

分離・合流を伴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、それを実行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・合流地点の組み合わ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”と呼ばれるワイルドカードで表し、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ワイルドカード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よ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、高速に準最適解を得られることを確認した。

Proposal of planning function for group 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

従来から Vehicle Routing 問題や巡回セールスマン問題など、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。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-Tour¹⁾ 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

による観光の人気の高い。しかし、団体ツアーでは参加メンバー全員が同じスケジュールで行動するのが基本である。類似問題としてはテーマパークの案内問題²⁾ やオンデマンドバスの巡回問題³⁾ などがあるが、各メンバーの細かな嗜好や制約を反映することは難しい。

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、それを実行時間で計算するGAベースの近似アルゴリズムを提案する。

この問題では、メンバーの数や巡回候補地の数に応じて、スケジュール中の単独行動とグループ行動の間の分岐・合流地点の組み合わ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

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

^{††} 滋賀大学
Shiga University

子”と呼ばれるワイルドカードで表し、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ワイルドカード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よ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. 問題設定

2.1 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 (例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 $u_i (u_i \in U, 1 \leq i \leq |U|)$ 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 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 u_i の観光地 d_j に対する重要度
- メンバデータ：上記の観光地データ以外のメンバ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 u_i の出発/帰着地点を表す。
 - pt_{is}, pt_{ig} ：メンバ 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 u_i の移動速度を表す。

2.2 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 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 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 u_i が j 番目に回る観光地である。また、 $Stay_i$ はメンバ 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 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 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 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。

2.3 評価関数

設計した評価関数を以下に示す。

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

$timeok(s_i, d'_{ij})$ 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、 $\alpha, \beta, \gamma, \delta$ は定数 (重み係数) である。

3. グループ観光スケジュールのための GA

3.1 染色体表現

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、 $gList_{hi} = \langle g_{hi1}, g_{hi2}, \dots, g_{hij}, \dots, g_{hit} \rangle$ 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、メンバ同士が相互に参照したときどちらを優先するかを決めるときに用いられる値である。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決める方法について、具体例を用いて詳しく説明する。

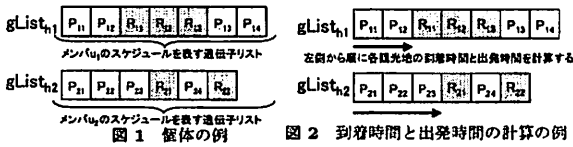
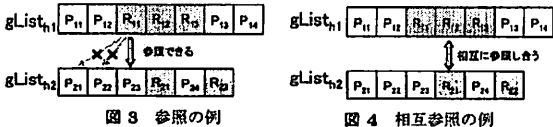


図1 個体の例

図1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2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2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3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。

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4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優先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。

3.2 アルゴリズム

本節では、4節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。

4. 評価実験

提案アルゴリズムにおいて、次の2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

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 2.0GHz, RAM 512MB, 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40km/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。

4.1 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・分離を伴うスケジュールが得られるかについて評価を行った。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）、誰も重要視しない観光地の8つに分類した。

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5に示す。また、各メンバの経路を重ね合わせたものを図6に示す。

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				
真島寺 (B)	8:34	出発	8:00		
真島寺 (B)	8:34	真島山待合 (A)	08:43	真島山待合 (A)	10:00
春日神社 (B)	10:28	春日神社 (B)	11:09	春日神社 (B)	11:28
春日神社 (B)	10:43	春日神社 (B)	11:28	春日神社 (B)	11:28
春日神社 (B)	11:43	春日神社 (B)	11:28	春日神社 (B)	11:28
春日神社 (B)	11:54	春日神社 (B)	11:28	春日神社 (B)	11:28
春日神社 (B)	12:04	春日神社 (B)	12:04	春日神社 (B)	12:04
春日神社 (B)	12:03	春日神社 (B)	12:03	春日神社 (B)	12:03
春日神社 (B)	14:03	春日神社 (B)	14:03	春日神社 (B)	14:03
春日神社 (B)	14:18	春日神社 (B)	14:18	春日神社 (B)	14:18
春日神社 (B)	15:18	春日神社 (B)	15:18	春日神社 (B)	15:18
春日神社 (B)	15:37	春日神社 (B)	15:37	春日神社 (B)	15:37
春日神社 (B)	15:37	春日神社 (B)	17:16	春日神社 (B)	16:43
春日神社 (B)	15:37	春日神社 (B)	17:16	春日神社 (B)	17:43
春日神社 (B)	15:37	春日神社 (B)	17:16	春日神社 (B)	18:07

□移動 □個人観光 □グループ観光 □待ち
図5 算出したスケジュールのタイムテーブル

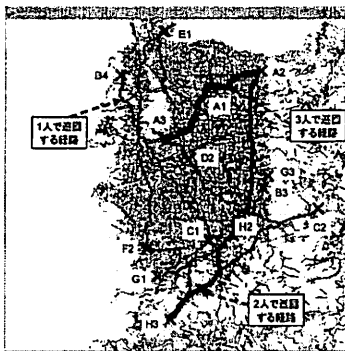


図6 グループ全体の経路

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。またここで、各メンバは各自が重要度を高く設定した観光地を巡回して

いる。

4.2 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1に示す。

表1 最適解との比較

観光地数	組み合わせ数	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 (12338) ³ 通り	-	-	-

表1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、いずれの場合も計算時間は提案アルゴリズムの方が短かった。

全探索の計算時間が極端に増えるため、観光地数が5以上の場合については確認できなかった。

5. 結論

本論文では、分離・合流を伴うグループ観光スケジュール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挙げられる。

参考文献

- 1) Shiraishi, T., Nagata, M., Shibata, N., Murata, Y., Yasumoto, K., Ito, M., "A Personal Navigation System with a Schedule Planning Facility Based on Multiobjective Criteria", *Proc. of 2nd Int'l. Conf. on Mobile Computing and Ubiquitous Networking*, pp. 104-109, 2005.
- 2) 川村 秀憲, 車谷 浩一, 大内 東, "テー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.
- 3) 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.