

遺伝的アルゴリズムを用いた カーナビのための経路案内方式

狩野 均†

†筑波大学電子情報工学系
〒305-8573 茨城県つくば市天王台 1-1-1

E-mail: †kanoh@is.tsukuba.ac.jp

あらまし 本研究では、自動車用ナビゲーション装置（カーナビ）の経路探索に着目し、その機能を拡張するための手法を提案する。本手法は、GAの個体集団の他に2つの知識集団を生成し、この知識を個体に適用する手段として感染演算子を導入するものである。知識の集団として、主要道路の集団と立ち寄り候補地の集団を生成し、感染演算によって、運転の快適性の向上と立ち寄り機能の実現の両方を達成するところに特徴がある。実際のカーナビで使われているナビ研S規格地図を用いた評価実験により、本手法の有効性を確認した。本手法は、問題領域の知識をウイルスと見なすことにより、遺伝的アルゴリズムの枠組みの中に知識を利用するための演算を実現したところに特徴がある。この考え方は、一般に遺伝的アルゴリズムを実用規模の問題に適用するとき有効であると考えられる。

キーワード 経路探索、カーナビ、遺伝的アルゴリズム、ウイルス、立ち寄り、地図

Routed Guidance for Car Navigation Using Genetic Algorithms

Hitoshi KANOH†

† Institute of Information Sciences and Electronics University of Tsukuba
Tennoudai 1-1-1, Tsukuba-si, Ibaraki, 305-8573 Japan

E-mail: †kanoh@is.tsukuba.ac.jp

Abstract This paper addresses the problem of selecting a route to a given destination that traverses several non-specific sites (e.g. a bank, a gas station) as requested by a driver. The proposed solution uses a genetic algorithm that includes viral infection. The method is to generate two populations of viruses as domain specific knowledge in addition to a population of routes. A part of an arterial road is regarded as a main virus, and a road that includes a site is regarded as a site virus. An infection occurs between two points common to a candidate route and the virus, and involves the substitution of the intersections carried by the virus for those on the existing candidate route. Crossover and infection determine the easiest-to-drive and quasi-shortest route through the objective landmarks. Experiments using actual road maps show that this infection-based mechanism is an effective way of solving the problem. Our strategy is general, and can be effectively used in other optimization problems.

Key words planning, route, navigation, genetic algorithm, virus, infection

1. はじめに

高度道路交通システム (ITS : Intelligent Transportation Systems) [1, 2]は、情報・通信・制御技術を交通網の改善に適用した交通システムの総称であり、人と道路と車両を一体のシステムとして扱うところに特徴がある。現状のITSは、データの収集・通信・表示に留まっており、交通事故や渋滞を低減し、快適な旅行を実現するためには、利用者の意志決定を支援するシステムの開発が望まれている。

カーナビゲーションシステム (以下カーナビと略す) [3]は、国内で既に800万台を出荷しており、車載ITS端末としての地位を確立しているといえる。そこで本研究では、カーナビの経路プランニングに着目し、その機能を拡張するための手法を提案する。カーナビの経路探索[4, 5, 6, 7]には、主にダイクストラ法[8]が用いられているが、目的地までの途中に不特定の立ち寄り地 (経由地) が複数箇所ある場合の経路探索に関しては、殆ど検討されていない。これは、例えば、目的地に到着する前にどこかのレストランとガソリンスタンドに寄っていきたいが、あまり遠回りはしたくないという実際の要望であるが、ダイクストラ法では探索空間が大きすぎて対処できないという問題がある。立ち寄り地があらかじめ特定されている場合に関しては、遺伝的アルゴリズム (GA) [9, 10, 11]を用いた解法が提案されているが[12]、立ち寄り地が不特定の場に対しては検討されていない。

著者等は以前、交差点数が10000程度のモデル道路網を対象として、GAを用いてダイクストラ法と同程度の経路をより高速に求める方法を提案した[13, 14]。この方法は、GAの集団中の経路を再利用することにより、渋滞の迂回路を高速に求めるものである。本論文ではこの方法を拡張する。本手法は、GAの個体集団の他に2つの知識集団を生成し、この知識を個体に適用する手段として感染演算子を導入するものである[15, 16]。感染演算子に関しては、ウイルス進化論に基づくGA[17, 18, 19]として既に提案されているが、これらは、ベンチマーク問題を対象としており、実用的な問題への適用はまだ検討されていない。従って本論文の主題は、広域の実用地図を対象とした立ち寄り経路探索に適した感染演算子の提案とその有効性の評価である。提案する方法は、知識の集団として、主要道路の集団と立ち寄

り候補地の集団を生成し、感染演算によって、運転の快適性の向上と立ち寄り機能の実現の両方を達成するところに特徴がある[27]。

以下では、まず対象問題を説明した後、従来手法の問題点と本手法の基本戦略について述べる。つぎに、知識集団の生成方法と感染のアルゴリズムを示す。最後に、実際のカーナビで使われているナビ研S規格地図[20]を用いた評価実験結果から本手法の有効性を示す。

2. 研究分野の概要

2.1 動的経路探索

動的経路探索問題とは、現在地から目的地に至る準最適経路を制限時間内に探索により発見する問題である。従来、この問題は、距離が最短となる経路を求める問題として研究されてきたが、実際のカーナビに应用するには、所要時間や運転手の快適性を考慮した準最適な経路を求めることが重要となる。また一度経路が決まっても、運転中に推奨経路上に渋滞や通行止めが発生した場合には、次の交差点に至るまでの短時間に、これらを回避するような別の準最適経路を探索し直す必要がある。

2.2 立ち寄りがあるときの経路探索

図1に通常の経路探索問題と立ち寄り地がある場合の経路探索問題の例を示す。図1の右図には、コンビニエンス・ストア (以下コンビニと略す) 2ヶ所、ガソリンスタンド2ヶ所、銀行1ヶ所が示されている。ここで、ドライバーが目的地に到着するまでの間に、コンビニ、ガソリンスタンド、銀行に1回ずつ立ち寄りたいと思っている場合を考えると、右図に示した経路が最適となる。

2.3 制約条件

実際のカーナビでは、上記のような要求の他に、運転しやすい道を通りたいという一般的な要求も考慮して推奨経路を求める必要がある。本研究では、

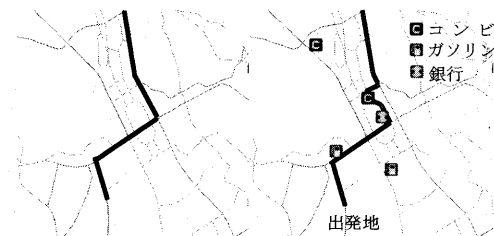


図1 通常の経路 (左) と立ち寄り経路 (右)

表1に示すように、ドライバーの要求事項を探索における制約条件と見なし、違反点数の合計が最も低い経路が最も快適な経路であるとする。ここで、表1の違反点数は運転手の経験から決めたものである。なお、一方通行や高さ制限などの交通規則は、必ず守らなければならない制約と考えて、これらを満たさない道路は探索から除外している。以下では、これらの制約を「強い制約」、表1に示した、守ることが望ましい制約を「弱い制約」と呼ぶ。

便宜上、表1の国道と主要地方道を合わせて単に主要道路と呼ぶ。また、道路網をグラフとみなして、交差点をノード、交差点で区切られた道路の1区間をリンクと呼ぶ。なお、4章で示す評価実験には、高速自動車道と自動車専用道路は含めていないが、これらを含めるように拡張することは容易である。

表1 制約条件と違反点数

制約の内容	条件	違反 点数	遅延時 間(秒)
主要道路を 通る	高速自動車道	0	-
	自動車専用道路	1	-
	国道	2	-
	主要地方道	3	-
	都道府県道	4	-
	基本道	5	-
広い道路を 通る	その他	6	-
	L=3	0	-
	L=2	1	-
	L=1	2	-
曲がる回数 を少なくする	L=0	3	-
	直進	0	0
	左折	5	10
	右折	7	30
立ち寄り地 点を通る	Uターン	10	60
	道路左側	0	-
	道路右側	5	30
	通らない	10	-

L: 片側車線数

2.4 従来手法の問題点

経路探索問題の代表的な解法としては、ダイクストラ法とA*アルゴリズム[26]が挙げられる。これらは、厳密解を求める方法であり、計算が完全に終了するまで解を得ることはできない。従って、本来制限時間内に準最適解を求める問題には適用できない。

ダイクストラ法は、探索範囲を交通状況が変化した区間の周辺に限定することにより、計算時間を短

縮するように改良されているが、この方法では大域的な準最適解を求めることは難しい。また、A*アルゴリズムは、リアルタイム用にRTA*[24, 25]が提案されているが、次の交差点から目的地までの推定移動コストを用いて探索を行うため、道路の広さや右折を少なくするなどの、運転に関する快適性を考慮することが難しいという問題点がある。すなわち、これらの快適性を表す指標は目的地までの経路が決まらなると計算できないからである。

また、実際のカーナビでは、ダイクストラ法が用いられているが、この方法を立ち寄り候補地が多数ある場合に適用すると、探索空間が膨大となり、実用的な時間内に解を求めることは期待できない。

これに対して、遺伝的アルゴリズム(GA)は、反復改善型の近似解法であり、探索の途中でも集団中に近似解を持っているので、制限時間内に準最適解を出力することができる。また、複数の解を持っているので、渋滞が発生した場合でも、別の解を利用して新たな準最適解を高速に生成できる。

しかし、通常のGAを立ち寄りがある経路探索に適用した場合、「立ち寄り地を通る」という制約は、必ず満たさなければならないに関わらず、地点が特定されていないため、「強い制約」として扱うことができない。このため次の問題が生じることが予想される。すなわち、この立ち寄り制約の違反点数を高く設定すると、主要道路を多く通り曲がる回数も少ないにもかかわらず立ち寄り地を含まない経路が、探索の初期の段階で死滅してしまい、それ以降の世代において推奨経路の構築に参加できないことがある。また、この違反点数を低く設定すると、立ち寄り制約を満たさない経路が推奨経路に選ばれてしまうことがある。

さらに、GAの一般的な問題点としてつぎのことが挙げられる。通常のGAは、交叉と突然変異によって新しく生成された個体群から、制約違反の少ない個体群を選択するものである。ここで、交叉は親のもつ部分解を受け継ぐ可能性はあるが、どの遺伝子が部分解か(あるいはそれらしいか)という情報が全くない。これは探索戦略上、「変数の選択」を無作為に、また「値の選択」を集団内に予め存在していた遺伝子の組合せの範囲で無作為に行っていることになり、効率的とはいいがたい。一方、突然変異は初期集団に含まれていない遺伝子も探索できる可能性があるが、ランダム探索そのものである。このように、GAの最大の特徴である大域的探索の効率を

考えると、方向性よりもランダム性の比重がかなり大きく、収束が遅いという問題がある。このため、通常のGAを用いて短時間で快適性の高い経路を求めることは難しい。

2.5 ウイルス進化論に基づくGA

上記のGAの問題点は、ダーウィン進化論の問題点をそのまま受け継いでいると考えられる。そこで本論文では、次に示すウイルス進化説に基づいて探索速度の向上を図ることとした。

ウイルス進化説は、進化はウイルス感染によって起こると考える進化仮説で、中原・佐川によって提案されたものである[21]。ウイルスによって他の生物から運ばれた遺伝子やウイルス自身の遺伝子によって、生物の染色体が変化する。ダーウィン進化論では、生存に有利な形質がランダムな突然変異によって生じ、これが子孫に引き継がれることによって生物は進化すると考える。しかし、突然変異で優れた個体が出現し、かつ集団に広まる確率は、極めて小さい。これに対して、自然界でウイルスが意味のある遺伝子のかたまりを運ぶことを認めれば、ダーウィン進化論では十分に説明できない多くの問題点がほぼ解決できる[22]。

2.6 本手法の基本戦略

本手法は、2.2節で述べたGAの2つの問題点を、ウイルス感染演算子を導入することにより解決するものである[27]。その基本戦略はつぎの2点である。

- 出発地から目的地までの経路を宿主、主要道路を主ウイルス、立ち寄り地点を含む道路を地点ウイルスとし、宿主の集団、主ウイルスの集団、地点ウイルスの集団をそれぞれ生成する。
- 遺伝的演算子として、主ウイルスの遺伝子を宿主の遺伝子に上書きする主道路感染演算子、ならびに、地点ウイルスの遺伝子を宿主の遺伝子に上書きする立ち寄り感染演算子を導入する。

主ウイルスは、収束が遅いという問題点を解決するために導入した。また、地点ウイルスは、立ち寄り地点を通るという制約を満たす経路を生成しやすくするために導入した。本手法は、問題領域の知識をウイルスと見なすことにより、遺伝的アルゴリズムの枠組みの中に知識を利用するための演算を実現したところに特徴がある。

また、本手法では、リアルタイム性を確保するため、世代交代モデルとして MGG モデル(Minimal Generation Gap)[23]を採用することとする。実際の

カーナビでは、渋滞や通行規制などが走行中に変化した場合には、経路を再探索する必要があるので、リアルタイム性が要求されている。このため、GAの世代を制限時間で打ち切る必要がある。したがって、一世代の計算時間が短い MGG モデルが適していると考えている。

また、本手法では、表1の「立ち寄り地点を通る」という制約の違反点数を他の制約の違反点数と同程度の値に設定してある。この制約は他の制約より優先度が高いので、他の制約の違反点数に比べて十分大きい値に設定することが考えられるが、そうすると、2.2節で述べたように、主要道路を多く通り曲がる回数も少ないにもかかわらず立ち寄り地を含まない経路が、探索の初期の段階で死滅してしまう恐れがある。本手法では、立ち寄り演算子を導入することによりこの問題を解決するものである。

3. 提案する手法

3.1 アルゴリズム

本手法のアルゴリズムを図2に示す。以下、順に説明する。また、ウイルス感染については、次の節で詳しく述べる。

```
procedure main(){
    地図データ・出発地・目的地・立ち寄り地の読み込み;
    ウイルス集団の生成;
    経路の初期集団の生成;
    制限時間までループ{
        経路の適応度の評価;
        選択と交叉;
        主道路感染;
        立ち寄り感染;
    }
    エリート経路を局所探索で改善;
}
```

図2 本手法のアルゴリズム

(1) コード化

本論文では、経路を交差点の列として表現する。すなわち、遺伝子座は交差点の通過順を表し、遺伝子は交差点の識別番号とする。従って、染色体は可変長となる。以下では集団中の k 番目の経路を R_k

とかく、また R_k の i 番目の交差点を $R_k(i)$ とかく。ウイルスについても同様に V_k 、 $V_k(i)$ とかく。ここで、経路は出発地と目的地を含むが、ウイルスは一般には含まない。

(2) 適応度の評価

経路の適応度を、①経路の距離、②車の所要時間、③運転手の快適性、という3つの指標を用いて評価する。所要時間は、道路の種類別にあらかじめ設定しておいた制限速度を用いて計算する。さらに、経路に制約違反がある場合には、表1の遅延時間を加算する。快適性に関しては、表1に示した違反点数の合計が最も低い経路が最も快適な経路であるとす。以上の3つの指標を集団中の最大値で規格化した値を合計したものを経路の適応度とする[14]。

(3) 初期集団の生成

まず、主ウイルス集団からウイルス V_k を1つ選択する。次に、出発地から V_k の最初の交差点までの経路 $R1$ 、および、 V_k の最後の交差点から目的地までの経路 $R2$ を RTA* アルゴリズム[24, 25] で生成する。最後に $R1$ 、 V_k 、 $R2$ を結合して経路 R_k とする。主ウイルス集団中の全ウイルスに対して同様の手順により経路を生成し、これらを初期集団とする。

(4) ウイルス集団の生成

地図上で、出発地と目的地を結ぶ線分を対角線とする四角形の内部をウイルスを生成する範囲とする。この範囲内の主要道路(国道と主要地方道)を主ウイルス、立ち寄り候補地を含む道路の1リンクを地点ウイルスとする。

(5) 選択と交叉

文献[佐藤 97]の連続世代モデルをもとにして、以下のような選択・交叉を行う。

Step 1. 親1と親2を経路集団からランダムに選択する。

Step 2. 親1と親2に共通の交差点がある場合は、その中からランダムに交差点を1つ選んで1点交叉して、新たに子1と子2を生成する。ない場合は、Step 1に戻る。

Step 3. 親1、親2、子1、子2の中から、適応度が最も高い1個体と、残り3個体の中からルーレット戦略により選ばれた1個体を次世代に残す。ただし、子個体を選ばれたとき、集団中に距離が同じ経路が既に存在する場合は、代わりに親1または親2を集団に戻す。

(6) 局所探索

GA で求めたエリート経路 Re に対して、 $Re(x)$ を

出発地、 $Re(x+L)$ を目的地として、RTA* アルゴリズムにより部分経路を生成する (L は定数)。この新しい部分経路の適応度が、もとの部分経路 ($Re(x)$ 、 \dots 、 $Re(x+L)$) より向上した場合は、もとの部分経路を新しい部分経路に置き換える。以上の処理を、交差点 x を出発地から目的地の L 個手前の交差点まで変えて繰り返す。

3.2 ウイルス感染

3.2.1 主道路感染

主道路感染のアルゴリズムを以下に示す。

Step 1. 集団から適応度が最も高い経路 R_k を選択。

Step 2. 主ウイルス集団からウイルス V_i を一つ選択。

Step 3. R_k と V_i に共通の交差点が2つ以上ある場合は、ランダムに2つ選び、共通交差点間の V_i の部分経路を、 R_k に上書きして、できた経路を保存しておく。ただし、上書き後の R_k の適応度が前より低くなった場合は、上書き中止。

Step 4. 全ての主ウイルスが選択されるまで Step 2 ~ Step 3 を繰り返す。

Step 5. 保存された経路の中で適応度が最も高い経路を R_k と置き換える。

3.2.2 立ち寄り感染

立ち寄り感染のアルゴリズムを次に示す。また、アルゴリズム中の地点ウイルスの選択方法、ならびに、RTA* アルゴリズムを用いた地点ウイルスを含む経路の生成方法を、それぞれ図3と図4に示す。

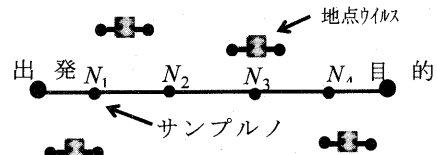


図3 地点ウイルスの選択方法

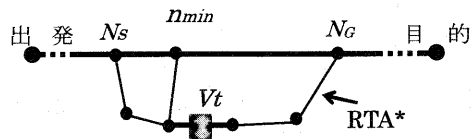


図4 地点ウイルスを含む経路の生成

- Step 1. 経路集団からランダムに経路 R_k を選択。
- Step 2. R_k 上のノードから、一定ノード間隔でノード $N = \{N_1, N_2, \dots, N_n\}$ を選択する (以下サンプルノードと呼ぶ。図5参照)。
- Step 3. N から一つのノード N_i をランダムに選択。
- Step 4. N_i から立ち寄り許容距離 D 以内にある地点ウイルスの中から、直線距離が最も小さいウイルス V_t を選択する。 D 以内にウイルスがない場合は N から N_i を除いて step3 に戻る。 N が空の場合は今まで調べた中で直線距離が最も小さいウイルスを選択する。
- Step 5. R_k 上で V_t から直線距離が最も小さいノードを n_{min} とする (図6参照)。また、 n_{min} の一つスタート側のサンプルノードを N_s 、ゴール側を N_g とし、 V_t から n_{min} 、 V_t から N_s 、 V_t から N_g までのそれぞれの経路を RTA* アルゴリズムによって生成する。
- Step 6. 以下の4つの経路と R_k の中から最も適応度が高いものを選択し、 R_k と置き換える。
 $R_1 = [S, N_s, V_t, n_{min}, G]$, $R_2 = [S, N_s, V_t, N_g, G]$, $R_3 = [S, n_{min}, V_t, n_{min}, G]$, $R_4 = [S, n_{min}, V_t, N_g, G]$ 。

4. 評価実験

4.1 実験方法

本手法の有効性を評価するため、カーナビ用デジタル地図の標準規格である「ナビ研S規格」地図[20]を用いて評価実験を行った。この規格は、ITナビゲーションシステム研究会から提案されているもので、国内のカーナビで広く使用されている。

表2に実験で用いた地図の諸元を示す。ノードは交差点、リンクは道路に対応している。以下の実験では、主ウイルスとして国道と主要地方道を採用した。また、計算機は、333MHz Celeron Processorを使用した。なお、計算時間には、地図データを読み込む時間とウイルス集団を生成する時間も含まれている。

表2 実験で用いた地図の諸元

諸元	地図1	地図2	地図3
主ウイルス数	123	304	154
リンク数	7664	18075	3872
ノード数	6076	13171	3076

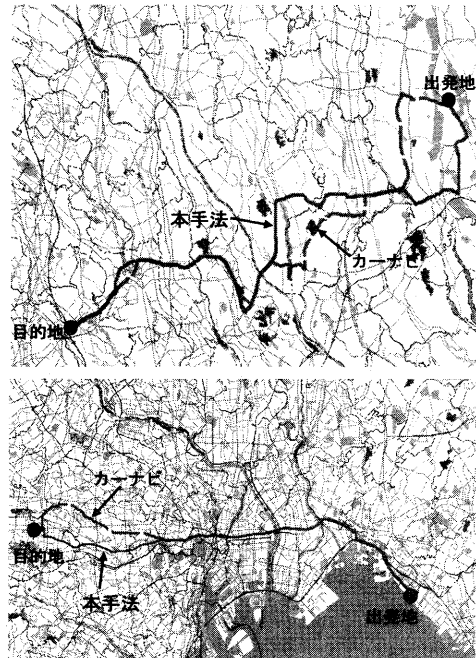


図5 経路探索の例 (上図: 茨城県つくば市 ~ 埼玉県 岩槻市、下図: 千葉県 幕張 ~ 東京都 三鷹市)

4.2 経路の例

図5は、地方都市 (上図: 地図1) と都心 (下図: 地図2) を対象として、本手法で求めた経路と商用カーナビ (パナソニック製) で求めた経路を比較したものである。後者は、車の所要時間をコスト関数としたダイクストラ法が用いられていると思われるが、詳細は公表されていない。

4.3 主道路感染の有効性

主道路感染の有効性を確認するため、地図1を用いて、経路を求める実験を行った。ただし、本実験では立ち寄りを行わないものとする。表3は、初期集団の生成と主道路感染において使用した主ウイルスの数を示している。

表3 実験に使用した主ウイルス数

演算	実験1	実験2	実験3
初期集団の生成	30	30	30
主道路感染	0	30	123

各実験の狙いは次の通りである。

- 実験1：初期集団の生成時のみウイルスを使用し、感染は行わないケース（感染なし）。
- 実験2：感染において、初期集団の生成と同じウイルスを使用したケース（30ウイルス）。
- 実験3：感染において、対象とする地図上の全てのウイルスを使用したケース（全ウイルス）。

図6は車の所要時間と交差点当たりの違反点数を示している。各データは乱数のシードを変えて5回実験を行ったときの平均値である。なお、標準偏差は5%以下であった。横軸は計算時間であり、同じ計算時間に対しては、ウイルス感染を行った実験では、その分世代数が少なくなっている。図6から次のことがわかる。実験1と2を比べると、使用したウイルスの数は同じであるにもかかわらず、感染を行った場合は、行わなかった場合よりグラフの横軸の全範囲で良い性能を示している。すなわち、探索における知識の量（＝ウイルス数）が同じであっても、感染演算を導入することにより、知識の利用方法が改善され、このため性能が向上したといえる。また、計算時間が30秒以上の範囲では、実験1～3ともほぼ一定の値となり、このとき、感染に用いたウイルスの数が多いほど性能が良くなっている。すなわち、知識の量が増えると性能がより向上する

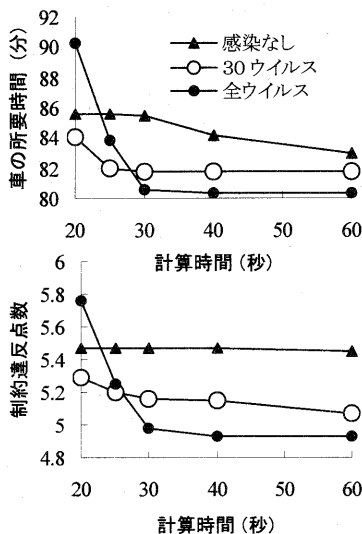


図6 経路の進化

といえる。

4.4 立ち寄り感染の有効性

立ち寄り地として、ガソリンスタンド、銀行、コ

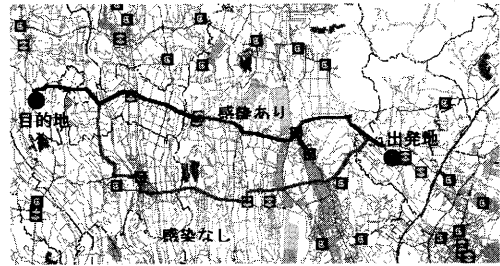


図7 立ち寄り経路探索の例
(茨城県新治村～八千代町)

ンビニを想定して立ち寄り感染の有効性を評価する実験を行った。表4と図6は、地図3を対象とした本手法による経路探索において、立ち寄り感染を行った場合と行わなかった場合の推奨経路のデータを示している。ただし、両ケースとも主道路感染は行った。なお、表4のデータは、乱数のシードを変えて10回実験を行ったときの平均値である。表4において、主道路率は、経路の全長に対する主要道路（国道と主要地方道）の割合とする。表4から、立ち寄り感染を行うことにより、所要時間が短く、走りやすい経路（主道路率が高く曲がる回数が少ない経路）が得られていることがわかる。

図7において、立ち寄り感染がある場合の経路は、出発地から目的地までの約 1/6 通過した地点で、コンビニへ往復する部分経路が生成されていることがわかる。立ち寄り感染のない場合の経路は、コンビニに立ち寄るために大回りをしているのに対して、立ち寄り感染がある場合の経路は、この部分経路を利用しているので、より良い経路が得られたものと思われる。このような部分経路は、立ち寄り感染のないGAで生成することは難しいと考える。

表4 感染の有無による経路の違い

立ち寄り感染	所要時間 (分)	主道路率 (%)	右左折回数
なし	53	68	19
あり	52	84	15

5. おわりに

本論文では、カーナビの経路プランニング機能の拡張として、目的地までの途中に不特定の立ち寄り地が複数箇所ある場合の経路探索手法を提案した。本手法は、知識の集団として、主要道路の集団と立ち寄り候補地の集団を生成し、感染演算によって、

運転の快適性の向上と立ち寄り機能の実現の両方を達成するものである。実際のカーナビで使われているナビ研S規格地図を用いた評価実験により、本手法の有効性を確認した。

本手法は、問題領域の知識をウイルスと見なすことにより、遺伝的アルゴリズムの枠組みの中に知識を利用するための演算を実現したところに特徴がある。この考え方は、一般に遺伝的アルゴリズムを実用規模の問題に適用するとき有効であると考えられる。

謝 辞

本研究を進めるにあたり、ウイルス進化論についてご教授いただいた、前山梨医科大学中原英臣助教授、ならびに、ナビ研S規格地図のCD-ROMフォーマットをご開示いただいた、ITナビゲーションシステム研究会山崎敏夫会長に感謝の意を表します。

また、本研究の一部は、次の補助金によるものです。文部科学省科学研究費、(財)電気通信普及財団、日立電線(株)。

文 献

- [1] Kan Chen, John C. Miles: ITS Handbook 2000 - Recommendations from the World Road Association (PIARC), Artech House (1999).
- [2] 狩野: 高度道路交通システムとAI, 人工知能学会誌, Vol. 15, No. 2, pp. 222-225 (2000).
- [3] 山崎敏夫: ナビゲーションシステム体系と今後の展開, 人工知能学会誌, Vol. 15, No. 2, pp. 226-231 (2000).
- [4] T. Nakamura, et al.: Head Start Route Selecting Algorithm for Reducing Driver's Waiting Time, The Second World Congress on Intelligent Transport Systems, pp. 2031-2036 (1995).
- [5] 上川, 梅津: 車載ナビゲーションシステムの経路探索技術, 計測と制御, 第36巻, 第1号, pp. 790-792 (1997).
- [6] 平石, 大和田, 溝口: 実用的な経路計画作成のための時間制限付きヒューリスティック探索, 情報処理学会論文誌, Vol. 40, No. 11, pp. 4021-4029 (1999).
- [7] 今成, 小川: 経路修正による動的経路移動問題の解法, 人工知能学会誌, Vol. 15, No. 1, pp. 119-128 (2000).
- [8] B. Golden: Shortest-Path Algorithms - A Comparison, Operations Research, Vol. 24, No. 9, pp. 1164-1168 (1976).
- [9] E. Goldberg: Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning, Addison Wesley (1989).
- [10] J. Xiao, et al.: Evolutionary Planner/Navigator: Operator Performance and Self-Tuning, IEEE International Conference on Evolutionary Computation, pp. 366-371 (1996).
- [11] A. Neves, et al.: Evolutionary Path Planning for Nonholonomic Robots, Genetic and Evolutionary Computation Conference (GECCO'99), pp. 466-472 (1999).
- [12] 稲垣, 長谷山, 北島: 遺伝的アルゴリズムを用いた複数経路点を伴う経路探索, 電子情報通信学会論文誌 D-1, Vol. J83-D-1, No. 5, pp. 504-507 (2000).
- [13] H. Kanoh, et al.: Real-time Route Selection Using Genetic Algorithms for Car Navigation Systems, IEEE International Conference on Intelligent Vehicles, pp. 207-212 (1998).
- [14] ブイ, 柏崎, 高橋, 狩野: 集団の再利用に基づくGAによるカーナビゲーションのための動的経路探索, 計測自動制御学会論文集, Vol. 36, No. 9, pp. 789-796 (2000).
- [15] H. Kanoh, T. Nakamura: Knowledge Based Genetic Algorithm for Dynamic Route Selection, International Conference on Knowledge Based Intelligent Engineering Systems and Allied Technologies, pp. 616-619 (2000).
- [16] H. Kanoh, N. Nakamura: Route Guidance with Unspecified Staging Posts Using Genetic Algorithm for Car Navigation Systems, IEEE Intelligent Transportation Systems Conference, pp. 119-124 (2000).
- [17] 久保田, 他: ウイルス進化論に基づく遺伝的アルゴリズム, 計測自動制御学会 第8回自律分散システムシンポジウム, pp. 167-170 (1996).
- [18] H. Kanoh, et al.: Solving Constraint Satisfaction Problems by a Genetic Algorithm Adopting Viral Infection, International Journal on Engineering Applications of Artificial Intelligence, Vol. 10, No. 6, pp. 531-537 (1997).
- [19] 中谷, 金杉, 近藤: ウイルス進化論に基づく進化型アルゴリズム, 情報処理学会論文誌, Vol. 40, No. 5, pp. 2346-2355 (1999).
- [20] ITナビゲーションシステム研究会: Format Guide Book S規格 (Version 2.2), (1997).
- [21] 中原, 佐川, 富家: ウイルス進化説について, 山梨医科大学紀要, 第3巻, pp. 14-18 (1986).
- [22] 中原, 佐川: ウイルス進化論, 泰流社 (1989), またはハヤカワ文庫 (1996).
- [23] 佐藤, 小野, 小林: 遺伝的アルゴリズムにおける世代交代モデルの提案と評価, 人工知能学会誌, Vol. 12, No. 5, pp. 734-744 (1997).
- [24] R. E. Korf: Real-time Heuristic Search, Artificial Intelligence, Vol. 42, No. 2-3, pp. 189-211 (1990).
- [25] 石田, 新保: 実時間探索による経路学習, 人工知能学会誌, Vol. 11, No. 3, pp. 411-419 (1996).
- [26] 太原育夫: 人工知能の基礎知識, 近代科学社 (1988).
- [27] 狩野, 中村信昭, 中村友洋: 知識の集団を用いたGAによる不特定な立ち寄り地を含む経路探索, 人工知能学会論文誌, 17巻2号, 印刷中 (2002).