

GA を用いた小型ロボットの行動の進化的学習

5M-4

上田 真裕 吉村 俊哉 犬塚 信博 世木 博久 伊藤 英則
名古屋工業大学

1 はじめに

遺伝的アルゴリズム (以下 GA) に関する研究で、遺伝子表現にニューラルネットワークを用いたロボット巡航モデル [1] や有限状態オートマトン (以下 FSA) や n 出力二分決定グラフ (n -BDD) を用いた疑似生態系モデル [2] [3] の研究がされている。

本稿では、遺伝子表現に共有二分決定グラフ (以下 Shared BDD) を用いて、ロボット巡航モデルの実験を行い、Shared BDD の有用性について述べる。

2 Shared BDD と遺伝的操作

2.1 Shared BDD

BDD (Binary Decision Diagram: 二分決定グラフ) は Akers が提案した論理関数を表現する一手法である。Shared BDD は、複数の BDD において互いにサブグラフを共有させ、1つのグラフで管理することにより少ない記憶量で表現でき、処理効率が向上することが知られている。

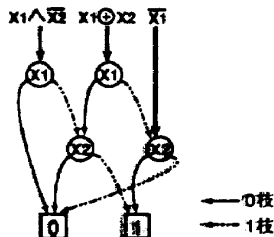


図 1: Shared BDD

2.2 遺伝的操作

Shared BDD において以下の遺伝的操作を定義する (図 2)。

mutation ランダムに選んだ 0 枝または 1 枝をその節点より下位にあるランダムに選んだ節点に変更する。

deletion ランダムに選んだ変数節点を削除する。

insertion ランダムに選んだ枝に新たに変数節点を追加する。

input-mutation ランダムに選んだ入力データの入力先を表す枝をランダムに選んだ節点に変更する。

3 実験モデルについて

ロボット巡航モデル 文献 [1] を参照して、作成した (図 3)。ロボットはコース中に設けたサブゴールを通過すると評価値 1 を得る。ロボットは最大 1000 ス

Evolutionary Learning of Robot's Behaviors by Genetic Algorithm
Masahiro Ueda, Toshiya Yoshimura, Nobuhiro Inuzuka, Hirohisa Seki and Hidenori Itoh.
Nagoya Institute of Technology.
Gokiso-cho, Showa-ku, Nagoya 466-8555, Japan

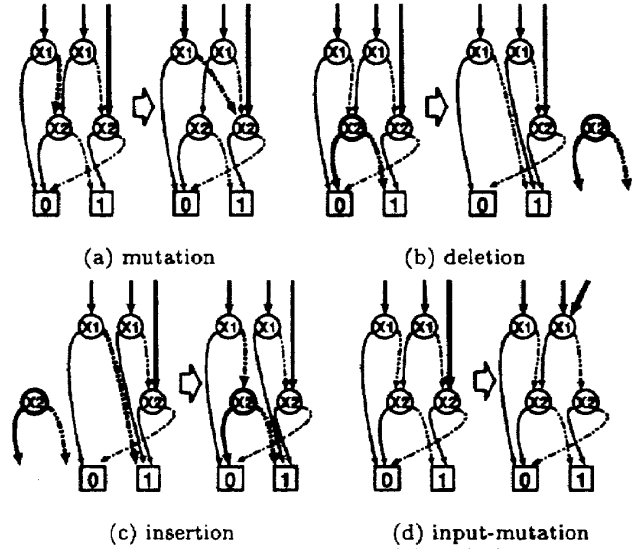


図 2: Shared BDD の遺伝的操作

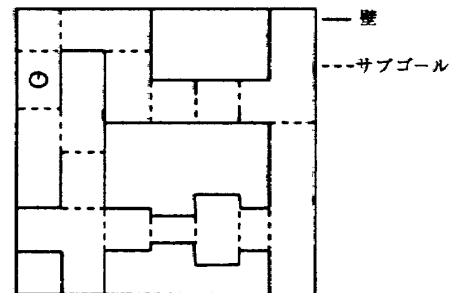


図 3: ロボット巡航モデル

テップまで移動できるが、壁に衝突した時点で移動を終了する。ロボットがコースを 1 週するとサブゴールは再び設けられる。ロボットは再びサブゴールを通過すると評価値を得ることができる。

ロボット 文献 [1], [4] と同様に市販されている Khepera をシミュレートしている。ロボットはセンサ 8 つと車輪 2 つをもち、前進、回転等 16 通りの行動を実行する。

Shared BDD ロボットの行動数 $16 = 2^4$ より、Shared BDD で 16 通りの出力を表現するために入力先を 4 つ用意して、それらの入力先を f_1, f_2, f_3, f_4 とする。

出力値テーブル Shared BDD の出力値とロボットの行動数をそれぞれ対応させた表である (図 4)。

ロボットと Shared BDD のインターフェース ロボットのセンサ 8 個の情報を入力データとして Shared BDD に入力する。 f_1, f_2, f_3, f_4 各々に入力データを入力して得た 0, 1 のビット列を出力値テーブルとマッチングさせて、ロボットの出力値を得る。ロボットはその出力値に応じた行動をとる (図 4)。

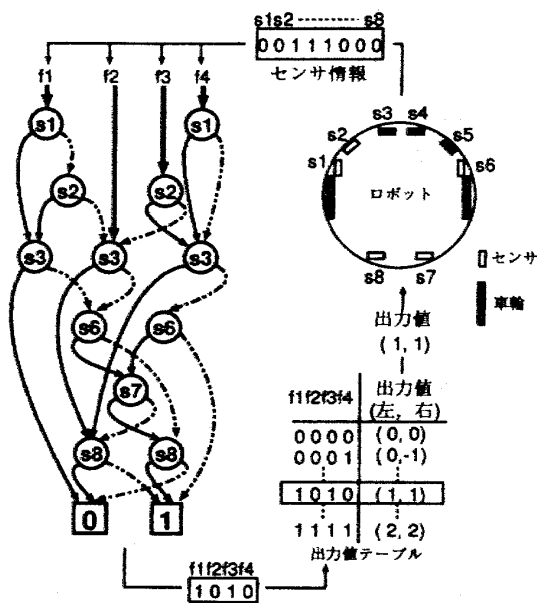


図 4: ロボットと Shared BDD のインタフェース

4 実験と結果

ロボット巡航モデルにおいて Shared BDD を用いた GA の実験を行い、適応度は通過したサブゴール数とし、1 世代 50 個体で 1000 世代までとした。

実験結果の一例を図 5 に示す。ロボットは、合計 48 のサブゴールを通過するように進化した。

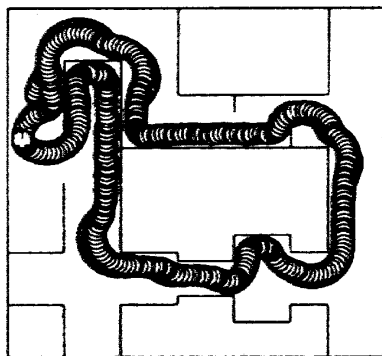


図 5: 実験結果

Shared BDD を評価するために文献 [2] を参照して、遺伝子表現に FSA を用いた同実験を行った。

図 6 に 100 回実験を行ったときの各世代における最良適応度の平均値の推移を示す。Shared BDD は FSA より適応度の上昇が速いことがわかる。

5 評価

Shared BDD と FSA の各々の実験で獲得した最良個体の遺伝子に対して、1 個体を表現している遺伝子の節点の個数、また、節点の実験中にどれくらい有効に使用されているかを調べ、それらの平均を表 1 に示す。

Shared BDD は FSA より節点の平均個数が小さく、コンパクトにまとまっていることが分かる。また、Shared BDD の節点の平均使用率は FSA のそれより

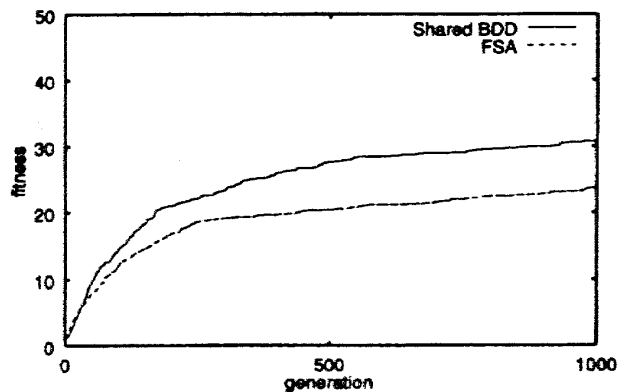


図 6: 適応度最良値の 100 回平均

| 節点 | Shared BDD | FSA |
|-------|------------|-------|
| 平均個数 | 22.4 | 27.7 |
| 平均使用率 | 46.3% | 57.6% |

表 1: 節点の平均個数と平均使用率

| 共有数 | 平均節点数 |
|-----|-------|
| 0 | 4.59 |
| 1 | 10.91 |
| 2 | 3.93 |
| 3 | 1.63 |

表 2: Shared BDD の共有化率

小さい。Shared BDD は FSA より節点の平均個数が小さく、かつ、その表現に冗長性があることがわかる。

Shared BDD の実験により獲得した最良個体の遺伝子において、各節点がどれくらい 0 枝、1 枝を共有しているかを調べ、その平均を表 2 に示す。

枝がさしていない節点が約 20% あるが、これは遺伝的操作の mutation により生成されたものである。

また、枝を共有している節点が約 30% あり、入力データが共有されていることがわかる。

6 おわりに

本稿では遺伝子表現に Shared BDD を用いた GA をロボット巡航モデルに適用して、有効性を示した。

参考文献

- [1] 星野 力: 人工生命の夢と悩み, 裳華房, 1994
- [2] T.Takashina, K.Yoriki, S.Watanabe: Strategical Diversity and Self Adaptive Behavior in Quasi-Ecosystem, 並列人工知能研究会 (第 6 回), SIG-PPAI-9403, 1995.
- [3] 森脇, 犬塚, 山田, 世木, 伊藤: 進化的マルチエージェントによる生態系シミュレーション, 人工知能基礎論研究会 (第 28 回), SIG-FAI-9603, 1997.
- [4] M.Ueda, M.Yamada, N.Inuzuka, H.Seki, H.Itoh: An Experiment and Evaluation of Formation Control for Multi-Robot based on Subsumption Architecture, 3rd Australian Workshop on Distributed AI, pp.145-156, 1997