

遺伝的アルゴリズムに基づく複合人物動作の生成 Generating Complex Motion based on Genetic Algorithm

田中 彰人[†] 益子 宗[†] 星野 准一[‡]
Akihito TANAKA[†] Soh MASUKO Junichi HOSHINO[‡]

[†]筑波大学 第三学群 工学システム学類

[†]College of Engineering Systems, University of Tsukuba

[†]筑波大学大学院 システム情報工学研究科

[†]System & Information Engineering, University of Tsukuba

[‡]筑波大学 機能工学系

[‡]University of Tsukuba

Abstract: This paper presents method for generating various complex motions reconstructing some existing motion data. traditional methods deal with a motion data as single motion element. Our method can generate various motions by dividing motion clips into some motion elements, and synthesizing these elements. Moreover, our method can generate more various motions by searching motion network with genetic algorithm.

1. はじめに

近年、映画やゲームといったマルチメディアにおいて、CG キャラクタを利用したコンテンツが多く見られるようになってきた。それらのCG キャラクタの動作はモーションキャプチャや手作業によりつけられている場合が多く、どちらも非常に手間のかかる作業である。しかし、そこで作られたモーションデータはキャラクタ特有の動作であったり、モーションの長さを変更することが困難であったりするため、再利用することは困難である。

そのような問題の解決法として、既存のモーションデータ(サンプルモーション)を分割し、合成することにより、新しい一連の動作を生成する手法が提案されている[1,2]。

[1]では、各サンプルモーション同士の姿勢の類似性などをフレーム毎で求め、フレーム間の遷移グラフを作成することによりサンプルモーションの質を損なうことなくユーザーが指定した歩行経路に沿った歩行動作を生成している。[2]では[1]と同様に遷移グラフを作り、ユーザーがインタラクティブに経路やモーションの種類などを指定することができる。しかし、それらは、

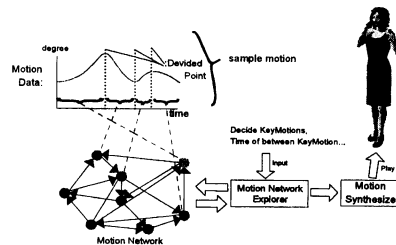


図 1. システム概要

上半身、下半身などの動作を同一のモーションデータから作成するため、いくつかのサンプルモーションを連結した動作になりやすく、バリエーションに富んだ新たな動作を生成することが難しい。

そこで、本システムではあらかじめ分割したサンプルモーション(モーションクリップ)の中から、ユーザーがいくつかのキーモーションを選択し、キーモーション間の動作をシステム側で補完することにより、自動的に一連のモーションを生成する。このとき、ユーザーが生成された動作を好みにより取舍選択できるような複数の動作案を提示する。さらに、下半身、上半身の動作を同一のモーションクリップからではなく異なるモーションクリップから構築することによりバリエーションに富んだ新たなモーションを生成する。

また、指定されたキーモーション間を補完するために、モーションクリップ同士の遷移可能性を表したネットワーク(モーションネットワーク)を構築し、ネ

田中 彰人 筑波大学 第三学群 工学システム学類
〒305-8577 茨城県つくば市天王台 1-1-1
E-mail: aki@graphic.esys.tsukuba.ac.jp

ネットワーク内のキーモーション間の経路を探索することで一連の動作を生成する。

ネットワークの探索方法として、Dijkstra 法や、Dual Dijkstra 法を用いた複数経路探索法[3]などが挙げられるが、いずれも最短経路を求めているものであり、その途中経路に関しては最適解のみ選択可能なためバリエーションは決して多くないため、本稿では遺伝的アルゴリズム(GA)を用いてキーモーション間の経路を求める。これにより、探索空間が広いことから多様な解の生成が期待でき、また解の条件に対する適合度を測る評価関数を柔軟に設定することが可能となる。

最後に、本稿では複合動作の例として歌唱動作を取り上げ、実験を行い本手法の有効性を示す。

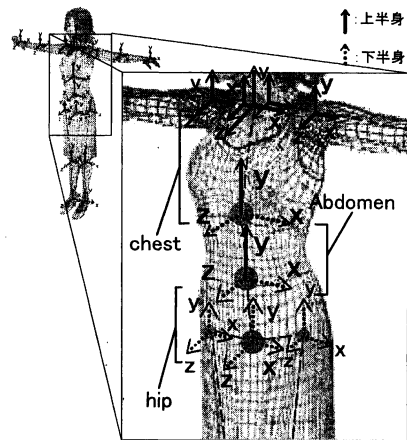


図 2. 上半身と下半身の分割

2. システムの概要

図 1 に本システムの概要を示す。本システムは大まかに分けて

- ・ モーションデータネットワークの構築
- ・ ネットワーク探索
- ・ モーション合成

の 3 つから構成されている。

まずネットワークを構成する前にキャプチャにより得たモーションデータを分割する。例えば、一つのジェスチャ単位等で分割する。

分割されたモーションデータは、それぞれネットワークを構成するノードが保持するモーションデータとなり、各モーションデータ間の姿勢の差、関節角の角速度を基にネットワークのノード間のコストを決定する。このモーションネットワークを用いて一連の動作は生成される。

次に、ユーザーがネットワーク中のモーションクリップの中からキーモーションを設定し、キーモーション間の時間を設定することでモーションネットワークから未決定部分を補完するモーションを生成する。

3. 複合動作

3. 1. 上半身と下半身の分割

本手法では、バリエーションに富んだ新たなモーションを生成するために、上半身と下半身の 2 つの要素について動作を生成する。そのためにモーションデータを二つの要素に分割する必要がある。

歩行動作などの脚の動きに応じて腰骨は様々な向きに傾く。この腰の傾きに伴う上半身のおれを、胴体を曲げることによって補正している。このことから、図

2 のモデル上において、腰の傾きと腹・胸の角度には相関あると言え、腰を境に分割して適当に繋げただけでは上半身がふらついてしまう。そこで、遺伝的アルゴリズムを用いる際の評価値として上半身と下半身の関係を考慮することが考えられるが、元の上半身と下半身の組み合わせ以外ではある程度適合度が良いものでも上半身がふらついてしまう可能性がある。

また、腰の傾きと腹・胸の角度に相関があると述べたが、モーションキャプチャにより得たモーションデータを見ると、腰の x, z 軸に対する傾きの変化を打ち消すように腹・胸を曲げているのがわかる。よって、腰の x, z 軸に対する傾きと腹・胸の x, z 軸に対する回転は強い相関を持っているといえる。

そこで、モーションデータを図 2 のように腹部・胸部の x, z 軸方向の関節角と腰以下の関節角を下半身のモーションデータ、腹部・胸部の y 軸方向の関節角と首、頭、両肩から手先までを上半身のモーションデータとして分割する。これによって、腰の姿勢と腹・胸部の姿勢のズレによって不自然な姿勢が生じてしまうのを防ぐ。

4. モーションネットワーク

本システムでは、ユーザーが指定したキーモーション間の動作を自動的に補完するために、サンプルモーションを分割して得られるモーションクリップをノードとしたネットワークを用いる (図 3)。各ノードは、ノードを識別するために割り振られる Node Number、ノードが持つモーションクリップを表す Motion Data、

モーションの長さを表す Motion Length の3つの情報を持っている (図 4)。また、各ノード間のコストは、各モーションクリップ間の姿勢の差、関節角の角速度を用いた次式により決定される。

$$C_{mn} = \alpha f_{mnp} + \beta f_{mnv}$$

$$f_{mnp} = \frac{\sum_{i=1}^J w_i (\theta_{ni} - \theta_{mi})^2}{m}$$

$$f_{mnv} = \frac{\sum_{i=1}^J w_i (v_{ni} - v_{mi})^2}{J}$$

C_{mn} : モーション M_m とモーション M_n 間のコスト

f_{mnp} : モーション M_m の末尾フレームと

モーション M_n の先頭フレームの姿勢の差

f_{mnv} : モーション M_m の末尾とモーション M_n の

先頭の動作速度の差

θ_{mi} : モーション M_m の関節角 i の値

v_{mi} : モーション M_m の関節角 i の角速度

J : モーションデータに含まれる関節数

w_i : 関節 i の重み変数

α, β : 姿勢差, 速度差に関する重み係数

ただし、モーション間の姿勢の差が大きい場合、動作間が滑らかになるようにモーションデータを補正してつなげると元の動作が持つニュアンスが消えてしまう可能性がある。遷移可能ノードとしての基準値 d を定め基準値以上のコストがかかるノード間は遷移不可能とする。

5. 遺伝的アルゴリズム(GA)

本手法で用いる GA[4,5]とは生物進化の原理を模倣したアルゴリズムであり確率的探索手法の一つである。GA を用いるメリットとして、解の評価関数を柔軟に設定することが出来るということが挙げられる。そのため、モーションを生成する際の探索条件を目的に応じて、容易に追加することが出来る。また、広範囲に渡る探索が可能のため、複数の解候補を得ることが可能である。

5. 1. コーディング

GA を用いて、モーションネットワーク中のキーモーション間の経路を探索するために、探索経路を染色体の形で表現する必要がある。本稿では GA における染色体が持つ遺伝子の数は可変長であるとし、それぞれの遺伝子はノードを表し、遺伝子座はノードの遷移順を表すものとする。つまり図 4 で示されている例の場合、遺伝子座 1 に遺伝子 3 が配置され、ノード 3 が

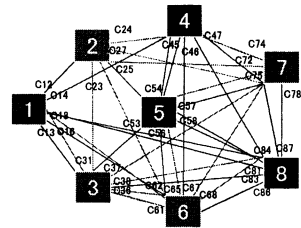


図 3. モーションネットワーク

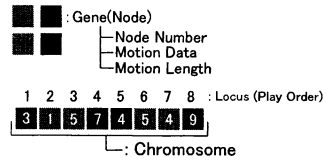


図 4. コーディング

持つモーションデータが 1 番目に再生されるということである。よってこの例では、ノード 3, 1, 5, 7, 4, 5, 4, 9 の順番でモーションデータが再生されることを表している。

5. 1. 1. 複合動作のコーディング

複合動作を図 5 のような複数のレイヤを持つ遺伝子として表現する。各動作要素 (上半身, 下半身, 表情等) はレイヤとして表されており、生成する動作のベースとなる動作要素を基準レイヤとする。この基準レイヤはオペレータを適用する際に他のレイヤが表す動作との整合性をとるための基準のレイヤである。

5. 2. 初期個体群の生成

初期個体群は GA により最終的に導き出された解の適合度を左右する要素の一つである。多くの場合、広い探索空間を得るためにランダムに遺伝子を選択し並べることによって初期個体を生成する。しかし本手法の場合、遺伝子座がノードの遷移順を表しているためランダムに選択されたノードを並べただけでは、初期個体がネットワークをたどることができず、解として成立しない致死遺伝子となってしまう。よってネットワークでのノードの遷移を考慮した初期個体群を生成する必要がある。そこで、本研究では次のような方法で初期個体群を生成する。

- 1) モーションネットワーク中のキーモーションに設定した 2 つのノードを始点ノード, 終点ノードとし, 始点ノードから遷移可能なノードをランダムに選択する
- 2) 1) で選択されたノードから遷移可能なノード

をランダムに選択する。

- 3) 2)を終点ノードに達するまで繰り返す。
- 4) 始点ノードと終点ノードまでの経路を初期個体の候補として生成する。

ただし、初期個体として成立する条件として個体の持つノード数 n が

$$\frac{\text{filledTime} = \text{TargetTime} - (\text{headTime} + \text{tailTime})}{\text{MaxTime}(\text{SelectableNode})} + 2 < n$$

$$n < \frac{\text{filledTime}}{\text{MinTime}(\text{AllNode})} + 2$$

TargetTime : キーモーション間の目標時間

filledTime : キーモーションの時間を除いた

補完すべき時間

SelectableNode : filledTime に収まる時間を持つノード

AllNode : すべてのノード

n : ノード数

を満たすものとし、初期個体候補が総個体数に達した時点で初期個体群の生成を終了する。

5. 3. 適合度

一連の動作列を生成するための適合度の基準として、以下のようなものが考えられる。

- 1) 目標時間とのずれ
- 2) モーション間の姿勢、関節角の角速度の差(ノード間のコスト)

また、複合動作を生成する場合、自然な動作に見えるような解へ収束させるために、上半身や下半身といった各動作要素間の関係を適合度の一つとして考慮する必要がある。

そこで、毎フレームにおける、上半身と下半身が分割する前に保持していた胴体部の関節角と、合成によって得た胴体部の関節角の差を求める。この差によって、上半身と下半身のモーションクリップを合成した際の姿勢の自然さを評価する。

以上に関する適合度を、次式を用いて求める。

$$f_{1a} = (T - \sum_{j=1}^n t_j)^2$$

$$f_{2a} = \frac{\sum_{j=1}^{n-1} C_{jj+1}}{n-1}$$

$$f_{3Abdo} = \frac{\sum_{i=1}^K \{(\theta'_{uAx_i} - \theta_{lAx_i})^2 + (\theta'_{uAy_i} - \theta_{lAy_i})^2 + (\theta'_{uAz_i} - \theta_{lAz_i})^2\}}{K}$$

$$f_{3Chest} = \frac{\sum_{i=1}^K \{(\theta'_{uCx_i} - \theta_{lCx_i})^2 + (\theta'_{uCy_i} - \theta_{lCy_i})^2 + (\theta'_{uCz_i} - \theta_{lCz_i})^2\}}{K}$$

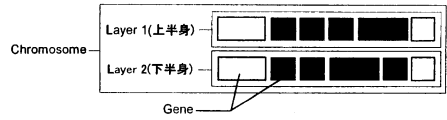


図 5. 複合動作のコーディング

$$f_{3a} = f_{3Abdo} + f_{3Chest}$$

$$F = \alpha f_{1a} + \beta f_{2a} + \delta f_{3a}$$

f_{1a} : 染色体 a における条件 (1) についての評価値

f_{2a} : 染色体 a における条件 (2) についての評価値

f_{3a} : 染色体 a における上半身と下半身の姿勢の自然さについての評価値

α, β, δ : 適合度係数

T : 目標時間

t_j : 遺伝子座 j の遺伝子が表すモーションの再生時間

C_{jj+1} : 遺伝子座 $j, j+1$ の遺伝子間のコスト (姿勢、関節角の角速度の差)

n : 染色体 a を構成する遺伝子の個数

f_{3Abdo} : 腹部の下半身と上半身が元々持っていたモーションデータとの差

f_{3Chest} : 胸部の下半身と上半身が元々持っていたモーションデータとの差

θ_{epai} : 動作要素 e のパーツ p のフレーム i における a 軸に対する回転角

θ'_{epai} : 動作要素 e のパーツ p が分割前に保持していたフレーム i における a 軸に対する回転角

(u, l は上半身, 下半身, A, C は腹部, 胸部 x, y, z は x 軸, y 軸, z 軸を表す.)

K : 染色体が表すモーション列の総フレーム数

ただし、適合度係数は、求める解に対する条件の重要度に応じて設定する。本稿では、条件(2)を最重要条件として設定した。

5. 4. 再生数の決定

再生数の決定法としてはルーレット方式が一般的であるが、ネットワーク探索の場合、条件によっては大量の個体を用意するのは困難であり、ルーレット方式を用いると乱数の揺らぎによっては適合度による期待値がルーレットにより決定された結果にうまく反映されない可能性が高い[5]。

また、適合度による再生数の期待値を再生数へ反映させる期待値選択という方法もあるが、本研究で GA を用いて解く問題は適合度の最小化問題であるためこの手法を用いる際には適合度の逆数を取らねばならず、その結果期待値の異常に高い個体が現れてしまう可能

性があるため[5]、本研究で用いるには適切ではない。

そこで、本研究ではランキング選択[6]を用いて再生数を決定する。ランキング選択とは適合度順に予め再生する個体数を決定しておく方法であり、この方法を用いることによりバランスよく再生を行うことができる。

5. 6. 交叉

GAにおいて交叉の方法は、アルゴリズムの性能を大きく左右する要素のひとつである。

従来研究での方法として一点交叉、マスク法など問題に応じて様々な方法がとられてきたが、本研究において交叉を行う際に考慮しなければならない点がいいくつかある。

まず、染色体によって表現されている解が実行可能解であることである。マスク法などの断片的に遺伝子を入れ換える方法では、ネットワークにおける経路の連続性を破壊してしまう可能性が高く致死遺伝子が出現する可能性がある。また、一点交叉では端側の遺伝子が変化しにくいという問題が発生する。そこで、本稿では巡回セールスマン問題をGAによって解く際に用いられ、親の形質をうまく受け継ぐことができるサブツアー交換交叉[7]を参考にして本稿で扱う問題に適した方法に直して使用した。本手法では次のような手順を用いて、図6のような交叉を行う。

- 1) 交差ペアをランダムに選択する。選択された染色体をそれぞれ染色体A, 染色体Bとする。染色体A, Bの遺伝子座を先頭から $A_1, A_2, \dots, A_n, B_1, B_2, \dots, B_n$ とする。
- 2) 染色体Aの遺伝子座 A_1 から各遺伝子の表すノードから遷移可能なノードと同一のノードを表す遺伝子を染色体Bの B_2 から順に探す。遺伝子座 A_i の遺伝子から遷移可能なノードと一致する遺伝子が遺伝子座 B_j にあり、遺伝子座 B_{j-1} の遺伝子から遷移可能なノードと遺伝子座 A_{i+1} の遺伝子が一致したとき、 $A_i A_{i+1}$ 間と $B_{j-1} B_j$ 間を第1交叉点の候補の一つとし、これを B_{n-2} に達するまで繰り返す。
- 3) 2)を遺伝子座 A_{n-2} まで繰り返す。
- 4) 染色体Aの遺伝子座 A_2 から各遺伝子に遷移可能なノードと一致する遺伝子を染色体Bの B_3 から順に探す。遺伝子座 A_i の遺伝子へ遷移可能なノードと一致する遺伝子が遺伝子座 B_j にあり、遺伝子座 B_{j-1} の遺伝子へ遷移可能なノードと遺伝子座 A_{i-1} の遺伝子が一致したとき、 $A_{i-1} A_i$ 間と $B_{j-1} B_j$ 間を第2交叉点の候補の一つとし、これを B_{m-1} に達するまで繰り返す。
- 5) 4)を遺伝子座 A_{n-1} まで繰り返す。

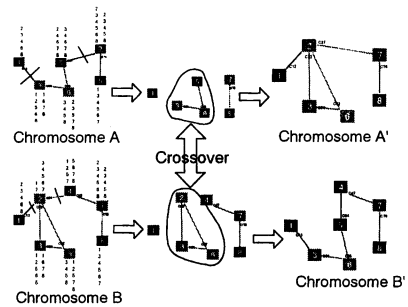


図 6. 交叉

- 6) 2), 5)で作った第1, 第2交叉点候補をランダムに選択する。
- 7) ランダムに選択された交叉点が
第1交叉点 < 第2交叉点
なら、これらは交叉点として成立する。
第1交叉点 \geq 第2交叉点
なら、これらは交叉点として成立せず6.で選択しなおす。
- 8) 決定された交叉点で染色体を三分割する。
- 9) 三分割された遺伝子のうち、真ん中の遺伝子列を染色体Aと染色体Bで入れ換え交叉を終了する。

単一レイヤの遺伝子ならばノードの取捨選択とノードの並びだけを考える一次元的な条件（これを横軸的条件とする）を考慮した交叉を行えばよいが、複数のレイヤを持つ遺伝子に対する交叉を考えると横軸的条件の他にレイヤ間に関する条件（これを縦軸的条件とする）も考えなければならない。そのため、この交叉法をそのまま適用しただけでは、縦軸的条件に関しては適合度が破壊されていき適した解が得られない可能性がある。そこで、交叉の際に交叉した染色体をそのまま残すのではなく、親となる2つの染色体と、交叉によって生まれた2つの染色体の4つの染色体の中から適合度の高いもの2つを残していく事によって交叉による縦軸的条件の適合度の破壊を防ぐ。

5. 7. 終了判定条件

本手法では、ある程度適合度の高い解を複数求めるための終了判定条件として、有効適合度 F_v を超える適合度 F を持つ個体が M 個以上現れることを終了条件とする。しかし、実際にはモーションネットワーク中に条件を満たすキーモーション間をつなぐ解が M 個以下の場合も考えられる。そこで、探索回数の限度を設定し、設定回数以上世代交代を繰り返した場合、基準値 M を下げていくことで世代交代を無限回繰り返してし

まう恐れを回避した $M=0$ となってしまった場合、解は存在しないものとして探索失敗となる。

6. 実験

本稿で述べた手法の有効性を実証するために実験を行った。本稿では本手法を用いて歌唱動作を生成した。

サンプルモーションは、曲のリズムに合わせて分割し、キーモーションとして歌詞から推測されるジェスチャの動作を指定した。歌詞から推測されるジェスチャの動作とは「気持ち」という歌詞を歌っているときに胸に手を当てたり、「あなた」という歌詞では前方を指差したりする動作のことである。

実際に得られたモーションが図8である。図8の下方に描かれているものは上方のシンガーの動きを表すノードでありモーションクリップである。上層の列が上半身の動作列、下層の列が下半身の動作列、白い遺伝子はキーモーション、塗りつぶされた遺伝子は補完された動作を表している。図8を見ると下半身と上半身にそれぞれ別のモーションが割り当てられているのわかる。下半身の腰の動作によって上半身が不自然に揺れてしまうこともなく合成された。また、図9は図8と同じキーモーションと補完時間を指定して生成された動作列を表している。下半身と上半身を分割し、GAを用いたことにより多様な動作列を得ることができた。

7. まとめ

本稿では、既存のモーションデータから多様な複合動作を生成するために、GAを用いた動作生成方法を提案した。また、複合動作として歌唱動作を取り上げ、多様な動作を生成することが可能であることを示した。

本手法は、上半身と下半身の二つの動作要素にしか

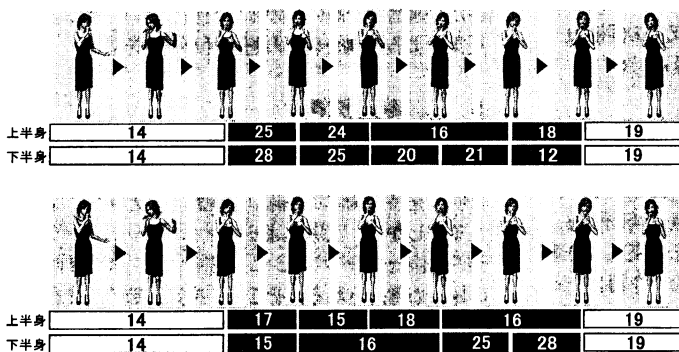


図 8. 複合動作生成結果

適用できていないため、今後の課題として、動作要素の細分化や、探索の際のユーザーによる条件設定の高度化が考えられる。

参考文献

- [1] Lucas Kovar, Michael Gleicher, Frederic Pighin, "Motion Graphs", ACM SIGGRAPH 2002, pp.473-482
- [2] Okan Arikan, D.A. Forsyth, "Interactive Motion Generation from Examples", ACM SIGGRAPH 2002, pp.483-490
- [3] 藤田悠介, 中村仁彦, Zvi Shiller: "トポロジの異なる経路を計算するデュアルダイクストラ法", 第20回日本ロボット学会学術講演会, pp.1D22. 2002
- [4] メラニー・ミッチェル著/伊庭斉志 監訳: "情報科学セミナー 遺伝的アルゴリズムの方法", 東京電機大学出版局, pp.187-215, 1997
- [5] 坂和正敏 田中雅博 著 日本ファジイ学会編: "ソフトコンピューティングシリーズ1 遺伝的アルゴリズム", 朝倉書店, pp.13-30, 1995
- [6] James E. Baker. Reducing bias and inefficiency in the selection algorithm. In John J. Grefenstette, editor, Genetic Algorithms and Their Applications: Proceedings of the Second International Conference on Genetic Algorithms, pp. 14-21, Hillsdale, NJ, July 1987. Lawrence Erlbaum Associates, Publishers
- [7] 山村雅幸, 小林重信, 小野 功: 形質遺伝を重視した遺伝的アルゴリズムに基づく巡回セールスマン問題の解法, 人工知能学会誌, Vol. 7, No6, pp.1049-1059 (1992)

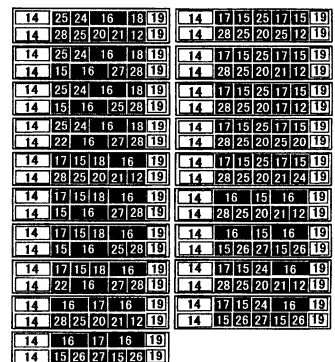


図 9. 生成された動作候補