

なぜ人は外見から他者の性格を推定するのか — 距離的制約付遺伝的アルゴリズムによる検討 —

Why do people infer the personality of others from their appearance -A consideration based on distance-constrained genetic algorithm-

長原 令旺^{1*} 田足井 昇太¹ 阿部 将樹¹ 大森 隆司¹ 大澤 正彦¹
Reo Nagahara¹, Shota Tatarai¹, Masaki Abe¹, Takasi Omori¹, Masahiko Osawa¹

¹ 日本大学
¹ Nihon University

Abstract: なぜ人は外見で他者の性格を推定するのだろうか？本研究では、遺伝子を残すためのパートナー選択において、対象が近くにいる個体であるという制約が大きな要因と考えた。実験では行動選択に関する性格遺伝子と行動選択に関さない外見遺伝子の両方持つ個体群で繰り返し囚人のジレンマタスクを行い、新たに考案した距離的制約付遺伝的アルゴリズムによって最適化した。結果、外見遺伝子と性格遺伝子に相関が見られた。

1 はじめに

人はしばしば外見で他者の性格を推定することがある。このような判断は現代では勧められてはいないが、現実に我々は無意識のうちに目に見える情報から他者の性格を推定している。なお、本論文において性格とは心的状態/行動の起こりやすさと定義する。このように人を外見で判断してしまうバイアスはヒューリスティックの一種であり、非合理的で簡便な判断方法である。これまでもヒューリスティックは時として判断に誤りをもたらすことが示されてきている。それにも関わらず、ヒューリスティックは存在し、我々はそれを多くの場面で利用している。

一方で、エージェントが他者の性格を推定する方法として、他者モデルの研究 [1, 2, 3] が多く行われてきた。他者モデルとは、コミュニケーション相手である他者の心的状態や行動の予測/解釈モデルである [1]。エージェントが人の行動特性としての性格を推定することは、人とエージェントがインタラクションする上で欠かせないものである。しかし、インタラクション開始時にはその推定は難しく、十分な推定精度が得られるまでには時間がかかるという問題がある。この問題の解決は、エージェントが効率よく人とインタラクションを行うために重要である。筆者らは、複数の他者モデルを並行して保持し特定の性格ごとに分けて学習する典型他者モデルを提案し、典型他者モデルを適切に切り替えることによってインタラクション序盤でも他者に高速

に適応できる可能性を示唆している [4]。しかし、インタラクション開始直後はどの典型他者モデルに基づいて行動するかはランダムに選択されるため、インタラクション開始直後は不適切な行動をしてしまう可能性が高い。不適切な行動を避けるためには、インタラクション開始前に適切な典型他者モデルを選定する必要があるが、現在他者モデルが扱う課題においてインタラクションをしたことがない他者の性格をあらかじめ予測することは不可能な場合が多い。一方でこの問題を人は、インタラクションを開始する前に他者の外見や立場などから性格を推定することで緩和している可能性がある。しかしながら、もし外見から他者の性格を推定するヒューリスティックが有効だとすれば、外見と性格の間に何らかの相関関係があるからと言えるが、外見と性格の相関関係は自明なものとは言えない。

そこで本研究では、人が他者の性格推定に用いるヒューリスティックの起源に注目し、計算機シミュレーションで分析する。具体的には、行動に関連する性格遺伝子と行動に関さない外見遺伝子を持つ個体群を用意し、最適な行動が2種類に分かれるように点数設計をした繰り返し囚人のジレンマタスクを行った。さらに、一般的な遺伝的アルゴリズムと、新たに考案した距離的制約付遺伝的アルゴリズム (Distance Constrained Genetic Algorithm:DCGA) との間で傾向を比較する。

*連絡先：日本大学文理学部
〒156-8550 東京都世田谷区桜上水 3-25-40
E-mail: chre19060@g.nihon-u.ac.jp

2 背景

2.1 ヒューリスティック

ヒューリスティックとは自身の経験や先入観によって直観的に判断してしまう思考法で、必ずしも合理的な判断はできないものである。ヒューリスティックには代表性ヒューリスティック、利用可能性ヒューリスティック、係留と調整ヒューリスティックなどの良く知られた例 [5] がある。例えば、利用可能性ヒューリスティックとは思いつきやすさ、思い出しやすさで、発生頻度を判断する癖である。Lichtenstein らの研究ではアメリカ人がどのような理由で死亡するのか、その頻度を推定させるという実験をした [6]。これによると人は滅多に起こらないことは発生頻度を過大評価し、よく起こることは過小評価することが示唆された。この要因にはリハーサル効果に関係している。リハーサル効果とは意識的、無意識的に情報を繰り返し取り出すことである。例えば、メディアは珍しいことを多く報道するため、我々は同じことを何度も耳にする。そのため、滅多に起こらないことでも、多く耳にすることで発生頻度を過大評価してしまう。つまり、多くの似たような体験をすることで、そのような出来事を思い出しやすくなり、思い出しやすさを発生頻度の代わりに用いている。このようなことは他者の外見と性格の関係についてもいえる。人が外見から他者の性格を推定することは、そのような外見と性格を持つ他者に多く出会い、それが記憶に残っているということの意味する。

2.2 外見遺伝子と性格遺伝子の相関

親子は顔つきが似ている。これは遺伝といわれ、子が親の遺伝子を引き継ぐためである。そして、人の遺伝子のうち 5 つは顔の形成に影響を与えている可能性があることが示された [7]。そして、顔認識アルゴリズムにより顔つきが似ているが血縁関係がない人々の遺伝子を調べたところ、顔の形成に関係するといわれた遺伝子に類似性が示された [8]。このように、人の顔つきには遺伝子が深く関与している。

一方で、性格については遺伝だけでは決まらず、生活の環境と経験の影響で変化するとされている [10] が、新奇性や損害回避などの性格因子は遺伝子の関与が高いことが示された [9]。

外見と性格がいずれも遺伝的要因が深く関与するとすれば、外見に関する遺伝子と性格に関する遺伝子の相関によって、外見と性格の相関が作られている可能性がある。もしそれが事実だとすれば、外見と性格の遺伝子の相関は如何にして人の集団に生まれたのだろうか。

2.3 遺伝的アルゴリズムによる検証

遺伝的アルゴリズム (GA) とは生物の進化論的な考え方に基づく計算手法であり、1975 年に John Holland によって提案されたものである [11]。GA では遺伝子でその特性を表現できる個体を複数用意し、適応度が高い個体ほど生存確率が高くなるように選択する。そして、選択した個体群から生物の交配による世代交代に相当する交叉や突然変異を行い、前世代と同じ数の個体を生成する。このようにして選択、交叉、突然変異を繰り返すことで最適解を求める手法である。

一方で、人類の進化の過程では、気候や地形・植生などの地域差から人々の外見が環境に適応して変化し、それとは独立に性格も変化する。近距離の間の人々の交配により近くの人々は類似した性格遺伝子を持つように、逆に離れた地域では性格遺伝子が異なることも発生したと推定できる。その結果、地域ごとに外見と性格の遺伝子の組み合わせが異なる人の集団が発生したと考えられる。その根本の原因は、交通手段の限界により人々の交流が近傍地域に限られていたことであろう。そこで本研究では、交配相手の選択に距離的な制約を組み込んだ DCGA で外見と性格の遺伝子の相関が発生するメカニズムを検討する。

2.4 繰り返し囚人のジレンマゲーム

本実験では繰り返し囚人のジレンマゲームを用いて DCGA の妥当性の検証を行った。囚人のジレンマはゲーム理論の一つであり、様々な分野で用いられている。本来、囚人のジレンマゲームは各プレイヤーは「協力」と「裏切り」のどちらかを選択するが、非協力的行動が個人合理的であり、安定解はナッシュ均衡状態である。囚人のジレンマゲームが繰り返し行われる場合、ゲームの利得や繰り返す回数によっては両者は協力的行動をとることがある。つまり、実験設定によっては複数のナッシュ均衡が存在する。

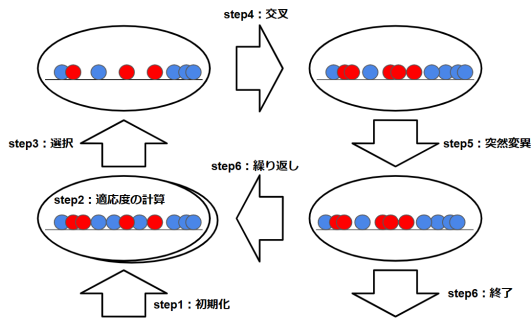


図 1: DCGA

3 距離的制約付遺伝的アルゴリズム

本研究では、性格遺伝子と性格にかかわらない外見遺伝子を持つ個体群を出発点として、距離的制約を設けることで進化の過程で二つの遺伝子に相関が生まれるのであろうという仮説を検証するため、DCGA(Distance Constrained Genetic Algorithm) を考案した。DCGA のアルゴリズムを図 1 に示し、次のような手順で行う。

step1 初期化

生存環境を想定した S 次元空間内に初期世代として N 体の個体をランダムな位置に配置し、各個体には長さ P bit の性格遺伝子と長さ P bit の外見遺伝子をランダムに生成する。

step2 評価

現世代の各個体の適応度 f_n を評価する。

step3 選択

適応度の高い個体上位 $a\%$ を選択して、環境に適応しない個体 $b\%$ を淘汰する。

step4 交叉

DCGA の交叉は適応度の高い個体上位 $b\%$ を片親として、片親と距離的に最も近い個体をもう一方の片親としてその遺伝子を掛け合わせる。各ペアの性格遺伝子と外見遺伝子をそれぞれを掛け合わせることで、新しい子を $b\%$ 生成する。新たに生成された子の位置は適応度の高い片親の位置付近に設定する。

step5 突然変異

設定された突然変異率 $e\%$ と突然変異方法に従って各個体の遺伝子情報を置き換える。

step6 繰り返し・終了

個体の適応度が最適化されるまで step2 から step5 を反復する。

表 1: 利得票

A\B	協力	裏切り
協力	9 \ 9	0 \ 10
裏切り	10 \ 0	1 \ 1

4 計算機シミュレーション

本実験では外見遺伝子と性格遺伝子の相関の発生のメカニズムの説明としての DCGA の妥当性の検証をした。

4.1 実験設定

4.1.1 繰り返し囚人のジレンマゲームの設定

シミュレーションでは、ゲームを行う 2 個体は互いに協力的行動と裏切りの行動のどちらかを選択して、その利得として表 1 のような報酬を得られる。また、適応度の計算では各個体 n が S 次元空間内で最も近い位置にいる個体と繰り返し囚人のジレンマゲームを行う。各個体は外見遺伝子と性格遺伝子を持ち、性格遺伝子の配列の長さ P の回数だけゲームを繰り返し、 m 回目のゲームでの協力的／裏切りの行動選択は性格遺伝子の m 番目の bit の値によって決める。 m 回目の繰り返しゲームの結果の報酬 r_m の総和を適応度 f_n として次のように定める。

$$f_n = \sum_m r_m \quad (1)$$

4.1.2 DCGA の設定

次元数 S を 1、個体数 N を 100 として 1 次元空間内のランダムな位置に初期化する。各個体の性格遺伝子の長さ P を 7bit、外見遺伝子の長さ P を 7bit としてランダムに生成する。性格遺伝子の各 bit は適応度の評価のための繰り返し囚人のジレンマゲームにおける各繰り返しの際の行動を決定する。1 次元空間内で最も近い個体同士が繰り返し囚人のジレンマゲームをすることで獲得した得点を適応度として、現世代あたりの個体群から適応度の高い上位 70% の個体を選択し、選択されなかった個体 30% は淘汰する。交叉は親となる個体の遺伝子配列の 1 か所を選んでその箇所の前後を組みかえる一点交叉として適応度の高い上位 30% を片親、その片親と距離的に最も近い個体をもう一方の片親として、その遺伝子を掛け合わせる。新たに生成された子の位置は適応度の高い上位 30% の個体の位置付近に設定する。突然変異率 e を 0.05% としてランダムに選んだ

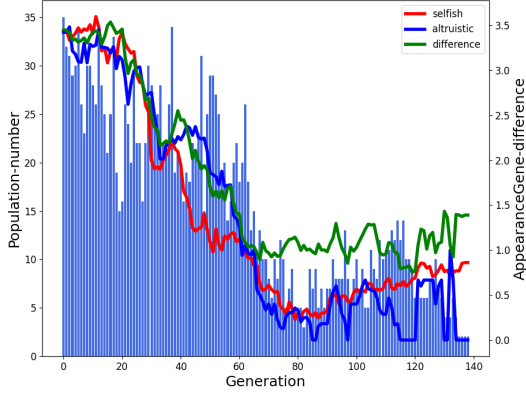


図 2: 通常の GA による集団数の変化

任意の個体の遺伝子の値を対立遺伝子に置き換える操作を行う。そして、適応度が利己的または利他的のどちらかが有利となるため、すべての個体がどちらかになるまで繰り返す。

4.1.3 評価指標

各個体が性格遺伝子と外見遺伝子に相関関係があることを調べるために、性格遺伝子から性格を割り出し、集団内の外見遺伝子の距離及び、集団間の外見遺伝子の距離を計算する。各個体の性格遺伝子 P bit のうち二つの行動のどちらか一方が他方の行動回数よりも多ければ、その個体は行動回数が多い方の集団に属するとする。例えば、協力的行動回数が裏切りの行動回数よりも多ければその個体は利他的集団に属する。個体間による外見遺伝子の距離はハミング距離によって計算した。記号 k は各個体の外見遺伝子の bit 位置を表し、二つの長さ P のビット列 X, Y の間のハミング距離は以下の式で求められる。

$$HMD(X, Y) = \sum_k^P \delta(X_k, Y_k) \quad (2)$$

なお $\delta(x, y)$ は $x = y$ ならば 0, $x \neq y$ ならば 1 を取る関数とする。ここで、式 (3), 式 (4) はすべての個体 N を利己的集団 (Selfish) か利他的集団 (Altruistic) のいずれかに分類して、長さ P の外見遺伝子をハミング距離で平均したことでそのばらつきを定量化したものである。ここで記号 i と j はその集団内の個々の個体を、記号 S_i は利己的個体 i の外見遺伝子を、 A_i は利他的個体 i の外見遺伝子を表している。

$$\overline{d(S, S)} = \frac{\sum_i^N \frac{\sum_{j \neq i}^N HMD(S_i, S_j)}{(N-1)}}{N} \quad (3)$$

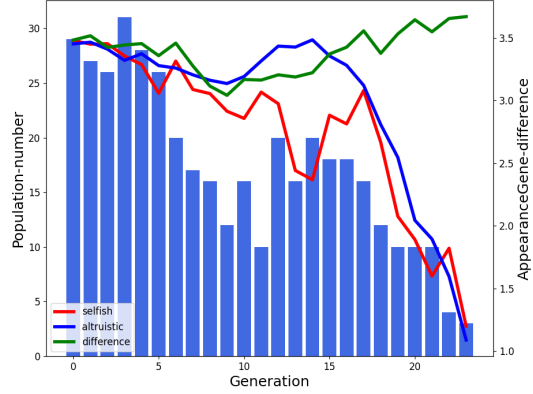


図 3: DCGA による集団数の変化

$$\overline{d(A, A)} = \frac{\sum_i^N \frac{\sum_{j \neq i}^N HMD(A_i, A_j)}{(N-1)}}{N} \quad (4)$$

$$\overline{d(S, A)} = \frac{\sum_i^N \frac{\sum_{j \neq i}^N HMD(S_i, A_j)}{(N-1)}}{N} \quad (5)$$

4.2 結果

本節では、性格の異なる二つの集団の外見遺伝子の差異を定量的に示すことにより妥当性の検証を行った。提案アルゴリズムとの比較を行うため個体に座標を設定せず、距離の制約を設けない GA を用いた場合との比較により、提案方式の有効性を検証する。

図 2 は、距離の制約の無い GA によるシミュレーションの結果である。ここでは各個体は他の全ての個体と総当たりでゲームを行ない、各個体の適応度を求めた。図 3 は、今回提案した DCGA でのシミュレーション結果である。

図 2 と図 3 の横軸はすべての個体の性格が同一と判断できるまでの世代の進行を表し、右の縦軸は個体間による外見遺伝子の距離を、左の縦軸は隣同士で同じ性格の個体集団の数 (集団数) を表している。ここで集団数は 1 次元空間の座標の左から n 番目と $n+1$ 番目の個体の性格が異なれば 1 とカウントすることで計算できる。また、赤と青の折れ線グラフは利己的集団と利他的集団のそれぞれの内部での個体間の外見遺伝子のハミング距離の平均 (式 (3) 及び式 (4)) を表し、緑の折れ線グラフは利己的個体と利他的個体の間の外見遺伝子のハミング距離の平均 (外見遺伝子間距離: 式 (5)) であり、利己的集団と利他的集団の集団間の外見の近さを表している。

図2と図3を比較すると,DCGAの方が集団数がより早く減少する傾向にある.すなわち初期位置では性格の異なる個体が空間内でばらばらであったものが,性格の同じエージェント同士が隣合わせとなって集団を形成したと解釈できる.これは,近くの個体と交配したことで類似した性格遺伝子を持つ次世代の個体が生成されたためと考えられる.

また,性格の同じ個体の外見遺伝子は類似してくるとともに,性格の異なるエージェント同士の外見遺伝子には違いが見られた.これも同様に距離的制約を設けることで集団数が減少したことにより,その集団付近で選択や交叉が行われたからだと考えられる.本実験の四人のジレンマゲームは裏切りの行動が最適であるように設定されているため,すべての個体は利己的集団に収束する.そのため利他的集団数が減少し母数の減少から利他的集団の性格遺伝子の距離も近くなったと考えられる.

5 考察

5.1 距離的制約とヒューリスティックの関係

DCGAによって人の外見遺伝子と性格遺伝子の相関関係の発生過程をシミュレーションした.個体群の性格が適応度の高い一つの性格に収束していく過程で二つの遺伝子の間には相関関係が生まれることを示した.これは距離的制約を進化の過程に付加したことにより,交配が近傍の個体同士に制限されて進化に地域性が生まれたことによると考えられる.

5.2 現代における偏見の解釈

本研究では,地域ごとにそれぞれ違った外見と性格の遺伝子の相関があったであろうことが示唆された.しかし,この結果を持って著者らは見た目で性格を判断できると主張するわけではないことに注意されたい.

遺伝的要因を検証するために本実験で想定したのは,交通手段が限られていた時代である.では,現代社会ではどうだろうか.交通手段が発達して飛行機や船などで様々な国や地域と交流することができるようになり,外見の異なる人々がパートナー関係を結ぶ事例も増えて外見の違いが少なくなる傾向は間違いないであろうが,それと同時に外見と性格の相関もまた薄れてきているのではないかと考えられる.さらに生まれた家系や地域を離れて,各々が独自の経験を積んだり,インターネットやマスメディアを通して世界中の価値観を取り入れることが可能になった現代では,環境要因によって形成される性格の影響も大きくなっていると考えられる.我々生物が遺伝的に獲得したバイアスは,こうした現代の急速な変化に適応しているものではなく,

現代では機能しないケースが急増しているのかもしれない.

5.3 DCGAの工学的有効性

DCGAを進化エージェントの環境変動耐性の問題として考えると以下のような議論がありうる.

一般のGAでは,報酬獲得に関連する遺伝子は最適化される一方で,それに関与しない遺伝子部分は均一な属性に収束してしまう.それに対してDCGAでは,地域性の制約により報酬関連遺伝子と報酬に無関係な遺伝子の方に相関が生まれ,結果としてエージェントの報酬に関与のしない幅広い特性に地域性,すなわち多様性を与えられる.集団の多様性のメリットは環境変動や新しいニーズに対する耐性である.均一な遺伝子では耐えられないほどの環境変動に対して,多様性のある遺伝子群はその中の一部にでもその環境変動に耐えられる集団が存在する可能性が高くなる.

工学的には,例えば対人サービスを行うエージェント群の中に多様性があるなら,当初には想定していなかったニーズに対応できる集団がいる可能性も高くなるであろう.その意味で,現時点での報酬に依存しない多様性を生み出すDCGAは今後のサービスエージェント開発の一つの手法としても考えられる.

6 おわりに

本研究では,性格遺伝子と性格にかかわらない外見遺伝子を持つ個体群を用意し,性格の異なる二つの集団が共存する環境をDCGAで実現したところ,外見遺伝子と性格遺伝子の方に相関関係が生まれることを計算機シミュレーションで示した.

人工エージェントが人の性格を推定することは,人工エージェントと人がインタラクションする上で重要なものであり,見た目で他者の性格を推定することができれば対人サービス人工知能の開発に大きく貢献できるであろう.しかし,人工エージェントが現代も問題が残るヒューリスティックを誤って使ってしまうなら本末転倒である.どのような条件や環境で目に見える情報と目に見えない情報とで相関がみられるのか,検証する必要があるであろう.

また,本研究で考案したDCGAでは個体群は最終的に一つの性格に収束してしまい,二つの集団が安定しないことが分かった.DCGAで複数の集団が安定する状態を作り出すことができれば,昔の社会の地域や集団の関わりがシミュレーションできる可能性がある.そのためには,GAの条件やゲーム設定の改良が求められる.

参考文献

- [1] 大澤 正彦, 奥岡 耕平, 坂本 孝丈, 市川 淳, 今井 倫太, “認知的インタラクションフレームワークに基づいた他者モデルの提案” HAI シンポジウム, 2020.
- [2] 横山 絢美, 大森 隆司. “協調課題における意図推定に基づく行動決定過程のモデル的解析” 電子情報通信学会論文誌 A, Vol. 92, No. 11, pp. 734-742, 2009.
- [3] 港 隆史, トーマス デール, 吉川 雄一郎, 石黒 治, “予測性を評価した選好性に基づく模倣発達メカニズムの提案” 日本ロボット学会誌, Vol.28 No.8, pp.1047-1057, 2010.
- [4] 長原 令旺, 田足井 昇太, 佐々木 康輔, 大森 隆司, 大澤 正彦 “繰り返し囚人のジレンマゲームを題材とした典型他者モデルの切り替えによる個人適応” HAI シンポジウム 2022.
- [5] Tversky, A. and Kahneman, D., “ Judgment under uncertainty : Heuristics and biases ”, Science, No. 185, pp. 1124-1131, 1974.
- [6] 鈴木 宏昭, “認知バイアス 心に潜むふしぎな働き”, さくら工芸社, 2020
- [7] Liu, Fan, et al. A genome-wide association study identifies five loci influencing facial morphology in Europeans. 2012.
- [8] JOSHI, Ricky S., et al. Look-alike humans identified by facial recognition algorithms show genetic similarities. Cell Reports, Vol.40, No.8, p.111257, 2022.
- [9] Yeni Symposium. Psychobiological model of temperament and character: TCI. p.p. 86-97, 2003.
- [10] 浮田 徹嗣. 性格に与える遺伝的要因と環境的要因に関する考察. 横浜市立大学論叢人文科学系列, Vol.66, No.3, 2015.
- [11] DE JONG, Kenneth Alan. “An analysis of the behavior of a class of genetic adaptive systems.” Ph. D. Thesis, Department of Computer and Communication Sciences, University of Michigan, 1975.