

マルチ・フィールドを用いた模擬育種法のユーザインタフェース

創価大学 工学部 情報システム学科 畝見達夫

A User Interface for Simulated Breeding using Multi-field

Tatsuo UNEMI

Dept. of Info. Sys. Sci., Soka University

Email: unemi@iiss.soka.ac.jp

TEL: 0426-91-9429, FAX: 0426-91-9312

Abstract: This paper describes a design of graphical user interface for a simulated breeding tool with *multi-field*. The term *field* is used here as a population of visualized individuals that are candidates of selection. Multi-field interface enables the user to breed his/her favorite phenotypes by selection independently in each field, and he/she can copy arbitrary individual into another field. As known on genetic algorithms, a small population likely leads to premature convergence trapped by a local optimum, and migration among plural populations is useful to escape from local optimum. The multi-field user interface provides easy implementation of migration and wider diversity. We show the usefulness of multi-field user interface through an example of a breeding system of 2D CG images.

Keywords: simulated breeding, interactive evolutionary computing, graphical user interface, genetic art

1 はじめに

進化の基本要素である「変異を伴う遺伝」と「選択」のうち、選択の部分を利用者に任せる対話型進化計算法が、人間の主観的評価基準に基づく最適化の有力な手法として様々な分野に応用されてきた。応用に際して、その問題領域の解の計算機上および提示上での表現方法の設計も重要であるが、世代交代のサイクルを利用者の負担を軽くし、作業を効率良く進めるためのユーザインタフェースの設計も成功の重要な鍵である。

ここでは、次世代に子孫を残す親個体を利用者が明示的に選択する「模擬育種法」について、複数の「畑 (= フィールド)」を用いたグラフィカル・ユーザインタフェースの設計について述べ、遺伝的プログラミングに基づく2次元CG画像の品種改良システムを例に、その効果について考察する。

2 進化計算における最適化と多様性

数10億年の進化の歴史を経て、生物は実に多様かつ複雑な形態を作り上げて来た。脳のような知能を支える情報処理機構、自己修復能力をもつ骨の構造、環境から必要な物質を取り入れ加工する代謝機能など、直観的にも極めて複雑で巧妙に見える数々の仕掛けが進化の過程によって生み出されて来たと考えられる。生物の場合には「自己複製」の機能を効率良く、しかも環境変動に対して頑健に実現する手段の最適化が行なわれて来たもの

と見ることもできる。このような最適化という「工学」には必須の作用を含む「進化過程」を計算機の中に実現し、応用しようという発想は、ある意味で極めて自然であろう。このような発想の上に考案された遺伝的アルゴリズムなどの進化計算の手法は、複雑な構造を作り上げるために、多くの計算機資源を必要とするという弱点をカバーするに十分有力な手段となりうる。

構造の最適化問題では解候補が構成する探索空間は多次元となり、進化論の意味での適応度地形は複雑な多峰性の形状となる場合が多い。次元が大きいと探索近傍は多様となり、最適解に近い評価値の解を効率良く発見するには、できるだけ多くの可能性を試すことが必要となる。このような複雑な問題に進化計算を応用する場合には集団内の個体の多様性を維持する工夫が必要となる。もちろん、収束の速さと多様性は裏腹であるが、十分な計算時間が使える場合には多様性を重視すべきであろう。集団サイズを大きくしたり、局所選択 [1] を利用するなどの方法もあるが、複数の独立した集団の間で、収束後の個体を移住させる島モデル [2] も有効な方法である。

最初は同じ地域に棲息していた生物群が地殻変動などによって複数の島に区切られると、島の間での交配が不可能となり各島では独立に進化が進むため、多くの場合、島毎に異なる局所解に収束する。遺伝的アルゴリズムにおける積木仮説 [3] が示すように、異なる個体の遺伝子を掛け合わせる交叉の操作は、ある良い遺伝子と、それとは別の良い遺伝子を組み合わせることによって、より

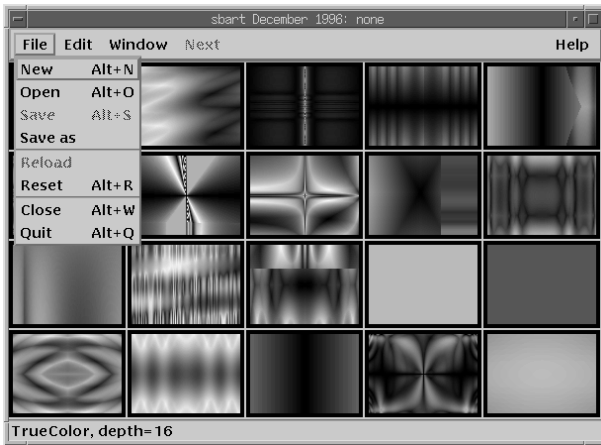


図 1: フィールド・ウィンドウとファイルメニュー。フィールド毎にディスクファイルに遺伝型の集団を保存できる。“New”を選択すると、ランダムな遺伝子で初期化された新しいフィールド・ウィンドウが現れる。

良い表現型を生み出す遺伝型を構成できる可能性がある。つまり、島モデルは複雑な適応度地形の問題領域の最適化に対し、多様性の増加による性能向上をもたらす。

対話型進化計算の枠組では、集団内の個体の選択をユーザに委ねるため、ユーザは個体を観察し評価しなければならず、集団サイズを大きく取ることができない。小さな集団では初期収束に陥る可能性が高くなり、大きな遺伝的浮動も起きやすく、ユーザの意図しない方向へ進化する可能性もある。対話型進化計算を複雑な探索空間をもつ分野に応用するためには、少ない提示数で多様性を維持するなんらかの方法を導入することが必要である。以下で述べるマルチ・フィールド・ユーザインタフェースは、島モデルと同様の効果に対話型進化計算に導入するものである。

3 マルチ・フィールド・ユーザインタフェースの設計

小さな集団で多様性を維持するための1つの方法として、ここでは、島モデルに類似のマルチ・フィールド・ユーザインタフェースを提案する。なお以下では、遺伝的プログラミングと模擬育種法に基づく2次元CG画像の品種改良システム *sbart2.2b* [4] を例に解説する。

3.1 フィールド・ウィンドウ

個々の集団は1つのフィールドに並べて表示する。個体は視覚的に表示可能なものを仮定し、集団サイズは16~30程度とする。1つの集団を4×4~5×6程度の矩形に区切ったフィールドウィンドウに表示する。フィー

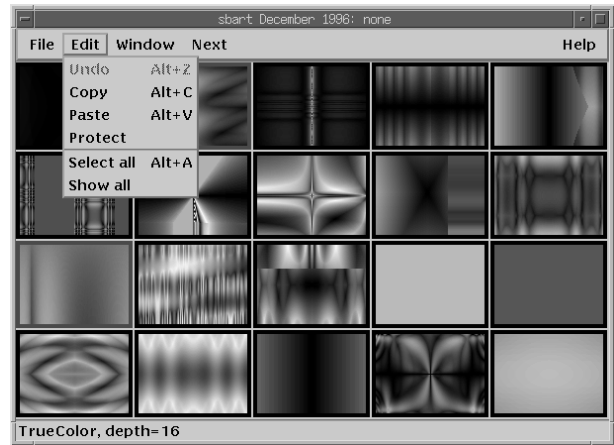


図 2: フィールド・ウィンドウとエディット・メニュー。各個体の情報をコピーパツファとフィールドとの間でやりとりできる。

ルドはユーザからの要求により任意個数用意できるものとする。進化はフィールド毎に行なう。模擬育種の方法により、ユーザが親となる個体をフィールド中から明示的に選択する。図1に *sbart* のフィールド・ウィンドウとファイル・メニューを引き出したところの画面を示す。“New”を選択すると、ランダムな遺伝子で初期化された新しいフィールド・ウィンドウが現れる。また、フィールド毎にディスクファイルに遺伝型の集団を保存でき、“Open”を選択すると、先に保存したファイルから1集団分の遺伝型を読み込み、新たなフィールド・ウィンドウを表示する。ファイル・メニューにはそのほかに現在のフィールド内の個体の遺伝情報をファイルに保存する“Save”や、現在の個体群を捨てて新たなランダムな個体で初期化する“Reset”などのボタンも用意されている。

3.2 フィールド間での個体の移住

移住の方法には2つある。1つは図2に示すようなエディット・メニューあるいはそのショートカットキーを使って、コピー&ペーストによって移動する方法である。移動させたい個体を選択し、コピーパツファにコピーし、行き先の上書きされる個体を選択してペーストすればよい。フィールド上の個体の選択は、マウスの左ボタンのクリック操作による。選択された個体は赤い枠の表示によって他と区別される。(1) 移動元の選択、(2) エディット・メニューの表示、(3) コピー項目の指示、(4) 移動先の選択、(5) エディット・メニューの表示、(6) ペースト項目の指示、の計6操作が必要である。ショートカットキーを使えばメニューの表示の分の操作は不要となり

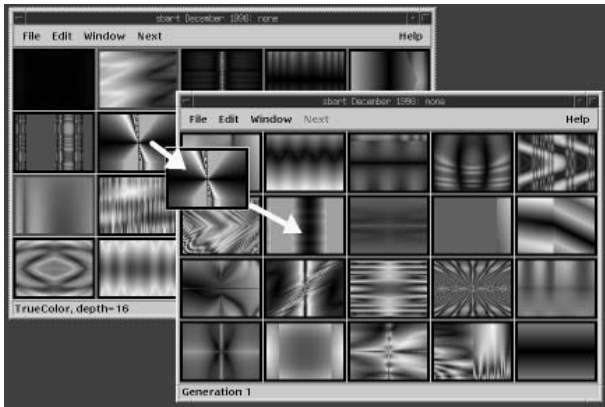


図 3: フィールド間でのドラッグ&ドロップ操作による個体の移住。

操作数は2減る。

もう1つの方法は個体のドラッグ&ドロップによるものである。図3に示すように、移動したい個体の上で左ボタンを押しながらマウスを移動させると、その個体を表示した小さいウィンドウがマウスの動きに追従して移動し、行き先の上書きされる個体の上でボタンを離せば、移住が完了する。こちらの方が操作数が少なく直接操作的で、特にファイル・マネージャなどの他のアプリケーションの操作に慣れているユーザにとっては分かりやすい。

3.3 フィールド内での個体の保護

個体の遺伝情報は前述のとおりフィールド単位でファイルに保存することもできるが、メモリ上で一時的に保存するための保護指定の機能も用意した。個体の保護は選択した個体について、図2にあるエディット・メニュー上の“Protect”を指示することで行なう。あるいは図4に示す個体メニューから“Protect”を選んでも良い。こちらの方が操作数も少なく簡便である。

個体の一時的保護の方法として、個体群を保存するためのフィールドとば別のウィンドウを用意する方法も考えられる。有益と判断される個体を保存しライブラリとして整備することも良さそうであるが、まだ実現はしていない。ライブラリ中の個体数にはフィールドのような制約を付ける必要が無いので、大量の個体をまとめることも考えられる。その場合、効率の良い検索の方法について工夫が必要となろう。

4 マルチ・フィールドの効果

異なるフィールドにおいて独立に進化した個体群は、それぞれ固有の形質をもつ場合が多い。主観的適応度評



図 4: 個体メニュー。フィールド中の個体の上にマウスカーサを移動し、右ボタンを押すと表示される。指示された個体に対する操作が行なわれる。

価の揺らぎや多目的性が多様なニッチを生み出す源ともなる。また、*sbart*での遺伝的プログラミングのように可変長の染色体を遺伝型とする場合には探索空間の複雑化とあいまって、さらに多様性が増す。

図5に異なるフィールドで育種した2種の個体を移住させ、交配によって得られた子孫を示す。それぞれの親の形質の一部を受け継いだ個体群が生成されるが、交叉箇所はランダムに決められるため、どの形質が継承されるかは不定である。さらに、遺伝型の中には表現型の形質に影響しない中立的な部分も含まれるため、表現型自身は親と何ら変化がない場合もある。木構造の遺伝子を用いるので、交叉によっても遺伝型の大きさは変化し、場合によっては極端に小さな退化した個体を生み出す場合もある。図5に示す親および子孫の個体の具体的な遺伝情報(関数)については付録を参照されたい。

5 おわりに

対話型進化計算にマルチ・フィールド・ユーザインタフェースを導入することで小さな集団で大きな多様性を確保することが可能になる。上では *sbart2.2b* を例に、その具体的な設計例と効果について述べて来たが、他の応用分野や対話型遺伝的アルゴリズムなどへの適用も有益と考えられる。

また、*sbart2.2b*には個体の遺伝情報を直接編集する「遺伝子エディタ」や、2D CG固有の変換も可能となっており、マルチ・フィールドとの組み合わせによってさらに多様性を生み出す仕組みが備えられている。

今後は、ユーザの操作履歴の解析による効果の客観的評価や、多様性の変化と操作の関連性について実験に基

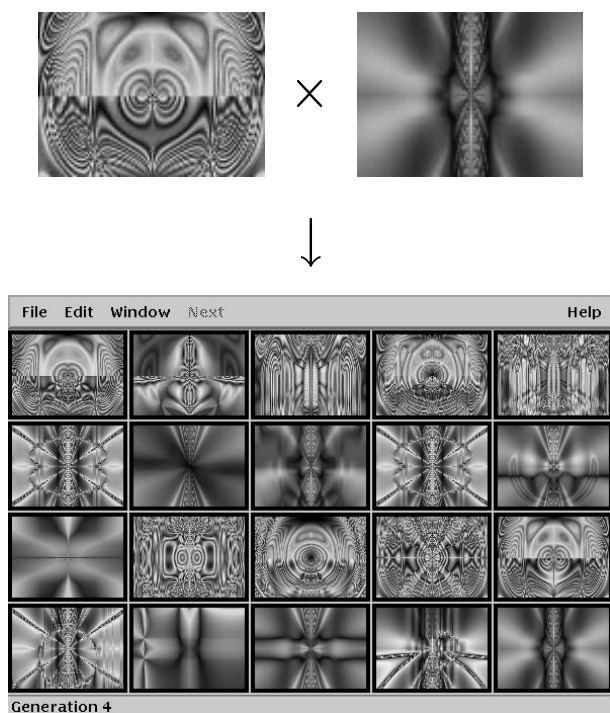


図 5: 異なるフィールドで育種した 2 種の個体を移住させ、交配によって得られた子孫の例。

づく解析が必要である。可変長染色体を用いた進化計算における適応度地形および進化過程の分析については、現在、関連する研究者の間で興味を持たれている課題もあり [5]、今後の発展を待ちたい。

なお *sbart* に関する情報は、ソースプログラムと一部のマシンのバイナリコードのダウンロードも含め以下の URL で参照できる。

<http://www.intlab.soka.ac.jp/~unemi/sbart/>

謝辞

ここで例として取り上げた *sbart* は、Karl Sims の Artificial Evolution による CG 画像品種改良システム アイディア [6] をもとに、独自の拡張を施して UNIX ワークステーション上に実現したものである。1993 年に Internet 上に公開して以来、内外の様々な方々から助言と激励を頂いた。特に Karl Sims 氏からは、プログラムの公開を快諾して頂いた。ここに感謝する。

参考文献

- [1] Sarma, J. and De Jong, K. : An Analysis of Local Selection Algorithms in a Spatially Structured Evolutionary Algorithm, in *Proc. of the*

Seventh ICGA, 181–187, Morgan Kaufmann (1997).

- [2] Pettey, C. B., Leuze, M. R., and Grefenstette, J. J. : A Parallel Genetic Algorithm, in *Proc. of the Second ICGA*, 155–161, LEA (1987).

- [3] Goldberg, D. E.: Genetic algorithms in search, optimization and machine learning, Addison-Wesley (1989).

- [4] 畝見 達夫 : 人工生命が作ったアートの世界 – 人工生命とコンピュータグラフィックス, 柴田崇徳, 福田敏男編, 人工生命の近未来, 時事通信社 (1994).

- [5] 伊庭 斉志 : 進化論的計算手法の最近の研究動向, 情報処理, Vol. 39, No. 1, pp. 32–36 (1998)

- [6] Sims, K.: Artificial Evolution for Computer Graphics, *Computer Graphics*, Vol. 25, No. 4 (1991).

付録 図 5 の各個体の遺伝子

左の親

$\text{pow}(\text{hypot}(\max(YX0, OXY), \sin(\text{hypot}(OYX, OXY))), \text{hypot}(\max(\sin(\text{hypot}(OYX, OYX)), OXY), YX0)) / -0.289$

右の親

$\text{sqrt}(\cos(\text{sqrt}(XY0)) / (\sin(\text{hypot}(YX0/XOY, OYX) - 0.805) - 0.383 - \text{mix}(-1.125, 1.453)))$

子孫 (1 列目上 1 列目下 2 列目 ... 5 列目下)

1,1: $\text{pow}(\text{hypot}(\max(YX0, OXY), \sin(\text{hypot}(OYX, OXY))), \sin(\text{hypot}(YX0/XOY, OYX) - 0.805) - 0.383) / -0.289$
2,1: $\text{sqrt}(\cos(\text{sqrt}(XY0)) / (\sin(\text{hypot}(YX0/XOY, OYX) - 0.805) - 0.383 - \sin(\text{hypot}(OYX, OYX))))$
3,1: $\text{pow}(\text{sqrt}(XY0), \text{hypot}(\max(\sin(\text{hypot}(OYX, OYX)), OXY), YX0)) / -0.289$
4,1: $\text{sqrt}(\cos(\text{sqrt}(XY0)) / (\sin(\text{hypot}(YX0/XOY, OYX) - 0.805) - 0.383 - OYX))$
1,2: $\text{pow}(\text{hypot}(\max(YX0, OXY), \sin(\text{hypot}(OYX, OXY))), \text{hypot}(\max(\sin(\text{hypot}(OYX, OYX)), OXY), YX0)) / (YX0/XOY)$
2,2: $\text{sqrt}(YX0 / (\sin(\text{hypot}(YX0/XOY, OYX) - 0.805) - 0.383 - \text{mix}(-1.125, 1.453)))$
3,2: $\text{pow}(\text{hypot}(\max(YX0, \sin(\text{hypot}(YX0/XOY, OYX) - 0.805) - 0.383 - \text{mix}(-1.125, 1.453))), \sin(\text{hypot}(OYX, OXY))), \text{hypot}(\max(\sin(\text{hypot}(OYX, OYX)), OXY), YX0)) / -0.289$
4,2: $\text{sqrt}(\cos(\text{sqrt}(XY0)) / (YX0 - \text{mix}(-1.125, 1.453)))$
1,3: $\text{pow}(\text{hypot}(\max(YX0, OXY), \sin(\text{hypot}(YX0/XOY, OYX) - 0.805)), \text{hypot}(\max(\sin(\text{hypot}(OYX, OYX)), OXY), YX0)) / -0.289$
2,3: $\text{sqrt}(\cos(\text{sqrt}(XY0)) / (\sin(\text{hypot}(YX0/XOY, OYX) - \text{pow}(\text{hypot}(\max(YX0, OXY), \sin(\text{hypot}(OYX, OYX))), \text{hypot}(\max(\sin(\text{hypot}(OYX, OYX)), OXY), YX0)) - 0.383 - \text{mix}(-1.125, 1.453))))$
3,3: $\text{pow}(\text{hypot}(\max(YX0, OXY), \sin(\text{hypot}(OYX, OXY))), \text{hypot}(\max(\sin(\text{hypot}(OYX, OYX)), OXY), \sin(\text{hypot}(YX0/XOY, OYX) - 0.805) - 0.383 - \text{mix}(-1.125, 1.453))) / -0.289$
4,3: $\text{sqrt}(\cos(\text{sqrt}(YX0)) / (\sin(\text{hypot}(YX0/XOY, OYX) - 0.805) - 0.383 - \text{mix}(-1.125, 1.453)))$
1,4: $\text{pow}(\text{hypot}(\max(YX0, OXY), \sin(\text{hypot}(OYX, OXY))), \text{hypot}(\max(\sin(\text{hypot}(OYX, \sin(\text{hypot}(YX0/XOY, OYX) - 0.805) - 0.383)), OXY), YX0)) / -0.289$
2,4: $\text{sqrt}(\cos(\text{sqrt}(XY0)) / (\sin(\text{hypot}(YX0/XOY, OYX) - 0.805) - 0.383 - \text{mix}(\max(\sin(\text{hypot}(OYX, OYX)), OXY), 1.453)))$
3,4: $\text{pow}(\text{hypot}(\max(YX0, \sin(\text{hypot}(YX0/XOY, OYX) - 0.805) - 0.383), \sin(\text{hypot}(OYX, OXY))), \text{hypot}(\max(\sin(\text{hypot}(OYX, OYX)), OXY), YX0)) / -0.289$
4,4: $\text{sqrt}(\cos(\text{sqrt}(XY0)) / (\sin(\text{hypot}(YX0/XOY, OYX) - 0.805) - YX0 - \text{mix}(-1.125, 1.453)))$
1,5: $\text{pow}(\text{hypot}(\max(YX0, OXY), \sin(\text{hypot}(OYX, \sin(\text{hypot}(YX0/XOY, OYX) - 0.805) - 0.383 - \text{mix}(-1.125, 1.453))))), \text{hypot}(\max(\sin(\text{hypot}(OYX, OYX)), OXY), YX0)) / -0.289$
2,5: $\text{sqrt}(\cos(\text{sqrt}(\text{hypot}(\max(YX0, OXY), \sin(\text{hypot}(OYX, OXY)))) / (\sin(\text{hypot}(YX0/XOY, OYX) - 0.805) - 0.383 - \text{mix}(-1.125, 1.453)))$
3,5: $\text{pow}(\text{hypot}(\max(YX0, OXY), \sin(\text{hypot}(OYX, OXY))), \text{hypot}(\max(\sin(\text{hypot}(OYX, OYX)), OXY), YX0/XOY)) / -0.289$
4,5: $\text{sqrt}(\cos(\text{sqrt}(XY0)) / (\sin(\text{hypot}(YX0/XOY, OYX) - 0.805) - 0.383 - \text{mix}(-1.125, \max(YX0, OXY))))$