

遺伝的アルゴリズムを用いた短角牛の種牛割り当て支援手法の設計

A design of cattle assignment support method for shorthorn cattle by using genetic algorithm

山田 敬三[†] 星 遼平[‡] 高木 正則[†] 佐々木 淳[†]Keizo YAMADA[†] Ryohei HOSHI[‡] Masanori TAKAGI[†] Jun SASAKI[†]

1. はじめに

日本短角種は、北海道および東北でのみ生産されている。特に、岩手県では、自然交配によって肉牛を生産し、いわて短角牛としてブランド化しており、健康的なイメージが人気を呼んでいる。自然交配は、放牧地に40~50頭の雌牛と、1~2頭の種雄牛を放牧し、約3ヶ月間で交配を行う。東北における日本短角種の現状は以下の通りである[3]：

繁殖雌牛は北東北三県を中心に約4,600頭が飼養されており、岩手県では内61%を占めている。また、肥育牛は繁殖雌牛同様の地域で約2,500頭が生産されており、岩手県では内54%を占めている。しかし、繁殖雌牛、肥育牛ともに飼養数は年々減少している。繁殖雌牛は、1986年をピークに減少し、1991年以降は、牛肉自由化の影響で激減している。また、肥育牛も、1985年がピークで、1991年の牛肉自由化による子牛の減少に影響され漸減していたが、2008年には、23年ぶりに増頭に転化した。

現在、飼養頭数の減少に伴い、近親交配係数(以下、近交係数)の急激な上昇が懸念されており、これを避けられるよう計画的に交配させることが求められている。なお、近交係数とは、個体がどの程度純系であるかを数値で表したものであり、急激に上昇すると、奇形や病気になる確率が高くなる。

いわて短角牛の生産は次のように行われる：1) まず、繁殖期に農家が、自身が保有・管理する雌牛を放牧するための放牧地を決定する。このとき、雌牛の移動距離の制約から、同じ地区内の放牧地から放牧する場所を選ぶ。2) 次に、地区毎の農業協同組合(以下、JA)職員と農業研究センター職員で、毎年1回行われる選抜会により、JAが借り受ける種雄牛を決定する。種雄牛は岩手県が保有・管理しており、交配に使用される現役種雄牛は約50頭いる。3) 各地区のJAが、借り受けた種雄牛をどの放牧地に放牧するかを決定する。

選抜会では、種雄牛の選択において、産子の推定近交係数を、第一に考慮しており、現状では過去3世代前までのデータを用いて近交係数を推定している。また、計算の手間を減らすために、基本的に種雄牛の割り当てをローテーションとし、勘と経験から、近交係数が高くなる恐れのある雌雄の組み合わせに対してのみ近交係数を計算して確認している。

農業研究センターの知見によると、近交係数が5%を超える個体は、高い確率で、先天的な病気や奇形を持っていることがわかっており、近年、近交係数が5%を超える個体が生まれることが増えてきている。そこで、本研究では、近交係数が5%を超える個体が生まれにくいような、数年先

まで考慮した種雄牛の配置計画を立案することを目的とする。ここで、数年先まで考慮する理由は、単年度の最適な配置計画を使い続けると、育った子牛が牧野に戻され、親子交配が起こる危険があり、ローテーションに変わる仕組みが必要となるためである。先行研究[4]では、いわて短角牛の血縁関係、近交係数、育種価、放牧地などを管理するデータベース(DB)を構築した。本研究では、このDBを用いて、3年分の種雄牛配置計画を立案する。

我々は、種雄牛配置計画立案を支援するために、遺伝的アルゴリズム(GA)[1]を用いた。GAは、進化計算の一種であり、乱数を用いた組み合わせ最適化手法である。GAでは、解の候補を遺伝子にコーディングし、その遺伝子の固体を評価し、優れたものを確率的に残すことを繰り返すことにより解を改良する。本研究では、単年度の種雄牛の配置を、種雄牛の順列として表し、3年分の計画を、その順列の3つ組で表す。そして、個体の評価の基準として、各年度の近交係数だけでなく、ローテーションと似た効果を得るために、同じ種雄牛を1つの放牧地に複数年配置しないように評価関数を設計する。また、GAでは個体として順列を扱うため、交叉にはPMX (Partially Mapped Crossover)を用いる。なお、計画を提案する3年間に、雌牛が放牧地を移動することはないと仮定した。

2. 既存研究

福島ら[5]は、育種価を維持しつつ、近交係数の上昇を抑える交配計画の策定のために、GAを用いて交配シミュレーションを行った。近交係数を上昇させることなく、育種価を維持する交配計画を得ている。しかしながら、[5]は人工交配を前提としており、そのままでは、自然交配で牛を生産するいわて短角牛の種雄牛配置計画策定のために、このモデルを用いることはできない。そこで、我々は、いわて短角牛における種雄牛配置計画策定のためのGAを設計した。

3. 提案モデル

種雄牛の集合を $B = \{b_1, b_2, \dots, b_{n-1}, b_n\}$ 、雌牛の集合を $C = \{c_1, c_2, \dots, c_{m-1}, c_m\}$ 、放牧地の集合を $Gr = \{g_1, g_2, \dots, g_{l-1}, g_l\}$ とする。それぞれの放牧地には雌牛が放牧されており、放牧地 g_i に雌牛 $c_{i_1}, c_{i_2}, \dots, c_{i_{m_i-1}}, c_{i_{m_i}}$ が放牧されているとき、 $g_i = \{c_{i_1}, c_{i_2}, \dots, c_{i_{m_i-1}}, c_{i_{m_i}}\}$ とする ($i \neq j$ ならば $g_i \cap g_j = \emptyset, 1 \leq i, j \leq l$)。また、牧場の数に対して、十分な種雄牛があり、すべての牧場に種雄牛を配置することができる。すなわち、 $l \leq n$ とする。

3.1 符号化

1年間の種雄牛の放牧地への配置を種雄牛の順列で表す。すなわち、種雄牛の順列 pb を $pb = (b_{i_1}, b_{i_2}, \dots, b_{i_{n-1}}, b_{i_n})$ ($1 \leq i_k \leq n, 1 \leq k \leq n, i_j = i_k$ ならば $j = k, 1 \leq j \leq n$) とする。このとき、 pb は、放牧地 g_k ($1 \leq k \leq l$) に種雄牛 b_{i_k} を割り当てることを意味する。ただし、種雄牛

[†] 岩手県立大学ソフトウェア情報学部 Faculty of Software & Information Science, Iwate Prefectural University
[‡] 筑波大学大学院システム情報工学研究科 Graduate School of Systems and Information Engineering, University of Tsukuba

$b_{i_{k+1}}, b_{i_{k+2}}, \dots, b_{i_{n-1}}, b_{i_n}$ は、放牧地に割り当てない。また、 k 番目の遺伝子 b_{i_k} を $pb^{(k)}$ と表す。ここで、 pb_1, pb_2, pb_3 を、それぞれ種雄牛の順列とし、個体の遺伝子 I を $I = (pb_1, pb_2, pb_3)$ とする。このとき、 pb_1 は1年目の、 pb_2 は2年目の、 pb_3 は3年目の種雄牛の配置を表し、 I は3年分の種雄牛の放牧地への割り当てを表す。

3.2 近交係数

近交係数の推定は、Wright[2]の方法を用いる。すなわち、 F_X を X の近交係数、 F_A を祖先中父系と母系に共通な個体 A の近交係数、 n を共通祖先 A より X の父までの世代数、 n' を共通祖先 A より X の母までの世代数とすると、

$$F_X = \sum \left(\left(\frac{1}{2} \right)^{n+n'+1} (1 + F_A) \right)$$

とする。ただし、 Σ はすべての共通祖先について父母を連絡するあらゆる系図線について集計することを示す。また、 a を雄牛、 b を雌牛とすると、 $W(a, b)$ で、 a と b の産子の近交係数を表す。

3.3 適応度

種雄牛 b が放牧地 g に割り当てられたときの評価 $G_1(b, g)$ を、放牧地 g に放牧された雌牛と種雄牛 b の産子の近交係数が5%以上になる組の数、すなわち、

$$G_1(b, g) = |\{c | W(b, c) \geq 0.05, c \in g\}|$$

とする。また、雄牛の割り当てを表す順列 pb が $pb = (b_{i_1}, b_{i_2}, \dots, b_{i_{n-1}}, b_{i_n})$ のとき、産子の近交係数が5%以上になる組の総数を $G_2(pb)$ と表す。つまり、

$$G_2(pb) = \sum_{1 \leq k \leq l} G_1(b_{i_k}, g_k)$$

とする。さらに、2つの種雄牛の順列 pb_1, pb_2 に対して、 $pb_1^{(k)} = pb_2^{(k)}$ となる k の数を $G_3(pb_1, pb_2)$ と表す。すなわち、

$$G_3(pb_1, pb_2) = |\{pb_1^{(k)} | pb_1^{(k)} = pb_2^{(k)}, 1 \leq k \leq n\}|$$

とする。例えば、 $pb_1 = (b_3, b_2, b_4, b_5, b_1)$ 、 $pb_2 = (b_2, b_5, b_4, b_3, b_1)$ のとき、3番目の b_4 と5番目の b_1 が重なっているため、 $G_3(pb_1, pb_2) = |\{b_4, b_1\}| = 2$ となる。

遺伝子型 $I = (pb_1, pb_2, pb_3)$ の適応度 $G(I)$ を、

$$G(I) = \frac{10}{10 + \sum_{1 \leq i \leq 3} G_2(pb_i) + 10 \cdot \sum_{\substack{1 \leq i \leq 3 \\ i < j \leq 3}} G_3(pb_i, pb_j)}$$

とする。

3.4 選択

個体群の中からの個体の選択には、ルーレット選択を用いる。大きさ N の個体群 $I_1, I_2, \dots, I_{N-1}, I_N$ に対するルーレット選択とは、個体 I_i ($1 \leq i \leq N$)が、確率 $G(I_i) / \sum_{1 \leq j \leq N} G(I_j)$ で選ばれることをいう。すなわち、 r ($0 \leq r < 1$)を乱数とすると、

$$\frac{\sum_{1 \leq k \leq l-1} G(I_k)}{\sum_{1 \leq j \leq N} G(I_j)} \leq r < \frac{\sum_{1 \leq k \leq l} G(I_k)}{\sum_{1 \leq j \leq N} G(I_j)} \quad (1 \leq l \leq N)$$

を満たす l に対して、個体 I_l を選択することである。

3.5 交叉

交叉には2点交叉PMX (Partially Mapped Crossover)を用いる。2つの雄牛の割り当てを表す順列 pb_X, pb_Y からPMXによって2つの子 $pb_{X'}, pb_{Y'}$ を生成する手続きは以下のようになる：

1. 交叉点を2ヶ所選ぶ。以下、交叉点は i 番目、および j 番目の遺伝子座の直後とする ($0 \leq i < j \leq n$)。
2. 親の遺伝子をそれぞれ子にコピーする。すなわち、 $pb_{X'}^{(k)} := pb_X^{(k)}, pb_{Y'}^{(k)} := pb_Y^{(k)}$ ($1 \leq k \leq n$)とする。
3. 交叉点に挟まれた部分 p ($i+1 \leq p \leq j$)に対して、次の操作を行う。
 $pb_Y^{(p)} = pb_{X'}^{(q)}$ となる q に対して、 $pb_{X'}^{(p)}$ と $pb_{X'}^{(q)}$ を交換する。同様に、 $pb_X^{(p)} = pb_{Y'}^{(r)}$ となる r に対して、 $pb_{Y'}^{(p)}$ と $pb_{Y'}^{(r)}$ を交換する。

例えば、 $pb_X = (b_2, b_4, b_5, b_1, b_6, b_7, b_3)$ 、

$$pb_Y = (b_3, b_1, b_4, b_6, b_2, b_7, b_5), \quad i = 2, \quad j = 4 \text{ のとき,}$$

$$pb_{X'} = (b_1, b_5, b_4, b_6, b_2, b_7, b_3),$$

$$pb_{Y'} = (b_3, b_2, b_5, b_1, b_6, b_7, b_4) \text{ となり, 下線部が入れ替わる。}$$

2つの個体 $I_X = (pb_{X1}, pb_{X2}, pb_{X3}), I_Y = (pb_{Y1}, pb_{Y2}, pb_{Y3})$ から、2つの子 $I_{X'} = (pb_{X'1}, pb_{X'2}, pb_{X'3}), I_{Y'} = (pb_{Y'1}, pb_{Y'2}, pb_{Y'3})$ を生成するためには、それぞれ、 $pb_{X'i}$ と $pb_{Y'i}$ ($1 \leq i \leq 3$)から、PMXによって $pb_{X'i}$ と $pb_{Y'i}$ を生成する。

3.6 突然変異

種雄牛の順列

$$pb = (b_{i_1}, b_{i_2}, \dots, b_{i_{j-1}}, b_{i_j}, b_{i_{j+1}}, \dots, b_{i_{k-1}}, b_{i_k}, b_{i_{k+1}}, \dots, b_{i_{n-1}}, b_{i_n})$$

に対する突然変異とは、無作為に選んだ遺伝子座の遺伝子 b_{i_j} と b_{i_k} ($1 \leq j < k \leq n$)を入れ替えることである。入れ替えた結果は、

$$pb' = (b_{i_1}, b_{i_2}, \dots, b_{i_{j-1}}, b_{i_k}, b_{i_{j+1}}, \dots, b_{i_{k-1}}, b_{i_j}, b_{i_{k+1}}, \dots, b_{i_{n-1}}, b_{i_n})$$

となる。

個体 $I = (pb_1, pb_2, pb_3)$ の突然変異とは、無作為に pb_i ($1 \leq i \leq 3$)を選び、選ばれた種雄牛の順列 pb_i に対して、突然変異を行うことである。 $i = 1$ のとき、個体 I の突然変異は、 $I' = (pb'_1, pb_2, pb_3)$ となる。 $i = 2, 3$ のときも同様に $I' = (pb_1, pb'_2, pb_3)$ 、または $I' = (pb_1, pb_2, pb'_3)$ となる。

4. まとめ

本稿では、いわて短角牛の生産について、近交係数の上昇を抑えるように、GAを用いて3年間の交配計画を策定する方法を設計した。今後、この設計をもとに、アルゴリズムを実装し、[4]のいわて短角牛の管理台帳データベースと連携する。その上で、どの程度まで近交係数の上昇を抑えられるかを、シミュレーションを通じて見積もる。さらに、雌牛の移動を許す場合の交配計画策定アルゴリズムの設計も今後の課題である。

参考文献

- [1] David E. Goldberg, "Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning", Addison-Wesley (2012).
- [2] Sewall Wright, "Coefficients of Inbreeding and Relationship", The American Naturalist, Vol. 56, No. 645, pp. 330-338 (1922).
- [3] 岩手県農林水産部流通課・畜産課, "日本短角種の生産・流通の現状" (2009).
- [4] 清水新太郎, 山田敬三, 高木正則, 佐々木淳, "短角牛生産計画立案支援システムにおける種牛割当て推薦機能の開発", 情報処理学会第75回全国大会, SZE-4 (2013).
- [5] 福島護之, 野田昌伸, 木伏雅彦, 大山憲二, 向井文雄, "兵庫県での遺伝的アルゴリズムによる集団の近交レベルと種雄牛の共用頻度に制限を加えた交配計画の最適化", 兵庫県農業技術センター研究報告(畜産編), Vol. 35, pp. 13-18 (1999).