

輪郭図形の形状学習アルゴリズム

3F-1

村瀬一朗、金子俊一、本多庸悟
東京農工大学工学部

1. はじめに

本研究は、図形形状の特徴を帰納的に抽出するために、形状を帰納的に学習する枠組みを明らかにすることを目指している。従来、パターン認識の分野では、特徴を用いて、文字、図形、画像といった対象を分類する手法が研究されている。これらの研究で用いられる特徴というのは、あらかじめ人が与えたもので、対象の持つ特徴空間を設定し、ある対象が特徴空間のどこに位置するかで、対象の分類を行おうとするものである。

我々の研究は、対象群を帰納的に分類することを行い、このような特徴というものを逆に抽出しようというものである(4)。そのために本報では、図形の「要約」として、「元図形間の類似部分の抽出し、形状の近似、元図形への埋戻し」という一連の手続きをくり返すことにより簡略化の階層構造を形成する処理を新たに提案する。これにより、図形間の差異を段階的に吸収し、図形を階層的に統合することが可能である。二図形の類似部分の探索には、遺伝的アルゴリズム(GA; Genetic Algorithm)を用いる(1), (4)。

我々は更に、この階層構造に基づいて要約の履歴を検討することにより、特徴の帰納学習や特徴の質の定量的自動評価を行なえと考えている。

2. 図形の要約

要約とは、原図形の情報をあまり失うことなく、表現を簡略化することと考える。ここでいう要約という処理では、いわゆる機械的な図形近似(例えば、直線近似)とは異なり、要約すべき図形集合に依存した簡略化を行う。例えば、微妙な曲率変化をもった曲線が常に直線に近似されるわけではない。まわりの図形達が直線を多く含む場合に直線近似が行われるべきである。

したがって、要約の過程では、図形対の簡略化操作をくり返し適用してみて、その結果に対する試行錯誤の段階が必要となる。その中で比較的長足の要約が行われる場合もあれば、足踏み状態を繰り返す図形対もあり得ることになる。

3. 処理の概要

処理の概要を図1に示す。輪郭図形をチェーンコードに変換する。対象となる図形群のすべての二図形の組み合わせを作成し、類似部分の探索を行なう。探索で得られた近似形状を埋め戻す。埋め戻した結果、統合可能なものは統合する。

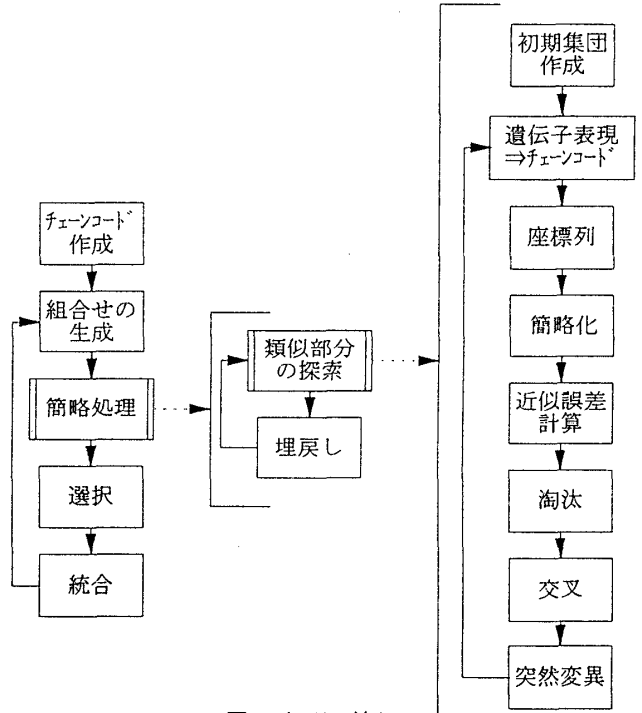


図1. 処理の流れ

4. 要約の階層構造

要約を「5%以上、10%以上、15%以上、...」というように段階的にくり返し行なうことで、図形は統合されていくことになる。統合された図形をもとに、図2のような階層構造を作ることができる。図2における図形番号11、12、および31に見られるように階層の飛び越しを認めることとする。

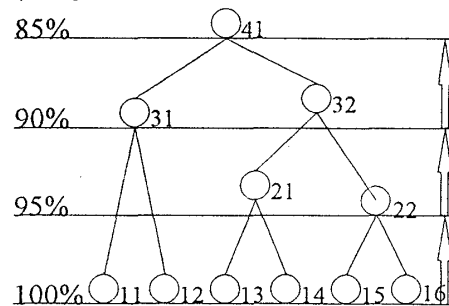


図2. 要約の階層構造

5. 対象と表現

対象は、単純閉ループで構成された輪廓図形とし、今回は、そのような輪廓図形である数字の「1、2、3、5、7」の数種の書体を用いることにした。図形の大きさは100ピクセルで統一した。図形表現として「チェーンコード」を用いる。

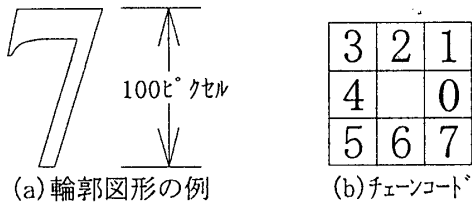


図3. 対象図形と表現

6. GAによる類似部分の探索

図1において、類似部分の探索を行なうためのGAによる処理の概要は既に示した。本研究で用いた遺伝子表現ならびに手法を定義する。

6.1 遺伝子型

図4に遺伝子の表現方法を示す。

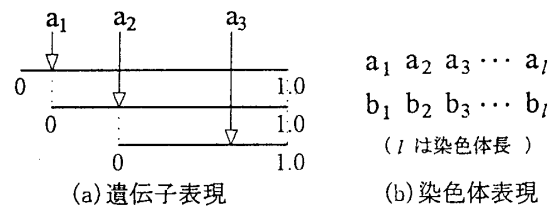


図4. 遺伝子型

二図形をそれぞれ図形 A、B とする。遺伝子の値の表現は、図形 A のチェーンコード上の先頭を 0.0、終端を 1.0 として位置を割合で表現したものを a_1 、その残りの先頭からの割合を a_2 として順次表す。図形 B 側の部分の指定は幾つがあり得るが、取り敢えず A と同様とする方法と、チェーンコード上の位置を b_1 、 b_2 とし、その位置関係は任意とする方法などを検討する。このようにして、遺伝子の表現を $(a_i, b_i), i=1, 2, \dots, l$ とする。染色体は、図4のように遺伝子をならべたものとする。

近似すべき部分は、 a_i 、 b_j を中央として、定数 $0 < r < 1.0$ を各々のチェーンコードの長さに乗じた範囲とする。

6.2 簡略化の手法

6.1 節で決めた範囲のチェーンコードを座標列に変換し、図5に示した方法で変形を加え近似形状を作る。

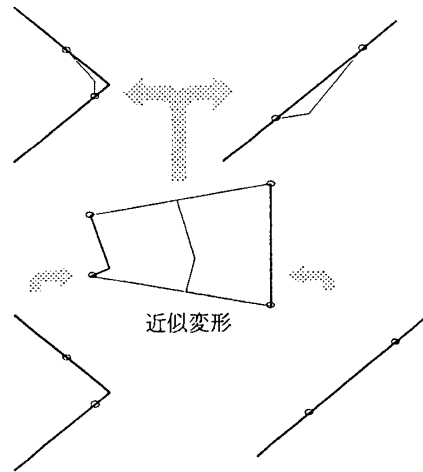


図5. 近似形状の作成

埋め戻した形状と原図形の形状の誤差の総和を近似誤差とし、その値に基づき適合度を求める。また、適合度に比例した確率で染色体の淘汰を行なう。さらに、ある一定の確率で遺伝子の値を変異させる。

6.3 交叉

二つの手法を適用する。各々の交叉は、ある一定の確率で行なうものとする。

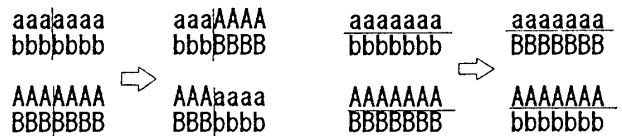


図6. 交叉

7. まとめ

要約図形の階層構造という枠組みを提案した。今後の課題は、実データを用いた実験的考察を行なうことである。

参考文献

(1) Goldberg, D.E: Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning, Addison-Wesley Publishing Company, Inc. (1989).
 (2) 長尾, 安居院, 長橋: 遺伝的アルゴリズムを用いたパターンマッチング法, PRU91-92, pp.33-40(1991).
 (3) 山岸, 富川: 遺伝的アルゴリズムによる閉曲線の多角形近似, 電子情報通信学会論文誌 D-II Vol. J76-D-II No.4 pp.917-919(1993).
 (4) 村瀬, 金子, 本多: 遺伝的アルゴリズムによる帰納的特徴抽出, 情報処理学会第48回全国大会 2-242(1993).