

(様式第3号)

論文要旨

論文題目

ニューラルネットワークの極少数投影からのCT画像再構成及び、生態系推定等への適用に関する研究

本論文では極めて少数の投影データから2次元多値画像を再構成する問題、特定の地域の生物の脂肪酸プロファイルデータからその地域の生態系を推定する問題にニューラルネットワークを適用し、その有効性を示す。

画像再構成法とは、物体にX線や電子線などのビームを照射したとき、得られる物体内部の物理量の分布のデータから物体を破壊することなく、その物体の切断面を画像化する手法である。近年では、CT画像再構成の手法は医学分野にとどまらず、科学計測や工業計測の分野への応用も盛んに研究が進められている。しかしながら、画像化すべき物体の周囲に障害となる物が存在し、再構成の際に必要な投影データの方向数が極めて小数に制限された場合においては、いまだに画像を十分に再構成するための手法は確立されていない。そのため、現在ではより精度の高い再構成画像を得るためにニューラルネットワークや遺伝的アルゴリズムなどを適用する研究も行われている。

我々は、従来用いられてきたニューラルネットワークモデルの一つである階層型ニューラルネットワークの学習アルゴリズムであるバックプロパゲーション法を用いた画像再構成法に着目した。バックプロパゲーション法は、他の進化アルゴリズム(遺伝的アルゴリズム、焼きなまし法)を用いた手法と比較して、再構成時間が短いことに大きな有利性がある。また、誤差平面上での勾配を利用した最適化手法はさらに発展を遂げ、より高速なアルゴリズムが提案されてきている、その一つにレジリアント・バックプロパゲーションが挙げられる。画像再構成にレジリアント・バックプロパゲーションを適用することにより、従来のバックプロパゲーション法より速い収束が見られ、最終的な誤差をバックプロパゲーション法よりも低く押えることを可能にしている。

今回シミュレーションに用いた画像のほとんどで、与えられた投影データの誤差に関してはバックプロパゲーションよりも低く押え、より精度の高い再構成画像を得ることができた。しかし投影データの誤差と再構成画像の誤差は必ずしも強い相関はないため、原画像によってはバックプロパゲーションに再構成画像の誤差が劣るものもあった。この問題を初期パラメータの検討とニューラルネットワーク中のニューロンの出力関数修正によって改善した。

生態系の解明は地球環境保全運動の高まりにより急務となってきた。その生態系を知る方法のひとつとして脂肪酸プロファイルからの食料源(食料となっている生物)の解明がある。従来、これは専門家の経験によるものであった。我々の構築するニューラルネットワークを用いた生態系推測システムは「専門家の経験」を学習により獲得し、生物の脂肪酸プロファイルの分析により食料源を推測するように設計されている。実験には沖縄島の潮間帯(干潟)平面上に生息する海洋性無脊椎動物の脂肪酸プロファイルを使用した。学習に使用するニューラルネットワークは3層のネットワークであり、学習方法としてバックプロパゲーション法を用いて更新を行った。シミュレーション結果は、この生態系推測システムは食料を90%の成功率で推測することがわかった。

氏名 松尾 和典

(様式第5-2)

2004年3月3日

琉球大学大学院
理工学研究科長 殿

論文審査委員

主査 氏名 仲尾 善勝

副査 氏名 陳 延偉

副査 氏名 Mohammad Reza Asharif

副査 氏名 和田 知久



学位（博士）論文審査及び最終試験の終了報告書

学位（博士）の申請に対し、学位論文の審査及び最終試験を終了したので、下記のとおり報告します。

記

申請者	専攻名 総合知能工学専攻 氏名 松尾 和典 学籍番号 XXXXXXXXXX
指導教官名	仲尾 善勝
成績評価	学位論文 <input checked="" type="radio"/> 合格 <input type="radio"/> 不合格 最終試験 <input checked="" type="radio"/> 合格 <input type="radio"/> 不合格
論文題目	ニューラルネットワークの極少数投影からのCT画像再構成及び生態系推定等への適用に関する研究
審査要旨 (2000字以内)	<p>本研究では、(1)極めて少ない投影方向数の投影データから2次元多値画像を再構成する問題、及び、(2)特定地域の生物の脂肪酸プロファイルデータからその地域の生態系を推定する問題に、計算知能工学的手法ニューラルネットワークを適用し、その有効性を確認している。</p> <p>CT画像再構成は、科学計測や工業計測の分野においても、非破壊検査の手法として用いられている。しかしながら、画像化すべき物体の周囲に障害となる物が存在し、再構成の際に必要な投影データの取得方向数が極めて少数(3-5)に制限されている場合には、画像を十分に再</p>

(次頁へ続く)

構成する手法は未だ確立されていない。現在まで、より精度の高い再構成画像を得るために、SA(焼きなまし法)、GA(遺伝アルゴリズム)、それに、ニューラルネットワーク等の計算知能工学的手法が適用されてきた。

本研究は、階層型人工ニューラルネットワークの学習アルゴリズムであるバックプロパゲーション法を用いたCT画像再構成法に着目した。バックプロパゲーション(BP)法は、他の進化アルゴリズム(SA、GA)を用いた手法と比較して、再構成時間が短いことに大きな有利性があり、誤差平面上での勾配を利用した最適化した手法の一つのレジリアント・バックプロパゲーション(RBP)法を適用することにより、従来のBP法よりも速い収束が得られ、再構成誤差もBP法よりも低く抑えることが可能になったことを示している。さらに、RBP法において、新しく初期パラメータの生成法を提案し、ニューラルネットワーク中のニューロンの出力関数修正を行い、再構成画像の誤差を抑えることが出来たことを、多くの画像を用いて計算機シミュレーションにより確認している。

生態系の解明は地球環境保全運動の高まりにより急務となっている。その生態系を知る方法の一つとして、微生物の脂肪酸プロファイルからの食料源(食料となっている微生物)の解明がある。即ち、ある特定の環境における微生物食物連鎖の解明である。本研究で構築したEcosystem Analyzerは、名護大浦湾における微生物食物連鎖環境の調査支援の為のシステムである。上記環境において、40余種類微生物(*Macoma calcera*, *Cerianthus sp.*, 等)に対して、9種の脂肪酸成分(*Branched, LCFAs, 16:1 ω 7*, 等)のプロファイルで特定する。それぞれの脂肪酸プロファイルを持つ微生物の7種類の主食物、副食物がフィールド調査の結果知られている。本論文では、人工ニューラルネットワークを用いて、脂肪酸プロファイル(実在の、又は試験的に作成した仮想的なもの)が入力データとして与えられた時、そのプロファイルを持つ微生物の主食物、副食物を推定して出力するEcosystem Analyzerを実現した。

実際のデータ20種を用いて、Analyzerを学習させ、学習には未使用の他10種のデータにより推定能力を検証した。実験結果、Analyzerは90%を超える推定能力を持つことを示している。

つぎに、本研究はEcosystem Analyzerが利用し易いように、Java GUIパッケージを実現・追加している。その結果、システムの入出力、システムの実行状況が可視化され、その利用が容易となっている。また、本システムを農学分野に適用すると、例えば、農植物と最適土質間の関係を求めることも可能であることを示唆している。

以上のように、本論文は博士の学位論文に値するものとして合格と認める。また、上記の者は専門分野及び関連分野の十分な知識を有することが判明したので、最終試験も合格とする。

松尾 和興