

2018年2月期 AITCセミナー&オープンラボ 遺伝的アルゴリズム (GA) について

2018年02月24日

先端IT活用推進コンソーシアム

クラウド・テクノロジー活用部会 リーダー

アドソル日進株式会社 荒本道隆

遺伝的アルゴリズムとは

遺伝的アルゴリズムはデータ(解の候補)を遺伝子で表現した「個体」を複数用意し、適応度の高い個体を優先的に選択して交叉(組み換え)・突然変異などの操作を繰り返しながら解を探索する。適応度は適応度関数によって与えられる。

この手法の利点は、評価関数の可微分性や単峰性などの知識がない場合であっても適用可能なことである。必要とされる条件は評価関数の全順序性と、探索空間が位相(トポロジー)を持っていることである。

また、遺伝子の表現の仕方によっては組合せ最適化問題やNP困難な問題などのさまざまな問題に適用可能である。

ウィキペディアより

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm) を始めよう!

2014年11月17日
先端IT活用推進コンソーシアム
クラウド・テクノロジー活用部会
勉強会資料
岡村 和英 (株式会社テクリエ)

Copyright © 2014 Advanced IT Consortium to Evaluate, Apply and Drive All Rights Reserved.

<https://www.slideshare.net/kzokm/genetic-algorithm-41617242>

- やりたかったこと
 - 話者識別：音声ファイルを人ごとに分類したい
- 準備した音声データ
 - 人数：6人 × 読み上げるテキスト：25文 = 150ファイル
 - 完成したモデルを使って、さらに4人分のファイルを分類
<http://www.it.ice.uec.ac.jp/SRV-DB/>
- まず、やってみたこと
 - OpenSMILE を用いて特徴量抽出
 - → 384個の特徴量が出力された
 - 全特徴量を使ってSVM(サポートベクターマシン)で分類
 - 正解率が **56%**
- 使用する特徴量を厳選すれば、精度が上がるはず



出力された特徴量

特徴量をたくさん出す

- 抽出結果: 384次元

name	pcm_RMSenergy_s ma_max	pcm_RMSenergy_s ma_min	pcm_RMSenergy_s ma_range	pcm_RMSenergy_s ma_maxPos	pcm_RMSenergy_s ma_minPos	pcm_RMSenergy_s ma_amean	pcm_RMSenergy_s ma_linregc1	pcm_RMSenergy_s ma_linregc2
'ATR_AM00_0800_00.wav'	2.38E-02	2.91E-05	2.38E-02	140	8	4.73E-03	-9.03E-06	
'ATR_AM00_0800_01.wav'	2.08E-02	2.99E-05	2.08E-02	54	314	4.91E-03	-1.09E-05	
'ATR_AM00_0800_02.wav'	1.57E-02	3.07E-05	1.57E-02	83	4	4.24E-03		
'ATR_AM00_0800_03.wav'	1.59E-02	0	1.59E-02	251	0	3.86E-03		
'ATR_AM00_0800_04.wav'	1.49E-02	3.33E-05	1.49E-02	300	452	4.04E-03		
'ATR_AM00_0800_05.wav'	1.35E-02	2.94E-05	1.35E-02	144	2	3.76E-03		
'ATR_AM00_0800_06.wav'	1.40E-02	2.62E-05	1.40E-02	466	7	4.00E-03		
'ATR_AM00_0800_07.wav'	1.00E-02	2.34E-05	1.00E-02	92	4	3.41E-03		
'ATR_AM00_0800_08.wav'	2.82E-02	2.99E-05	2.81E-02	332	254	4.46E-03		
'ATR_AM00_0800_09.wav'	2.87E-02	2.86E-05	2.87E-02	56	9	4.74E-03		
'ATR_AM00_0800_10.wav'	1.45E-02	2.56E-05	1.45E-02	244	10	4.60E-03		
'ATR_AM00_0800_11.wav'	2.08E-02	2.53E-05	2.08E-02	85	505	4.35E-03		
'ATR_AM00_0800_12.wav'	1.76E-02	2.55E-05	1.75E-02	34	492	3.93E-03		

Copyright © 2017 Advanced IT Consortium to Evaluate, Apply and Drive All Rights Reserved.

特徴量をたくさん出す

接頭	説明	接尾	説明
pcm_fftMag_mfcc_sma.[N]	MFCC[N]次元目	max, min	最大値,最小値
pcm_RMSenergy_sma	パワー	amean	平均
pcm_zcr_sma	波形のゼロ交差率	maxPos, minPos	最大値, 最小値のある位置
F0_sma	基本周波数	range	値の範囲 (最大値と最小値の幅)
voice_Prob_sma	声である確率	linregc1, linregc2, linregerrQ	線形近似の勾配度, オフセット, 二乗誤差
		stddev	標準偏差
		skewness	歪度
		kurtosis	尖度
中間	説明		
[無し]	通常		
de_	時間微分値		

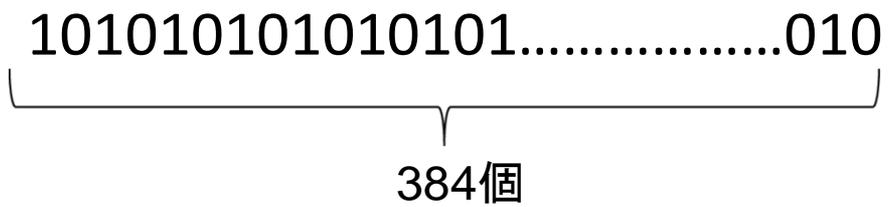
MFCC:音声の周波数軸での概形を表現する特徴量

384次元

Copyright © 2017 Advanced IT Consortium to Evaluate, Apply and Drive All Rights Reserved.

384個の特徴量から選択

- 各特徴量を「1:使用する、0:使用しない」で表現



- 全組み合わせパターン数

ちなみに、
 無量大数 = 1E+68

- $2^{384} = 3.9402E+115$
- つまり、 $2^{384} = 3.9 \times \text{無量大数} \times \text{兆} \times \text{兆} \times \text{兆} \times 100\text{億}$
- 評価関数の実行を100億回/秒で実行できると仮定すると
 所要年数 = $3.9 \times \text{無量大数} \times \text{兆} \times \text{兆} \times \text{兆} / (86,400 * 365)$



- 無理すぎる、手動で取捨選択するための知見も無い
 → そうだ、**遺伝的アルゴリズム**を適用してみよう

特徴量選択: Step1

- 各特徴量を「1:使用する、0:使用しない」で表現
- 30個のランダムな個体を含む集団を作成



特徴量選択: Step2

- 各個体を使って評価関数の実行結果を取得する

- 評価関数

- 全音声ファイル(150)中、50%をトレーニング用、50%をテスト用
- トレーニング用でSVMのモデルを作成する
- 作成したモデルを使ってテスト用データで推論する
- 正解した件数を返す(最大値は75)

- 実行結果

11101001010101..... → 34

00111000011100..... → 28

00000000001101..... → 8

:

特徴量選択: Step3

- 次の世代を作成する
 - 上位5%の個体を選択し、交叉を行う
 - 20%で突然変異 (mutation) を適用する

11101001010101.....	→ 34	選択
00111000011100.....	→ 28	選択
00000000001101.....	→ 8	



- 次の世代 (二点交叉の例)

11101001011100.....	} 30個
00111001010100.....	
00010110101010..... ← 突然変異	

384個

特徴量選択: Step4

- Step2とStep3を繰り返す
 - Step2: 評価関数の実行
 - Step3: 世代交代
 - 一定の条件をクリアしたら、終了
 - 終了条件: 1,000回繰り返す
- 
- 正解率が 56% → 98% になった

特徴量選択: Step5

- さらに拡張
 - 「できるだけ少ない項目数」にしたい
 - 評価関数「正解件数」→「正解件数 - (0.001 * 項目数)」
→ 項目数が少ない方が、評価が高くなる
 - 特徴量が384次元 → **11次元**になった
- 詳しくは、2017/9/19 AITC成果発表会の資料を参照
http://aitc.jp/events/20170919-Seika/20170919_活動報告1_Cloud2_活動成果.pdf

OpenAI Gymへの適用

- CartPole & MountainCar
 - 200Stepの左右の移動
 - 右左左左右左.....
 - 1 0 0 0 1 0
- 
- 全組み合わせパターン数
 - $2^{200} = 1.606E+60 = 1.6$ 那由他
 - 遺伝的アルゴリズムで正解パターンを探してみる
-
- 注意事項
 - 初期値がランダムだと、同じ個体でも結果が変わる
 - 今回は初期値を固定とする

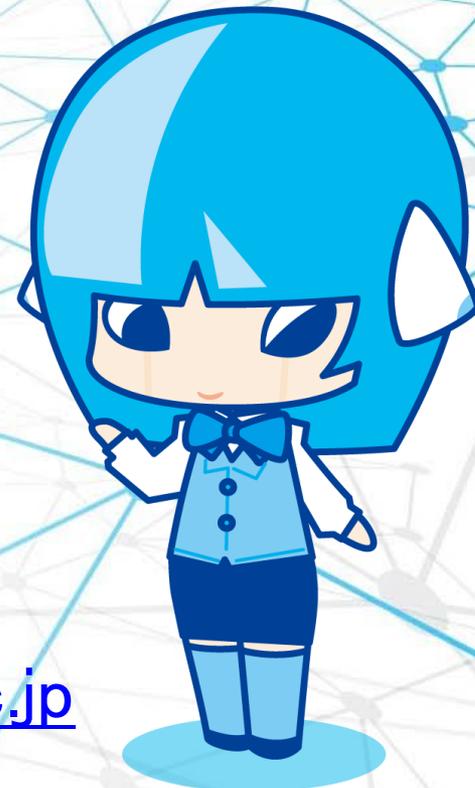
ハンズオンに続きます



<http://aitc.jp>



<https://www.facebook.com/aitc.jp>



ハルミン

AITC非公式イメージキャラクター