

ハンドボール競技におけるフリーシュートシーンでのプレーパターンの抽出と分類に関する研究

樋田 明史† 相場 亮†

芝浦工業大学† 芝浦工業大学†

1. 本研究について

今日、スポーツにおいてデータ分析が盛んに行われており、大量の試合データが収集され、知識と経験に基づいた、人手による解釈と分析が行われている。バレーボールや野球では、データ分析による戦術構築が大きな成果を上げているが、ハンドボール競技においてはそのようなデータ分析はほとんど行われていない。

現在、多くの競技におけるデータ分析は①人間もしくは録画装置でデータを収集し、②人間がプレーパターンを抽出、パターンごとの分類を行い、③各プレーパターンに対する解釈を人間が行い、④人間が戦術を立案し、⑤試合に適用する、という手順で行われている。将来的には現在多くの競技で行われているデータ分析の各処理は自動化されてゆくと考えられる。

本研究ではその第一段階として、ハンドボール競技において試合状況をより正確に把握し戦術立案および変更の際に有効な情報を得ることを目的として、試合中のプレーを撮影した動画を用いてプレーのデータ分析を行う。そのため、図1、図2に示すようなセットオフenseにおけるフリーシュートシーンを対象に人手により抽出したプレーパターンを文字列として表現し、動的計画法を適用し、抽出されたプレーパターンから特徴あるプレーシーケンスの検出を試みる。

ここで、セットオフenseとは完全な守備陣形を敷いた相手を切り崩す組織攻撃を指す。また、フリーシュートとはフリースローライン内における、守備選手による接触がない状態でのシュートを指す。

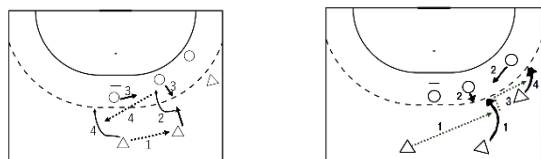


図1.プレーパターン例1 図2.プレーパターン例2
(△…攻撃 ○…守備 実線…移動動作 点線…パス 半円状の点線…フリースローライン)

2. 関連研究

清水ら[1]はハンドボール競技における基本プレーを整理しており、プレーパターン表記の一例を示している。また八尾[2]はハンドボールを対象にコート分割という抽出観点を提案している。

* Classification and Extraction of Play Pattern in Free Shoot Scene in Handball

† Akifumi Hida · Shibaura Institute of Technology

‡ Akira Aiba · Shibaura Institute of Technology

3. 予備実験

プレーパターン抽出方法の決定を目的として予備実験を行った。分析対象として本学体育会ハンドボール部による試合の動画(60分×1試合)を用い、動画内のシュートパターン(SP)に対し、仮設定した抽出観点と表記方法に基づき人手により抽出した。

抽出観点にはプレーパターン(PP)とコートエリア(CA)を用いた。PPは先行研究[1]を参考に作成し(表1)、CAは先行研究[2]を参考に作成した(図3)。また、表記方法にはPPとCAの組合せを生起順に表記する方法を用いた(表2)。

PP	プレー内容
1	クロス
2	カウンター
3	ウォール
4	ホールド
5	リバース
6	スルー
7	パラレル
8	ユーゴ
9	ポスト合わせ
10	サイド切り

表1.プレーパターン分類表

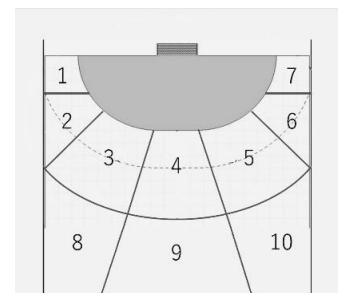


図3.コートエリア分割1

予備実験の結果、表2に示すようなプレーのシーケンスパターンが見られ、シーケンスパターンによる分類の可能性を感じたため、この方法で本実験を行うことにした。

	(PP,CA)	(PP,CA)	(PP,CA)	(PP,CA)
SP1	(5,3)	(1,5)	(6,3)	(4,5)
SP2	(6,3)	(5,5)	(4,5)	

表2.予備実験結果

4. 実験1

プレーパターンの適切な分類を目的として実験1を行った。分析対象として本学体育会ハンドボール部による試合の動画(60分×16試合)を用い、予備実験で決定したプレーパターン抽出方法に従い、各試合ずつ、プレーパターンを抽出した。

抽出されたPPとCAの各組合せをそれぞれ一文字に置き換え、各SPを文字列に変換した。これに対しDNA配列アラインメント(図4)で使用されている動的計画法を改良したのを用い、プレーパターン間の特徴検出を行った。検出された特徴別にプレーパターンを分類したのに対し、

ハンドボール専門家としての本学体育会ハンドボール部監督からの評価を得た。

DNA 配列アラインメントとは、2つの DNA 配列に対し、同一あるいは類似性質の配列が同じ列に並ぶようギャップを挿入して DNA 配列間の関係性を得る手法である [3]。

DNA 配列 1 = GGTGAGG GTATCAT - CCATCTGAC
 DNA 配列 2 = GGT CAGGA TATGAT CCATCACAC
 (□...一致箇所, -...ギャップ)

図 4. DNA 配列アラインメント (動的計画法による)

以下表 3 のようにプレーシーケンスの特徴を設定し、特徴別にプレーパターンの分類を試みた。

- 特徴1. 各試合で見られた全 PP
- 特徴2. 2つ以上連続して共通のプレー。
- 特徴3. 共通したプレー間の任意のプレーパターンが 2つ以下

特徴 1	特徴 2	特徴 3
(7,4),(8,3),(4,3)	-(8,5)(7,4), (6,4)(1,3)-	-(1,4)-(7,3), (1,4)--(7,3)

表 3: 実験 1 で得た、特徴あるプレーシーケンス (-は任意の 1 プレーパターン、(数値,数値)は PP と CA の組合せを表す)

実験 1 の結果、特徴 1 の出現回数に対し特徴 2、特徴 3 の出現回数が極端に少なく、プレーシーケンス間の特徴による分類が困難であった。その原因は左右対称なプレーを分類していること、およびコートエリア分割が不適切であることだと考えた。また、この結果を受け、本学体育会ハンドボール部監督から以下の疑問点に対する回答を得た。

- ① セットオフenseでの攻撃戦術を立案する際、どのような情報を用いるか---相手の守備陣形の崩れ方、その守備陣形に有効な攻撃の過程
- ② 有効な攻撃の過程を抽出するために必要な情報は何か---PP と PA とフルバックプレーヤー
- ③ 作成した PA 分割は適切か---両端の 2つはまとめてよい
- ④ 作成した PP 分類は適切か---適切
- ⑤ 配列アラインメントによる特徴抽出においてギャップ部分をフリーのプレーとしたが、そのような情報であっても有効か---改良されればなおよいが必須ではない
- ⑥ 改善点は何か---左右対称プレーをまとめて扱うこと、コート分割を改良すること
- ⑦ 示された情報は有効か---実戦において有効、改良すればなお有効

これらの結果をふまえ、項目③、⑥に注目し実験 2 を行った。

実験 2

新たに作成したコートエリア分割 2 (図 5) を用い、プレーパターンが同じであり、かつそのプレーの行われたコートエリアが左右対称の位置にあるプレーを同じ文字に置き換えて文字列表現し、実験 1 と同様に実験を行った。

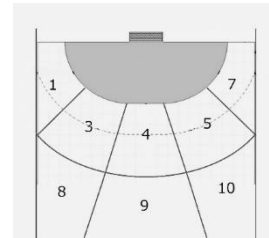


図 4: コートエリア分割 2

実験 2 の結果、実験 1 に比べ、特徴 2、特徴 3 の出現数が増え、分類が可能になった。この結果に対し、以下のような監督からの評価を得た。

左右対称なプレーをまとめて分類した情報は、有効な PP の組み合わせ情報として有効である。また、有効だと検出されたプレーパターンの情報を得ることで、戦術立案の際にプレーパターンの使用順をより容易に決定することができる。全体として、実験 1 による分析情報に比べ、より実戦で有効な分析情報になった。

5. 結論

特定の選手レベルにおいて、自動化を前提とした、セットオフenseにおける有効なプレーを抽出し、特徴により適切に分類することができた。

しかし、本研究で分析に用いた PP は、上級のレベルの試合において見られる積極的な守備陣形に対しておそらく通用しないであろう。今後、そのような守備陣形に対する攻撃パターンの抽出と分類を行う必要がある。

参考文献

- [1] 清水 宣雄, 東 俊介, 「ハンドボールにおける基本プレイ・アルゴリズム構築に関する研究: 攻撃方向の切替方法におけるパーツ・プレイの構築」ハンドボールリサーチ, 2012, Vol.1, p.9-16.
- [2] 八尾 泰寛, 「ハンドボール競技のゲーム分析ー速攻における局面に着目してー」, 東京女子体育大学・東京女子体育短期大学紀要, 2013, No.48, p.81-85.
- [3] Neil C. Jones, Pavel A. Pevzner 著, 渋谷 哲朗, 坂内英夫 訳「バイオインフォマティクスのためのアルゴリズム入門」共立出版, 2007.
- [4] Paul Reinert 編. "動的計画法と配列アラインメント" IBM developerWorks <http://www.ibm.com/developerworks/jp/java/library/j-seq-align/index.html>, 2017 年 11 月 08 日参照.