

ARのための遺伝的アルゴリズムによる 特徴点の自動選択

福山翔平^{†1} 白川透^{†2} 上瀧剛^{†3} 内村圭一^{†3}

近年, iPhone や Android 端末などのモバイル端末の普及に伴い, モバイル端末を用いた拡張現実技術 (AR) が注目されている. AR では実写画像とマーカーとの対応付けが必要である. モバイル端末での AR アプリの実利用を考えると, 速度が大きな問題となる. すなわち, 非力な CPU であるモバイル端末では SIFT や SURF といった手法の適用が困難である. そこで, 本研究では高速な特徴点抽出である FAST および HIP ベースの特徴点マッチング手法, および GA による特徴点の自動選択を提案する. すなわち, マーカーの認識に有効な特徴点を予め GA により選択および最適化しておき, 特徴点の削減を図る. 最後に, 実験によりその有効性を示す.

キーワード 画像補正・幾何補正・画像推定 画像特徴抽出 画像認識・理解

Feature point auto selected using GA for AR

SHOHEI FUKUYAMA^{†1} TORU SHIRAKAWA^{†2}
GOU KOUTAKI^{†3} KEIICHI UCHIMURA^{†3}

In recent years, AR is attracting attention using mobile terminal with the spread of mobile terminals such as iPhone and Android terminal. In AR, matching with a photographed image and a marker is required. Considering using AR application in a mobile terminal, it is questionable processing speed. That is, application of techniques in the mobile terminal which is powerless CPU, such as SIFT and SURE, is difficult. Therefore, this study propose the auto select of the feature points by GA, and feature point matching method based on fast feature point detection using FAST and HIP. That is, effective feature points in recognition of a marker are beforehand chosen and optimized by GA, and cutting of the feature points is aimed at. Finally, an experiment shows the validity.

1. まえがき

スマートフォンなどのモバイル端末の普及により, 拡張現実技術 (AR) が注目されている. AR とは, 現実世界の環境に仮想世界の文字や画像, 映像などを重ねて表示することで, 補足的な情報を提示する技術のことである. 現在, モバイル端末を用いた AR アプリが急速に発展している. AR アプリの例として, 観光地などにある専用のマーカーにカメラを向けると, 熊本県のゆるキャラであるくまモンと写真を撮ることができる「くまフォト」[1]等がある.

現在では, 個人でのスマートフォン利用率が 4 割に到達しており[2], このような携帯端末での AR アプリはこれからも発展していくと思われる. このとき, 問題となるのがマーカーと実写画像との位置合わせの精度や速度である. すなわち, モバイル端末の CPU は非力なため SIFT[3]などの高コストな画像処理技術を使うことが難しい.

SIFT より高速で実用的と言われる SURF[4]ですらモバイル端末上の実行は難しい. したがって, モバイル端末上で高い精度での画像マッチング技術の適用は難しく, 結果としてモバイル端末の AR アプリは, ゲームやアミューズメントを目的としたものが多い.

これに対して, 我々は実生活に役立つ AR アプリの開発を目指している. 分かりやすい例としては, IKEA の AR カタログ[5]がある. このアプリでは, カタログに含まれるマーカーを, 家具を置きたい場所に置いてスマートフォンをかざすと, 家具設置のシミュレーションができる. このようなアプリの実用化のためには, 高速かつ高精度な位置合わせ技術が必須である.

そこで, 本研究では, モバイル端末向けの高速かつ高精度なマーカー位置合わせ手法の開発を行い, 本技術の早期実利用を目指している. 具体的に, 本研究では以下を提案する.

- (1) FAST および HIP ベースの特徴点マッチング手法.
- (2) GA (遺伝的アルゴリズム) を用いた特徴点選択手法.

(1) では高速な特徴点検出である FAST と特徴量 HIP を用いることで, 非力な CPU を持つモバイル端末でも高速に位

^{†1} 熊本大学
Kumamoto University
^{†2} 株式会社ジェイアイズ
J-EYES Co., Ltd.
^{†3} 熊本大学大学院自然科学研究科

Graduate School of Science and Technology, Kumamoto University

置合わせを行う。(2)ではFASTによって検出した特徴点から有効な特徴点のみをGAによって最適化する。これにより、全特徴点をマッチングするときにかかるコストの削減が見込まれる。また、RANSACを組み合わせることで、高精度な姿勢推定を目的とする。

2. 特徴点マッチングによるマーカー姿勢推定

マーカーベースのARを実現するためには、マーカーとなるテンプレート画像とマーカーを含む実写画像との位置合わせを行う必要がある。本研究では、この位置合わせを特徴点マッチングによって行う。特徴点マッチングとは、2枚の画像から特徴的なキーポイント(特徴点)を検出し、両者を対応付けることで位置合わせを行う方法である。

ここで良く知られる手法としてSIFTやSURFといった局所特徴量によりテンプレート画像と入力画像をマッチングさせる方法がある。しかし、これらの手法は非力なCPUであるモバイル端末で実行することは難しい。そこで、本研究では次節に述べるFASTとHIPの組み合わせによるマッチングを行う。

2.1 FASTを用いた特徴点検出

本研究では、特徴点の検出に、FAST(Features from Accelerated Segment Test 以下FAST)を用いる[6]。FASTとは、コーナーをキーポイントの対象として検出する手法である。FASTは決定木を用いてキーポイントを検出することで、SIFTと比較して約45倍高速な処理を可能としている。このことから、モバイル端末でのリアルタイムなキーポイント検出に向いている。以下の(1)～(6)にFASTのアルゴリズムを示す。また、検出方法を図1に示す。

- (1) 画像のグレースケール化。
- (2) 画像上の一点 p を決め、そのピクセルの値を I_p とする。
- (3) 輝度閾値を T とおく。
- (4) p を囲む16ピクセル(赤丸)を考える。
- (5) 16個のピクセルで、 I_p よりも T 以上高い、または低いピクセルかどうかを1番から昇順に調べる。もし T 以上または T 以下でないピクセルが見つかったら、

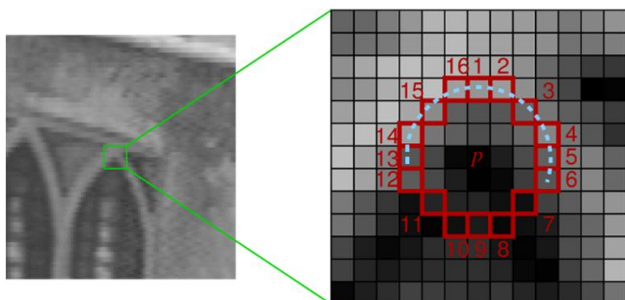


図 1. FASTによるコーナー検出

次は16番から降順に調べていく。昇順に調べて条件を満たしたピクセルと、降順に調べて条件を満たしたピクセルの合計が10以上となれば p をコーナーとする。

- (6) 全てのピクセルについて(2)～(5)を繰り返す。

2.2 HIPを用いた特徴量記述

HIP(Histogram Intensity Patch 以下HIP)とは、特徴量の記述方法である[7]。FASTによって検出された特徴点に対して、HIPを用いて特徴量の記述を行う。特徴量の記述には、注目する特徴点の周辺 8×8 ピクセルの情報を用いる。特徴量記述の流れとしては、テンプレート画像を摂動させた学習画像を用いて、テンプレートの特徴点のHIPを計算する。このとき、各特徴点の周辺64ピクセルで投票を行うことで、テンプレート画像のHIPパターンを決定する。この投票は、式(1)の結果により、0～4の5ビットのどれかに投票を行う。

$$2 + \frac{p[i] - E}{V} \quad (1)$$

ここで、 $p[i]$ ($i=1 \dots 64$)は64ピクセルの輝度値、 E は64ピクセルの平均、 V は分散である。以下に学習画像が5枚の場合の例を示す。

まず、図2(a)に示すように、 8×8 ピクセルのうち、1点について注目すると、その点に対応する学習画像全てで投票を行う。図2(a)において、赤枠で囲まれた5枚の画像が学習画像である。また、学習画像中の中心の赤丸が注目する特徴点で、その周囲の黒点がHIP算出に使う64ピクセルである。その後、閾値により0と1に量子化を行う(図2(b))。この処理を注目する特徴点の周辺64点において行う。この処理によって得られた 5×64 のビット列をHIPとし、その特徴点における特徴量とする(図2(c))。

2.3 マッチング

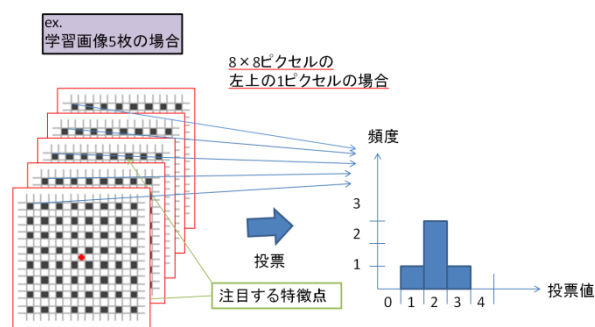
2.3.1 特徴量間の距離の算出

検出した特徴点のマッチングにはHIPによる特徴量を用いる。具体的には、テンプレートの特徴点のHIPと入力画像の特徴点のHIPをビット演算により比較し、5ビット以内の誤差ならば2つの特徴点を対応付ける。

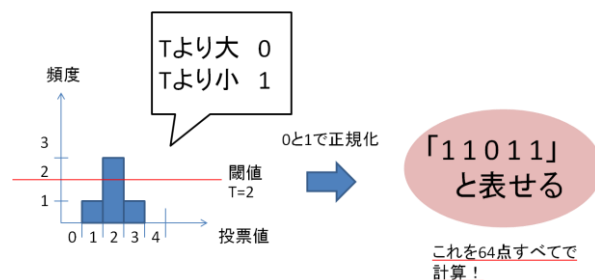
2.3.2 RANSACによる姿勢推定

マーカーの姿勢を推定するRANSACのアルゴリズム[8]は以下の(1)～(7)のようになる。

- (1) 総データ数が M 個あるデータから、ランダムで4個のデータを取り出す。
- (2) 取り出した N 個のデータからパラメータ(ホモグラフィ)を求める。
- (3) 求めたホモグラフィを、総データ数から取り出した4個のデータを除いたものに式を当てはめ、観測されたデータと(2)で求めたホモグラフィの誤差を計算す



(a)投票



(b)量子化

	1	2	3	4	5	...	63	64	(ピクセル番号)
0	1	1	1	1	0	...	1	1	
1	1	1	0	1	1	...	0	1	
2	0	1	1	1	1	...	1	1	
3	1	0	1	1	1	...	1	1	
4	1	1	1	0	1	...	1	0	

投票値

⇒5×64のビット列で表現
⇒これをHIPと呼び、
ビット演算により比較

(c)HIPの算出

図2. HIP

る。

- (4) (1) ~ (3) を繰り返し、投票数が一番多かったホモグラフィを仮ホモグラフィとする。
- (5) 仮ホモグラフィを用いてすべてのデータに再度式を適用し、誤差が許容範囲のものを抽出する。
- (6) 抽出したデータからホモグラフィを求める。
- (7) 求めたホモグラフィを最適なホモグラフィとする。

2.4 問題点

上記の高速なマッチング手法を用いてもなお、計算コストが大きい。特に、検出される特徴点が多い場合にこれが顕著となる。そこで、次節で述べる特徴点選択を用いる。

3. 特徴点選択方法

検出された特徴点全てをマッチングに用いると上記のよ

うに計算コストが大きくなる。そこで、検出された特徴点からマッチングに有効な特徴点のみを選択する。

3.1 従来手法：頻度による選択

まず、この手法[9]では射影変換により変形・劣化させた学習画像を多数枚（例えば、100枚）用意する。次に、この学習画像それぞれに対して特徴点を検出し、テンプレートの特徴点と検出された特徴点のマッチングを行う。マッチングにより正しく対応付けが行われた特徴点について投票する。これにより、検出された各画像で同じ位置で検出されやすい特徴点を優先して選択することで、画像変形や劣化に強い特徴点を選択することができる。

3.1.1 従来手法の手順

従来手法の手順は以下のようになる。

- (1) 元画像と学習画像（100枚）の特徴点全てでのマッチング（図3(a)）。
- (2) 正しく対応付けが行われた点についての投票（図3(b)）。
- (3) 投票数順に20点を選択特徴点に決定（図3(c)）。

3.1.2 従来手法の問題点

この方法は、様々な画像の変形に対しても、対応付けができる特徴点を優先して選択できる。しかしながら、このようにして選ばれた特徴点が必ずしも、ターゲットの高精度な姿勢推定には繋がらない。例えば、図4では画像の特徴的な目や鼻、口などが選択されている。一方で、最も重要なホモグラフィを高精度に推定するためには、なるべく広い範囲で均一に特徴点を選ぶことが理想である。しかし、このような選択基準を従来手法で考慮することは難しいと考えられる。

3.2 提案手法：GAによる特徴点選択

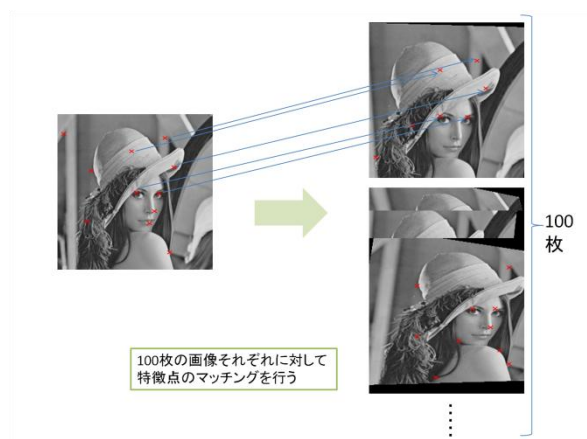
従来手法の問題点を解決するために、提案手法ではRANSACを使ったホモグラフィ推定工程までを評価基準に含めることを提案する。ただし、単純な頻度による投票方法と異なり、RANSACまで含めた特徴点選択処理は、複雑な組み合わせ最適化問題となる。そこで、提案手法ではこの組み合わせ最適解を解くためにGA（遺伝的アルゴリズム）[10]を採用する方法を提案する。

3.2.1 提案手法の手順

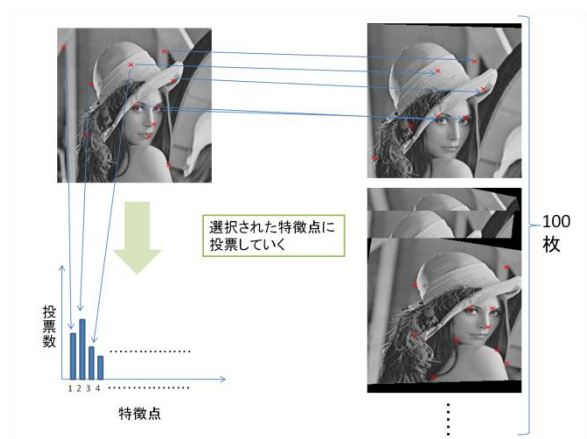
提案手法の手順は以下のようになる。

- (1) 初期集団の生成（図5(a)）。

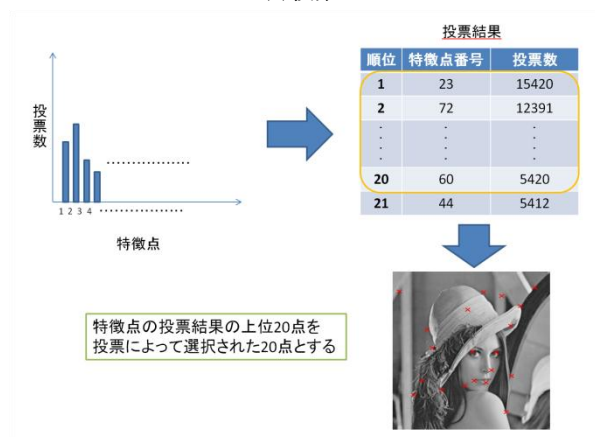
まず、図5(a)に示すように、初期集団の生成を行う。図5(a)において、画像中の赤いバツ印が検出された特徴点で、画像の右に示すのが遺伝子群である。初期集団の生成では、検出された特徴点からランダムに20



(a)特徴点のマッチング



(b)投票



(c)投票による特徴点の選択

図 3. 従来手法の手順

点選択し、遺伝子に格納していく。これにより、異なる組み合わせの遺伝子を含む個体が生成される。

(2) 適応度の評価 (図 5 (b), (c)).

次に、図 5 (b), (c) に示すように、適応度の計算を行う。生成した初期集団の個体ごとに 2.3 で示したマッチング評価を行い、各個体の適応度を計算する。その後、

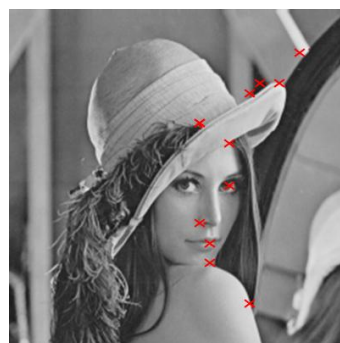


図 4. 従来手法の問題点

適応度により、個体を並び替える。

(3) 遺伝的操作 (図 5 (d)).

最後に図 5 (d) の遺伝的操作を行う。まず、適応度の評価で行ったソーティングにより、上位 20 個体を選択する。その後、選択した 20 個体からランダムに 2 個体選び、複製・交叉・突然変異のどれかの遺伝的操作を行う。この操作を設定した次世代の個体数に達するまで繰り返す。

(4) 終了条件の判定.

上記の操作が終わったあと終了条件の判定を行い、条件を満たしていれば、終了とする。

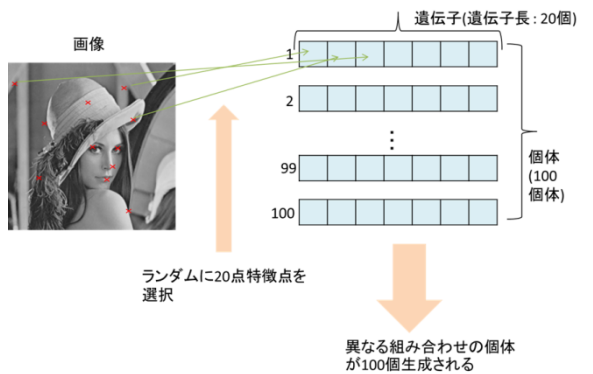
4. 実験

4.1 実験条件

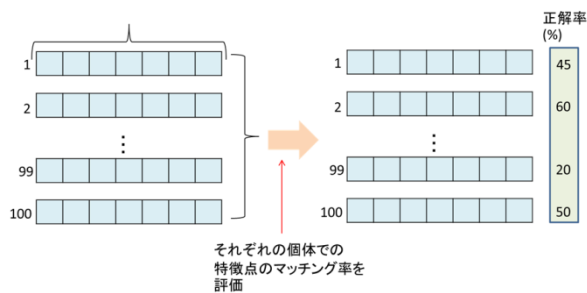
GA に関する条件を表 1 に、テンプレートに使用した画像を図 6 に示す。

4.2 実験結果

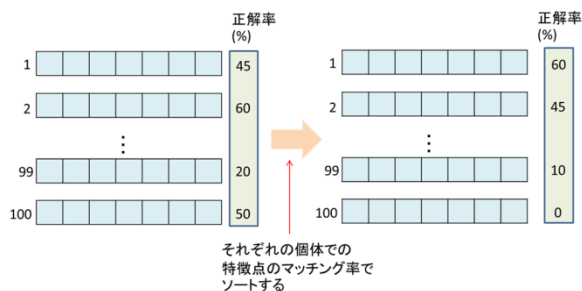
図 6 の画像をテンプレートとし、表 1 のシミュレーション条件で提案手法と比較手法の比較を行った。評価方法は、選択された特徴点が高い範囲から選択されているかどうかによって行った。シミュレーション結果を図 7 に示す。図 7 において赤いバツ印で示されたものが、各手法によって選択された特徴点である。



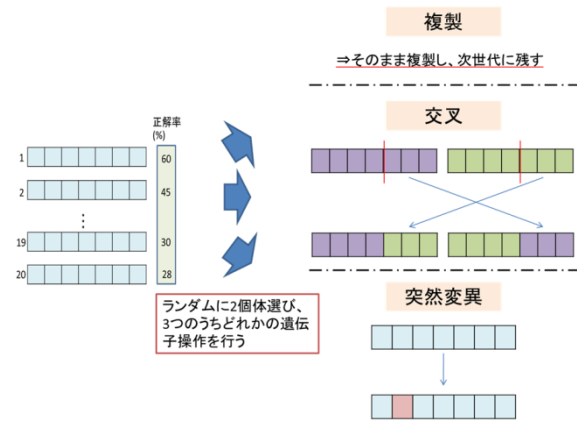
(a) 初期集団の生成



(b) 適応度の計算



(c) 適応度によるソーティング



(d) 遺伝的操作

図 5. 提案手法の手順



図 6. 実験に用いるテンプレート画像

表 1. 実験条件

学習画像枚数	100
個体数	100
遺伝子数	20
世代数	100
複製確率	5%
交叉確率	85%
突然変異確率	10%

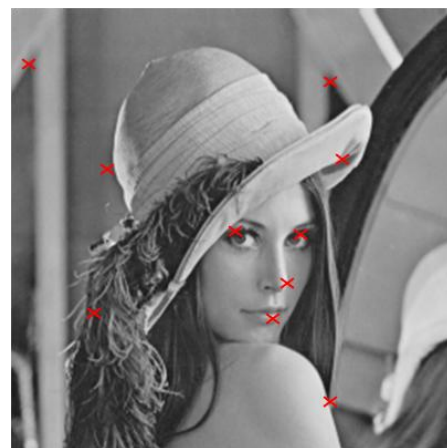


図 7. 実験結果

図 4 を見ると、比較手法である投票による選択では、隣接した特徴点ばかりが選択されていることがわかる。

それに比べて、図 7 に示す提案手法である GA+RANSAC による選択では、広い範囲で特徴点を選択されていることがわかる。

5. むすび

本研究では特徴点のマッチングの前処理として、GA による特徴点の自動選択を提案した。具体的には、マッチングに有効な特徴点を単純な頻度だけではなく、GA を使った最適化を行った。また、実験によりその有効性を示した。

今後は、さまざまな画像によるシミュレーションを行い、

どのような画像でも提案手法の有効性が示せることを確認する。また、マッチング処理時間の短縮を目指す。

謝辞

本研究の一部は、A-STEP 探索タイプ(課題番号: AS242Z00730H)の助成を受け実施したものである。記して敬意を表する。

参考文献

- [1] くまフォト, <http://rkk.jp/kumamon/>
- [2] スマートフォン/ケータイ利用動向調査2013, <http://www.im-pressrd.jp/news/121120/kwp2013>
- [3] D.G.Lowe: "Distinctive Image features from Scale Invariant keypoints", Int. J.Comput. Vision, Vol.60, No.2, pp.91-110(2004).
- [4] H.Bay, T.Tuytelaars, and L.Van Gool: "SURF: Speeded Up Robust Features", Computer Vision and Image Understanding, Vol.110, No.3, pp. 346-359(2008).
- [5] IKEA Catalogue 2013, http://www.ikea.com/ms/en_JP/virtual_catalogue/online_catalogues.html
- [6] E. Rosten and T. Drummond. "Machine learning for high-speed corner detection", European Conference on Computer Vision, pp.430-443(2006).
- [7] S.Taylor, E.Rosten and T.Drummond "Robust feature matching in 2.3 μ s", IEEE CVPR Workshop on Feature Detectors and Descriptors (2009).
- [8] The RANSAC Algorithm, http://homepages.inf.ed.ac.uk/rbf/CVonline/LOCAL_COPIES/FISHER/RANSAC/
- [9] 画像特徴点抽出方法, <http://patent.astamuse.com/ja/published/JP/No/2011043969>
- [10] Genetic Algorithms, <http://www2.econ.iastate.edu/tesfatsi/holland.gaintro.htm>