ければ長いほど高い評価値となり、近似点数は自ずと増加する。これを抑制するためのペナルティとして、以下の式を近似点数の良さとする。すなわち、

$$(\text{近似点数の良さ}) \equiv (\text{細かさ} - \text{近似点数}) / (\text{細かさ}) \quad (2)$$

但し、(細かさ)は実行時に入力するパラメータであり、この値が大きくなるほど評価値が低くなる。これら2つの評価の積を適合度(f)と定義すれば、

$$f \equiv (\text{類似の良さ}) \times (\text{近似点数の良さ}) \quad (3)$$

となり、改めて

$$f = (\text{周囲長}) - (\text{近似点数}) \times (\text{周囲長}) / (\text{細かさ}) \quad (4)$$

と表わせる。これは近似多角形の周囲長が、近似点1点に対して、その多角形の全周の  $1/(\text{細かさ})$  の長さだけ短くなったことと等価な評価が与えられることを意味する。従って、(細かさ)を小さな値とした場合は、少ない点で近似された多角形が高い適合度を持つことになり、より少ない近似点の多角形に収束していくものと思われる。逆に、(細かさ)の値を大きくするに従って近似点数は増加し、原曲線により近い近似図形が得られることになる。

## 3. シミュレーション

シミュレーションの過程を流れ図として図2に示す。集団の発生は世代交代のシミュレーションを開始する前に行ない、他の行程は各世代ごとに行なう。世代交代は実行時に入力した回数だけ行なって終了とする。使用した原画像は  $256 \times 256$  [ピクセル]の2

値画像で、塗りつぶしの図形をランダムに作成し、輪郭線を抽出したものである(図3)。今回は、集団の遺伝子数と世代交代を暫定的にそれぞれ200個体、200回とした。閉曲線の分割数を、50と150に設定した場合の結果をそれぞれ図4(a)~(b),図5(a)~(b)に示す。但し、図4、5(a)~(b)は、(細かさ)をそれぞれ100、1000、として処理した結果に対応している。また、図5と同じ条件で、追跡の出発点を変更したものがそれぞれ図6(a),(b)である。

特徴を保った直線近似をするためには、角度の変化量が大きい部分を近似点として残さなければならない。その意味で図4および図5は、特徴を捉えた良好な結果であると思われる。また、(細かさ)のパラメータを変化させることによって、近似点の数が増えていることから、近似の程度を決定する評価関数が有効に作用しているといえる。また、図6(a),(b)に示す如く、近似の出発点を変更しても、結果の多角形が大きく変わっていないことから、処理系が初期設定位置に対してほぼ独立していると考えられる。

4. むすび

本手法は、分割数を大きく設定した場合、閉曲線上の任意の位置から近似を開始しても得られる近似図形は同一もしくは類似した図形となり、近似の出発点に左右されにくい事が判明した。また本手法は、閉曲線に限らず様々な曲線の直線近似アルゴリズムとして、広範囲な応用が期待できるものと考えている。尚、近似多角形の各頂点が望ましい特徴点であるか否かの妥当性を定量的に評価することや、局所解への収束を最小限に抑えるためのアルゴリズムの改良などは今後の課題となろう。

参考文献

[1] D.E.Goldberg, Genetic Algorithm in Search, Optimization, and Machine Learning, Addison Wesley(1989)

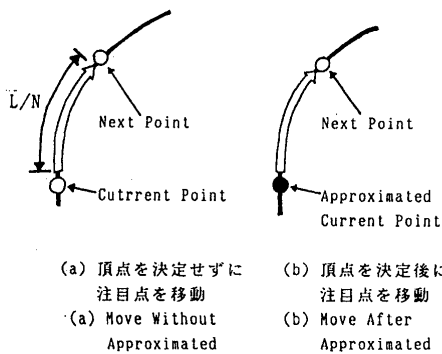


図1 点の追跡  
Fig.1 Trace Points

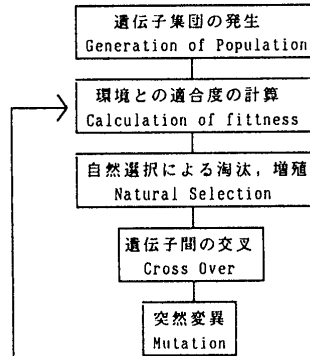


図2 シミュレーションの過程  
Fig.2 Procedure of Simulation

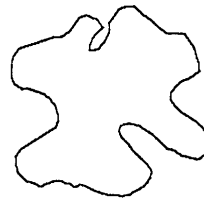


図3 原画像  
Fig.3 Original Image

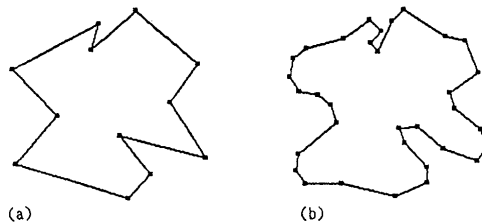


図4 処理結果(分割数50)  
Fig.4 Approximated Image(Divided into 50)

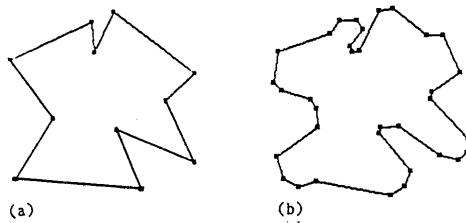


図5 処理結果(分割数150)  
Fig.5 Approximated Image(Divided into 150)

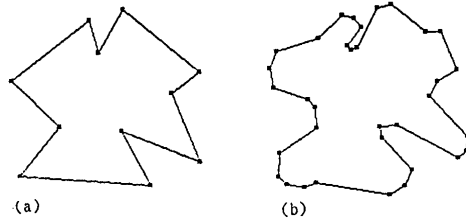


図6 開始位置を変更(分割数150)  
Fig.6 Different Starting Point (Divided into 150)