

分離・合流をとまなうグループ観光スケジュール作成機能の提案

永田 宗伸[†] 村田 佳洋[†] 柴田 直樹^{††}
安本 慶一[†] 伊藤 実[†]

今日の観光において、団体ツアーなどのグループ観光は、個人旅行に比べて費用などの点においての利点を持つ。しかし団体ツアーは、参加メンバーの細かな嗜好や制約の違いを反映させることが難しい。本論文では、訪れたい観光地が少しずつ異なる複数のメンバーがグループで観光する際に、メンバーそれぞれの希望を満たしつつ、希望の合致する部分を共有するようなスケジュールを算出する問題を定義し、それを実用時間で計算する遺伝的アルゴリズム（以下、GA）を用いた近似アルゴリズムを提案する。取り扱う問題においては、メンバーの数や巡回候補地の数に応じて、スケジュール中の単独行動とグループ行動の間の分離・合流地点の組合せが爆発的に増える。提案手法におけるGAの解のコーディングでは、分離・合流地点を“参照遺伝子”と呼ばれる遺伝子で表し、解候補の評価値を計算する際に、複数メンバーのスケジュールをこの遺伝子を介して結合するという手法を採用した。これにより、広大な解空間を効率良く探索することが可能となり、評価実験を行った結果、メンバー数3～9程度のグループ観光に対し、高速に準最適な解を得られることを確認した。

A Function for Planning Group Sightseeing Schedule with Joining and Forking

MUNENOBU NAGATA,[†] YOSHIHIRO MURATA,[†] NAOKI SHIBATA,^{††}
KEIICHI YASUMOTO[†] and MINORU ITO[†]

Group tour is popular in recent years because of its reasonable cost. In group tour, however, members must follow the same schedule, and there is little flexibility to reflect preferences of the members. In this thesis, we propose a GA-based approximation algorithm to find the minimum cost schedule (including routes and stay time at each spot) for a flexible group tour with members who have different preferences. In this problem, the number of combinations of leaving and joining points exponentially increases. In the proposed algorithm, we used the gene called “reference gene”. This gene means point where members leave or join in the schedule. With this coding of chromosome, efficient searching in the vast search space is achieved. We implemented and evaluated the proposed algorithm. We confirmed that our algorithm can find efficient schedules within reasonable time for group tours with practical size, 3 to 9 members.

1. 序 論

近年、携帯端末や通信技術の発達によって、パーソナルナビゲーションシステムが集めている。このシステムは、現在地から目的地までの経路や、近隣の地域情報などをユーザに提供する機能を持っている。しかし観光旅行のように複数の目的地を巡回する場合、2点間の経路だけでなく、複数の地点を考慮した巡回経路を取り扱う必要がある。

従来から Vehicle Routing 問題や巡回セールスマン

問題⁷⁾ など、複数の目的地をコスト最小で巡回する経路を求める様々な問題が定式化されてきた。これらの問題は組合せ最適化問題であり、最適解を短時間で求めることは困難である。そのため、これらの問題を実用時間で解く近似アルゴリズムが多数提案されてきた。これらの問題および近似アルゴリズムは、観光ツアーのスケジュールや荷物の配送計画の作成など、実務用途に応用可能である。我々の研究グループでも、希望する複数の目的地を与えられた時間制約を満たし、かつ、できるだけ小さなコストで巡回する経路を算出する近似アルゴリズムをGAに基づき開発し、観光のためのパーソナルナビゲーションシステム P-Tour⁶⁾ に搭載している。一方、今日の観光では、団体ツアーなど、費用の点で有利なグループによる観光の人气が高

[†] 奈良先端科学技術大学院大学
Nara Institute of Science Technology

^{††} 滋賀大学
Shiga University

い。しかし、団体ツアーでは参加メンバ全員が同じスケジュールで行動するのが基本であり、各メンバの細かな嗜好や制約を反映するといった柔軟性はない。

本論文では、グループのためのグループ観光スケジュール作成機能を提案する。グループで観光を行う際には、(1) 時間が許す限りメンバ全員で観光したい、(2) メンバごとに希望が異なる場合には別行動を許可したい、(3) 複数の観光地を与えられた時間内に効率良く回りたい、といった要求がある。これらの要求をすべて満たすスケジュールを算出する問題では、メンバの数や巡回候補地の数に応じて、スケジュール中の単独行動とグループ行動の間の分岐・合流地点の組合せが爆発的に増える。

提案手法では、解候補における合流・分岐地点を“参照遺伝子”と呼ばれる遺伝子で表し、解候補の評価値を計算する際に、複数メンバのスケジュールをこの遺伝子を介して結合するという手法を採用した。これにより、広大な解空間を効率良く探索することが可能になった。

提案アルゴリズムを評価をするために、実装・実験を行った。その結果、グループメンバ数3, 6, 9といった実用サイズのグループ観光に対して、高速に準最適なスケジュールが求められることを確認した。

2. 関連研究

本論文では、生命の進化を模した最適化手法であるGAを用いる。

GAの適用例として、ナップザック問題⁵⁾、巡回セールスマン問題⁷⁾、集合被覆問題¹⁾などの古典的な組合せ最適問題がある。また、これらに加えて、いくつかの工学上の問題に適用されてきた。たとえば、ジョブショップスケジューリング問題⁴⁾、多重プロセッサスケジューリング³⁾などがある。私の所属する研究グループでも、観光を目的として様々な制約のもとで、複数の目的地を効率良く巡回する経路をGAを用いて計算するシステム：P-Tourを設計・開発している³⁾

また、本論文の複数メンバで構成されたグループ観光のように、個人の利便性を極力損なうことなく、システム(ユーザ群)全体の利便性を向上させるような問題として、次のようなものがある。

- テマパーク問題：複数の施設が存在するテーマパークへ多数の客が訪問するような状況において、施設の利用・予約をユーザ群への情報提示や誘導をどのように調整すれば、全体の混雑度を下げ、客の満足度を上げることができるかという問題である⁹⁾。

- 配送計画問題：複数の異なるラベル付きの荷物の配達要求があるとき、積荷の容量に制限のある複数の車両をどのような経路で走らせるかという問題である⁸⁾。目的は車両の走行距離の総和を最小化し、顧客の満足度を向上させることである。

- 配車計画問題：荷物ではなく乗客を輸送する問題である²⁾。たとえば、客の要望に応じて運転されるデマンドバスなどがあげられる。各車両は乗車地点で乗客を乗せ、降車地点で降ろす。目的は、車両の走行距離の総和と乗客の不満度を最小化することである。乗客の不満度は、乗客の待ち時間や車両に乗っている時間で評価する。

これら既存の問題に対する研究は、移動体が分離・合流することに着目したものでないため、本論文で取り扱うグループ観光スケジュールの問題とはアプローチが異なる。

3. グループ観光のためのスケジューリング

近年は個人観光もさかんであるが、グループで観光するメリットは依然として大きく、需要も大きい。グループ観光スケジュールとは、図1に示すようなメンバが途中で合流・分離するようなスケジュールを指す。

グループ旅行には、個人観光にはない以下のような要素がある。

- メンバ間における好みの違い：メンバによって好みの観光地が異なるとき、だれかに好みをあわせるか、折衷案をとるか、別行動をとるかを決めなければならない。
- メンバ間における出発・到着地点および時間の違い：メンバがそれぞれの自宅から出発したり、またあるメンバが仕事のために昼以降でなければ参加できなかったりする場合などは、それらを考慮して合流地点・時間を決めなければならない。また同様に、到着希望時間や自宅の位置を考慮して解散地点を決めなければならない。
- 乗物のチャーターや団体割引：グループで観光する場合は、バスをチャーターしたり、レンタカーや

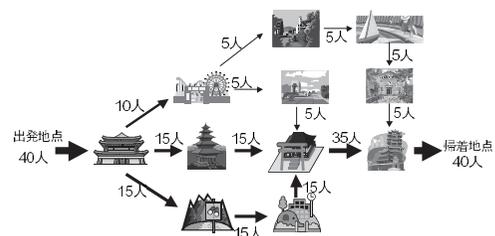


図1 グループ観光の概念図

Fig. 1 System structure of group.

タクシーを利用したり、入場料の団体割引を利用することにより、費用を節約できる場合がある。また、小グループを構成することによってタクシーやレンタカーを共同で利用することができる。そのため、柔軟なサブグループを構成するスケジュールを立案する必要がある。

これらの要素をすべて満たすスケジュールを算出する問題では、メンバーの数や巡回候補地の数に応じて、スケジュール中の個人観光とグループ観光の間の分離・合流地点の組合せが爆発的に増える。よって、コスト最適なグループ観光スケジュール立案は非常に難しい問題である。

4. 問題設定

4.1 定義する問題

本節では、好みや出発・帰着条件の異なるメンバー同士が、なるべくグループで行動できるようなスケジュールを求める問題を定義する。入力として地図データ、観光地データ、メンバーデータが与えられたときに、評価関数によって与えられるスケジュールの評価値を最大化することが目的となる。評価値は、各メンバーの希望の満たされる度合いが高いほど、またそのときの人数が多いほど高くなるように設定する。

4.2 入力

- 地図データ：道路網を示す有向グラフ $G = (V, E)$ として与えられる。
- 観光地データ：それぞれの観光地 d_j （たとえば法隆寺などの観光地点、 $d_j \in D, 1 \leq j \leq |D|$ ）を表すデータで以下の3つの項目を持つ。項目(2)と(3)は、グループの各メンバー u_i ($u_i \in U, 1 \leq i \leq |U|$) ごとに与えられる。
 - (1) $v_h \in V$ ：地図データの頂点に対応付けられている観光地の位置
 - (2) dur_{ij} ：メンバー u_i の観光地 d_j における滞在時間に対する制約（例：“到着時刻から30分”，“12:00 から30分”）
 - (3) pre_{ij} ：メンバー u_i の観光地 d_j に対する重要度
- メンバーデータ：上記の観光地データ以外のメンバーごとに設定されるもので、以下の5項目を持つ。
 - $pd_{is}, pd_{ig} \in D$ ：メンバー u_i の出発/帰着地点を表す。
 - pt_{is}, pt_{ig} ：メンバー u_i の出発/帰着地点における時間制約を表す。
 - $speed_i$ ：メンバー u_i の移動速度を表す。

4.3 解の表現

解候補となる全体のグループ観光スケジュール S は、グループのメンバー数分のスケジュールで構成され、 $S = \langle s_1, s_2, \dots, s_i, \dots, s_{|U|} \rangle$ で表す。 s_i は、メンバー u_i のスケジュールであり、 $s_i = (D_i, Stay_i)$ で表す。

D_i はメンバー u_i の経路であり、 $D_i = \langle d'_{i1}, d'_{i2}, \dots, d'_{ij}, \dots, d'_{i|D_i|} \rangle$ を表す。 d'_{ij} はメンバー u_i が j 番目に回る観光地である。また、 $Stay_i$ はメンバー u_i の滞在時間の集合であり、 $Stay_i = \langle stay_{i1}, stay_{i2}, \dots, stay_{i(|D_i|)} \rangle$ を表す。 $stay_{ij}$ は観光地 d'_{ij} におけるメンバー u_i の滞在時間である。2 目的地間の経路は A^* 探索により求めることができ、距離は $dist(d'_{ij}, d'_{i(j+1)})$ で表す。メンバー u_i が訪れる観光地 d'_{ij} での到着時間は、 t_{ij} で表す。そして、 $t_{i(j+1)} = t_{ij} + stay_{ij} + \frac{dist(d'_{ij}, d'_{i(j+1)})}{speed_i}$ より計算される。滞在時間 $stay_{ij}$ は、通常はメンバー u_i の滞在時間の制約 dur_{ij} に等しい。ただし、待ち時間が生じる場合は、待ち時間を加算する。

4.4 評価関数

評価関数を設計するにあたり、次の5項目を満たす経路が高評価値を得られるように考慮した(1) 希望観光地が含まれる(2) 共有する経路が多い(3) グループのメンバー数が多い(4) 希望帰着時間からの遅れが小さい(5) 総移動距離が小さい。

設計した評価関数を以下に示す。

$$\begin{aligned}
 f(S) &= \sum_{i=1}^{|U|} \left[\alpha \sum_{j=1}^{|D_i|} pre_{ij} \cdot timeok(s_i, d_{ij}) \cdot group(S, i, j) \right. \\
 &\quad - \sum_{j=1}^{|D_i|-1} \{(\beta \cdot dist(d_{ij}, d_{i(j+1)})) \\
 &\quad + \gamma \cdot commonpath(S, i, j, j+1)) \\
 &\quad \left. - \delta \cdot timegoal(S, i, p_{ig}) \right] \quad (1)
 \end{aligned}$$

$timeok(s_i, d'_{ij})$ は、スケジュール s_i に観光地 d'_{ij} が含まれており、到着時間の制約 rt_{ij} を満たしているとき1、そうでなければ0を返す関数である。

$group(S, i, j)$ は、全体のグループ観光スケジュール S に含まれる観光地 d_{ij} に同行する人数を返す関数である。この項により、観光地をグループで観光するほど評価値が良くなる。

$commonpath(S, i, j, j+1)$ は、全体のグループ観光スケジュール S に含まれる観光地 d_{ij} から $d_{i(j+1)}$ への移動に同行する人数を返す関数である。この項により、観光地間をグループで移動するほど評価値が良

くなる．

$timegoal(s_i, p_{ig})$ は、スケジュール s_i における帰着時間と希望する帰着時間との差を返す関数である．ただし、帰着時間が希望する帰着時間より早い場合は 0 を返す．この項により、希望する帰着時間より遅い解候補の評価値が悪くなる．

ここで、 $\alpha, \beta, \gamma, \delta$ は各項に対する定数（重み係数）である．

5. グループ観光スケジューリングのための GA

5.1 染色体表現

一般的なグループ観光スケジューリング問題は、分離・合流・待合せなどの要素を含むため、解空間の大きい問題である．しかし、人間がグループ観光を立案する際には、「誰かの都合にあわせるか、別行動をとるか」という単純なルールに基づいて決めることが多い．我々はこのような直感的な発想を導入するため、GA に基づくスケジューリングアルゴリズムを提案する．GA は、組合せ最適化問題において、交叉、突然変異、評価、選択などのやり方さえ決まれば、解を算出できる手法である．したがって、解決困難な組合せ最適化問題において非常に有効な手法である．GA では、解を 1 つの個体として表現し、個体群を進化させることによって準最適解を得る．各個体は、解候補を表現する染色体を持っている．この節では本研究において提案する染色体の表現手法について述べる．

個体 h の染色体は、メンバが巡回する経路を表す遺伝子リストから構成され、 $Chrom_h = \langle gList_{h1}, gList_{h2}, \dots, gList_{hi}, \dots, gList_{h|U|} \rangle$ と表す． $gList_{hi}$ が、個体 h の染色体のメンバ u_i の巡回する経路を表す遺伝子リストである．また、遺伝子リストは可変長のリスト構造をしており、 $gList_{hi} = \langle g_{hi1}, g_{hi2}, \dots, g_{hij}, \dots, g_{hil} \rangle$ と表す ($0 \leq j \leq l \leq |D|$)． g_{hij} は、 $gList_{hi}$ において、メンバ u_i が j 番目に回る観光地を表す遺伝子である．

遺伝子には、通常遺伝子と参照遺伝子の 2 種類がある．通常遺伝子の集合を P_{set} 、参照遺伝子の集合を R_{set} で表す． $g \in R_{set} \cup P_{set}$ である．通常遺伝子は、メンバの巡回する観光地そのものを表す．そのため、その集合は目的地の集合と等しい ($P_{set} = D$)．参照遺伝子は、基本的に他のメンバと合流して観光することを示す遺伝子であり、3 つの要素、参照メンバ r ($r \neq u_i$)、優先値 v_{hij} 、隠れ遺伝子 g'_{hij} ($g'_{hij} \in P_{set}$) から構成される．参照メンバ r は、合流先のメンバを表している ($r \in U$)．優先値 v_{hij} は、合流先が一

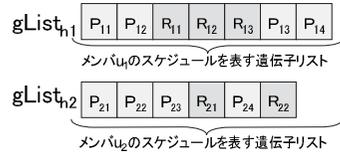


図 2 個体の例
Fig. 2 Individual.

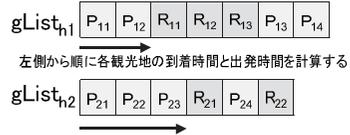


図 3 到着時間と出発時間の計算の例
Fig. 3 Arraival time and depature time.

に決まらなかったときに用いられる値である．たとえば、2 人のメンバがお互いに合流しようと試みた場合、お互いに相手の都合に合わせようとするために、合流した後どこを観光するかを決めることができない．提案手法では、そのとき、どちらかの合流を「失敗した」ものとして扱う．そして「失敗しなかった」メンバは、「失敗した」メンバの巡回経路に合わせてスケジューリングを行う．隠れ遺伝子 g'_{hij} は、合流が失敗した場合に巡回する観光地を表している．お互いに合流しようとした場合、片方の合流は失敗し（優先値の比較によって決定）、隠れ遺伝子で表された観光地を巡回する．この場合のほかに、合流を試みる先のメンバがすでに帰着している場合にも、この合流の失敗は発生する．

参照遺伝子が参照する遺伝子を定める方法について、具体例を用いて詳しく説明する．

図 2 は、メンバ u_1, u_2 の経路の情報を保持した遺伝子リスト $gList_{h1}, gList_{h2}$ からなる染色体である．

通常遺伝子は、 $gList_{h1}$ の $P_{11}, P_{12}, P_{13}, P_{14}$ および、 $gList_{h2}$ の $P_{21}, P_{22}, P_{23}, P_{24}$ とする．また、参照遺伝子は、 $gList_{h1}$ の R_{11}, R_{12}, R_{13} および、 $gList_{h2}$ の R_{21}, R_{22} とする．

参照遺伝子が参照する遺伝子は次のように求める．

まずはじめに、図 3 のように、各遺伝子リストの左端から参照遺伝子が現れるまでの、通常遺伝子が表す観光地における到着時間および出発時間を求める．図 3 ではメンバ u_1 は R_{12} まで求め、メンバ u_2 は R_{23} までを求める．

次に、図 4 のように、参照遺伝子が参照可能な遺伝子を探索する．ここで参照可能とは、参照遺伝子の参照する遺伝子が表す観光地への到着が、参照メンバが到着する時間より W 分以下早いと定義する．

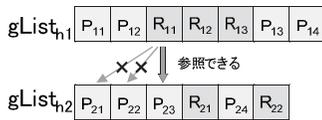


図 4 参照の例
Fig. 4 Reference.

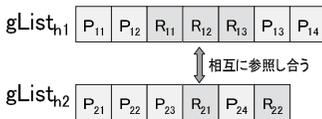


図 5 相互参照の例
Fig. 5 Mutual reference.

参照可能な遺伝子が表す観光地がすでに自身の遺伝子リストに含まれているときは、参照遺伝子の要素である隠れ遺伝子が発現する。そして、その隠れ遺伝子が表す観光地への到着時間および出発時間を求める。

また、図 5 のように相互参照するときがある。このときは参照遺伝子の要素であるユニークな値の大きさを比較し、大きい方の参照遺伝子が隠れ遺伝子を発現させる。そして、その隠れ遺伝子が表す観光地への到着時間および出発時間を求める。

5.2 アルゴリズム

本節では、4 章で定義した問題に対して、準最適解を求めるためのアルゴリズムについて詳しく述べる。

GA の操作は、初期個体の生成、評価、選択、交叉、突然変異からなる。これらの操作を以下に詳しく説明する。ここで、メンバ数を $|U|$ 、個体数を N 、世代数を I 、突然変異率 M 、局所探索回数を L とする。

- (1) 初期個体群の生成：初期個体をランダムに生成する。
- (2) 評価：4.4 節で示した評価関数を用いる。
- (3) 選択：エリート保存戦略とトーナメント選択を用いる。
- (4) 交叉：各個体の各遺伝子リストに対して 2 点交叉を行う。遺伝子が重複したときは、後方のものを削除する。
- (5) 突然変異：各個体に対して M の確率で突然変異を適用する。突然変異は遺伝子の追加、削除、交換のいずれかがランダムに選ばれる。
- (6) ステップ (2) から (5) を繰り返す。ステップ (2) から (5) までを 1 回繰り返すことを 1 世代と数える。これを、 I 回だけ繰り返す。
- (7) 局所探索：エリート個体に突然変異を適用し、改善されれば更新する。この過程を L 回繰り返す。

表 1 各メンバの出発・帰着地点の制約

Table 1 Restrictions of each member.

	出発地点	出発時間	帰着地点	帰着時間
u_1	NAIST (E1)	8:00	NAIST	16:00
u_2	宝山寺 (B4)	9:00	宝山寺	17:00
u_3	長谷寺 (C2)	10:00	長谷寺	18:00

表 2 観光地データ

Table 2 Data of sightseeing spots.

全員が重要視	なし (0)	
薬師寺 (A1)	NAIST (E1)	
東大寺 (A2)	當麻寺 (E2)	
法隆寺 (A3)	金峯神社 (E3)	
	玉置神社 (E4)	
	秋篠寺 (E5)	
	垂仁天皇陵 (E6)	
u_1 のみ重要視	u_2 のみ重要視	u_3 のみ重要視
春日大社 (B1)	神武天皇御陵 (C1)	聖武天皇陵 (D1)
石上神宮 (B2)	長谷寺 (C2)	島の山古墳 (D2)
長岳寺 (B3)	談山神社 (C3)	景行天皇陵 (D3)
宝山寺 (B4)	石舞台古墳 (C4)	信貴山のどか村 (D4)
u_1, u_2 が重要視	u_1, u_3 が重要視	u_2, u_3 が重要視
メスリ山古墳 (F1)	鴨都波神社 (G1)	天王山古墳 (H1)
屋敷山古墳 (F2)	大神神社 (G2)	藤原宮跡 (H2)
大野寺 (F3)	畷田陵 (G3)	水泥古墳 (H3)

6. 評価実験

提案アルゴリズムにおいて、次の 4 項目に関する実験・評価を行った。

- スケジュールの具体性
- スケジュールの最適性
- 従来手法との性能比較
- スケーラビリティ

地図データは国土地理院数値地図 25000 (奈良県全域、ノード数 58108) を用い、提案アルゴリズムを一般的な PC (Pentium M 2.0 GHz, RAM 512 MB, Windows XP) 上に実装した。実装言語としては、Java1.4.2 を用いた。各メンバの想定移動速度は一律 40 km/h とした。提案アルゴリズムにおけるパラメータは、予備実験から $N = 1000$, $I = 200$, $W = 30$, $L = 20000$, $\alpha = 50$, $\beta = 0.015$, $\gamma = 15$, $\delta = 10$ とした。

6.1 スケジュールの具体性

3 人のメンバの入力を与え、各メンバの好みの経路が得られるか、また合流・分離をとまなうスケジュールが得られるかについて評価を行った。各メンバのメンバデータは、表 1 のように設定した。また、各メンバにおける観光地データは、3 人すべてが重要視する観光地、3 人中で 2 人が重要視する観光地 (3 通り)、1 人だけが重要視する観光地 (3 通り)、だれも重要視

u ₁		u ₂		u ₃	
観光地	時間	観光地	時間	観光地	時間
出発	8:00				
長谷寺 (B3)	8:34				
恵印寺 (G3)	9:34	出発	9:00	出発	10:00
香日天社 (E1)	10:53	天王山古墳 (H1)	10:08	天王山古墳 (H1)	11:09
東大寺 (A2)	11:54		11:38		11:38
薬師寺 (A1)	12:54	東大寺 (A2)	11:54	東大寺 (A2)	11:54
法隆寺 (A3)	14:15	薬師寺 (A1)	12:54	薬師寺 (A1)	12:54
信貴のどか村 (D4)	15:26	法隆寺 (A3)	14:03	法隆寺 (A3)	14:03
帰着	15:37	信貴のどか村 (D4)	14:15	信貴のどか村 (D4)	14:15
		帰着	15:26	帰着	15:26
			16:28		16:28
			16:43		16:43
			17:43		17:43
			18:07		18:07

図 6 算出したスケジュールのタイムテーブル
Fig. 6 Time table of schedule.

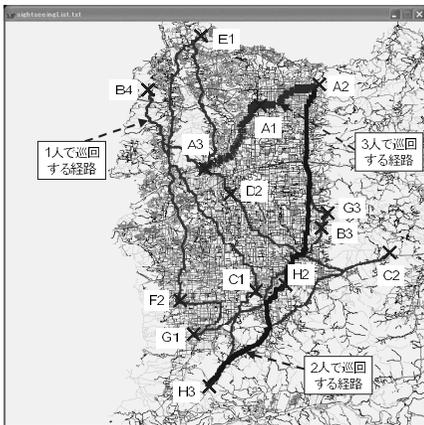


図 7 グループ全体の経路
Fig. 7 The route of group.

しない観光地の 8 つに分類した。重要視する場合の重要度は 5、重要視しないときの重要度は -10 である。重要視しないときが大きな負の値を持っているのは、小さな値を持つだけでは合流する要求が優先されてしまうためである。滞在時間はすべて 60 分である。設定された観光地 30 カ所の内訳を表 2 に示す。

次に、提案手法により算出した経路について示す。これらの結果を得るために要した時間は約 1.3 (min) である。算出したスケジュールのタイムテーブルを図 6 に示す。また、各メンバの経路を重ね合わせたものを図 7 に示す。

メンバ u_1 は NAIST (E1) を出発後、8:34 から 11:53 までの間に 3 カ所の観光地 (B3, G3, B1) を個人観光する。この 3 カ所の観光地はいずれも、メンバ u_1 が重要度を高く設定した観光地である。

メンバ u_2 は宝山寺を出発後、メンバ u_3 と合流し、天王山古墳 (H1) をグループ観光する。この 2 カ所

表 3 最適解との比較
Table 3 Comparison with optimal solutions.

観光地数	組合せ数	計算時間 (提案)	計算時間 (総当り)	評価値の誤差
3	約 (21) ³ 通り	約 10 (s)	約 2 (min)	0%
4	約 (142) ³ 通り	約 13 (s)	約 18 (hour)	0%
5	約 (12336) ³ 通り	-	-	-

の観光地はいずれも、メンバ u_2, u_3 が重要度を高く設定した観光地である。また、合流する前に、メンバ u_2 に 9:43 から 11:09 まで待ちが生じるが、これはメンバ u_3 が到着するまでの時間である。

さらに、その後 3 人のメンバは東大寺 (A2) で合流し、11:54 から 15:15 までに 3 カ所 (A2, A1, A3) をグループ観光する。この 3 カ所の観光地はいずれも、メンバ u_1, u_2, u_3 が重要度を高く設定した観光地である。また、合流する前に、メンバ u_2, u_3 に 11:38 から 11:54 まで待ちが生じるが、これはメンバ u_1 が到着するまでの時間である。

3 カ所のグループ観光を終えた後、 u_1 は分離し、帰着する。メンバ u_2, u_3 は、その後も 2 人で信貴のどか村 (D4) をグループ観光する。この観光地は、メンバ u_2, u_3 が重要度を高く設定した観光地である。

その後、メンバ u_2 と u_3 は分離し、メンバ u_2 は帰着する。メンバ u_3 はさらに、島の山古墳 (D2) を観光した後、長谷寺に帰着する。島の山古墳 (D2) は、メンバ u_3 が重要度を高く設定した観光地である。

このように、メンバごとに出発および帰着地点・時間の異なる入力に対して、メンバが合流・分離するスケジュールを得ることができた。また、各メンバが重要度を高く設定した観光地を巡回していることが確認できた。

6.2 スケジュールの最適性

提案アルゴリズムの解探索能力を調べるため、得られた解と最適解との比較を行った。メンバ数を 3 とし、観光候補地の数が 3, 4 と変化させた場合を表 3 に示す。

表に示した結果は、10 回試行した結果の平均値である。観光地数 3, 4 いずれの場合においても、提案アルゴリズムは最適解を求めることができた。また、そのときの計算時間は提案アルゴリズムの方が短かった。

しかし、観光地数を増やすと、全探索では計算時間が極端に増えるため観光地数 5 以上の場合について確認できなかった。

6.3 従来手法との性能比較

参照遺伝子の効果を調べるため、提案手法と参照遺伝子を用いなかった場合の比較実験を行った。参照

遺伝子を用いなかった場合、提案手法より 42.5% から 76.1% 悪い評価値を持つスケジュールしか得られなかった。これはメンバごとに出発地点も出発時間も異なる状況下で、しかも他のメンバの予定を考慮せずにスケジュールを立案した場合、同じ目的地を分単位で同時に巡回するスケジュールを持つ確率がきわめて低くなり、その結果としてグループ観光をともなうスケジュールを得ることができなかったことが原因だと考えられる。

そこで、提案手法とインクリメンタル・メンバ・GA (以下 IMGGA) との比較実験を行った。IMGGA は 1 人を対象としたスケジューリングを行う従来手法を繰り返し適用し、グループ観光スケジュールを得るアルゴリズムであり、参照遺伝子を用いずにグループ観光スケジュールを求める単純な方法である。IMGGA では、まずはじめに 1 人のメンバのスケジュールを従来の P-Tour のアルゴリズムで求める。ただし、評価関数は 4.4 節で示したものをを用いる。2 人目以降のスケジュールも基本的には、1 人目と同じように求める。ただし、 i 人目のスケジュールは、1 人目から $(i-1)$ 人目までのすべてのスケジュールを参照し、合流できる観光地があればグループ観光を行う。どのメンバを何人目にするかという順列は $|U|!$ 個ある。また、順列によって評価値が異なる。よって、それぞれの順列に対してスケジュールを計算し、その中で最も評価値の高いスケジュールを解として提示する。

提案手法と IMGGA の性能を比較するために、メンバ数、観光地数を変化させてグループ観光経路を求める実験を行った。IMGGA の評価関数に関するパラメータは、提案アルゴリズムと同様のものをを用いた。また、それ以外については、予備実験より $N = 1000$, $I = 100$, $W = 30$, $L = 100$ と設定した。用いたメンバ数は 3, 6, 観光地数は 10, 20, 30 である。これらの組合せの 6 通りの場合について実験を行った。入力データは、ランダムに決めたものをを用いた。

得られた経路による評価値の比較結果を表 4 に示す。いずれのデータも 10 回試行した結果の平均値である。いずれの場合においても IMGGA よりも提案手法のほうが高い評価値を持つ経路が得られた。その差は 0.6% から 11% であった。このことから、1 人ずつスケジュールを決めて相手の都合に合わせていく IMGGA よりも、参照遺伝子を用いて全メンバの都合を同時に考慮する提案手法のほうがより良い観光スケジュールを立案できると考えられる。

計算時間を比較したところ、メンバ数の少ない (3 人) のときは、IMGGA の方が提案手法よりも計算時

表 4 IMGGA との比較結果
Table 4 Comparison with IMGGA.

観光地数 10			
メンバ数	計算時間 (IMGGA)	計算時間 (提案)	評価値の差
3	22.5 (s)	1.3 (min)	11.4%
6	1.3 (hour)	1.4 (min)	11.2%
観光地数 20			
メンバ数	計算時間 (IMGGA)	計算時間 (提案)	評価値の差
3	34.2 (s)	1.3 (min)	1.7%
6	2.1 (hour)	1.5 (min)	1.5%
観光地数 30			
メンバ数	計算時間 (IMGGA)	計算時間 (提案)	評価値の差
3	34.2 (s)	1.3 (min)	0.6%
6	2.2 (hour)	1.5 (min)	5.6%

表 5 スケーラビリティ
Table 5 Scalability.

観光地数 10			
メンバ数	計算時間 (十分)	計算時間 (標準)	評価値の差
3	22.5 (min)	1.3 (min)	-4.4%
6	29.5 (min)	1.4 (min)	-7.0%
9	29.7 (min)	1.5 (min)	-3.5%
観光地数 20			
メンバ数	計算時間 (十分)	計算時間 (標準)	評価値の差
3	20.4 (min)	1.3 (min)	-3.5%
6	46.5 (min)	1.5 (min)	-5.9%
9	46.5 (min)	1.5 (min)	-8.1%
観光地数 30			
メンバ数	計算時間 (十分)	計算時間 (標準)	評価値の差
3	34.2 (min)	1.3 (min)	-2.7%
6	46.5 (min)	1.5 (min)	-5.7%
9	48.1 (min)	2.8 (min)	-9.1%

間が短かった。しかし、メンバ数が多くなると IMGGA の計算時間が極端に増加した。これはメンバの順列の組合せの数が増加したことが原因だと考えられる。提案手法を用いた場合、メンバ数が増えてもあまり計算時間が増加しなかった。以上のことから、提案手法は従来手法に比べて、メンバ数が多いときに迅速に良い経路を求めることができると考えられる。

6.4 スケーラビリティ

提案手法のスケラビリティを調べるために、メンバ数、観光地数を変化させて実験を行った。GA は個体数と世代数を大きくすることにより性能が向上することが知られているため、比較対象としてきわめて大きな個体数、世代数、局所探索数を与えた提案手法を用いた。これらのパラメータに大きな値を与えた場合、計算時間はきわめて大きくなる。

メンバ数は 3, 6, 9, 観光地数は 10, 20, 30, これら組合せの 9 通りの場合について実験を行った (表 5)。いずれの場合においても十分に大きなパラメータを

用いた場合に良い評価値が得られているが、標準パラメータを用いた場合はつねにそれと10%未満の差を持つ解を得ることができた。また、標準パラメータを用いた場合の計算時間はいずれの場合においても1.5分以下であった。しかし十分に大きなパラメータを用いた場合には、メンバ数の増加につれて計算時間が大きくなり、40分以上の時間を必要とした。以上のことから、提案手法に標準的パラメータを用いた場合、迅速に良い評価値を得ることができると考えられる。

7. 結 論

本論文では、分離・合流をともなうグループ観光スケジューリング問題を定義し、それを実行時間で計算するGAベースの近似アルゴリズムを提案した。また、提案アルゴリズムを実装し、奈良県全域の地図データを用いて評価実験を行った結果、メンバ数3~9の実用規模のグループ観光に対し、高速に準最適解を得られることを確認した。

今後の課題として、団体割引や乗り物のチャーターなどの費用節約の要素を考慮に入れることがあげられる。また、提案手法をリアルタイムで用いた場合における団体行動支援機能、複数ユーザが同時に用いた場合における公共サービスの効率的利用支援機能について拡張する予定である。

参 考 文 献

- 1) Al-Sultan, K.S., Hussain, M.F. and Nizami, J.S.: A Genetic Algorithm for the Set Covering Problem, *Journal of the Oper. Res. Society*, Vol.47, pp.702-709 (1996).
- 2) Giaglis, G.M., Minis, I., Tatarakis, A. and Zeimpekis, V.: Minimizing logistics risk through real-time vehicle routing and mobile technologies, *International Journal of Physical Distribution and Logistics Management*, Vol.34, No.9, pp.749-764 (2004).
- 3) Hou, E.S.H., Ansari, N. and Ren, H.: A Genetic Algorithm for Multiprocessor Scheduling, *IEEE Trans. Parallel and Distributed Systems*, Vol.5, No.2, pp.113-120 (1994).
- 4) Ono, I., Yamamura, M. and Kobayashi, S.: A Genetic Algorithm for Job-shop Scheduling Problems Using Job-based Order Crossover, *Proc. 1996 IEEE International Conf. on Evolutionary Computation*, pp.547-552 (1996).
- 5) Richard, S.: Solving large knapsack problems with a genetic algorithm, *IEEE International Conf. on Systems, Man and Cybernetics*, Vol.1, pp.632-637 (1995).

- 6) Shiraiishi, T., Nagata, M., Shibata, N., Murata, Y., Yasumoto, K. and Ito, M.: A Personal Navigation System with a Schedule Planning Facility Based on Multiobjective Criteria, *Proc. 2nd Int'l. Conf. on Mobile Computing and Ubiquitous Networking*, pp.104-109 (2005).
- 7) Whitley, D., Starkweather, T. and Fuquay, D.: Scheduling problems and traveling salesmen: The genetic edge recombination operator, *Proc. 3rd International Conf. on Genetic Algorithms and their Applications*, pp.133-144 (1989).
- 8) 太田正幸, 篠田孝祐, 野田五十樹ほか: 都市型フルデマンドバスの実用性, 情報処理学会研究報告, Vol.115, pp.239-245 (2002).
- 9) 川村秀憲, 車谷浩一, 大内 東: テマパーク問題のマルチエージェントによる定式化と調整アルゴリズムに関する検討, 電子情報通信学会技術研究報告, 東京, Vol.102, No.613, pp.25-30 (2003).

(平成 18 年 4 月 28 日受付)

(平成 18 年 6 月 13 日再受付)

(平成 18 年 7 月 19 日採録)



永田 宗伸

2004 年より奈良先端科学技術大学院大学情報科学研究科前期課程学生。遺伝的アルゴリズム, パーソナルナビゲーションシステムの研究に従事。



村田 佳洋 (正会員)

1975 年生。2003 年奈良先端科学技術大学院大学情報科学研究科後期課程修了, 2003 年より奈良先端科学技術大学院大学情報科学研究科助手。遺伝的アルゴリズム, エージェント技術等の研究に従事。



柴田 直樹 (正会員)

1974 年生。2001 年大阪大学大学院基礎工学研究科情報数理系専攻修士後期課程修了。現在, 滋賀大学経済学部情報管理学科助教授。分散システム, ITS, 遺伝的アルゴリズム等の研究に従事。IEEE 会員。



安本 慶一（正会員）

1991年大阪大学基礎工学部情報工学科卒業．1995年同大学大学院博士後期課程退学後，滋賀大学経済学部助手．1997年モンリオール大学客員研究員．2002年より奈良先端科学技術大学院大学情報科学研究科助教授．博士（工学）．分散システム，マルチメディア通信システムに関する研究に従事．IEEE/CS 会員．



伊藤 実（正会員）

1977年，1979年，1983年にそれぞれ大阪大学基礎工学部卒業，基礎工学研究科博士前期課程修了，博士後期課程修了．1979年より大阪大学基礎工学部助手．1986年より大阪大学基礎工学部講師．1989年より大阪大学基礎工学部助教授．1993年4月より現在，奈良先端科学技術大学院大学情報科学研究科教授．関係データベース理論，オブジェクト指向データベースのアプリケーション，DNAプローブ等の研究に従事．ACM，IEEE各会員．