

GP を用いた画像処理の集団サイズがブloat抑制に与える影響 Effect of population size on bloat control in genetic programming for image processing

加藤 慎二[†] 内田 健[†]
Shinji KATO Takeshi UCHIDA

1. はじめに

遺伝的プログラミング(Genetic Programming : GP)[1-2]を用いた画像処理の利点は、入力画像と所望の出力画像を与えるだけで、画像処理フィルタの組み合わせを構築できることである。この汎用性の高さから、GP を用いた画像処理は多くの適用事例[3-9]を持つ。適用事例の一つである道路標識抽出[10][11]は、先行研究[12][13]と同様に自動車の安全運転を支援する研究に利用される。

GP の持つ問題点の一つは、ブloatと呼ばれる冗長な構造による解探索の速度低下である。これまでに、多くのブloat抑制手法が提案されており、これらは大別すると2つに分類できる。1つ目は遺伝子長を直接制限する手法である[14-19]。この手法は、ブloatを抑制できる一方で遺伝子に対する評価値を下げ解探索を悪化させる。2つ目は遺伝子の冗長な部分を削除する手法である[20][21]。この手法は遺伝子の評価値を下げないように遺伝子上の冗長な部分を削除するため、解探索を悪化させない一方で、ブloatの検出にオーバーヘッドを伴う。GP を用いた画像処理に関する従来法[10]は後者に分類され、ブloat検出のためのオーバーヘッドにより、解探索の高速化に寄与しない。

著者らは GP を用いた画像処理に対して遺伝子長を直接制限するブloat抑制手法を適用し、従来法と比較して解探索を速くすることを明らかにした[11]。しかし、遺伝子長に与える制限値は集団サイズなどの GP の他のパラメータに強く影響を受ける。そこで、本稿では集団サイズと制限値を変化させた実験を行い、各集団サイズと各制限値における解探索とブloatを調べる。これにより、集団サイズが遺伝子長制限による解探索に与える影響を明らかにする。

2. GP を用いた道路標識抽出のための画像処理

領域抽出や領域分割に対する画像処理は画像処理フィルタのパラメータや種類を組み合わせることで得られるが、組み合わせの自由度が高く、高度な経験を必要とする。そこで、このフィルタのパラメータや種類の組み合わせを最適化問題としてコンピュータを用いて解くことで、経験がなくても画像処理を設計できる。

この最適化問題の解法の一つとして GP がある。GP は、画像処理フィルタの組み合わせを、画像処理フィルタをノードとする木構造で表現する。この木構造は、葉ノードに入力画像を与え、根ノードに向かって処理することで、根ノードから出力画像を得る。GP は、この木構造を遺伝子として扱い、入力画像に対する出力画像が目的画像に近くように木構造を操作する。

本稿では、GP を用いた道路標識抽出のための画像処理を考える。文献[10][11]の手法は、まず道路標識を含む風

景画像を入力画像として用意し、入力画像から道路標識のみを抜き出した目的画像を作成する。次に、各遺伝子の画像処理へ入力画像を与え出力画像を得る。さらに、目的画像に近い出力画像を持つ遺伝子を、優先的に次の世代に残すことで、画像処理の木構造を探索する。以下に詳細を示す。

文献[11]の GP における遺伝子を図 1 に、GP の処理の概要を図 2 に示す

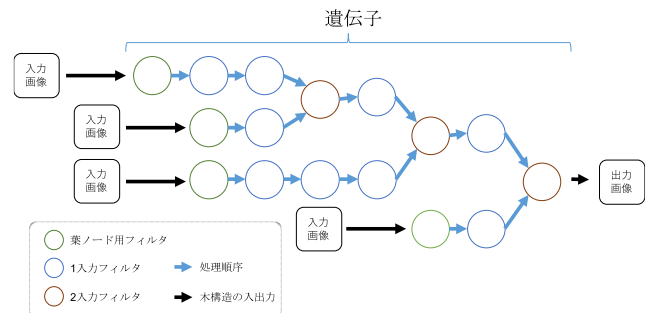


図 1 遺伝子表現

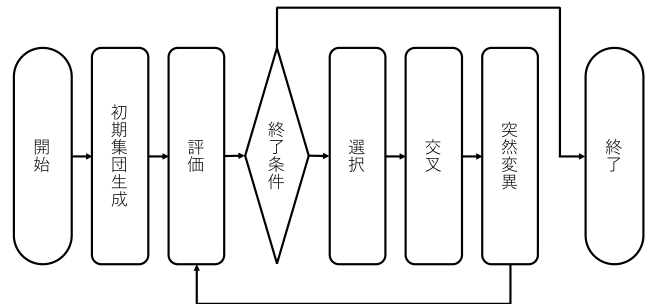


図 2 GP の流れ

- 初期集団生成
 N_{pop} 個の個体を生成し初期集団とする。個体の遺伝子 T を次のとおり生成する。
 - (1) 遺伝子長は1~5の間でランダムに決定する。
 - (2) 根ノードをフィルタ集合から選ぶ。根ノードに続くノードをフィルタ集合から選ぶ。深さが(1)で決めた遺伝子長のときは葉ノード集合からノードを選ぶ。
- 評価
 $N \times M$ の風景画像を K 個用意する。各風景画像を入力画像として、対応する目的画像と重み画像を用意する。入力画像 I_k を遺伝子の画像処理フィルタに与え出力画像 O_k を得る ($k = 1, 2, \dots, K$)。入力画像 I_k に対する目的画像 P_k と重み画像 W_k によって類似度 e_k を式(1)で与え、個体の評価値を式(2)で求める。

$$e_k = 1 - \frac{\sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^M (\sum_{c \in \{r, g, b\}} |P_k^c(i, j) - O_k^c(i, j)|) \times W_k(i, j)}{\sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^M 255 \times 3 \times W_k(i, j)} \quad (1)$$

$$E = \frac{1}{K} \sum_{k=1}^K e_k \quad (2)$$

[†] サレジオ工業高等専門学校, Salesian Polytechnic

- 終了条件
現在の世代数が N_{gen} 未満ならば選択に進み, N_{gen} ならば終了する.
- 選択
母集団から評価値が上位の 3 個体をエリートとして保存する. 評価値が下位の 6 個体を母集団から削除し, 先に保存したエリートを各々 2 個体ずつ用意し, 計 6 個体を母集団へ戻す.
- 交叉
集団 G と次集団 $G' (= \phi)$ に対して次の操作を行う.
 - (1) G から個体 T_A, T_B を取り出す.
 - (2) 区間 $[0.0, 1.0]$ の実乱数 r を生成し, $r \leq P_{cx}$ なら (3) に進む. $r > P_{cx}$ なら $T'_A = T_A, T'_B = T_B$ として (4) へ進む.
 - (3) T_A の任意のノード v_a を根とする部分木 $T(v_a)$ と, T_B の任意のノード v_b を根とする部分木 $T(v_b)$ を置き換え, T'_A と T'_B を生成する.
 - (4) T'_A と T'_B を G' に加える. G が空なら (5) へ進み, 空でなければ (1) へ進む.
 - (5) $G = G'$ とする.
- 突然変異
集団 G と次集団 $G' (= \phi)$ に対して次の操作を行う.
 - (1) G から個体 T を取り出す.
 - (2) 区間 $[0.0, 1.0]$ の実乱数 r を生成し, $r \leq P_{mut}$ なら (3) に進む. $r > P_{mut}$ なら $T = T'$ として, (4) へ進む.
 - (3) T の任意のノード v を根とする部分木 $T(v)$ を新たに生成した木 (初期集団と同様に生成した木) と置き換え, T' を生成する.
 - (4) T' を G' に加える. G が空なら (5) へ進み, 空でなければ (1) へ進む.
 - (5) $G = G'$ とする.

3. 遺伝子長制限によるブロート抑制

道路標識抽出における遺伝子長制限によるブロート抑制手法[11]は, 交叉や突然変異での遺伝子操作において, 遺伝子長を制限値以下に保つ. 図 3 に遺伝子長制限によるブロート抑制を適用した GP の流れを示す. また, 同図の遺伝子長制限交叉と遺伝子長制限突然変異の手順を以下に示す.

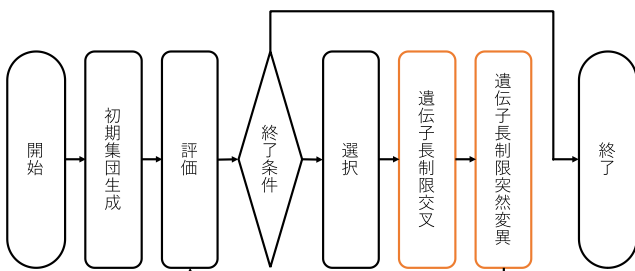


図 3 遺伝子長制限を用いた GP の流れ

- 遺伝子長制限交叉
集団 G と次集団 $G' (= \phi)$ に対して次の操作を行う.
 - (1) G から個体 T_A, T_B を取り出す.
 - (2) 区間 $[0.0, 1.0]$ の実乱数 r を生成し, $r \leq P_{cx}$ なら (3) に進む. $r > P_{cx}$ なら $T'_A = T_A, T'_B = T_B$ として (4) へ進む.

- (3) T_A の任意のノード v_a を根とする部分木 $T(v_a)$ と, T_B の任意のノード v_b を根とする部分木 $T(v_b)$ を置き換え, T'_A と T'_B を生成する.
 - (4) T'_A と T'_B の木の深さが遺伝子長制限値 L 以下なら (5) に進む. L より大きければ (3) へ戻る.
 - (5) T'_A と T'_B を G' に加える. G が空なら (6) へ進み, 空でなければ (1) へ進む.
 - (6) $G = G'$ とする.
- 遺伝子長制限突然変異
集団 G と次集団 $G' (= \phi)$ に対して次の操作を行う.
 - (1) G から個体 T を取り出す.
 - (2) 区間 $[0.0, 1.0]$ の実乱数 r を生成し, $r \leq P_{mut}$ なら (3) に進む. $r > P_{mut}$ なら $T = T'$ として, (4) へ進む.
 - (3) T の任意のノード v を根とする部分木 $T(v)$ を新たに生成した木 (初期集団と同様に生成した木) と置き換え, T' を生成する.
 - (4) T' の木の深さが遺伝子長制限値 L 以下なら (5) に進む. L より大きければ (3) へ戻る.
 - (5) T' を G' に加える. G が空なら (6) へ進み, 空でなければ (1) へ進む.
 - (6) $G = G'$ とする.

遺伝子長制限によるブロート抑制では遺伝子長制限値の適切な設定が必要である. しかし, 制限値の設定は GP の集団サイズなどのパラメータに影響を受ける. そこで, 異なる集団サイズにおいて, 遺伝子長制限によるブロート抑制が解探索に与える影響を調査する.

4. 数値実験

道路標識抽出における GP の集団サイズにより, 遺伝子長制限値が解探索に与える影響を調査するために, 異なる集団サイズに対する個体の評価値とブロートの世代変化を確認する.

4.1 実験方法

数値実験の道路標識抽出は, 入力画像・目的画像・重み画像として図 4 のものを用いる. 8 枚の入力画像に対して, 目的画像と重み画像を事前に生成する. 重み画像は, 道路標識の領域に重み係数 1.0 を, 背景の領域に重み係数 0.5 を, 標識と背景の境界領域に重み 0.0 を与えている. 画像は全て 100×100 の RGB 画像である. 遺伝子は, 表 1 および表 2 の画像処理フィルタから構成される.

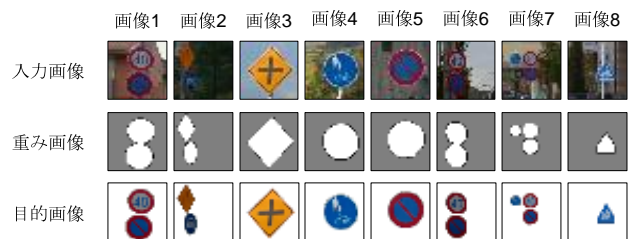


図 4 用いた画像

数値実験で用いる GP のパラメータを表 3 に示す. 実験では, 集団サイズを 1600 から 50 まで変更し, 各集団サイズにおいて解探索を実施する. そのとき, 遺伝子長制限値を 20 から 100 まで変化させる. 各集団サイズと遺伝子長

制限値の解探索を 20 回試行し、各世代における個体の評価値とプロートを記録する。

表 1 葉ノード集合

入力数	フィルタ種類
0	原画像
0	R成分抽出
0	G成分抽出
0	B成分抽出
0	H成分抽出
0	S成分抽出
0	V成分抽出

表 2 画像処理フィルタ集合

入力数	フィルタ種類
1	ガウシアンフィルタ 3×3
1	メディアンフィルタ 3×3
1	2 値化 64
1	2 値化 128
1	2 値化 192
1	点膨張 5×5
1	点縮小 5×5
1	ソーベルフィルタ 3×3
1	定数除算 0.5
1	定数乗算 1.5
1	定数減算 -25
1	定数加算 25
1	切り上げ 128
1	切り捨て 128
1	エンボス加工
1	先鋭化
1	色反転
2	絶対値減算
2	減算
2	加算
2	平均
2	比較-高値
2	比較-低値

表 3 GP の実験条件

変数	値
最大世代数: N_{gen}	500
交叉率: P_{cx}	0.5
突然変異率: P_{mut}	0.2

4.2 実験結果

異なる集団サイズに対して遺伝子長制限値が解探索に与える影響を図 5 に示す。同図は、各世代における最良個体の評価値 E (20 回試行の平均値) を示している。また、図中の L は遺伝子長制限値であり、 $L = \infty$ のときはプロート抑制を行わない。同図の結果より、集団サイズ 1600, 800, 400 では解探索は同程度であり、遺伝子長制限値による解探索の違いは顕著にない。他方、集団サイズを 200, 100, 50 では解探索は悪化し、遺伝子長制限により解探索の違いは集団サイズが小さくなるほど顕著になる。

異なる集団サイズに対して遺伝子長制限がプロートに与える影響を図 6 に示す。同図は、各世代における集団に含まれる個体の深さの平均値 (20 回試行の平均値) を示している。同図の結果より、集団サイズが大きいほど、遺伝子長制限によらず同様のプロートとなる傾向が見られる。他方、集団サイズが小さくなるほど、プロートが顕著になり、各集団のプロートは遺伝子長制限値に近く傾向が見られる。

これらの結果より、十分な個体数が集団に存在する場合、遺伝子長制限値が解探索に与える影響は小さく、プロート抑制をする必要がない。これは、解探索に必要な遺伝子の部品が集団に数多く存在することにより、プロートの発生が抑制されているものと考えられる。他方、集団サイズが小さい場合、遺伝子長制限によって解探索がよくなる原因は、小さい集団サイズにみあった解探索空間となるからである。しかし、集団サイズが小さく解探索に必要な遺伝子の部品が十分出ない場合、プロートが顕著となる原因は不明である。

5. おわりに

本稿では、GP を用いた道路標識抽出にける集団サイズがプロート抑制を用いた解探索に与える影響を明らかにした。数値実験より、大きな集団サイズではプロートの発生が抑えられるため、プロート抑制手法を用いる必要がない。小さい集団サイズではプロートが顕著になるため、遺伝子長制限を用いることで、プロートの発生を抑え、解探索を改善する。

今後の課題としては、

- 動的集団サイズと遺伝子長制限を併用したときのプロート抑制効果の調査
- 個体の選択方法がプロート抑制を用いた解探索に与える影響の調査
- 道路標識抽出以外の応用が挙げられる。

参考文献

- [1] 長尾智晴, 進化的画像処理, 昭晃堂, (2002).
- [2] 青木紳也, 長尾智晴, “木構造状画像変換の構築法 ACTIT”, 映像情報メディア学会誌, 53(6), pp.888-894, (1995).
- [3] 前田 浩志, 小野 智司, 中山 茂, “道路標識抽出におけるネットワーク構造フィルタ自動設計手法の有効性の基礎検討”, 電子情報通信学会, ヒューマン情報処理, 109(471), pp.383-388, (2010)
- [4] 西川 貴文, 吉田 純司, 齊藤 成彦, 藤野 陽三, “木構造状フィルタを用いたコンクリートのクラック抽出のためのロバストな画像処理システム”, 土木学会論文集 A, Vol.64, No.4, pp.599-616, (2007).
- [5] 馬 青野, 高木 英行, “対話型遺伝的プログラミングによる複合画像処理フィルタの設計”, 第 2 回進化計算学会研究会第 8 回進化計算フロンティア研究会, pp.106-111, (2012).
- [6] 中野 雄太, 長尾 智晴, “3 次元画像処理自動構築システム 3D-ACTIT の提案と PET 画像への応用”, 医用画像情報学会雑誌, 24(4), pp.119-125, (2007).
- [7] 安藤 淳, 矢田 紀子, 長尾 智晴, “アンサンブル学習を用いた木構造状画像変換の高精度化”, 情報処理学会論文誌, 数理モデル化と応用, Vol.3, No.2, pp.65-73, (2010).
- [8] 藤嶋 航, 長尾 智晴, “GP による構造最適化と GA による数値最適化を併用した画像処理自動生成法 PT-ACTIT” 映像情報メディア学会誌, 59.11, pp.1687-1693, (2005).
- [9] 安藤 淳, 長尾 智晴, “複数の GPU を用いた超高速進化的画像処理システム”, 情報処理学会論文誌, 数理モデル化と応用, Vol.2, No.2, pp.113-121, (2009).
- [10] 前園正宣, 小野智司, 中山茂, “遺伝的プログラミングを用いた画像処理フィルタ設計におけるパラメータ調整とプロート抑制”, Transaction of JSCES, Paper No.20060021, (2006).

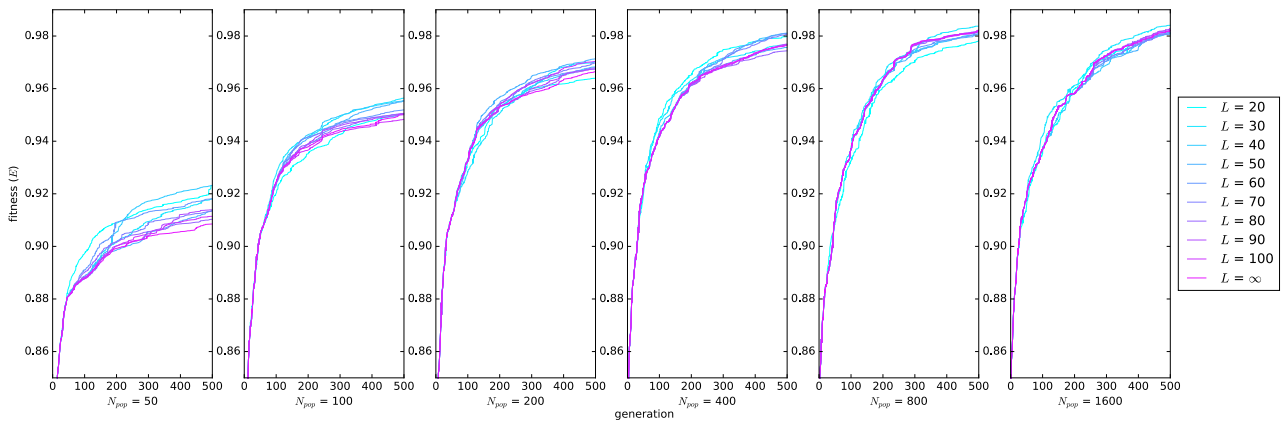


図5 遺伝子長制限値が解探索に与える影響

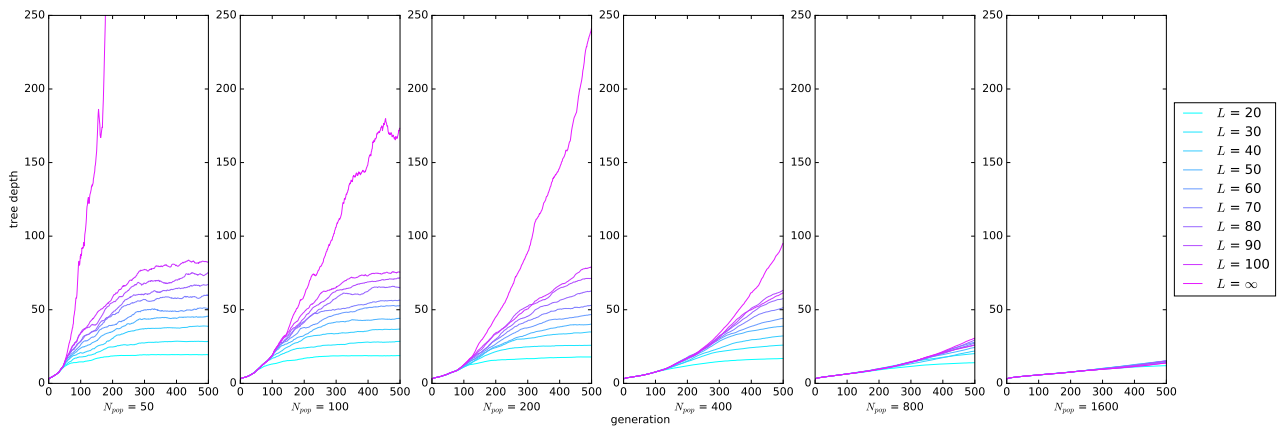


図6 遺伝子長制限値がブloatに与える影響

- [11] 加藤慎二, 内田健, “遺伝的プログラミングを用いた画像処理のブloat抑制”, FIT2016 公園論文集, pp.139-144, (2016)
- [12] 太田寛志, 塩野充, “道路情景画像からの路面標識の抽出と認識について”, 電子情報通信学会総合大会講演論文集, p406, (1996).
- [13] 松浦大祐, 山内仁, 高橋浩光, “特定色判別と領域限定を用いた円形道路標識の抽出”, 電子情報通信学会論文誌, D-II, Vol.J85-D-II, No.6, pp.1075-1083, (2002).
- [14] Sean Luke, Liviu Panait, “Fighting Bloat with Nonparametric Parsimony Pressure”, Proceedings of PPSN-2002, pp.829-836, (2002)
- [15] Riccardo Poli, “A Simple but Theoretically-Motivated Method to Control Bloat in Genetic Programming”, Proceedings of the 6th European Conference, EuroGP 2003, LNCS, pp. 211-223, (2003)
- [16] Peter A. Whigham, Grant Dick, “Implicitly Controlling Bloat in Genetic Programming”, IEEE Transactions on evolutionary computation, Vol.14, No. 2, (2004)
- [17] 岩下誠, 伊庭斉志, “移民世代数と深さ依存型交叉を用いた並列分散 GP”, 情報処理学会論文誌, 数理モデルと応用, Vol.43, No. SIG 10(TOM7), (2002)
- [18] Sean Luke, Liviu Panait, “A Comparison of Bloat Control Methods for Genetic Programming”, Evolutionary Computation, Vol.14, No. 3, pp. 309-344, (2006)
- [19] 小野景子, 花田良子, “GPにおける頻出構造に着目した複合的ブloat抑制戦略”, 情報処理学会研究報告, Vol. 2014-MPS-100, No.20, (2014)
- [20] Dale C. Hopper, Nicholas S. Flann, Stephanie R. Fuller, “Recombinative Hill-Climbing: A Stronger Search Method for Genetic Programming”, Proceedings of the Second Annual Conference, Genetic Programming, pp. 174-179, (1997)
- [21] Terence Soule, James A. Foster, “Code Size and Depth Flows in Genetic Programming”, Proceedings of the Second Annual Conference, Genetic Programming, pp.313-320, (1997)
- [22] Francisco Fernandez, Leonardo Vanneschi, Marco Tomassini, “The Effect of Plagues in Genetic Programming: A Study of Variable-Size Populations”, EuroGP 2003, LNCE, pp. 317-326, (2003)
- [23] Denis Rochat, Marco Tomassini, Leonardo Vanneschi, “Dynamic size population in distributed Genetic programming”, EuroGP 2005, LNCS 3447, pp. 50-61, (2005)