

## 遺伝的アルゴリズムを用いたパターンマッチング法

長尾 智晴      安居院 猛      長橋 宏

東京工業大学 工学部 像情報工学研究施設

横浜市緑区長津田町 4 2 5 9

あらし      本報告では、2値画像から、あらかじめモデルとして与えられた図形に相似で、位置、大きさと回転角度が未知の図形を抽出する処理を遺伝的アルゴリズムを用いて実行する方法を提案している。モデルは任意の複数の点として与えられると仮定している。モデルをさまざまな位置、大きさと回転角度で原画像に重ねたとき、一定値以上の割合で重なる図形を抽出結果とする。この処理は、モデルの重心の座標を  $(x_0, y_0)$ 、拡大率を  $M$ 、回転角度を  $\theta$  とするとき、 $(x_0, y_0, M, \theta)$  の4次元空間において、重なりを評価値にしたときの最大値探索問題に他ならない。このため、遺伝的アルゴリズムを有効に適用できることを示す。

## A Pattern Matching Method using a Genetic Algorithm

Tomoharu NAGAO, Takeshi AGUI and Hiroshi NAGAHASHI

Imaging Science and Engineering Laboratory,  
Tokyo Institute of Technology  
4259 Nagatsuta, Midori-ku, Yokohama, 227 Japan

### Abstract

An application of Genetic Algorithms to extract a shape similar to a model from a given binary noisy image is described. If position, size and rotation angle of the similar shape in the given image are all unknown, the extraction process equals to a searching process of the maximum point in the four dimensional space composed of these unknown parameters. We show that the Genetic Algorithm is applied to this kind of pattern matching very effectively.

## 1. はじめに

2値画像から、あらかじめ与えられた図形に相似な図形を抽出するパターンマッチング処理は、画像の認識における基礎的かつ重要な処理の一つである。相似図形の抽出方法としては、これまでにいくつかの手法が提案されている。例えば、Hough変換<sup>1)</sup>は、図形抽出処理をパラメータ空間におけるしきい値処理に変換する手法であり、ノイズを多く含む画像からも直線や円などを良好に抽出できるという特徴がある。また、筆者らが先に提案した部分形状ベクトルを用いる方法<sup>2)</sup>では、図形の局所的な形状特徴の分布を用いることによって、重なり合った図形を分離して抽出することができる。これらの手法は、抽出対象図形を、ある程度限定した場合には有効であるが、モデルが任意の複数の点からつくられており、画像中にあるモデルの相似図形の位置、大きさと回転角度の全てが未知であり、かつ画像が多くのノイズを含んでいるような、抽出が非常に困難な場合の処理にはあまり有効ではない。この処理は、モデル図形を画像中の図形に重ねたときに、最も良く重なるときのモデルの重心の座標 $(x_c, y_c)$ 、モデルの倍率 $M$ と回転角度 $\theta$ を求める問題であり、これら4つのパラメータによる空間において図形の重なりを評価値としたときの最大値を与える点を探索する最大値探索問題と考えることができる。

一方、近年注目されているパラダイムとして、遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithms; GA)<sup>3),4)</sup>がある。これは、計算機内に遺伝子をもつ仮想的な生物を設定し、それらの生物の世代交代シミュレーションによって生物を進化させ、最適値探索問題における実用解を得ようとするものである。遺伝的アルゴリズムについては、その基礎理論に関する研究<sup>5)</sup>、ニューラルネットワークの構造決定に対する研究<sup>6)</sup>など、興味深い研究が行われてきている。しかしながら、遺伝的アルゴリズムの応用例としては、巡回セールスマン問題や図形の最適配置などの代表的な最適値探索問題がほとんどであり、画像のパターン認識等への応用については、まだあまり報告がない。筆者らは、画像のパターン認識を目的とした遺伝的アプローチに関する研究を行っている。本報告では、位置、大きさと回転角度のすべてが不明な相似図形のパターンマッチング処理を、4次元パラメータ空間における最大値探索問題としてとらえ、遺伝的アルゴリズムが有効に適用できることを示す。また、本報告では、特に次の事項を考慮したアルゴリズムを提案する。

- 探索空間に対する前処理
- 親の個体の適応度に応じた、子孫の生成のための遺伝規則の調整

## 2. パターンマッチングについて

はじめに、本報告で扱うパターンマッチングの定義と、マッチング率の特徴について述べる。

### 2.1 パターンマッチングの定義

抽出対象のモデル図形として、 $xy$ 2次元平面上の $n$ 個の点列 $P$ が次のように与えられたと仮定する。

$$P = \{p_1(x_1, y_1), p_2(x_2, y_2), \dots, p_n(x_n, y_n)\} \quad (1)$$

ここで、各点 $p_i (i = 1, 2, \dots, n)$ の $x, y$ 座標 $(x_i, y_i)$ は、 $P$ の重心 $p_c$ を原点とする相対座標で表されているとする。モデルの重心 $p_c$ を $xy$ 絶対座標の $(x_c, y_c)$ に重ね、 $\theta$ だけ回転させてから $M$ 倍に拡大したときの点列 $Q$ は次式で表される。

$$Q = \{q_1(x_1^*, y_1^*), q_2(x_2^*, y_2^*), \dots, q_n(x_n^*, y_n^*)\} \quad (2)$$

ただし、 $(x_j^*, y_j^*) (j = 1, 2, \dots, n)$ は変換後の各点の絶対座標であり、次式で定義される。

$$\begin{pmatrix} x_j^* \\ y_j^* \end{pmatrix} = M \begin{pmatrix} \cos \theta & -\sin \theta \\ \sin \theta & \cos \theta \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_j \\ y_j \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} x_c \\ y_c \end{pmatrix} \quad (3)$$

背景が白、図形が黒の2値画像が与えられたとする。このとき、式(2)の点列 $Q$ の各点の位置の画素が黒画素である個数を $n_b$ とすると、そのときのモデルと画像中の図形とのマッチング率 $R$ は次式で定義することができる。

$$R = \frac{n_b}{n} \quad (4)$$

モデルの点列 $P$ と2値画像が与えられたとき、画像上に点列 $P$ をさまざまな位置、大きさと回転角度で重ねて式(4)のマッチング率を求め、最大の $R$ を与えるときの点列 $P$ の重心 $p_c$ の座標 $(x_c, y_c)$ 、拡大率 $M$ 、回転角度 $\theta$ を求める問題を、ここでのパターンマッチング問題とする。これは、各軸を $x_c, y_c, M, \theta$ とする4次元空間において、評価値を式(4)のマッチング率としたときの最大値探索問題に他ならない。

### 2.2 マッチング率の特徴

4次元探索空間におけるマッチング率の変化について考える。モデル図形および対象画像が2値画像のときは、マッチング率は探索空間において非常に鋭いピークをもつ場合が多いと予想される。図1に例を示す。同図に示すように、このモデルを $x$ 軸に沿って平行移動しながら、画像中の図形との式(4)に示したマッチング率を求めた場合、同図中のグラフのように鋭いピークが現れる。すなわち、モデルが画像中の図形と正に重なった場合、マッチング率は1に

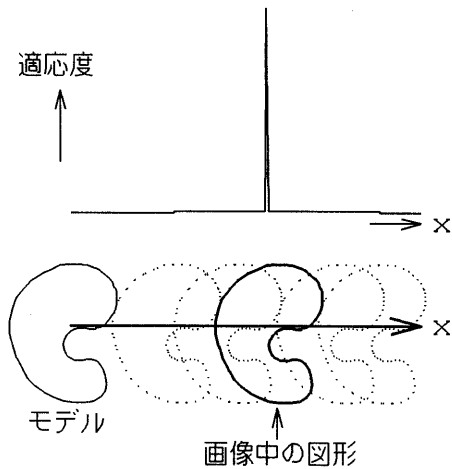


図1 探索空間におけるマッチング率の変化の特徴

近い大きな値をとるが、少しでもずれているとマッチング率が急激に減少することになる。

マッチング率がこのように鋭いピークをもつことは、最大値探索を困難にする。なぜなら、最大値を与える点に近い点に探索点が生じたときでも、近くに最大値を与える点が存在することを知らることが困難だからである。一方図1において、モデル及び画像中の図形の内部が全て黒画素で満たされているような場合は、マッチング率の変化はピークを最大にして滑らかに変化することになる。

このように、4次元パラメータ空間における図形のマッチング率の変化状態は、モデルおよび画像中の図形に依存し、一概に決定することができない。また、マッチング率が鋭いピークをもつ場合があることから、パラメータ空間における評価値の変化の傾き方向を用いる方式の最急降下法を適用することは困難である。

### 3. GAパターンマッチング

2.2で述べたパターンマッチングに対して遺伝的アルゴリズムを適用する方法について述べる。

#### 3.1 個体の定義

各個体  $B_k (k = 1, 2, \dots)$  は、次の遺伝子型  $G_k$  をもつとする。

$$G_k = (x_{ck}, y_{ck}, M_k, \theta_k) \quad (5)$$

これは、対象の4次元探索空間中の1点を表している。各個体  $B_k$  の表現型  $E_k$  は、式(1)で表される。モデルとしてあらかじめ与えられた点列  $P$  を、式(5)のパラメータによって変換した後の図形として、式(6)で表される。

$$E_k = \{e_{k1}(x_{1k}^*, y_{1k}^*), e_{k2}(x_{2k}^*, y_{2k}^*), \dots, e_{kn}(x_{nk}^*, y_{nk}^*)\} \quad (6)$$

ただし、 $(x_{jk}^*, y_{jk}^*) (j = 1, 2, \dots, n)$  は、次式で定義される。

$$\begin{pmatrix} x_{jk}^* \\ y_{jk}^* \end{pmatrix} = M_k \begin{pmatrix} \cos \theta_k & -\sin \theta_k \\ \sin \theta_k & \cos \theta_k \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_j \\ y_j \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} x_{ck} \\ y_{ck} \end{pmatrix} \quad (7)$$

各個体は移動せず、3.2節で述べる方法で計算される環境との適応度の高い個体が増殖して自分とは少し異なる遺伝子型をもった個体が発生し、適応度の低い個体は淘汰されて消滅するよう世代交代シミュレーションを行う。

#### 3.2 適応度の定義

本報告における最終目的は、式(4)で示されるマッチング率の高い図形の変換パラメータを決定することであり、GAの適用の際にも、各個体の環境への適応度として式(4)をそのまま用いることができる。しかしながら、2.2で述べたように、本報告における探索空間では、適応度の分布が不連続であり、適応度の高い遺伝子に近い遺伝子をもつ個体が、同様に高い適応度をもっているとは限らない。このため本報告では、探索空間に対する前処理を行なう。具体的には、与えられた2値画像に対する平滑化処理を施すことによって、モデルと画像中の図形の間には若干のずれがある場合でも、比較的高い適応度が得られるようにする。処理方法について次に述べる。

2値原画像中の白画素の階調値を0、黒画素の階調値を  $L (L$  は正の整数) とする。このとき、画像中のすべての白画素  $w_i (w(x_i, y_i)) (i = 1, 2, \dots)$  に対して次の処理を行う。

(1) 自分自身に最も近い黒画素を  $b_j (b(x_j, y_j))$  とするとき、次式で定義される  $w_i$  と  $b_j$  とのチェス盤距離 (8 連結距離)  $D_{i,j}$  を求める。

$$D_{i,j} = \max\{|w x_i - b x_j|, |w y_i - b y_j|\} \quad (8)$$

(2)  $D_{i,j} < L$  のとき、 $w_i (w(x_i, y_i))$  の階調値を  $L - D_{i,j}$  に直す。

図2に例を示す。図2(a)が  $L = 2$  の場合であり、図2(b)が  $L = 3$  の場合である。図2に示すように、この処理は各黒画素の周囲を  $L$  段階にぼやけさせる処理である。原画像は、階調値0から  $L$  までの  $L + 1$  段階の階調をもつ階調画像に変換されることになる。このような1次関数による平滑化ではなく、2次関数などによる平滑化についても実験を行なったが、今回実験した範囲では1次関数の場合が最適であった。

この平滑化処理を行った後の各個体  $B_k$  の環境への適応度  $F$  は、与えられた図形が  $n$  個の点列から構成されるとき、次式から求める。

$$F = \frac{\sum_{k=1}^n f(x_{jk}^*, y_{jk}^*)}{L \times n} \quad (9)$$

ただし、 $(x_{jk}^*, y_{jk}^*) (j = 1, 2, \dots, n)$  は式(7)で表されるものとする。  
この適応度  $F$  は 0 から 1 の間の値をとり、1 のときにすべての点が重なった最も高いマッチング率を表す。

この平滑化処理によって、適応度のピーク値付近の曲面が若干滑らかになり、最大値を与える探索点に近づいた際に、近くに最大値を与える探索点が存在することを、ある程度知ることができる。

### 3.3 世代交代の方法

#### 3.3.1 淘汰、増殖と突然変異

本報告では、各世代における個体の総数  $N$  は一定であるとする。各個体の適応度を求めて大きい順にソーティングした後、次に示す淘汰、増殖と突然変異の処理を実行する。

##### (1) 淘汰

適応度が下位  $R\%$  の  $M$  個の個体 ( $M = N \times \frac{R}{100}$ ) を消滅させる。

##### (2) 増殖と突然変異

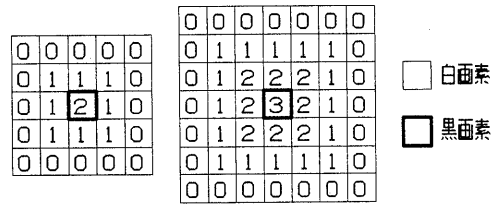
適応度が上位  $(100 - R)\%$  の個体のうち、 $M$  個の個体を上位から順に1つずつ選択し、各個体からそれぞれ1個の新しい個体を発生させることによって、個体総数が常に  $N$  個で一定になるようにする。ただし、ここで通常の増殖の他に  $R_m\%$  の確率で突然変異を生じさせる。突然変異の詳細については、3.3.3で述べる。

このような世代交代によって、適応度が低い個体が発生した場合、その個体は1世代のうちに消滅する。また、逆に、高い適応度をもつ個体は、自分以外に自分よりも大きな適応度をもつ個体が増えて、自分の適応度が全体の下位  $R\%$  の大きさになるまで生存し続けることになる。

#### 3.3.2 遺伝規則の設定

このため適応度  $F$  の値のそれぞれについて、更新回数を記憶しておく。子孫の個体を生成させる際に適用する遺伝規則については、さまざまなものが考えられる。GAでは、各個体の遺伝子型を1次元のビット列で表し、複数の個体を親として、親の遺伝子の交差、突然変異によるビットの反転などを行って子孫の遺伝子を生成する方法が一般的である。しかし、本報告で扱うパターンマッチングの問題では、遺伝子を1次元のビット列で表現すること、および複数の個体を親にすることの必然性はあまりないと考えられる。そこで本報告では、ある1つの個体を親として、親の遺伝子に似た遺伝子をもつ1つの子孫の個体を次のようにして発生させることにする。すなわち、式(5)で表される遺伝子  $G_k$  をもつ、ある個体  $B_k$  を親としたとき、次に示す遺伝子  $G_i$  をもつ新しい個体  $B_i$  を、子孫として発生させる。

$$G_i = (x_{ck} + \alpha, y_{ck} + \beta, M_k + \gamma, \theta + \delta) \quad (10)$$



(a)  $L=2$  の場合 (b)  $L=3$  の場合

図2 原画像に対する平滑化処理

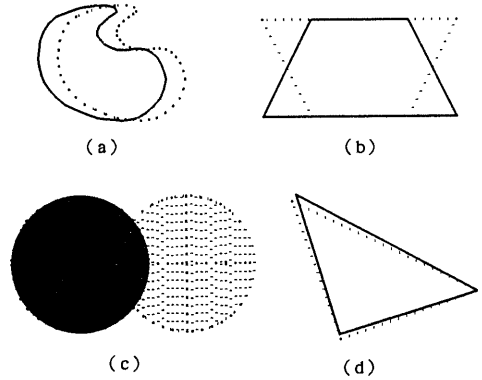


図3 遺伝規則と親の適応度の関係の例

ただし、

$\alpha$  :  $[-\alpha_{rng}, \alpha_{rng}]$  の一様乱数,

$\beta$  :  $[-\beta_{rng}, \beta_{rng}]$  の一様乱数,

$\gamma$  :  $[-\gamma_{rng}, \gamma_{rng}]$  の一様乱数,

$\delta$  :  $[-\delta_{rng}, \delta_{rng}]$  の一様乱数.

遺伝子の各構成要素に対する乱数である、 $\alpha, \beta, \gamma, \delta$  の大きさによって、探索効率が多いに影響を受けると考えられる。また、これらの値、言い替えば、親とどの程度異なる遺伝子をもつ子孫を発生させるかは、マッチングの対象図形の形状、与えられた原画像、子孫を生成する親の個体の適応度などに依存する。図3に例を示す。同図において、実線で示した図形が親の個体に相当する図形であり、点線で示した図形が原画像中の図形であるとする。図3(a)の線図形の例は、親の適応度、すなわち図形のマッチング率は比較的低いが、最適解に近い場合の例であり、適応度が低いという理由だけから、親と大きく異なる遺伝子を持つ子孫を発生させることは得策ではない。これに対し、図3(b)の場合は、親の適応度は比較的高いが、局所的な最適解にとらわれないようにするためには、特に角度成分が大きく異なる子孫を発生させることが望ましい。ま

た、図3 (c) の面図形の場合は、大きさや角度成分よりも、むしろ位置を変化させる方が最適解に近付くと考えられる。図3 (d) のように、親の適応度が非常に高い場合は、親に非常に良く似た遺伝子をもつ子孫を発生させた方が良い。このため本報告では、パターンマッチングの対象図形のモデルが与えられた段階で、その図形に適した遺伝規則、すなわち式(10)における乱数 $\alpha, \beta, \gamma, \delta$ のとり得る範囲を、次に述べるような予備実験によって自動設定することにする。

はじめに、モデルを基準の位置 $(x_0, y_0)$ 、拡大倍率 $M_0$ 、回転角度 $\theta_0$ で表示し、先に述べた平滑化処理を行った後、基準図形と呼ぶ。続いて、次に示す処理1および処理2を、あらかじめ決めた回数だけくり返し実行する。

(1) 処理1：モデルを基準の位置、拡大倍率、回転角度とはそれぞれ少しずつ異なる値 $(x_0 + \Delta x, y_0 + \Delta y, M_0 + \Delta M, \theta_0 + \Delta \theta)$ で基準図形を重ねて、適応度 $F^*$ を求める。

(2) 処理2：あらかじめ計算機内に用意した、次に示す4つのグラフを更新する。

- グラフ1 (横軸：適応度 $F$ , 縦軸： $|\Delta x|$ )
- グラフ2 (横軸：適応度 $F$ , 縦軸： $|\Delta y|$ )
- グラフ3 (横軸：適応度 $F$ , 縦軸： $|\Delta M|$ )
- グラフ4 (横軸：適応度 $F$ , 縦軸： $|\Delta \theta|$ )

それぞれのグラフは処理前に縦軸を全て0で初期化しておく。グラフの更新方法は同様なので、グラフ1の更新についてだけ述べる。処理1での適応度 $F^*$ における値 $|\Delta x|$ を、処理1での $|\Delta x|$ にする。ただし、これまでの処理ですでに適応度 $F^*$ の値が0ではない場合は、その値を今までの $|\Delta x|$ の最大値に変える。

適応度は、有限の小さなステップごとにプロットするようにする。例えば、0.01のステップでプロットした場合は、適応度が0から1までで101段階について求めることになり、各グラフの横軸の分解能は101になる。予備実験では、適応度 $F$ が、十分小さい値から十分大きい値までとるよう、各パラメータを徐々に大きくしてゆく。また、予備実験によって縦軸の値が0のまま変化しなかった適応度については、次式から決定する。

$$|\Delta x| = x_{max}(F - 1)^2 \quad (11)$$

$$|\Delta y| = y_{max}(F - 1)^2 \quad (12)$$

$$|\Delta M| = M_{max}(F - 1)^2 \quad (13)$$

$$|\Delta \theta| = \theta_{max}(F - 1)^2 \quad (14)$$

ただし、 $x_{max}, y_{max}, M_{max}, \theta_{max}$ は正定数。

以上述べた処理によって得た4つのグラフを、世代交代シミュレーションにおいて利用する。すなわち、ある親の個体の適応度が、例えば $F^*$ であった場合、それぞれのグラフの適応度 $F^*$ における値を、それぞれ $|\Delta x^*|, |\Delta y^*|, |\Delta M^*|, |\Delta \theta^*|$ とすると、式(10)における乱数 $\alpha, \beta, \gamma, \delta$ の範囲を次式で定義する。

$$\alpha_{rng} = |\Delta x^*|, \beta_{rng} = |\Delta y^*|, \gamma_{rng} = |\Delta M^*|, \delta_{rng} = |\Delta \theta^*| \quad (15)$$

これによって、適切な遺伝子をもつ子孫を生成させようとするものである。

以上述べた予備実験による遺伝規則の設定は、与えられた画像中に、モデルに相似な図形がひとつだけ存在する場合は、適切な遺伝子をもつ子孫が生成される確率が高い。しかしながら、原画像中に別の図形が多数存在する場合には、あまり有効ではなくなる可能性がある。このため、そのような場合に対する遺伝規則の設定については再考の必要がある。

### 3.3.3 突然変異の設定

先に3.3.1で述べたように、子孫の生成において $R_m\%$ の確率で突然変異を発生させる。本報告における突然変異は、一般的なGAの場合のように遺伝子のビットごとに行うのではなく、100回に $R_m$ 回の割合で、式(10)における乱数の範囲を決める変数 $\alpha_{rng}, \beta_{rng}, \gamma_{rng}, \delta_{rng}$ として、親の適応度に無関係にあらかじめ決めた定数を用いることにする。この突然変異の主な目的は、局所的な最適解にとらえられたときに、そこから脱出することであるので、子孫の遺伝子は親の遺伝子と大きく異なるようにする。すなわち、あらかじめ与える乱数の範囲を決める定数としては比較的大きな値を指定する。

### 3.4 停止条件

本報告では、次に示すいずれかの状態になったとき、世代交代のシミュレーションを終了する。

[状態1] あるしきい値以上の高い適応度をもつ個体が少なくとも一つ生成された。

[状態2] 個体の適応度の最大値が一定期間以上増加しなくなった。

[状態3] ある一定回数の世代交代を終了した。

状態1は、1つの実行解を得たことを示しており、その時点で最大の適応度をもっている個体の遺伝子中の各パラメータを、パターンマッチングの最終結果とする。また、状態2は、系が局所的な最適解にとらわれて抜け出せなくなったか、または全く極値を探索でき

なかったことを示している。画像中に複数の相似図形がある場合には、いずれかひとつの図形を抽出した段階で処理が終了することになる。全ての相似図形を抽出するためには、状態1が成立した段階で処理を終了せず、抽出した図形を原画像から消去してから処理を続行する。状態3は、主として系の動作状態を確認する際に用いる。

## 4. 実験例

図4がマッチング対象のモデル図形である場合の本手法によるパターンマッチングの実験例について述べる。遺伝規則を設定するために、3.3で述べた予備実験を行った結果、図5(a)から(d)に示す4つのグラフを得た。ただし、式(10)における各定数の値は次のように設定した。

$$x_{max} = 40, y_{max} = 40, M_{max} = 0.4, \theta_{max} = 180 \quad (16)$$

遺伝規則を設定後、図6に示す256×256画素の2値画像を原画像としたときの世代交代シミュレーションを行った。この画像は計算機によって人工的に作成したテスト画像である。図6中のモデル

の相似図形を持つ遺伝子  $G_0$  は次のように設定した。

$$G_0 = (x_{c0}, y_{c0}, M_0, \theta_0) = (120, 120, 1.6, 133) \quad (17)$$

世代交代における、遺伝子  $G_k$  中の各要素  $x_{ck}, y_{ck}, M_k, \theta_k$  に対する定義域は次のように設定した。

- $x_{ck} : [0, 255]$  , 最小ステップ: 1[pixel]
- $y_{ck} : [0, 255]$  , 最小ステップ: 1[pixel]
- $M_k : [1.5, 1.8]$  , 最小ステップ: 0.01
- $\theta_k : [0, 359]$  , 最小ステップ: 1[degree]

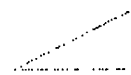


図4 マッチング対象のモデル図形

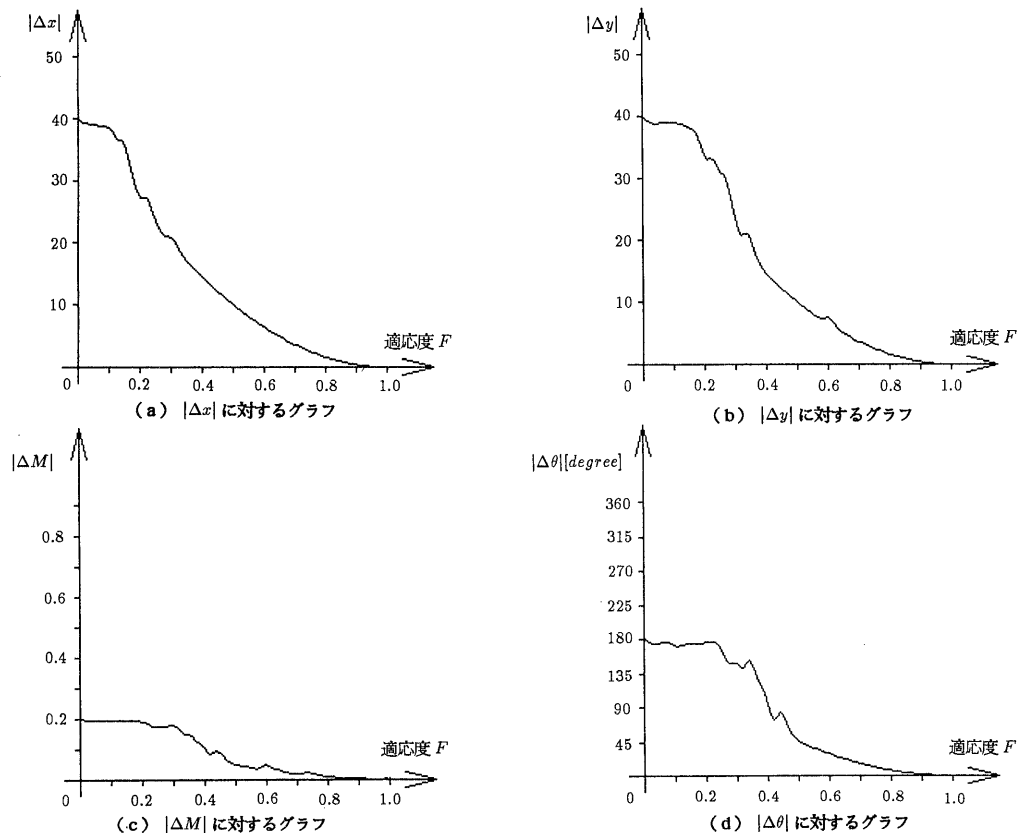


図5 遺伝規則の設定のためのグラフ

このため全探索空間は、各要素の場合の数の積である、 $256 \times 256 \times 31 \times 360 = 731,381,760 \approx 7$  億 3 千万個の膨大な探索点から構成されていることがわかる。例えば、1秒間に100個の探索点を調べる処理を行った場合、全空間の探索には、 $731,381,760/100/60/60 \approx 2032$  時間  $\approx 85$  日間を要することになる。

個体総数  $N$  は、 $N = 20$  とし、それぞれの世代において、適応度の下位  $R = 50\%$  である 10 個の個体を淘汰によって消滅させ、上位  $50\%$  の 10 個の個体を増殖の対象にした。また、突然変異率  $R_m$  を、 $R_m = 10\%$  とし、増殖 10 回に 1 回の確率で突然変異による交配を行った。突然変異では、親の適応度によらず、次の値を採用した。

$$\alpha_{rng} = 20, \beta_{rng} = 20, \gamma_{rng} = 0.3, \delta_{rng} = 180 \quad (18)$$

仮想生物の最大適応度の世代交代に対する推移を、図7から図9に示す。図7から図9のグラフは、それぞれ次に示す3つの手法による結果を示している。

1. 手法1：探索空間を一様乱数によってランダムに探索する方法。
2. 手法2：本手法において、通常の増殖における遺伝規則を決定する乱数を、親の適応度に無関係に次の定数で与える方法。

$$\alpha_{rng} = 10, \beta_{rng} = 10, \gamma_{rng} = 0.2, \delta_{rng} = 45 \quad (19)$$

3. 手法3：本手法。

世代交代の停止条件としては、先に述べた状態のうちの [状態3] を用い、300回の世代交代で強制的に処理を終了した。

図7は、手法1による10回の世代交代の結果の平均値を合成表示したものである。ただし、図8、図9のグラフと比較できるように、1回の世代交代につき、10回の探索を行った結果を示している。この方法では、世代交代を重ねても最大適応度がなかなか上がらず、最大値が検出できていないことがわかる。

図8(a)は、手法2による10回の世代交代の結果を合成表示したものである。また、図8(b)は、それらの結果の平均値をプロットしたものである。図7に示したランダムな探索よりは、最大適応度が増加する傾向が認められる。

図9(a)は、手法3、すなわち本手法による10回の世代交代の結果を合成表示したものであり、図9(b)は、それらの平均値を示している。図9(a)から、本手法では、10回のうち2回を除く8回の世代交代において、300回の世代交代のうちに、最大適応度が1または0.95以上の実用解を得ていることがわかる。図9(b)に示

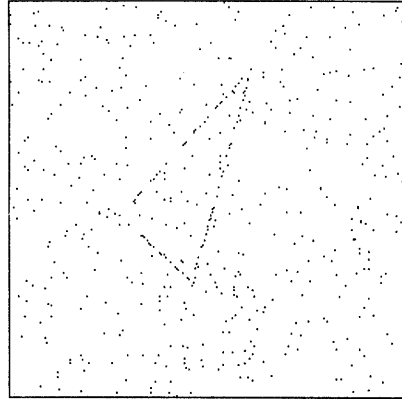


図6 原画像 (256 x 256 画素)

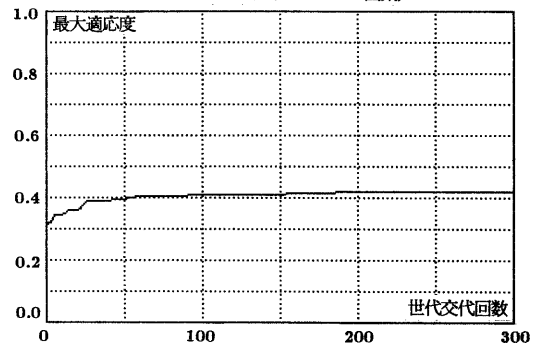
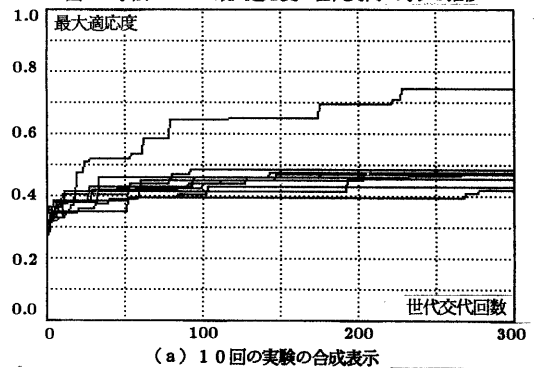
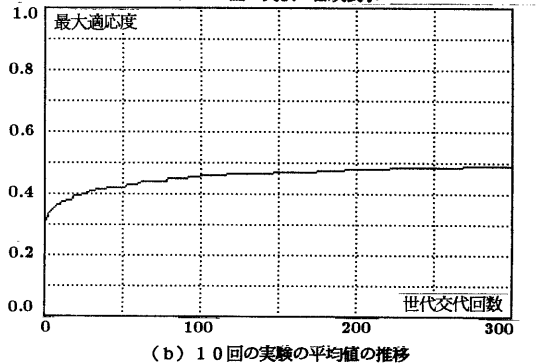


図7 手法1による最大適応度の世代交代に対する推移



(a) 10回の実験の合成表示



(b) 10回の実験の平均値の推移

図8 手法2による最大適応度の世代交代に対する推移

した平均値のグラフから、本手法によって、確実に最大適応度が増加していることを確認することができる。図9(c)に、図9(a)に重ねて表示した世代交代シミュレーションのうち、典型的な3例だけを示す。同図Aに示す、今回最良の結果を与えた例では、100回の世代交代で実用解を得ていることがわかる。この場合の探索回数は、世代交代1回あたり10点なので、 $10 \times 100 = 1000$ 回である。これは、先に示した全探索点の個数である7億3千万に比較して十分小さく、手法の有効性が確認できる。図9(c)中のBは、局所的な安定点にとらわれて抜け出せなくなった例である。また、図9(c)中のCは、B同様に局所的な安定点にとらわれたが、突然変異によってそこから脱出し、最大適応度である1を得た例である。このため、図9(c)中のBについても、世代交代を続行した際、Cと同様に局所的な安定点から脱出できる可能性が高いと考えられる。

ここでは、原画像中にモデルの相似図形が一つだけ存在するような基礎的な場合について述べた。原画像中の他の図形が増加するにつれて、パターンマッチング処理の効率は低下する。

現在、淘汰・増殖やその他のパラメータの設定などを種々に変えてシミュレーション実験をくり返しており、これらの実験を通して、多くの図形と画像に対して平均的に良好な結果を得るための汎用的な設定条件を見い出したいと考えている。

## 5. まとめ

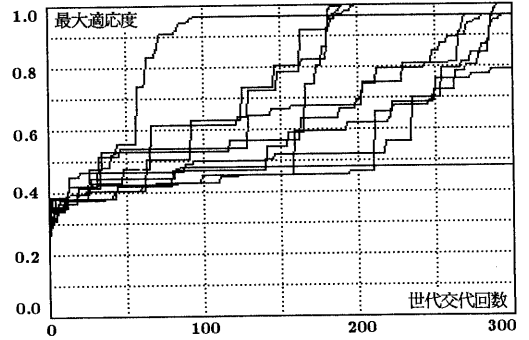
本報告では、図形パターンとのマッチング問題を4次元探索空間内の最大値探索問題とみなし、遺伝的アルゴリズムを適用する手法について述べた。本手法では、次の2点を特に考慮した。

- 探索空間に対する前処理
- 親の個体の適応度に応じた、子孫の生成のための遺伝規則の調整

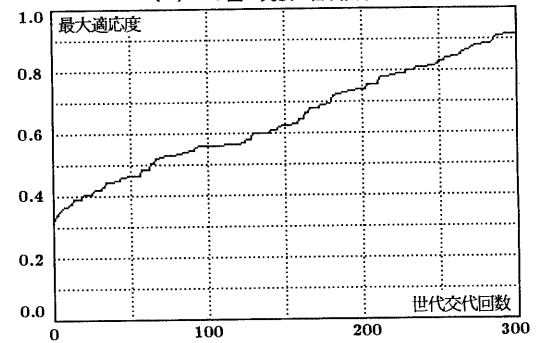
そして、本手法が、与えられたモデル図形に相似で、位置、大きさと回転角度の全てが不明の原画像中の図形の抽出に有効であることを示した。今後は、仮想生物の遺伝子型と表現型、および遺伝規則などについてさらに検討を行って、抽出対象図形と原画像に依存せずに、高い探索効率をもつパターンマッチング手法を開発したいと考えている。さらに、画像のパターン認識に対する遺伝的アプローチの適用についても研究を進める予定である。

## 参考文献

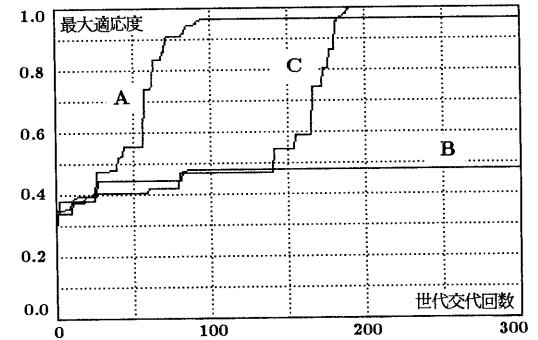
1. P. V. C. Hough: "Method and means for recognizing complex patterns", U. S. Patent, 3,069,654 (1962).
2. T. Nagao, T. Agui and M. Nakajima: "An extraction method of partially occluded objects utilizing partial shape vectors",



(a) 10回の実験の合成表示



(b) 10回の実験の平均値の推移



(c) 典型的な3つの推移

図9 手法3(本手法)による最大適応度の世代交代に対する推移

The trans. of the IEICE, Vol.E73, No.3, pp.410-417 (1990).

3. D. E. Goldberg: "Genetic Algorithm in Search, Optimization, and Machine Learning", Addison Wesley (1989).
4. 和田健之介: "遺伝的アルゴリズムと機械の進化", 数理解科学, No.328, pp.47-51 (1990).
5. T. P. Caudell and C. P. Dolan: "Parametric Connectivity: Training of Constrained Networks using Genetic Algorithms", Proc. of the third Conf. on Genetic Algorithms, pp.370-374, Morgan Kaufman, California (1989).
6. G. F. Miller and P. M. Todd: "Designing Neural Networks using Genetic Algorithms", Proc. of the third Conf. on Genetic Algorithms, pp.379-384, Morgan Kaufman, California (1989).