

進化型計算を用いた形態進化の試み - 同一形状での行動進化の調査 -

北見工業大学 ○山田隼生, 岩館健司, 鈴木育男, 渡辺美知子
要旨

本研究では、物理法則に従った仮想空間内で進化型計算を利用し仮想生物の形態の適応設計を行う。球体と直方体が1つの組になった形状を基本パーツとし、パーツの接続相手や接続する方向、パーツ同士の接続部に加える運動を遺伝情報とし、遺伝的アルゴリズムにより仮想生物の移動距離がより大きくなるように設計する。

1. 諸言

現在のハードウェア、ソフトウェアの設計において、ソフトウェアはソフトコンピューティングを用いた自動設計が試みられているのに対し、ほとんどのハードウェアは設計者の経験により設計されているのが現状である。設計者の経験を必要とする設計方法では未知の環境において設定された目標を達成することが困難となる。そこでソフトウェア同様にハードウェアもソフトコンピューティングを用いて設計を行うことで未知の環境に対して適切な設計を行える。本研究では、ハードウェアの自動設計の問題として物理法則に従った仮想空間内における仮想生物の形態の適応設計を取り扱い、数値実験により提案手法の有効性を検証する。

2. 提案手法

本研究では、仮想生物の適応設計に遺伝的アルゴリズムを利用する。遺伝的アルゴリズムは生物の進化を模倣したアルゴリズムであり、近似解を探索することができる。図1に本研究で採用した遺伝的アルゴリズムのフローチャートを示す。

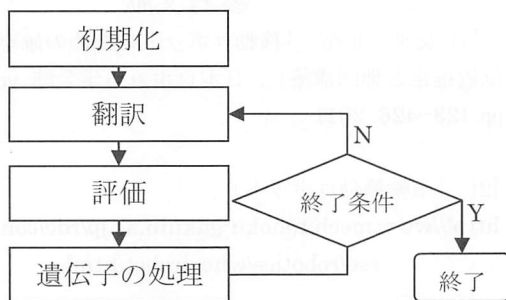


図1 遺伝的アルゴリズムのフローチャート

図1のフローチャート内の翻訳から評価までの操作を1つの世代とし、遺伝子の処理で次の世代に扱う遺伝子を設定する。以下に、それぞれの処理について詳細を述べる。

2.1 初期化

初期の遺伝子は乱数によって設定する。遺伝子に設定される値は仮想生物のモデリングを行う際に構造的に支障をきたすことのない値をとるよう制限する。

2.2 翻訳

遺伝子を一定の規則に基づき翻訳し仮想生物のモデリングを行う。各生物は球体と直方体を1つの組にした複数の同一形状のパーツで構成されており、パーツ同士の接続部が個体の可動部になっている。遺伝子の翻訳は数値の配列の先頭から順に行われる。遺伝子は1つのパーツにつき「接続先のパーツ」、「接続方向」、「接続部に加えられる周期の角速度運動」、「接続部に加えられる運動の方向」、「パーツのモデリングの有効/無効」の5種類の情報を持ち、これらの数値を1つの組として翻訳される(図2)。

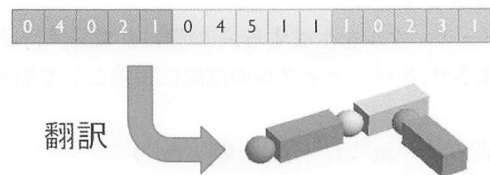


図2 遺伝子と仮想生物の構造

2.3 評価

個体の全ての可動部に周期的な運動を加え、仮想空間内で移動シミュレーションを行う。可動方

向に与えられる角速度 ω は、式(1)で計算される。

$$\omega = 20 \sin(\alpha\pi t) \quad (1)$$

ここで、 t は経過時刻であり、 α はパーツ同士が接続されたときに翻訳されていたパーツの遺伝子によって決定される周波数であり、-3 から 3 までの整数で与えられる。

設定した測定時間の間動きを加えて初期位置からの移動距離を評価値として後の遺伝子の処理における指標とする。評価値 f は x_0, z_0 を生物の初期位置とおき、測定後の位置を x, z とおくと、式(2)で計算される。

$$f = \sqrt{(x - x_0)^2 + (z - z_0)^2} \quad (2)$$

2.4 遺伝子の処理

2.4.1 再生・淘汰

評価値の最も高い生物の遺伝子を保存し、さらに評価値が上位の生物の遺伝子を再生する。一方評価値の低い生物は淘汰する。

2.4.2 交叉

対象になった生物のほかに生物を 1 つランダムに選出し、互いの遺伝子の一部の交換を行う。設定された交叉確率により対象の生物に対し交叉を行なうかを決定する。またランダムに選出される生物にはルーレット選択を採用し、評価値が高い個体ほど選出される確率が高くなる。生物 i の評価値を f_i とおくと、生物 i が選出される確率 p_i は式(3)で計算される。

$$p_i = \frac{f_i}{\sum_{k=0} f_k} \quad (3)$$

本実験では 2 点交叉を採用した。交叉を行う遺伝子はそれぞれのパーツに対応した 5 種類の遺伝子のまとまりを最小の単位として行われる。

2.4.3 突然変異

生物の遺伝子から 1 つをランダムに選出し、その遺伝子をランダムな値に変更する。設定された突然変異確率により対象の生物に対し突然変異を行うかを決定する。

表 1 実験に用いたパラメータ

| | |
|---------------|------|
| 最終世代数 | 1500 |
| 各世代の生物数 | 200 |
| 1 つの生物の遺伝子長 | 100 |
| 評価値の測定時間(sec) | 30 |
| 交叉率 | 0.5 |
| 突然変異率 | 0.2 |

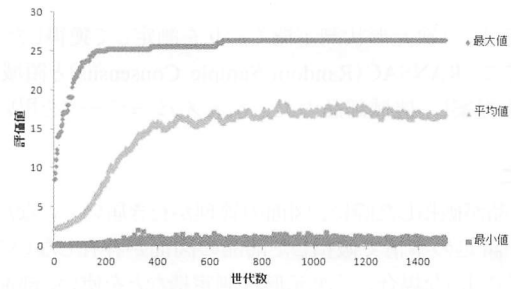


図 3 評価値の推移

3. 実験結果

表 1 に示すパラメータを用い、実験を行った。実験は 5 回行いそれぞれの値の平均をとった。実験結果から評価値が世代を重ねるごとに徐々に高くなることが確認できた(図 3)。設定された遺伝子長から各生物の最大のパーツ数は 20 個になるが、全ての実験の最終世代における評価値の最も高い個体のパーツ数は平均して 3.8 個となり、さらに各世代内のパーツ数の平均も減少することを確認した。

4. 結言

本研究では、仮想生物の移動距離の増加を目的として進化型計算を利用した適応設計を行った。結果として移動に適した形状の仮想生物を得られた。今回は接続部に加える運動を決定する遺伝子を採用したためパーツ数の多い生物に対しても十分な探索が行われていれば評価値を伸ばすことが可能であったことも考えられる。そのため今後の課題として遺伝子の設計、遺伝的アルゴリズムの設定を含め改良を検討したい。

参考文献

- 1) K. Sims: Evolving Virtual Creatures, Proceedings of the 21st Annual Conference on Computer Graphics and Interactive Techniques, (1994) 15.
- 2) K. Sims: Evolving 3D Morphology and Behavior by Competition, Artificial Life IV, (1994) 28.