

論文紹介

A Quantum-Inspired Evolutionary Algorithm for Multiobjective Image Segmentation impact

川口 晏璃 (Anri Kawaguchi)
u255010@st.pu-toyama.ac.jp

富山県立大学 大学院 電子・情報工学専攻 情報基盤工学部門

June 13, 2023

背景

画像分割はコンピュータビジョンの重要な段階であるが、一つの分割結果では画像のすべての情報を反映できないことがある。

目的

画像分割を多目的最適化問題として扱い、量子進化アルゴリズムを用いて非劣解集合を求める新しいアプローチを提案する。

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithms:GA)

遺伝的アルゴリズムは進化理論に基づく.

集団内の環境によく適応した個体だけが生き残り, その性格の一部を子孫に伝えることができる.

GAではこの原則が, 染色体によって表される最良の個体を見つける問題に組み込まれる.

基本的に, 選択, 交叉, 突然変異の3つの主要な操作で構成される.

量子コンピューティング

量子ビットは値 0 または 1 だけを表すのではなく、2 つの値の重ね合わせを表す。その状態は次のように与えられる。

$$\psi = \alpha|0\rangle + \beta|1\rangle \quad (1)$$

α と β は複素数. ($|\alpha|^2 + |\beta|^2 = 1$)

基底と重ね合わせを測定すると、 $\{|0\rangle, |1\rangle\}$, 値 0 を持つ確率は $|\alpha|^2$, 値 1 を持つ確率は $|\beta|^2$ である。

n 量子ビットの量子システムでは、結果として得られる状態空間は、 2^n 次元になる。

各量子操作は、重ね合わせ内に存在するすべての状態を並行して処理する。

n 量子ビットの量子システムの状態空間の基底は、 $\{|00\dots 0\rangle, |00\dots 1\rangle \dots |11\dots 1\rangle\}$ である。

量子力学はシュレディンガー方程式によって支配される．変換を実行する量子ゲートは直交性を維持する必要がある．複素ベクトル空間の場合，直交性を維持する線形変換はユニタリ変換で次のように定義される．

$$MM^{\dagger} = M^{\dagger}M = I \quad (2)$$

多目的最適化

制約を満たし、要素が目的関数を表すベクトル関数を最適化する決定変数のベクトルを見つける問題として定義できる.

m の不等式制約を満たすベクトル $\mathbf{x}^* = [x_n^*, x_n^*, \dots, x_n^*]^T$ を見つける.

$$g_i(x) \geq 0 \quad i = 1, 2, \dots, m \quad (3)$$

p の等価制約:

$$h_i(x) = 0 \quad i = 1, 2, \dots, p \quad (4)$$

そしてベクトル関数を最適化する.

$$f(x) = [f_1(x), f_2(x), \dots, f_k(x)]^T \quad (5)$$

パレート最適性と非支配概念

すべての $i = 1, 2, \dots, k$ に対して $f_i(x) \leq f_i(x^*)$ および少なくとも 1 つの j に対して $f_j(x) < f_j(x^*)$ となるような別ベクトル $x \in F$ が存在しない場合, 決定変数 $x^* \in F$ のベクトルはパレート最適である.

多目的画像細分化は、分割/結合によって実現される。分割手順は、K 平均法 (k-means 法) を採用。K 平均法は k 個のクラスタを生成する。各クラスタは、色が近いピクセルのセットで構成される。

1 つのクラスタを形成するピクセルは必ずしも隣接しているわけではないため、 k 平均出力を使用して、通常は数が k より大きい異なる領域を探す必要がある。

ノイズ+検索スペースを縮小するため、小さな領域がフィルターで除外され、より近い比色特性をもつ隣接する領域に結合される。領域に含まれるピクセルが 10 未満のときフィルターで除外される。この段階の終わりには R 個の領域と N 個のエッジが得られる。

このアルゴリズムでは3つの量子染色体のみが使用される。各染色体は N 量子ビットの文字列であり、各量子ビットは初期領域のうち2つを分離するエッジを表す。

染色体は次のように表すことができる。

$$\begin{pmatrix} \alpha_1 | \alpha_2 | \dots | \alpha_N \\ \beta_1 | \beta_2 | \dots | \beta_N \end{pmatrix}$$

基本状態 $|0\rangle$ はエッジが削除されることを意味する。

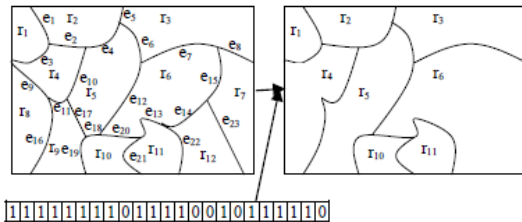


図 1: エッジの削除・維持の例

最初に、染色体はランダムに生成され、非支配的な解のセットには 1 つの解（N 個の解の列）のみが含まれる．そのあと、4 つの演算を周期的に適用する．

最初の操作は量子干渉で、非劣解の 1 つの対応するビット値への各量子ビットのシフトを可能にする．干渉は、角度が α_i , β_i および選択された非支配解の対応するビット値の関数である回転を実現するユニタリ量子演算子を適用することによって実行される．

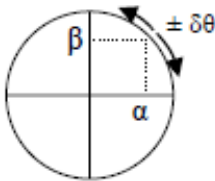


図 2: 量子干渉

α	β	Reference bit value	Rotation angle
>0	>0	1	$+\delta\theta$
>0	>0	0	$-\delta\theta$
>0	<0	1	$-\delta\theta$
>0	<0	0	$+\delta\theta$
<0	>0	1	$-\delta\theta$
<0	>0	0	$+\delta\theta$
<0	<0	1	$+\delta\theta$
<0	<0	0	$-\delta\theta$

図 3: 回転角度

2 番目の操作は、突然変異率にしたがって一部の量子ビットに対して実行される量子突然変異 (α_i 値と β_i 値の置換) が起きる.

3 番目は各染色体に測定を適用して、重ね合わせて存在するすべての染色体から 1 つの解を取得する.

4 番目の操作は、非支配的な解セットの更新をする. 測定された解を評価し、既存の非劣解すべてと比較される. 新しい解によって支配されている既存の解はそれぞれ支配されていない解セットから削除される. 支配されていない時は解セットに統合される.

評価は、領域内の均一性と領域間の異質性に基づく。

R を領域の数, m_i を領域 i に属するピクセルの平均値, var_i を領域 i 内の分散, ne を維持されたエッジの数, nr を結果として得られる領域の数とする。

領域内の均一性は次式で与えられる。

$$Hom = -\frac{1}{nr} \sum_{i=1}^{nr} var_i \quad (6)$$

領域間の異質性は次式で与えられる。

$$Het = \frac{1}{ne} \sum_{i,j}^{nr} (m_i - m_j)^2 \quad (7)$$

256×256 ピクセルの画像にアルゴリズムを適用した．25 個の染色体の母集団を伴う古典的な多目的遺伝的アルゴリズムを実装し比較した．2500 回反復実行された．



図 4: 256x256 サイズの"カメラマン"画像

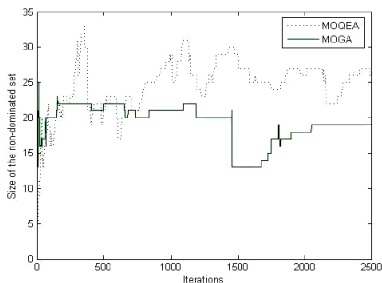


図 5: 非支配的な解セットのサイズの変化

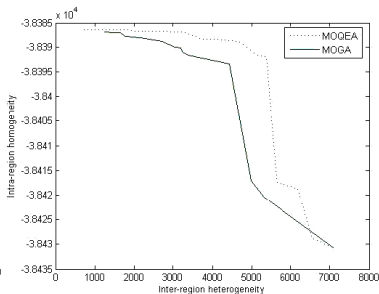


図 6: 非劣解の適応度関数値
(縦：均一性, 横：異質性)

2500 回反復の場合, 実行時間は提案手法が 77 秒, 従来手法が 375 秒であった。

まとめ

提案手法を使用して、非支配的な解のセットを確立した。得られた結果は、従来のアルゴリズムよりはるかに強力で効率的であることを示した。

今後の課題

得られた分割結果を改善する他の目的関数の統合。