

遺伝的アルゴリズムによる植物学的モデルに基づいた 植物グラフィックの自動生成

An Automatic Generation of Plant Graphics based on Botanical Model using Genetic Algorithm

上原 和樹[†]
Kazuki Uehara

赤嶺 有平[‡]
Akamine Yuhei

1. はじめに

近年コンピュータグラフィックスの分野において、形状モデルを自動生成する手法の研究が盛んに行われている。特に植物に関しては多くの研究がなされており、精細なモデルを表現できる手法としてL-Systemがよく知られている[1]。しかし、L-systemにより表現される形状は自然界の植物とよく一致するが、植物内部の機能や外的要因などは考慮しないため、環境に適した多様な形状や成長過程を表現するためには、パラメータの設定やシステムを利用するための専門的な知識が必要となる。そこで本論文では、植物の生理学的機能に着目してモデル化する。モデルは環境から受ける影響により植物ホルモンを合成し、その応答として形状を変化させることで環境へと適応する。本手法により、ユーザは複雑なパラメータを学習することなく、身近な環境要因を設定することで、それに適応した植物の成長や形状を得られると期待できる。

2. 関連研究

植物の形状を生成するために植物ホルモンを用いた例はこれまでも存在する[2]。千葉らは、架空の植物ホルモンを一つ定義し、それを調整することで植物の形状に変化を与え、より自然な枝振りの樹木形状モデルの生成を実現した。しかし、この論文中において架空のホルモンは1つだけ定義され、複数ホルモンの相互作用については考慮していない。

3. 植物学的モデル

3.1. 植物学

植物ホルモンは、植物の体内において合成され、ごく微量で成長や発生過程に劇的な作用をもたらす有機化合物である[3]。植物の形態の発現は、様々なホルモンの複雑な相互作用により起こるとされており、現在では植物の成長ホルモンとしてオーキシシン(IAA)、ジベレリン(GAp)、サイトカイニン(CK)、アブシジン酸(ABA)、エチレン(ET)の五種類が存在する。これらホルモンにより引き起こされる現象は、頂芽優勢、休眠の誘導や解除、細胞分裂、細胞伸長の促進などが知られている。

3.2. 植物学に基づいたモデル

本論文において、植物ホルモンの量に応じて形状を変化させる植物モデルを定義する。モデルは、頂点 p とこの点を始点とするベクトル v とで定義される感知壁(細胞壁)2つを外側に持った細胞群(モジュール)に

よって形成される。細胞壁は5つの植物ホルモンIAA, GAp, CK, ABA, ETを環境から受けた影響を基に合成し、それらの量に基づいて p, v を変化させることで形状の変化を表現する。さらに、細胞壁の持つホルモン量はモジュールにおいても作用し、細胞分裂、細胞質変化をもたらす。(図1)

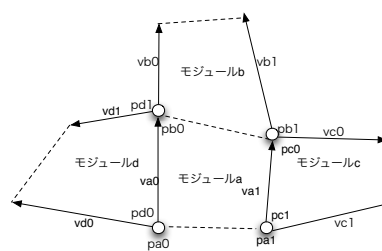


図1: 植物モデル

3.2.1. ホルモンの合成

細胞壁内で合成されるホルモンはモジュールの年齢、受光量、モジュール間の接触に対する応答として合成される。合成量は変更可能なパラメータとして調整を行う。

3.2.2. ホルモンへの応答

植物モデルは、ホルモンの量に対する反応の度合いを関数的に決定する。関数の式、及び係数は変更可能なパラメータとして扱い、反応として現れる変化を以下に示す。

- 細胞分裂/細胞質変化
モジュールは、その上, 右, 左に新たなモジュールを作り分裂を表現する。さらにモジュールは性質(茎, 葉)を状態として持ち、茎は分裂可能モジュール、葉は分裂不可なモジュールとして定義する。これら状態の変化は閾値を設定したホルモン量により決定される。
- 細胞死
モジュールは、細胞死を引き起こすことにより、そのモジュールより先につながるすべてのモジュールを切り離すことが可能である。

[†]琉球大学 大学院 理工学研究科

[‡]琉球大学 工学部 情報工学科

3.3. 成長環境

植物モデルのホルモン合成に影響を与える環境要因をここで定義する。モデルは光、重力、外部からの接触を刺激として感知し、それらに基づきホルモンを合成する。

3.3.1. 受光量の計算

受光量を計算するために、モデルが成長するための空間内に1点の光源を設定し、細胞壁の n 分割された各点と光源を端点とする線分を引き、線分間に別のモジュールが存在するならば影、そうでなければ受光しているとし、それらの合計値を求めることで受光量を算出する。

3.3.2. 重力

各モジュールに対し、密度を与えることで面積から質量を算出する。質量から重力によるトルクを求め、各モジュールは重力方向への力を受ける。

4. 実験

提案手法のモデルを用いて、各ホルモン分泌量を手で設定した植物モデルの生成例は以下の様に示される。(図2)

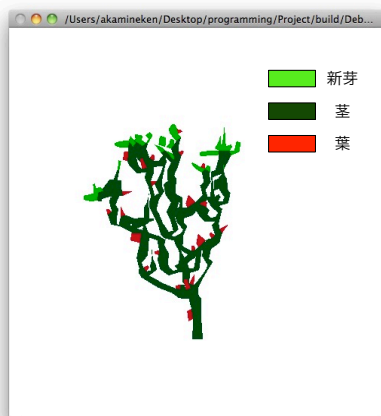


図 2: 画像生成例

機能	ホルモン名	機能に必要な量
伸長	IAA	10
側芽成長	IAA, CK, GA	30 以下, 40, 10

各時刻における、ホルモンの合成量は以下の通りである。

ホルモン名	30step 以下	30step 以降, 60step 以下
IAA	2	-2
CK	2	0
GAp	2	0
ABA	0	2
ET	0	2

5. 遺伝的アルゴリズム

遺伝的アルゴリズム (GA) は、生物の進化をもとに考案された探索法であり、探索するデータを遺伝子と見立てて選択、交叉、突然変異、淘汰の遺伝的操作を繰り返しながら世代における評価値をもとに解を得る。

5.1. 遺伝子設計

本論文において、遺伝子コードは各ホルモンの分泌量と形状に変化を与える関数を一次元配列で表現し、一団体とする。

5.2. 処理手順

1. 選択：個体数 N の個体群から $2n$ 個の個体を抽出する。
2. 交叉：選択により抽出された個体群からペアを作り、要素を入れ替える。
3. 突然変異：交叉で得られたそれぞれの個体に対し、微小な確率 p において配列内の一要素を変化させる。
4. 評価：成長環境において、上記1～3の遺伝的操作により得られた遺伝子に基づき、各個体を成長させる。
5. 次世代：評価値の高い個体を初期個体群として、次世代の手順1へと反映する。

5.3. 個体評価

各個体を評価し、評価値の高い個体は次世代へと反映される。評価値の計算は各個体の環境による淘汰圧に対しての適応度により求まる。すなわち、設定した環境下で長く生存した個体は評価値が高いものとする。

6. まとめ

本論文において、植物学に基づき形状に変化を生じる新たな植物モデルを定義した。このモデルは植物ホルモンの量が形状の発現を制御するため、ホルモン量の調整が形状の調整へとつながる。そのため、ホルモン量を遺伝子コードとすることで、遺伝的アルゴリズムによる形状の探索において有効である。今後の課題として、植物において重要な要素ともいえる葉の形状の検討、GAにおける評価値の算出方法等が考えられる。

参考文献

- [1] Wojciech Palubicki, Kipp Horel, Steven Longay, Adam Runions, Brendan Lane, Radmir Mech, Przemyslaw Prusinkiewicz : "Self-organizing tree models for Image Synthesis", ACM Transactions on Graphics 28(2009)
- [2] 千葉 則茂, 大川 俊一, 村岡 一信, 三浦 守 : "CG のための樹木の成長モデル-架空の「植物ホルモンによる自然な樹形の生成」電子情報通信学会論文誌, Vol. J76-D-II No.8 pp.1722-1734 (1993)
- [3] Lincoln Taiz, Eduardo Zeiger 編, 西谷 和彦, 島崎 研一郎 監訳, "植物生理学 第3版" 株式会社 培風館 (2004)