

遺传的アルゴリズムによる配合飼料の最適設計

佐竹隆顕・古谷立美・南 善行・立花文夫

Optimum Design of Swine Feed Formulation Using a Genetic Algorithm

Takaaki SATAKE, Tatsumi FURUYA
Yoshiyuki MINAMI and Fumio TACHIBANA

農業施設 第28巻第4号(通巻76号)別刷

1998年3月

Reprinted from

The Journal of the Society of Agricultural Structures, Japan

Vol. 28, No. 4 (Ser. No. 76) March, 1998

遺伝的アルゴリズムによる配合飼料の最適設計*

佐竹隆顕**・古谷立美***・南 善行****・立花文夫****

** 筑波大学農林工学系, 〒305-8572 つくば市

*** 東邦大学理学部, 〒274-0072 船橋市

**** 全農飼料畜産中央研究所, 〒300-4204 つくば市

要 旨

実用の肉豚肥育用飼料の配合設計問題として、配合候補の飼料原料にコーン、マイロ、ダイズ油粕など20種、また組成および栄養価の指標として粗蛋白質、カルシウム、可消化養分総量など13項目を選択抽出する一方、遺伝的アルゴリズム(GA)を援用した最適設計を試みた。肉豚肥育用の配合飼料としての飼料原料の配合率や栄養組成・栄養価の含有率の制約条件を満たしつつ、最も経済的な最小の配合飼料コストを実現する配合設計用の遺伝的アルゴリズムをC言語により新規に開発するとともに、突然変異の生起確率や個体群サイズといったGAパラメータを種々変えて設計シミュレーションを行った。

線形計画法(LP)により最適解として得られた配合率ならびに栄養組成および栄養価の含有率と比較検討を行った結果、遺伝的アルゴリズムによる最適解は線形計画法による最適解とほぼ等しい値を示し、遺伝的アルゴリズムによる実用配合飼料の最適設計が可能であることを明らかにした。

キーワード：遺伝的アルゴリズム、最適設計、線形計画法、配合飼料、配合飼料コスト

I 緒 言

近年、わが国の畜産業界では食肉需要の増加に対応して生産規模を拡大する一方、市場の解放問題も背景として生産コストの低減に向けた努力がなされている。これに対し、現在、食肉生産コストの中で非常に大きな割合を占める飼料の内、配合飼料は年間約2,450万t生産され(農林水産省, 1991)、畜産振興の一助となっている。

従来、飼料の配合設計は手計算により行われてきたが、設計技術者の知識と経験に依存するところが多く、成分計算が主体となり、価格を最低に設定する事が困難であった。これに対し、必要とする栄養水準や飼料原料の使用条件を満足しつつ、配合コストが最も安価となるように飼料原料の配合率を決定する、いわゆる最適設計

を目的として、近年、線形計画法(以下LPという)を援用しコンピュータにより計算する方法が広く用いられている(配合飼料講座編纂委員会, 1980)。

しかし、配合飼料の高機能化により混ぜ合わせる飼料原料の数が増えてくると、必然的に制約条件式の数も増え、全ての条件を満たすと同時に、コストを最小とする最適解を得る事が困難となっている。また、配合飼料中の各栄養素の制約条件や各飼料原料の単価に基づく配合コストの計算条件が非線形である場合にはLPによる配合設計は不適當であり、配合設計の現場においてはLPによる配合設計結果に対して熟練の技術者の経験に基づく修正が加えられることも多い。さらに、単一銘柄飼料のみを設計対象とし、同配合設計コストを最小とする配合率の最適設計に留まらず、複数の銘柄飼料を設計対象とするとともに、各々の配合設計において相競合する配

* 平成6, 7年度農業施設学会年次大会にて発表
原稿受理 1997年2月24日

合設計コスト等の同時並行的な最適化を可能とする総合的な配合設計に対するニーズも高まってきている（三谷ら, 1994）。

このため畜産業界では、生産コストの低減や最大の生産につながる配合飼料の新しい最適設計手法の開発が期待されている。

一方、生体情報処理モデルの一つとしてHolland (1992)により提案された遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: 以下GAという)は、生物の進化現象とそのプロセスをコンピュータのソフトウェア上でモデル化し、「交叉・突然変異・淘汰」といったオペレーションを持ち、組合せ最適化問題の近似解法の一つとして近年急速に注目されている (相吉ら, 1992)。とくに、問題が大規模で多峰性を有する場合や、目的関数あるいは制約条件が非線形関数である場合には従来の最適化手法の適用が困難な場合もあり、高速近似解法としての遺伝的アルゴリズムの利用が見込まれる。

本論文においては、飼料原料の配合率や栄養成分の含有率などに多数の制約条件をもつ配合飼料の新しい最適設計手法として、遺伝的アルゴリズムを援用する方法を提案する。なお、配合設計の現場においては、配合設計条件として取り上げる飼料原料や栄養組成・栄養価の配合率ないしは含有率の設定が、当該飼料を給餌する家畜や家禽の成育状態や肉質に反映することが経験的に知られており、成育状態や肉質の最適化はこれらの値の選択により計られている。従って、本論文では多数の制約条件を満たしつつ、配合コストの最小化を目的とする最適設計について述べる。研究の端緒として、はじめにC言語により新規に開発した配合設計用の遺伝的アルゴリズムについて紹介するとともに、GAによる実用配合飼料の設計シミュレーションとして行った肉豚肥育用飼料の設計結果、ならびにGAによる最適設計の検証を目的として、LPにより得られた最適解と比較検討を行った結果について報告する。

II. 実験方法

1. 配合設計に用いた飼料原料の栄養組成、栄養価および配合制約条件

肉豚肥育用配合飼料の設計シミュレーションを行うに当たり、配合候補の飼料原料として穀類よりコーン、マイロ、植物性油粕類よりダイズ油粕など、動物質性飼料よりミートボーンミール、魚粉など、そうこう類より脱脂米ヌカ、コーングルテンフィードなど、またビタミン・ミネラル添加物およびその他の計20種を抽出する一

方、組成および栄養価の検討項目として粗蛋白質、粗脂肪、カルシウム、可消化養分総量 (TDN) など13項目を抽出した。抽出した飼料原料の原物中の栄養組成と栄養価および配合設計の制約条件ならびに1トン当たりの価格を表1に示す。同表中の組成および栄養価などの数値は、日本飼料標準表より抜粋した値である。

一方、飼料原料の配合率の上限および下限の値、1トン当たりの価格、ならびに栄養組成・栄養価の含有率の上限および下限の値は、文献やメーカーの配合設計技術者の助言を参考にしつつ、配合設計において常識的な範囲内で仮に設定した値である。配合設計において制約条件となるこれらの上限および下限の値で、Fはフリーを意味しており、制約条件内の値を自由に選択可能であることを示している。

配合設計シミュレーションにおいては、配合率および栄養組成・栄養価の含有率の合計33の制約条件を満たしつつ、各原材料の単価に基づく最小の配合コストを実現するように各飼料原料の配合率を決定することとなる。

2. 遺伝的アルゴリズム

1) 遺伝子コーディングおよび個体群

GAによる最適設計においては、複数個の遺伝子の集まりである生物の染色体をコンピュータのアレイメモリ上で仮想的に作成する。表1に示した配合候補の各飼料原料の配合率を、配合の制約条件内でそれぞれ乱数発生に基づくランダム法により任意に設定するとともに、仮想的な遺伝子としてメモリ上に1次元配列したものが染色体である。本シミュレーションにおいて、各遺伝子は発生乱数の小数第2位までを採用し、5桁までの整数に変換して遺伝子とした。このプロセスを遺伝子コーディングという。1つの染色体は1つの生物個体、すなわち1つの配合設計モデルを表現する。

また、同様にして複数の配合設計モデルをそれぞれ染色体として作成し、アレイメモリ上に2次元配列した個体の集合を個体群という。また個体群中の個体数を個体群サイズPsという。個体群サイズPsは後述の突然変異確率などとともに、GAパラメータと呼ばれる設計変数であり、最適解へのGAの収束性に影響を与える。GAによる配合設計シミュレーションの遺伝的操作の開始にあたっては、染色体中の仮想的な遺伝子とみなした各飼料原料の配合率 X_{Psn} はランダム法により決定するとともに、GA空間における初期個体群を形成する。図1に遺伝子コーディングおよび個体群の発生の概要を示す。なお、同図中の遺伝子の網掛けは配合率の各記号とともに、配合率が各々異なることを意味している。

表1 飼料原料の組成・栄養価および配合設計の制約条件と価格

飼料原料	組成・栄養価 (%)													配合率 (%)		価格 (千円/t)
	粗蛋白	粗脂肪	粗繊維	粗灰分	DCP	TDN	カルシウム	全リン	リジン	メチオニン	メチオニン +シスチン	トリプトファン	Ca/P	Min	Max	
コーン	8.8	3.9	1.9	1.2	6.7	80.7	0.03	0.31	0.24	0.15	0.32	0.10	0.097	20	F	22
マイロ	9.0	3.1	1.9	1.5	6.7	80.6	0.03	0.30	0.20	0.13	0.27	0.10	0.1	F	50	21
オオムギ	10.6	2.1	4.4	2.3	8.1	70.4	0.07	0.38	0.37	0.15	0.33	0.11	0.184	F	30	28
フスマ	15.4	4.1	9.1	5.0	11.7	58.9	0.13	1.10	0.61	0.18	0.43	0.20	0.118	F	5	22
脱脂米ヌカ	17.7	1.9	8.5	11.7	12.6	52.4	0.07	2.82	0.87	0.30	0.58	0.19	0.025	F	5	20
大豆油粕	46.1	1.3	5.6	5.9	40.6	71.0	0.33	0.70	2.91	0.52	1.22	0.64	0.471	F	20	40
ナタネ油粕	37.1	2.2	9.7	6.4	29.3	59.9	0.71	1.25	2.00	0.69	1.39	0.44	0.568	F	5	30
アルファルファミール	15.9	2.3	24.3	10.2	7.6	35.9	1.30	0.24	0.66	0.17	0.31	0.25	5.417	F	5	27
コーングルテンフィード	19.8	2.4	8.2	5.4	14.5	57.9	0.25	1.00	0.69	0.31	0.61	0.12	0.25	F	5	20
ミートボーンミール	50.4	10.6	1.6	30.7	41.8	63.1	11.36	5.74	2.54	0.71	1.12	0.27	1.979	F	5	60
イエローグリース	0	99.0	0	0	0	213.8	0	0	0	0	0	0	0	F	3	62
炭酸カルシウム	0	0	0	99.5	0	0	38.73	0.01	0	0	0	0	3873	F	10	9
第3リン酸カルシウム	0	0	0	99.5	0	0	31.83	18.47	0	0	0	0	1.723	F	3	70
食塩	0	0	0	98.0	0	0	0.03	0	0	0	0	0	0	0.25	0.25	40
塩酸リジン	93.0	0	0	1.0	0	93.0	0	0	0	0	0	0	0	F	F	400
DL-メチオニン	57.5	0	0	1.0	57.5	57.5	0	0	0	0	0	0	0	F	F	500
糖蜜	3.1	0.5	0	8.3	1.3	59.0	1.19	1.11	0.01	0.01	0.03	0.02	10.818	F	F	23
魚粉 (CP60)	61.2	9.3	0.6	18.7	53.2	69.6	5.69	3.24	4.18	1.53	2.12	0.67	1.756	F	F	80
キャッサバ	2.6	0.6	4.2	5.8	1.8	79.3	0.26	0.11	0.12	0.03	0.06	0.03	2.364	F	F	18
ビタミン・ミネラル添加物	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.2	0.2	450
組成	Max	F	F	5.5	8	F	F	1	F	F	F	F	F			
栄養価 (%)	Min	16	2.5	F	F	13.5	76	0.55	0.5	0.8	0.2	0.5	0.15			1

※ 1) 設計対象は肉豚肥育用配合飼料
 2) DCP: 可消化粗蛋白質
 TDN: 可消化養分総量

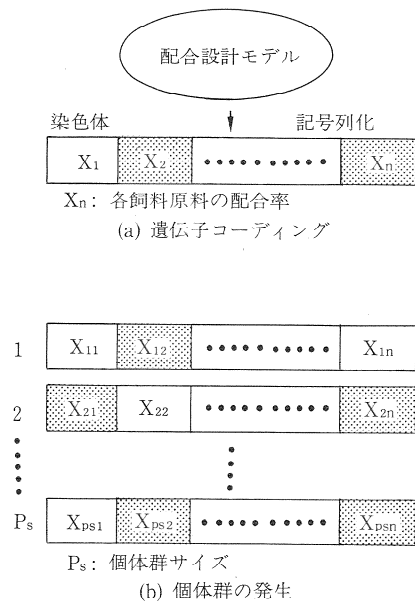


図1 遺伝子コーディングと個体群の発生

2) 交叉および突然変異処理

自然界では環境に対して適応する度合いの高い個体が生き残り、増殖する。しかし、これだけでは生物個体の進化を進めることは不可能であるため、交叉とよばれる染色体の一部組換えを行う。GAにおいてもこの交叉処理を行う。すなわち、個体群より2つの染色体をランダムに抽出する一方、同様にランダムに決定された交叉点で2つの染色体の遺伝子を部分的に入れ換える。この交叉処理により、2つの親の生物個体（配合設計モデル）から2つの新規生物個体（新規配合設計モデル）が誕生する（Goldberg, 1989; 米澤, 1993）。交叉処理には交叉点が1つの1点交叉、および複数の交叉点において交叉を行う多点交叉などがあるが、本GAシミュレーションにおいては、単純な1点交叉を採用した。図2-(a)に1点交叉処理の概要を示す。

一方、交叉処理のみでは、初期個体群に依存した高適応度（低配合コスト）の個体を元としているため、進化は十分に行われないことが多い。すなわち、最適解に十

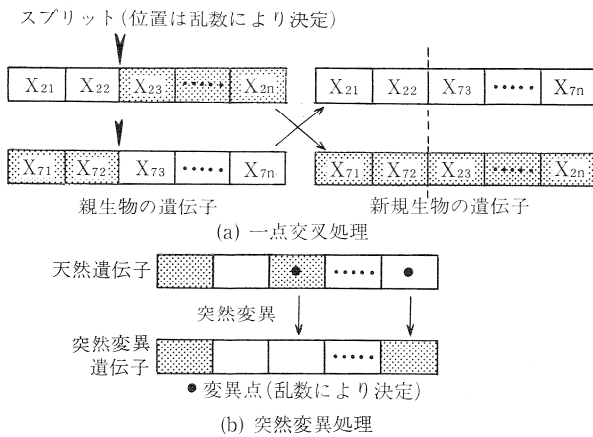


図2 遺伝的オペレータ

分収束することが困難となる。この制限の解除のため、個体群より規定された確率(突然変異確率) P_m でランダムに選択抽出する染色体の一部の遺伝子を、他の対立遺伝子に置換える突然変異処理を施す(Michalewicz, 1995)。突然変異処理では突然変異を生じさせる遺伝子座すなわち変異点もランダムに決定する。この突然変異処理には生物の突然変異に習った転座方式、重複方式などいくつかの方式があるが、本GAシミュレーションでは変異点の遺伝子すなわち任意の飼料原料の配合率をランダム法により新規に設定し直す方法を採用した。図2-(b)に突然変異処理の概要を示す。

GAでは、以上述べた交叉や突然変異といった遺伝的オペレータにより、親の生物個体から新規の生物個体へと世代交代が行われるとともに、最小の配合コストを実現する各飼料原料の配合率を遺伝子とする配合設計モデルへ収束し、最適解が得られる。

3. GAによる配合設計シミュレーション

配合設計の基本スキームを図3に示す。以下に、処理プロセスを概説する。

1) 制約式と目的関数の作成

配合設計は、 m 種類の栄養組成・栄養価をそれぞれ所要量含む飼料を最小のコストで実現するために、配合する n 種類の飼料原料各々の配合率を決定する問題である。この問題は次のように定式化される。

$$\sum_j a_{ij}x_j \geq b_{imin} \text{ または } \sum_j a_{ij}x_j \leq b_{imax} \quad (1)$$

$$\sum_j x_j = 1 \quad \left(\begin{array}{l} i = 1, 2, \dots, m \\ j = 1, 2, \dots, n \end{array} \right) \quad (2)$$

$$x_j \geq 0 \quad (3)$$

$$Z = \sum_j c_j x_j \rightarrow \text{Min} \quad (4)$$

ここで、 x_j は飼料原料 j の配合率、 a_{ij} は飼料原料 j に含まれる栄養組成・栄養価 i の含有率、 b_{imax} および b_{imin} は配合飼料中の栄養組成・栄養価 i の最大および最小含有率。また、 Z は設計配合飼料コスト、 c_j は飼料原料 j の単価。

配合設計シミュレーションの始めに、表1に示した制約条件をもとに、上記の線形の不等式制約と最小化する同じく線形の目的関数を作成する。

2) 遺伝子型の決定

コーン、マイロ、オオムギなどといった全ての配合候補飼料原料の配合率を仮想的な遺伝子とみなし、図1に示すように本GAシミュレーションに用いたワークステーション(富士通S-4/10)のアレイメモリ上に配列変数すなわち染色体としてとして設定する。

3) 生物個体集団の発生

表1に示した配合の制約条件内で、乱数発生に基づくランダム法により配合候補の各飼料原料の配合率を任意に複数設定するとともに、アレイメモリ上に複数の配合設計モデルすなわち染色体として2次元配列する。この際、最適解への収束に必要な進化の世代数に影響を与えると予想されるGAパラメータの初期個体群(世代1)のサイズ P_s は、1染色体あたりの遺伝子数や準備的に実施したシミュレーション結果などを参考にしつつ、任意に設定する。本シミュレーションでは、初期個体群サイズ P_s として300~1500の範囲の値を採用した。

4) 個体適応度の評価

染色体として配列した各配合設計モデルの配合コストを計算するとともに、配合率の解(染色体)が式(1)の制約条件を越えている割合(以下罰則値という)を次のように定義し、式(5)により計算する。罰則値 $1Pe_1$ および罰則値 $2Pe_2$ は式(7)に示す各生物個体の環境への適応度 f_i 、すなわち設計モデルの最適解への収束指標の算出のもとになる値であり、制約を越えた場合に罰則1は制約を越えた式の数、一方罰則2は栄養成分・栄養価の値域をどの程度越えているかの割合に応じて罰則値を設計モデルに対して与えるものである。すなわち、制約条件を満たさない割合を罰則値として数値化し、適応度 f_i の算出に用いることにより、適応度の値に制約条件を満たさない割合を反映することができ、結果として最適解への収束を早めることが可能となる。罰則2は罰則1と比較して、全ての制約を満たす解がない場合でも、より柔軟に近似最適解を得ることができるもので、最適解を求める細かな制御が可能となる。本配合設計シミュレーションでは、罰則の与え方に関して異なる2つの方法を比

較している。

$$\left. \begin{aligned} Pe_1 &= Ne \\ Pe_2 &= \sum_i Pe_i \quad (i=1, 2, \dots, m) \end{aligned} \right\} \quad (5)$$

ここで、

$$Pe_i = \begin{cases} b_{i\text{over}} / (b_{i\text{max}} - b_{i\text{min}}) ; \\ \quad \sum_j a_{ij}x_j < b_{i\text{min}} \text{ または,} \\ \quad \sum_j a_{ij}x_j > b_{i\text{max}} \text{ のとき} \\ 0 ; b_{i\text{min}} \leq \sum_j a_{ij}x_j \leq b_{i\text{max}} \text{ のとき} \end{cases} \quad (6)$$

と定義しており、Ne は栄養組成・栄養価の制約条件を越えた式数、 $b_{i\text{over}}$ は式(1)の $\sum_j a_{ij}x_j$ が上限または下限の制約を越えた値、 $b_{i\text{max}}$ は栄養組成・栄養価 i の上限値、 $b_{i\text{min}}$ は栄養組成・栄養価 i の下限値である。

罰則値の計算の後、適応度 f_i を次式により求める。

$$f_i = \frac{1}{\sum_j c_j x_j \times (Pe + 1)} \quad (7)$$

ここで、 $\sum_j c_j x_j$ は配合設計モデルの配合コスト、Pe は罰則値 Pe_1 または Pe_2 である。

5) 最適解の判断

(4)で得られた適応度の高い個体から低い個体へと個体群中の染色体の再配列をアレイメモリ上で行うとともに、世代交代にともなって収束する個体群中の最大の適応度や個体群全体の適応度を検討し、ランダムな組合せの結果得られた各飼料原料の配合率の組合せが最小の配合飼料コストを実現する最適解であるか否かを判定する。

6) 交叉処理

個体群よりランダムに選択抽出した2つの個体、親1、親2の染色体上で、ランダムに交叉点を1箇所選び、交叉点の右側の2つの親の遺伝子列すなわち飼料原料の配合率列を交換し、子1、子2を生成する。なお、交叉の際、2つの個体の適応度が共に低い場合（高適応度の個体から低適応度の個体まで順に配列した際、個体群の下位1/3に属する）には、選択した2つの個体それぞれに対して、エリート（個体群の中で最も適応度が高い個体）との交叉を行う。特にこの操作をエリート戦略とよび、最適解への収束を早め、高い割合で解が得られるよう優秀な染色体を優遇するために行う。

一方、選択した2つの個体が高適応度または比較的適応度の高い個体である場合（適応度が個体群の上位2/3に属する）には、自由に交配を行う。

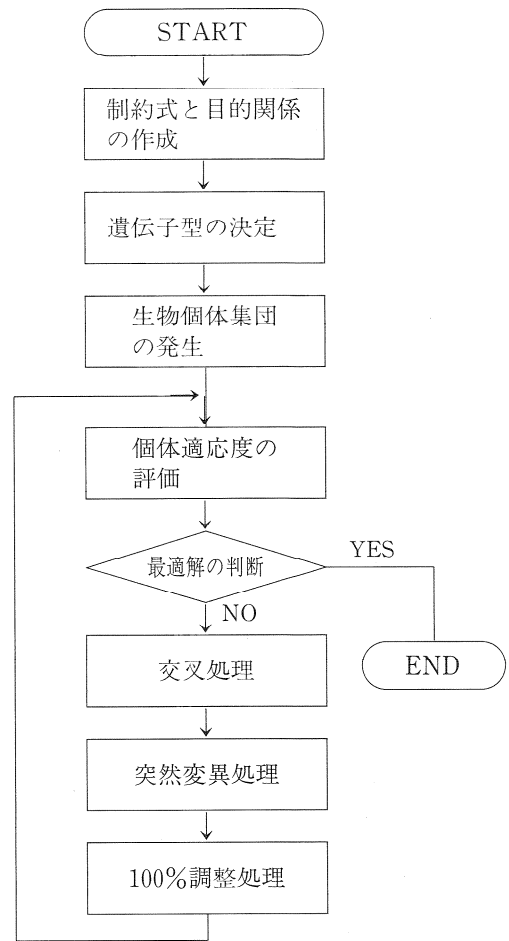


図3 GAによる配合設計の基本スキーム

7) 突然変異処理

突然変異確率 P_m で個体群よりランダムに選択抽出する染色体の一部の遺伝子を他の対立遺伝子に置換える。一般に、GAでは突然変異を生じさせる変異点の決定には正規乱数が用いられるが、本シミュレーションでは進化初期の収束を早めるため、一様乱数と正規乱数を組合せる方法で行うとともに、当該遺伝子座の新しい遺伝子すなわち新規の配合率を制約範囲内で乱数により決定し置き換える。

GAパラメータである突然変異確率 P_m は、一般には試行錯誤的に決定される値であり、本シミュレーションでは比較的高い1/4~1の範囲の値を採用した。

アレイメモリ上の個体群に対する1点交叉および突然変異といった遺伝的オペレータ、ならびにエリート戦略の与え方を図4にまとめて示す。

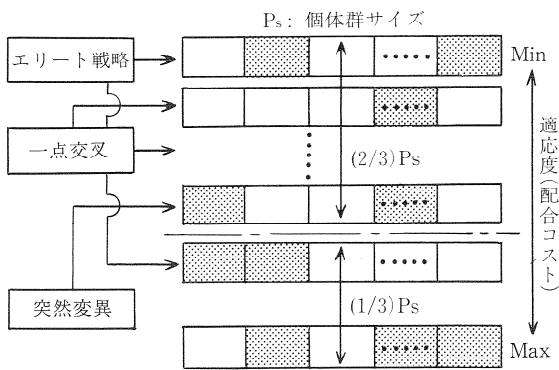


図4 本GAシミュレーションにおける遺伝的オペレータの与え方

8) 100%調整処理

遺伝子として染色体を構成する各配合モデルの配合率の総計が100%になるように調整する。すなわち交叉と突然変異操作の結果、式(2)が満たされなくなった場合に、染色体の一部の遺伝子を乱数で選択する一方、式(2)を満たす様強制的に変更する。

以上の処理プロセスの内、個体適応度の評価から100%調整処理までを、シミュレーションの開始にあたって生成した初期個体群に対して繰り返して実行することにより個体群の世代交代が進み、適応度のより高い生物個体群へと進化していく。すなわち飼料原料の配合率や組成および栄養価の制約条件を満たしつつ、最も経済的な最小の配合飼料コストを実現する配合率の解へと収束することとなる。

III. 実験結果

1. GAの収束性に対する個体群サイズの影響

遺伝的アルゴリズムを設計する際、個体群サイズや突然変異確率といったGAパラメータの適切な設定が要求される(坂和ら, 1995)。一般に同パラメータの理論的な値を導くことは困難とされ、設計者の勘に頼らざるをえない側面をもつ。

最適解への収束に必要な進化の世代数に影響を与えると予想される初期個体群サイズPsを300, 500, 1000, 1500の4水準に変化させて配合設計シミュレーションを行った結果を図5に例示する。同図は、突然変異確率Pmを1/2とする一方、罰則1に基づく適応度をモニターしながらシミュレーションを行った結果である。また、図中の破線は並行して実施したLPによる最適設計の結果得られた配合コスト26,400円/tを示す。

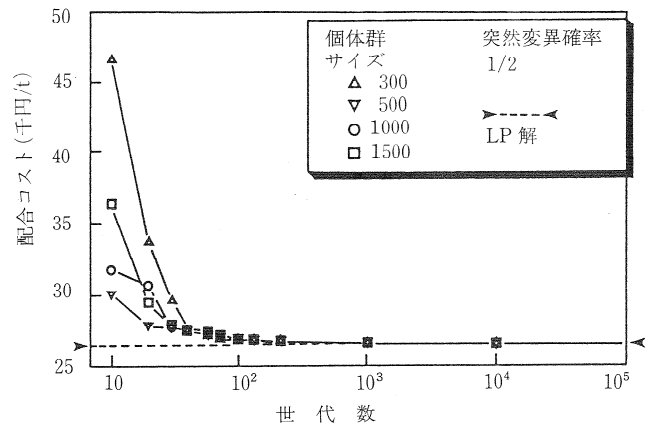


図5 GAの収束性に対する個体群サイズの影響

罰則の与え方により若干収束のプロセスが異なり、罰則1では生成したいずれの個体群サイズの場合でも、約800世代交代までにLP解と等しい最小コスト26,400円/tを実現しているのに対して、罰則2では最小コストを得るまでに約10,000世代交代を要している。また、いずれの個体群サイズの場合でも、概ね100世代交代までに最小コストの近傍へ収束するものの、サイズによる収束の傾向の違いが認められた。生成した個体数、すなわち乱数発生に基づき制約条件内で組合せモデルとして作成した配合設計モデルの数が500の場合が、比較的世代数が少ない進化の初期段階より収束値に近い値を示すのに対して、モデル数が300の場合は同初期段階において他のモデル数に比べて収束性が低い傾向が認められた。

一方、GAはGAパラメータの値や罰則の与え方により最適解へ収束するまでの所要計算量が異なり、パーソナルコンピュータ(NEC PC-9801FS, 数値データプロセッサ搭載)でLP解を得るまでの所要時間以上の計算時間を一般に必要とした。最適化する対象の問題が、数学的に扱いやすい性質を備えている場合には、本来多くの計算量を必要とする遺伝的アルゴリズムよりは線形計画法(LP)、2次計画法、凸計画法などの最適化手法を援用する方が効率的な面も認められる。

2. GAの収束性に対する突然変異確率の影響

個体群サイズと同様に、GAパラメータである突然変異確率Pmを1/4, 1/3, 1/2, 1の4水準に変化させて配合設計シミュレーションを行った結果を図6に示す。同図は500個の生物個体を生成する一方、罰則1に基づく適応度をモニターしながらシミュレーションを行った結果である。また、図中の破線は並行して実施したLPによる最適設計の結果得られた配合コスト26,400円/tを示す。

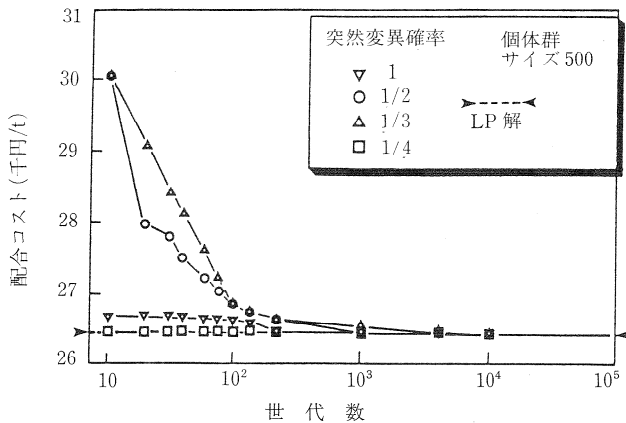


図6 GAの収束性に対する突然変異確率の影響

本シミュレーションの突然変異確率 P_m はいずれもやや大きい値を採用しているものの、突然変異の生起確率がいずれの場合でも、約7000世代交代までに最適解に収束し、LP解と等しい最小コスト26,400円/tを実現している。

一方、採用した突然変異確率による収束傾向の違いが認められた。生起確率が1/4の場合はいわゆる初期収束と呼ばれる現象が生じ、世代数が10世代前後の進化初期段階よりほぼ最小コストへの収束が認められるのに対し、生起確率が1/2および1/3の場合は約400世代交代で最小コストの近傍まで収束するものの、他の生起確率に比べて最小コストへの収束に要する世代数が約600ないしは約6,600世代多く必要であった。なお、生起確率が1/4において、進化の初期段階よりほぼ最小コストに収束している原因としては、制約条件内で乱数発生に基づくランダム法により生成した初期個体群の中に突出して非常に高い適応度をもつ超個体の存在、あるいは初期世代の個体群中に最適解に近い個体が多く存在するなどの可能性も考えられる。

3. GA およびLPによる最適配合率

図7にGAおよびLPによる最適配合設計結果を示す。同図中のGA解(1)および(2)はそれぞれ罰則1および罰則2にもとづく最適解を示している。

同図から明らかのように3つの配合設計結果ともほぼ等しい配合率分布を示しており、今回のシミュレーションに配合候補飼料原料としてリストアップした20種の原料のうち、3つの最適配合設計で飼料原料として採用されたのは、コーン、マイロ、ダイズ油粕、キャッサバ、ナタネ油粕など10~12種の原料であった。このうち、穀類のマイロが約41%と最も大きな配合率を占め、2番目に同じ穀類のコーンが配合制約限界の20%、3番目には

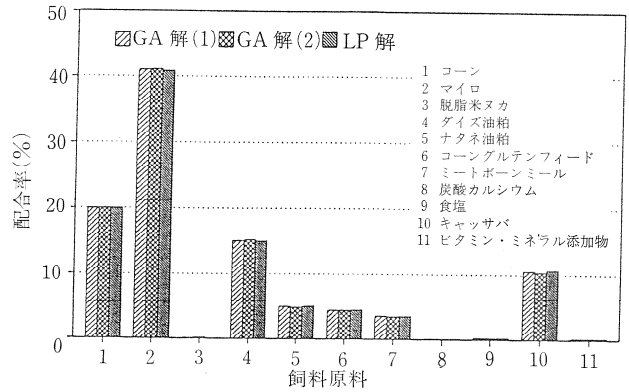


図7 GAおよびLPによる配合率の最適解

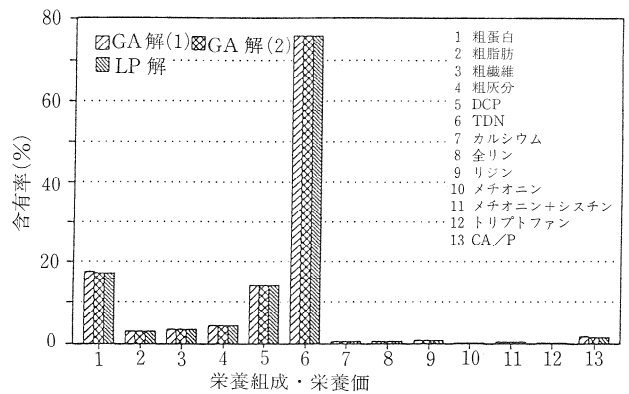


図8 GAおよびLPによる最適設計飼料の栄養組成・栄養価

植物性油粕類のダイズ油粕が約15%、次いでイモ類のキャッサバが約11%であり、これら4種の原料で配合設計飼料の約87%を占めている。これにナタネ油粕、コーングルテンフィードおよびミートボーンミールの3原料を加えると100%近くの配合率となる。

20種の配合候補飼料原料のうちで制約条件として配合率が固定されている食塩およびビタミン・ミネラル添加物を除いて、配合率の制約に下限をもつ原料はコーンだけである。一方、他の原料は、塩酸リジンとDL-メチオニンを除き上限制約をもつ。前述の各配合設計原料の配合率はいずれも上限制約を下回っており、栄養組成・栄養価および単価などの条件にもとづく、いわゆる取り合い現象が認められる。

4. 最適設計飼料の栄養組成・栄養価

図8にGAおよびLPによる最適設計の結果、得られた配合飼料の栄養組成および栄養価の含有率を示す。

同図から明らかのように、3つの配合設計結果ともほ

ば等しい含有率分布を示しており、栄養組成・栄養価の検討項目として抽出した13項目の中で、可消化養分総量(TDN)は配合設計飼料の76%、粗蛋白質は約17%および可消化粗蛋白質(DCP)は約14%である。また一般組成の粗脂肪、粗繊維、粗灰分は約2.9~4.3%の含有率である。

飼料原料の配合率の制約条件は、主に配合コストと当該原料の栄養組成などの関係で概ね上限を規定するのに対して、組成および栄養価の含有率の制約条件は、家畜の生育上必要な栄養成分を供給する関係で、概ね下限を規定するように設定されている。図8に示した栄養組成および栄養価の含有率の値は、配合制約条件の(1)式の左辺の値であり、下限あるいは上限を示す右辺の値に対して、いずれも同式を満たす値となっている。

以上の結果より、GAによる配合設計は従来の最適化手法の1つであるLPによる設計と同様に、栄養組成および栄養価の制約条件を十分満たしつつ、配合コストを最小化する配合率の最適解を得られることが明らかとなった。

IV. 摘要

飼料原料の配合率や栄養成分の含有率などに多数の制約条件をもつ配合飼料の新しい最適設計手法として、遺伝的アルゴリズムを援用する方法を提案するとともに、実用の肉豚肥育用配合飼料の設計シミュレーションを行い、同アルゴリズムによる最適設計の可能性を明らかにした。本研究により得られた主な知見は以下のとおりである。

1. 実用の配合飼料の設計において、原料の配合率や栄養成分の含有率などの制約条件を十分満たしつつ、コストを最小化する最適設計を可能とする配合設計用遺伝的アルゴリズムを示した。
2. 最適解への収束に必要な進化の世代数は、配合設計用遺伝的アルゴリズムとして柔軟に近似最適解を得るために導入した2つの罰則法により異なるものの、いずれの罰則においても最適解への収束が認められ、線形計画法による最小コストと等しい26,400円/tが得られた。また、遺伝的パラメータである個体群サイズにより最適解への収束プロセスが異なり、初期個体群として500個の染色体すなわち配合設計モデルを生成した場合が、比較的進化の世代数が少ない初期段階より収束値に近い値を示した。
3. 本シミュレーションにおいて採用した1/4~1の突然変異確率はやや大きい値であるものの、いずれの場

合でも最適解への収束が認められた。一方、同生起確率により最適解への収束プロセスが異なり、突然変異確率が1/4の場合は世代数が10世代前後の進化初期段階より最小コストすなわち最適解の近傍への収束が認められた。

4. 遺伝的アルゴリズムおよび線形計画法による最適設計の結果、20種の配合候補原料よりマイロ、コーンなど10~12種が飼料原料として選択抽出される一方、各飼料原料の最適配合率は2つの設計法ともほぼ等しい値を示した。また、配合設計飼料の質量割合で約87%をマイロ、コーン、ダイズ油粕、キャッサバの4原料で占める配合結果が得られるとともに、原料間の取り合い現象が認められた。

5. 最適設計飼料の栄養組成および栄養価の含有率は、遺伝的アルゴリズムおよび線形計画法の2つの設計法ともほぼ等しい値を示し、設計飼料の質量割合で76%は可消化養分総量、約17%は粗蛋白質、約14%は可消化粗蛋白質であった。一方、粗脂肪、粗繊維および粗灰分の含有率は約2.9~4.3%であった。

おわりに、本研究は組合せ最適化問題の1つである家畜の飼料の配合設計に対して遺伝的アルゴリズムを適用した端緒の研究である。一方、より実用的な配合設計問題にはコストを決定する目的関数が非線形である場合や、複数の銘柄飼料を対象としたより規模の大きい同時並行的な最適配合設計などがあり、同様に遺伝的アルゴリズムを援用した最適設計を試みている。

なお、本研究を実施するにあたり、筑波大学農林工学系技官橋本光氏およびバイオシステム研究科大学院生(現特許庁)月成顕子さんには多くのご協力を頂いた。記して謝意を表する次第である。

引用・参考文献

1. 相吉英太郎, 吉川厚 (1992): 大域的最適化のための進化と遺伝アルゴリズム. 数理科学, 353: 38-44.
2. Goldberg, D. E. (1989): Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning. Addison-Wesley, USA.
3. 配合飼料講座編纂委員会編 (1980): 配合飼料講座 (上巻) 設計編. チクサン出版社.
4. Holland, J. H. (1992): Adaptation in Natural and Artificial Systems. MIT Press, USA.
5. Michalewicz, Z. (1995): Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs, Third, Revised and Extended Edition. Springer-Verlag, Berlin.
6. 三谷克之輔, 中山弘隆 (1994): 対話型多目的計画法による飼料配合設計. システム農学会秋季シンポジウム要旨集, 5-6.

7. 農林水産省 (1991) : 飼料便覧-1991-, 農林統計協会.
8. 坂和正敏, 田中雅博 (1995) : 遺伝的アルゴリズム, 朝倉書店.
9. 米澤保雄 (1993) : 遺伝的アルゴリズム, 森北出版.

Optimum Design of Swine Feed Formulation Using a Genetic Algorithm

Takaaki SATAKE*, Tatsumi FURUYA**
Yoshiyuki MINAMI*** and Fumio TACHIBANA***

* Institute of Agricultural and Forest Engineering, University of Tsukuba, Tsukuba 305-8572

** Faculty of Science, Toho University, Funabashi 274-0072

*** Central Research Institute for Feed and Livestock, Zen-Noh, Tsukuba 300-4204

Summary

Optimum design of swine feed formulations were carried out using a genetic algorithm in the C language. Twenty different rations of feed ingredients such as corn, grain sorghum, soybean meal, cassava tuber and others were designed under constraint conditions of specified nutrient contents. Examples of the nutrient contents utilized were crude protein, crude fat, crude ash, total digestive nutrition and calcium.

The genetic algorithm was used to minimize the cost of each specific ration. The nutrient content of each ration was based on previous swine breeding trials. Feed formula design simulations were carried out using a range of parameters such as the probability of mutation and population size of the genetic algorithm. Results of the formula optimization by the genetic algorithm were compared with results obtained from a linear programming model.

Based on this study, it was found that both simulations gave nearly equal results for rations of feed ingredients and nutrient contents. About 87% of the optimum designed feed formula corresponded to grain sorghum, corn, soybean meal and cassava tuber. On the other hand, differences of convergence process to optimal solutions due to population size and the probability of mutation were also cleared. This research shows that the genetic algorithm is capable of optimizing feed formulations.

Keywords : genetic algorithm, optimum design, linear programming, feed formulation, feed cost

原稿送り状としてご利用下さい

農業施設学会誌原稿送り状				*受 理 番 号	
原稿の種類	(該当欄を○で囲む) 論文, 資料, 論説, 随想, 総説, 講座, 小講座 今現場では, 海外報告, 会員だより, 書評, 抄録			*受 理 年 月 日	年 月 日
				*掲 載 予 定	卷 号
標 題	(英文は必ずタイプして下さい)				
著 者 名			会員種別	所 属	
1					
2					
3					
4					
5					
6					
原 稿 内 容				連 絡 先	氏 名
原 稿	枚	図	枚		(〒)
写 真	枚	表	枚		
発 送 年 月 日		年 月 日			住 所
別 刷 希 望 数		部			TEL
使用ワードプロセッサ名 又はワープロソフト名					FAX

*印欄は学会にて記入します

** A 4版に拡大コピーしご利用下さい。

農業施設学会