

琉球大学学術リポジトリ

ハイブリッドGA/SAによる画像復元

メタデータ	言語: 出版者: 琉球大学工学部 公開日: 2007-09-16 キーワード (Ja): キーワード (En): blind deconvolution, genetic algorithm, simulated annealing 作成者: 榎倉, 達朗, 陳, 延偉, 仲尾, 善勝, Enokura, Tatsurou, Chen, Yen-Wei, Nakao, Zensho メールアドレス: 所属:
URL	http://hdl.handle.net/20.500.12000/1968

ハイブリッド GA/SA による画像復元

榎倉 達朗* 陳 延偉** 仲尾 善勝**

A Hybrid Approach to Image Restoration using a Genetic Algorithm and Simulated Annealing

Tatsuro ENOKURA* and Yen-Wei CHEN** and Zensho NAKAO**

Abstract

画像復元とは劣化した画像から原画像を求めるものである。画像に劣化を生じさせる劣化関数が既知の場合には、線形的な従来手法で簡単に画像を復元できる。しかし、多くの撮像システムにおいては、劣化関数を正確に求めることは困難である。得られた劣化画像のみから原画像を復元することは blind deconvolution 問題として知られている。この場合は劣化関数が未知のため、線形的な従来手法を用いて復元を行うのは不可能である。本稿ではハイブリッド GA/SA をこの問題に適用し、原画像および劣化関数を復元することを目的としている。

Key Words: blind deconvolution, genetic algorithm, simulated annealing

1. はじめに

現在、天体観測、医療撮影、画像計測などのさまざまな分野で多くの画像処理が要求されている。一般に画像処理の多くは高解像度を要求される。しかし、このようなシステムでは、大気の影響、工学系のゆがみなどのために画像の劣化を生じる。

原画像を $f(x, y)$ 、劣化関数を $h(x, y)$ 、得られた劣化画像を $g(x, y)$ とする。すると、劣化画像は式 (1) で示すように原画像 f と劣化関数 h をたたみ込んだものとなる。

$$\begin{aligned} g(x, y) &= \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} f(x', y') \cdot h(x - x', y - y') dx' dy' \\ &= f(x, y) * h(x, y) \end{aligned} \quad (1)$$

画像復元とは、劣化した画像 $g(x, y)$ から原画像 $f(x, y)$ を求めるものである。一般の deconvolution 問題では、劣化関数は既知とされ、インバースフィルタやウィーナフィルタを用いて原画像は簡単に復元できる [1]。

しかし、現実の問題では劣化関数が既知である場合は極めて少なく、その多くは与えられているデータが劣化画像 $g(x, y)$ だけというケースである。得られた劣化画像のみから原画像を復元することは blind deconvolution 問題として知られている [2]。この場合、劣化関数が未知のためにインバースフィルタやウィーナフィルタ等の線形的な手法では原画像を復元するのは困難である。

これまで blind deconvolution 問題を解くために、いくつかの方法が提案されている。いずれの方法も一定の仮定

や拘束条件を用いる必要がある [2]。

一方、遺伝的アルゴリズム [3] は生物進化をモデル化した確率的な最適化手法である。blind deconvolution 問題に対しても、その有効性が確かめられている [4]。しかし、遺伝的アルゴリズムは大域探索を得意としているけれども、局所探索においては非常に計算コストを必要とする。

本稿では画像復元を一種の最適化問題と置き換え、blind deconvolution 問題に最適化アルゴリズムである遺伝的アルゴリズム (GA) と焼きなまし法 (SA) [5] を組み合わせたハイブリッド GA/SA [6] を適用した。焼きなまし法は局所探索を得意としているので、大域探索を得意とする遺伝的アルゴリズムとの組合せによって、すばやく解を探索することが可能となる。

2. ハイブリッド GA/SA による画像復元

2.1 遺伝的アルゴリズム (GA)

遺伝的アルゴリズムは生物進化に着想を得た最適化手法である。遺伝的アルゴリズムでは解候補となる個体集団によって多点探索を行う。各個体は問題に応じてコード化された染色体からなる。各個体は適応度関数によって問題環境中にどれだけ適応しているか評価を受ける。適応度の高い、すなわち最適解に近い個体を次世代に残し、交叉や突然変異などの遺伝的操作を加えることでさらに探索を行う。

本稿では画像復元を一種の最適化問題と置き換えている。各個体の染色体は推定画像を表す。

本稿で用いる遺伝的アルゴリズムの手順を図 1 のフローチャートに示す。

まず始めに初期個体の染色体をランダムに生成する。生成された各個体の推定画像から推定の劣化画像を作る。次に集団中の各個体の適応度を評価関数によって求める。その適応度をもとに次世代に生き残る個体の選択を行う。

受理: 1998 年 5 月 25 日

*理工学研究科電気電子工学専攻

(Graduate Student, Dept. Electrical and Electronic Eng.)

**工学部電気電子工学科

(Dept. of Electrical and Electronic Engineering, Fac. of Eng.)

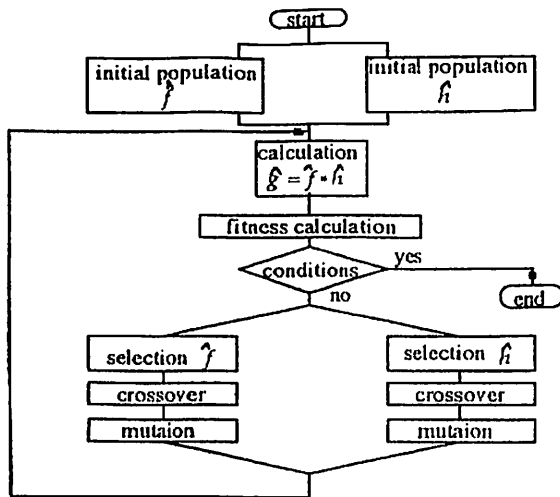


Fig. 1. 遺伝的アルゴリズムのフローチャート

選択によって選ばれた個体集団は交叉を行う。交叉は、二つの個体の染色体を部分的に入れ換える操作である。交叉によって生成された個体は、親の形質を継承し新たな探索点に到達する。

次に突然変異の操作を行う。突然変異は、個体の染色体の一部をランダムに変化させるものである。

2.1.1 個体の染色体表現と初期個体集団の生成

本稿において扱う g 像および劣化関数を 2 値画像としているので、各個体の染色体表現を 0,1 の 2 つの値を持つ 2 次元配列と定義した。

初期個体はランダムに画素値 0,1 を決定してゆき、推定画像および推定劣化関数としてあらかじめ決定しておいた個体数分だけ生成する。

2.1.2 評価関数

個体の評価は劣化画像 $g(x, y)$ と、推定原画像 $\hat{f}(x, y)$ と推定劣化関数 $\hat{h}(x, y)$ をたたみ込むことで得られた推定劣化画像との最小自乗誤差を用いる。これをコスト関数とし、式 (2) に示す。

$$E(\hat{f}, \hat{h}, g) = \|g - \hat{f} * \hat{h}\|^2 \quad (2)$$

適応度関数は

$$fitness = \frac{1}{1 + E} \quad (3)$$

となる。

2.1.3 個体の選択

本稿ではルーレット選択とエリート保存選択を用いた。

ルーレット選択はよい解を持つ個体ほどルーレットのスライスの面積をより多く占めるようにさだめ、ルーレットを回してその中からランダムに個体を選び出す選択方法である。したがって、より大きなスライスを占める個体ほどより多く次世代へ生き残っていく。

ルーレット選択ではランダムに個体を選ぶため、適応度が最も高い個体であっても必ず選ばれるという保証はない。そこでエリート保存選択を付加した。これはその世代中で最も高い適応度を持つ個体を必ず次世代へ残す選択方

法である。

2.1.4 交叉

交叉は、選択によって選ばれた個体集団から 2 つの親を選び、その染色体を互いに入れ換える操作である。

本稿で用いた 2 つの交叉方法について以下に示す。

Uniform R/C crossover

この方法は 2 つの親の同じ行、または同じ列の染色体要素を互いに交換する。

1. ランダムに 2 つの個体を親として選ぶ
2. 交叉を行う方向 (行, 列) をランダムに決める
3. 交叉を行う染色体の位置 (cp) をランダムに決める
4. 互いの染色体を交換する

この交叉は局所的な情報交換を目的としている。

Random R/C crossover

Uniform R/C crossover では互いの親の同じ位置の染色体要素を交換したが、この交叉では 2 つの親の行または列の異なる位置の染色体要素を交換する。

1. ランダムに 2 つの個体を親として選ぶ
2. 交叉を行う方向 (行, 列) をランダムに決める
3. 交叉を行う染色体の位置 (cp1, cp2) をランダムに決める
4. 互いの染色体を交換する

この交叉は大域的な情報交換を目的としている。

2.1.5 突然変異

突然変異は交叉だけでは生成しにくい染色体を生じさせ、局所解に陥らないように個体集団の多様性を維持する操作である。

本稿では重みつき突然変異を用いている。重みつき突然変異を突然変異を用いている。重みつき突然変異はランダムに選ばれた画素の周辺の重みを求め、画素の値を重みによる確立によって決める。

2.2 焼きなまし法 (SA)

このアルゴリズムは統計力学において、溶解状態にある物質を冷却して結晶状態に到達させるプロセスからヒントを得ている。このアルゴリズムでは局所解に陥るのを防ぐために山登り法に確率的な遷移を導入している。

解が改善されれば必ずそれに置き換え、改善されない場合でも確率 $e^{-\frac{\Delta E}{T}}$ で置き換える。ここで ΔE は評価地の改善量、 T は適当な定数で温度と呼ばれている。 T が大きいほど、解が改善されて置き換えられる確率が高くなる。収束を早めるために、最初は T を大きく設定しておき、少しずつ T を小さくしていく。この操作を焼きなましと言う。

図 2 に本稿で用いた焼きなまし法のフローチャートを示す。

まず温度 T 、摂動範囲 α を計算する。そして摂動 \hat{f}_p を計算する。次に \hat{f} と \hat{f}_p とのエネルギーギャップ ΔE を計算する。

そして $\Delta E \leq 0$ であれば \hat{f} は \hat{f}_p で置き換える。 $\Delta E > 0$ でも、 $e^{-\frac{\Delta E}{T}}$ が 0 と 1 までの乱数より小さければ \hat{f} は \hat{f}_p で置き換える。

同様のことを \hat{h} に対しても行い、この手順を一定回数、繰り返す。一定回数、繰り返した後に終了条件を満たして

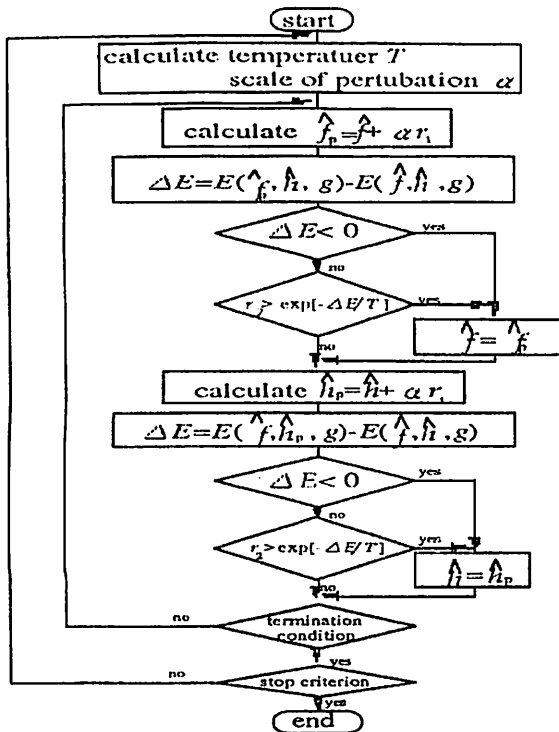


Fig. 2. 焼きなまし法のフローチャート

いれば終了する. そうでなければ温度 T , 摂動範囲 α を計算しなおして再度, 同様の操作を行う.

2.2.6 温度 T

温度 T は局所解を抜け出し, 最小値へ収束するための非常に重要な役割を持つパラメータである.

本稿では以下のような温度管理スケジュールをとっている.

$$\begin{aligned} T_0 &= E(\hat{f}, \hat{h}, g)/100 \\ T_{i+1} &= 0.8 \times T_n \end{aligned} \quad (4)$$

2.2.7 評価関数

評価関数は遺伝的アルゴリズムで用いた評価関数 (式 2) とおなじものを用いる.

2.3 従来法の問題点

遺伝的アルゴリズムと焼きなまし法はそれぞれ非常に強力な最適化アルゴリズムではあるが, それぞれに欠点を持つ.

遺伝的アルゴリズムの問題点

- 局所探索能力の弱さ
遺伝的アルゴリズムは最適解の周辺には早く近づくが, 局所探索は突然変異に頼らざるを得ないため, 非常に時間がかかる.
- 個体集団の大きさと計算コスト
個体集団が小さいと計算コストは小さくなるが, 集団の多様性が失われやすい. 個体集団が大きいと集団の

多様性は保たれるが, 計算コストは膨大な量となる.

焼きなまし法の問題点

- 温度 T の初期値の設定
温度 T の初期値が低すぎると局所解に陥りやすくなり, 適切な効果が得られない. また, 温度が高すぎても時間がかかる.
- 焼きなましの速度の問題
- 温度管理スケジュールの問題

2.4 ハイブリッド化

ハイブリッド手法の基本的な考えは大域探索での遺伝的アルゴリズムの有効性と, 局所探索での焼きなまし法の有効性を組み合わせたものである.

まず, 遺伝的アルゴリズムを用いて大域探索を行う. 遺伝的アルゴリズムでコストの改善が見られなくなったら, その時点での最良の f と h を焼きなまし法での初期画像とすることで局所探索を行う.

ハイブリッド化のモデルを図 3 に示す. ここで t は遺伝的アルゴリズムでの世代数, γ は定数である.

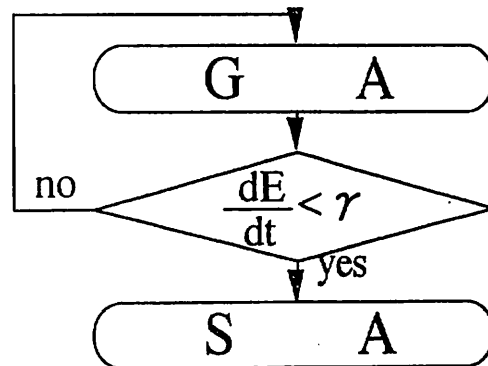


Fig. 3. ハイブリッド化のモデル

この手法では, 遺伝的アルゴリズムでは大きな世代数を必要としなくなり, 焼きなまし法では初期温度を高く設定する必要がなくなる. したがって, 計算時間の短縮を見込める.

3. シミュレーション結果

実験に使用した各アルゴリズムのパラメータは以下に示すとおりである.

- GA
- Population Size : 30
 - Uniform R/C crossover rate : 0.95
 - Random R/C crossover rate : 0.05
 - Mutation rate : 0.05
- SA

$$\begin{aligned} T_0 &= E_0(f, h, g)/100 \\ T_{n+1} &= 0.8 \times T_n \\ \alpha &= 60\sqrt{T_n} \end{aligned}$$

Hybridization

$$\gamma = 0.5 \times 10^{-3}$$

今回の実験 1 に使用した画像を図 4 に示す.

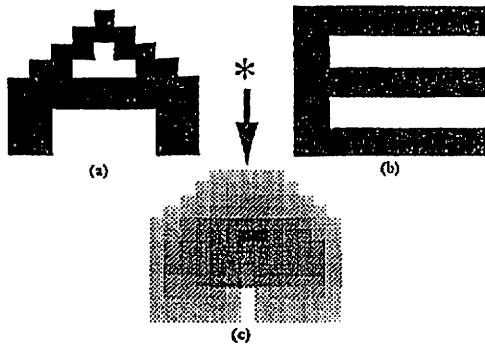


Fig. 4. 実験 1:(a) 原画像 f [9 x 9pixels(未知)],(b) 劣化関数 h [5 x 5pixels(未知)],(c) 劣化画像 g (入力画像)

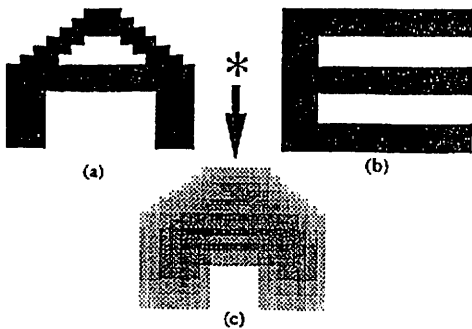


Fig. 5. 実験 2:(a) 原画像 f [15 x 15pixels(未知)],(b) 劣化関数 h [5 x 5pixels(未知)],(c) 劣化画像 g (入力画像)

図 4(a) の原画像はピクセル数 9×9 の画像 “A” を用い、(b) に示す劣化関数はピクセル数 5×5 の画像 “E” を用いた。そして、入力画像となる劣化画像は (c) に示す。

また、実験 2 に使用した画像を図 5 に示す。

図 5(a) の原画像はピクセル数 15×15 の画像 “A” を用い、(b) に示す劣化関数はピクセル数 5×5 の画像 “E” を用いた。そして、入力画像となる劣化画像は (c) に示す。

実験 1 での再生経過を図 6 に示す。実験 1 では 176[s] で遺伝的アルゴリズムから焼きなまし法に切り替わり、1228[s] で画像をほぼ完全に復元できた。それに対して 1228[s] での遺伝的アルゴリズムだけの再生結果は、画像を完全に復元していないことがわかる。

図 7 に実験 1 でのコストの推移を示す。

実験 2 での再生経過を図 8 に示す。実験 2 では 1491[s] で遺伝的アルゴリズムから焼きなまし法に切り替わり、7838[s] で画像をほぼ完全に復元できた。それに対して 7838[s] での遺伝的アルゴリズムだけの再生結果は、画像を完全に復元していないことがわかる。

図 9 に実験 1 でのコストの推移を示す。

4. まとめ

本稿では blind deconvolution 問題にハイブリッド GA/SA を適用した。シミュレーションの結果原画像および劣化関数をほぼ完全に復元できた。そして遺伝的アルゴリズムを単体で処理したときよりも処理時間が短くなり、

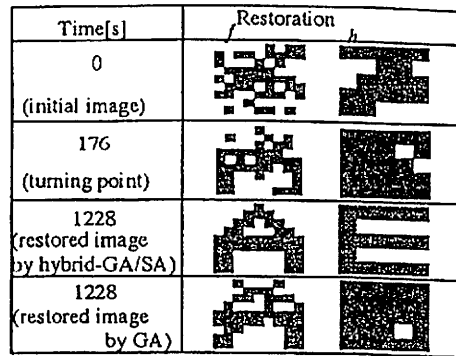


Fig. 6. 実験 1 でのシミュレーション結果

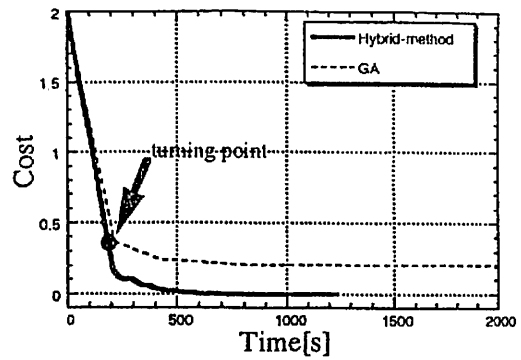


Fig. 7. 実験 1 でのコストの推移

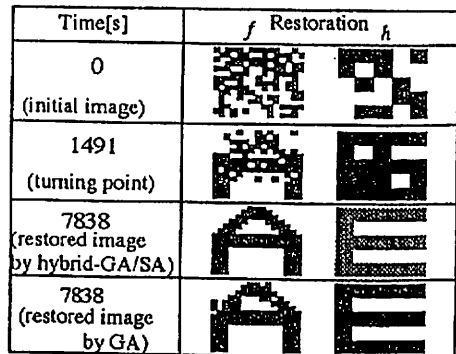


Fig. 8. 実験 2 でのシミュレーション結果

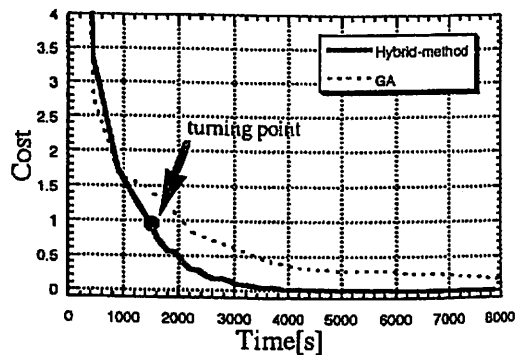


Fig. 9. 実験 2 でのコストの推移

高速化が図れた。

今後の課題としては、さらに大きな画像の復元、多値画像の復元のために計算機処理の並列化、評価関数に用いる新しい拘束条件の提案などが考えられる。

文献

- [1] A.Rosenfeld and A.C.Kak, *Digital picture Processing*, 2nd Edition, Academic Press, New York(1992).
- [2] T.G.Stockham et al., *Proc.IEEE*, vol.63, pp.678-692(1975).
- [3] 北野宏明編, "遺伝的アルゴリズム", 産業図書 (1993).
- [4] Y.-W.Chen et al., "Blind deconvolution based on genetic algorithms", *IEICE Trans. Fundamentals*, vol.E80-A, pp.2603-2607(1997).
- [5] B.C.McCallum, "Blind deconvolution by simulated annealing", *Opt.Commun.*, vol.75, no.2, pp.101-105(1990).
- [6] 榎倉, 陳, 仲尾, "Blind deconvolution 問題に対する hybrid GA/SA の適用", 日本フuzzy学会九州支部第 2 回研究例会, 98-2-3(1998).