

### 種雄牛の交配頻度の最適化

- tions of farm animals. I Estimation of the effective population size. Proc. Japan Acad., 33 : 217-220. 1957.
- 23) 野澤 謙. 愛知県における乳牛集団の繁殖構造について. 日畜会報, 28 : 367-374. 1958.
- 24) ピールー EC. 数理生態学. (合田周平・藤村貞夫訳) 242-244. 産業図書. 東京. 1977.
- 25) Sachdeva GK, Tomar SS, Sharma A. Effect of inbreeding on various economic traits of dairy cattle-a review. Agric. Rev., 4 : 136-142. 1983.
- 26) Toro MA, Nieto B. A simple method for increasing the response to artificial selection. Genet. Res., Camb., 44 : 347-349. 1984.
- 27) Toro MA, Nieto B, Salgado C. A note on minimization of inbreeding in small-scale selection programmes. Livest. Prod. Sci., 20 : 317-323. 1988.
- 28) Wright S. The genetical structure of populations. Ann. Eugenics, 15 : 323-354. 1951.

## Optimization of Mating Frequencies of Sires in Japanese Brown Cattle Based on their Expected Progeny Differences

Tetsuro NOMURA, Hiroyuki HIROOKA\*  
and Michio MATSUMOTO\*\*

Faculty of Engineering, Kyoto Sangyo University, Kita-ku, Kyoto-shi 603

\* Faculty of Economics, Ryukoku University, Fushimi-ku, Kyoto-shi 612

\*\* Kumamoto Prefectural Agricultural Research Center,  
Goshi-machi, Kumamoto-ken 861-11

Effective population size is one of the most important parameters in the design of animal breeding programmes, because it is closely related to the rate of inbreeding, the variation of selection response due to random genetic drift and the chance of loss of favourable alleles. In Japanese beef cattle breeding, it has been pointed out that the effective population size is dramatically reduced by the intensive use of prominent sires. In this paper, the authors developed a method for maximizing effective population size under an intended genetic gain. In the method, mating frequency of each sire is assigned according to the expected progeny difference (EPD) using quadratic programming technique. The method was applied to the population of Japanese Brown Cattle in 1993. The results obtained are summarized as follows : 1) From the survey of the actual mating frequencies, the annual effective population size of Japanese Brown Cattle was estimated as about 20. In particular, a sire with the highest EPD for beef marbling score (BMS) shared 40% of the total number of matings. This intensive use was considered as the main reason for the small effective size of population. 2) The proposed method was expected to increase the effective population size by 50%, while keeping the present genetic gain in BMS. Comparison between the optimal and actual mating frequencies showed that there is plenty of room for improvement of mating frequencies in Japanese Brown sires. These results suggest that the proposed method gives a guide for the control of mating frequencies of sires.

*Anim. Sci. Technol. (Jpn.) 66 (9) : 773-779, 1995*

**Key words :** mating frequency of sires, effective population size, optimization, expected progeny difference, Japanese Brown Cattle

## 期待後代差に基づく褐毛和種種雄牛の交配頻度の最適化

野村哲郎・広岡博之\*・松本道夫\*\*

京都産業大学工学部, 京都市北区 603

\* 龍谷大学経済学部, 京都市伏見区 612

\*\* 熊本県農業研究センター, 熊本県合志町 861-11

(1995. 2. 13 受付)

**要 約** 集団の有効な大きさは、近交係数の上昇量、選抜反応の機会的な変動、望ましい遺伝子が消失する確率などと密接な関係を持ち、育種計画を立案する際には考慮すべき最も重要なパラメータの1つである。和牛の育種においては、少数の種雄牛に供用が集中することによって、集団の有効な大きさが劇的に縮小を示していることが指摘されてきた。本研究では遺伝的改良量を一定値に保った上で、集団の有効な大きさを最大化する方法を提示した。その方法では、各種雄牛の交配頻度が期待後代差(EPD)に基づいて決定される。得られた方法を1993年度の熊本県褐毛和種集団に適用し、種雄牛の交配頻度の最適化を試みた。得られた結果の概要は以下の通りである。1) 現実の交配頻度に基づいた集団の有効な大きさの推定値は、年当たりで約20であった。特に脂肪交雑評点(BMS)に関して最も優れたEPDを持つ種雄牛の交配頻度は、総交配頻度の約40%を占めていた。このような著しい交配の偏りが集団の有効な大きさの縮小のおもな原因であると考えられた。2) BMSに関する遺伝的改良量を現状値に維持した上で種雄牛の交配頻度に最適化を施したこと、集団の有効な大きさは約50%拡大できることがわかった。現状の交配頻度と最適化された交配頻度を比較してみると、交配頻度にはかなりの改善の余地が残されていることが明らかになった。以上の結果から、本研究で提示した方法は、交配指導を行なう際の指針を示すものとして有効であると考えられた。

日畜会報, 66 (9): 773-779, 1995

選抜反応の予測に関する量的遺伝学の基礎理論では、選抜された個体はそれらの遺伝的能力とは無関係に、等しい頻度で交配に供されることが仮定されている<sup>3)</sup>。しかし、現実には優れた遺伝的能力を持つと考えられる個体が高頻度で交配に用いられる傾向がある。たとえば、和牛の繁殖農家は交配に用いる種雄牛を選定する際、産肉能力とくに枝肉価格を大きく左右する脂肪交雑に関する遺伝的能力を選定の基準とする場合が多い。このような種雄牛の交配頻度の偏りは、家系サイズのばらつきを大きくし、集団の有効な大きさの縮小を招くことが懸念される。

育種の現場においては、遺伝的改良量だけを追求するのではなく、以下の理由で集団の有効な大きさに対しても十分な注意を払う必要がある。第1に、近交係数の世代当たりの上昇量は集団の有効な大きさに反比例する<sup>3)</sup>。近交係数の上昇が繁殖能力や生存性など適応度と

密接に関連した形質を低下させる現象は、近交退化として広く知られており<sup>3)</sup>、種々の家畜種において多くの形質に近交退化が報告されている<sup>1,2,9,25)</sup>。第2に、有限集団での選抜による遺伝的改良量は遺伝的浮動の影響を受けて機会的な変動を示すが、その変動の大きさは集団の有効な大きさに反比例することが知られている<sup>6)</sup>。通常、大家畜の育種は、実験動物を用いた選抜実験とは異なり反復実験が行なわれないために、実際の遺伝的改良量が機会的浮動によって期待した値を下回ったとき、育種に携わる者は失望するであろうし、また生産現場からの育種手法に対する信頼を損なう危険性もある。第3に、集団の有効な大きさは遺伝子が固定あるいは消失する確率と密接な関連性を持つ<sup>7)</sup>。特に、集団の有効な大きさが小さいときには選抜に対して有利な遺伝子であっても選抜の過程で消失する可能性が高まることが示されている<sup>7,21)</sup>。

遺伝的改良量と集団の有効な大きさの両方を考慮に入れた交配頻度の決定法としては、weighted selection と呼ばれる方法が提案されている<sup>19,24,27)</sup>。この方法は、定められた遺伝的改良量の下で集団の有効な大きさを最大にするような交配頻度を求めるものである。また同様の問題は、材木あるいは果樹の育種においても Lindgren らのグループ<sup>11-14)</sup>によって考えられてきた。彼らは、いくつかの親木からクローリー増殖によって集団を造成する際、集団全体の遺伝的多様性をある一定レベルに保って、平均遺伝的能力を最大にするように、各親木から取るクローリーの数を決定するために linear deployment<sup>14)</sup> と呼ばれる方法を提案している。

本論文では、これらの方法を応用して熊本県における褐毛和種種雄牛の交配頻度の最適化を試みた結果を報告する。

#### 材料および方法

褐毛和種種雄牛の精液は阿蘇畜産農協、球磨種畜農協および熊本県農業研究センター畜産研究所の3ヶ所で管理され県内全域に配布されており、それぞれに年間の精液配布数が種雄牛ごとに記録されている。本研究では、1993年度に上記の3ヶ所で配布された種雄牛ごとの総精液配布数を交配頻度として用いた。もちろん、このようにして得た交配頻度は実際の生産頭数を過大に評価しているが、全交配頻度に対して各種雄牛の交配頻度が占める割合（以下、交配率と呼ぶ）は、各種雄牛の次世代への寄与率におおむね近いものであると考えられる。いっぽう、種雄牛の評価値としては、すでに公表されている期待後代差（EPD）<sup>16)</sup>を利用した。評価値が得られている形質は、1日当たり増体量（DG）、脂肪交雑評点（BMS）、枝肉重量（CWT）、ロース芯面積（REA）、バラ厚（RT）および皮下脂肪厚（SFT）である。

いま、総種雄牛数を  $N_m$ 、 $i$  番目の種雄牛の実際の交配率を  $p_{1i}$ 、期待後代差を  $g_i$  とすれば、現行の交配頻度の下で次世代に期待される遺伝的改良量 ( $G_1$ ) は

$$G_1 = \sum_{i=1}^{N_m} p_{1i} g_i \quad (1)$$

として近似できる。ただし、この近似は EPD の正確度がすべての種雄牛について高いときのみ有効である。今回の材料では EPD の正確度はすべての種雄牛について 0.9 前後であったので式(1)を用いたが、もし、EPD の正確度が種雄牛ごとに大きく異なるときには後で示すような計算が必要になる。

現行の交配頻度の下での集団の有効な大きさ ( $N_{e1}$ ) も  $p_{1i}$  を用いて以下のようにして推定できる。Nozawa<sup>22)</sup> およ

び野澤<sup>23)</sup>によれば、家畜集団の有効な大きさは次の公式によって推定できる。

$$N_{e1} = \frac{4N_m}{CV_{k_m}^2 + 1}$$

ここで、 $CV_{k_m}$  は各種雄牛が残す後代数の変動係数である。 $i$  番目の種雄牛の後代数を  $k_{mi}$  とすれば、この公式は

$$N_{e1} = \frac{4 \left( \sum_{i=1}^{N_m} k_{mi} \right)^2}{\sum_{i=1}^{N_m} k_{mi}^2} = \frac{4}{\sum_{i=1}^{N_m} p_{1i}^2} \quad (2)$$

と変形でき<sup>23)</sup>、交配率から集団の有効な大きさが推定できる。式(2)の分母は、生態学において SIMPSON の多様性指数 (index of diversity)<sup>24)</sup> と呼ばれるものであり、供用種雄牛の多様性を測る尺度としても利用され、この値が大きいほど多様性は小さいことを示す<sup>20)</sup>。なお、集団の有効な大きさの推定公式については、上記以外にも、Hill<sup>9)</sup>、James<sup>8)</sup>、Latter<sup>10)</sup> の公式をはじめとしていくつかのものが提案されている。これらの公式を用いた場合でも、適切な変形を施せば式(2)と同じく分母に  $\sum_{i=1}^{N_m} p_{1i}^2$  を持つ式が導け、以下に示す最適化の手法はそのまま利用できる。

つぎに、 $i$  番目の種雄牛の交配率を  $p_{2i}$  に変化させたときに期待される遺伝的改良量 ( $G_2$ ) および集団の有効な大きさ ( $N_{e2}$ ) も、式(1)および(2)と同様にして

$$G_2 = \sum_{i=1}^{N_m} p_{2i} g_i$$

および

$$N_{e2} = \frac{4}{\sum_{i=1}^{N_m} p_{2i}^2}$$

と表される。今回の研究では  $G_2$  を一定の値、

$$G_2 = R \cdot G_1 \quad (3)$$

に保った上で、 $N_{e2}$  を最大にするような  $p_{2i}$  の組み合わせを見つけることを考えた。式(3)における  $R (= G_2/G_1)$  を 1 としたときは遺伝的改良量を現行の水準に維持した上で集団の有効な大きさ ( $N_{e2}$ ) を最大化すること、また  $R$  をたとえば 1.1 としたときには遺伝的改良量を現行よりも 10% 増加させた上で  $N_{e2}$  を最大化することになる。これは、以下のよう 2 次計画の問題に帰着する。

目的関数 :  $\sum_{i=1}^{N_m} p_{2i}^2 \rightarrow \text{最小}$

制約条件 :  $\sum_{i=1}^{N_m} p_{2i} g_i = R \cdot G_1$

$$\sum_{i=1}^{N_m} p_{2i} = 1$$

### 種雄牛の交配頻度の最適化

この問題は、以下のようにラグランジュ関数<sup>15)</sup>を定義して解くことができる。まず、ラグランジュ関数 $L$ を

$$L = \sum_{i=1}^{N_m} p_{2i}^2 - \lambda_1 \left( \sum_{i=1}^{N_m} p_{2i} - 1 \right) - \lambda_2 \left( \sum_{i=1}^{N_m} p_{2i} g_i - R \cdot G_1 \right)$$

と定義する。ここで、 $\lambda_1$ および $\lambda_2$ はラグランジュの未定乗数である。 $L$ を $p_{2i}$ 、 $\lambda_1$ および $\lambda_2$ で偏微分し、得られた導関数をゼロとおくと、

$$\frac{\partial L}{\partial p_{2i}} = 2p_{2i} - \lambda_1 - \lambda_2 \cdot g_i = 0$$

$$\frac{\partial L}{\partial \lambda_1} = - \sum_{i=1}^{N_m} p_{2i} + 1 = 0$$

$$\frac{\partial L}{\partial \lambda_2} = - \sum_{i=1}^{N_m} p_{2i} g_i + R \cdot G_1 = 0$$

が得られる。これらの式を連立方程式として $p_{2i}$ について解けば、

$$p_{2i} = \frac{\sum_{i=1}^{N_m} g_i^2 - R \cdot G_1 \sum_{i=1}^{N_m} g_i + \left[ R \cdot G_1 N_m - \sum_{i=1}^{N_m} g_i \right] g_i}{N_m \sum_{i=1}^{N_m} g_i^2 - \left( \sum_{i=1}^{N_m} g_i \right)^2} \quad (4)$$

が得られる。 $\sum_{i=1}^{N_m} g_i^2$ および $\sum_{i=1}^{N_m} g_i$ は定数であるので、式(4)は $g_i$ すなわちEPDに関する線形関数であり、遺伝的能力が優れた個体には、より大きな交配率が割り当てられることを示している。ただし、 $0 \leq p_{2i} \leq 1$ なる制約を課していないため式(4)による解はパラメータースペースを逸脱することがある。その場合には、Lindgren and Matheson<sup>11)</sup>およびLindgrenら<sup>12)</sup>が示す補正計算が必要になる。補正計算の結果、EPDに関してある順位以下の個体には最適交配率としてゼロが割り当てられる。

今回の研究では、 $R$ を1から1.2まで0.01間隔で変化させて計算を行なった。

### 結果および考察

表1は、1993年度に繁殖に供された種雄牛数、交配率から求めた種雄牛の多様性指数および集団の有効な大きさを示したものである。供用された種雄牛の総数は51頭であったが、このうちEPDに関する記録を持つ個体は33頭であった。そこで、結果はEPDの記録を持つ種雄牛と全種雄牛の2つに分けて示してある。当然のことながら、多様性指数をEPDの記録を持つ種雄牛に限定して求めた場合には、全種雄牛について求めた場合よりも大きくなかった（すなわち、多様性は小さくなった）。しかし、その差は小さく、集団の有効な大きさを見た場合、約3頭に過ぎない。このことは、EPDの記録を持たない種雄牛18頭の次世代への寄与は大きくないことを示している。なお、特定の系統の種雄牛への供用の集中がす

でに指摘されている<sup>13)</sup>兵庫県黒毛和種集団について、1991年度の供用種雄牛41頭に関する精液配布数から同様のパラメータを推定したところ、集団の有効な大きさは29.09という値が得られた。熊本県の褐毛和種集団の有効な大きさはこの値よりもさらに小さく、特定種雄牛への供用の集中が一層進んでいることがうかがえる。

表2は、交配頻度別に種雄牛数の分布を求めた結果である。この表からEPDの記録を持たない種雄牛のほとんどは交配頻度が300以下であることがわかる。また、交配頻度が16,000を超える種雄牛が1頭存在し、この種雄牛の交配頻度は総交配数の約40%を占めていた。このような著しい交配頻度の偏りが、集団の有効な大きさの縮小の大きな原因となっているものと考えられる。

各農家がどのような基準で種雄牛を選定しているのかを調べるために、形質ごとにEPDと交配頻度との積率

Table 1. Number of sires ( $N_m$ ), index of diversity of sires ( $\delta$ ) and annual effective population size ( $N_{el}$ ) in the population of Japanese Brown Cattle in 1993

Type of data	$N_m$	$\delta$	$N_{el}$
A	33	0.2193	18.24
B	51	0.1878	21.30

A : Sires with estimates of EPD

B : All sires used

Table 2. Distribution of sires by mating frequency

Mating frequency	Type of data <sup>a)</sup>	
	A	B
1-100	16	25
101-200	4	6
210-300	1	7
301-400	3	3
501-600	2	2
701-800	1	1
1401-1500	0	1
2101-2200	1	1
2201-2300	1	1
3101-3200	1	1
5701-5800	1	1
6701-6800	1	1
16301-16400	1	1
Total	33	51

<sup>a)</sup> See Table 1.

相関係数を求めた結果を表3に示す。順位相関係数についても同様の計算を行なったが、結果はほとんど積率相関係数と変わらなかった。EPDと交配頻度との相関係数はBMSについてのみ有意な値が得られた。このことは、繁殖農家が交配種雄牛を選定する際、BMSに関する遺伝的能力を重要な基準としていることを反映した結果であると考えられる。なお、表2で示した交配頻度が16,000を超える種雄牛はBMSに関するEPDが最も大きな個体であった。これらの結果を踏まえて、以下ではEPDの記録を持つ種雄牛についてBMSを対象とした交配頻度の最適化を行なった。

図1は、式(3)におけるRの値を変化させて得られた最適交配率の下で期待される集団の有効な大きさ( $N_{e2}$ )を図示したものである。Rの値が大きくなるに従って、すなわち、より大きな遺伝的改良量を期待しようとするに従って集団の有効な大きさは小さくなる。しかし、遺伝的改良量を現状の値に維持したとしても(R=1)、集

団の有効な大きさは父配率を最適化することによって現状の18.24から30を超える大きさにまで拡大できることがわかる。また、集団の有効な大きさを現状の値に維持した場合でも、交配率に最適化を施すことによってR=1.1に近い遺伝的改良量、すなわち現状の交配率から期待される改良量よりも10%近い増大が望めることもわかる。これらの結果は、褐毛和種においては種雄牛の交配頻度に改善の余地が十分に残されていることを示している。

図2は、種雄牛ごとの最適交配率をR=1および1.05の場合について示したものである。種雄牛はBMSに関するEPDの大きい順に並べられている。また、現状の交配率も合わせて示されている。この図から、Rの値が大きくなると上位の種雄牛により大きな交配率が与えられることがわかる。しかし、トップの種雄牛の現状での交配率は明らかに過大であり、現状の交配率(40%)を多くても30%以下に制限する必要があるものと考えられる。さらに重要な点は、EPDに関する順位が3, 4, 5および6と高位であるにもかかわらず、現状ではほとんど交配に供されていない種雄牛が存在すること、またこ

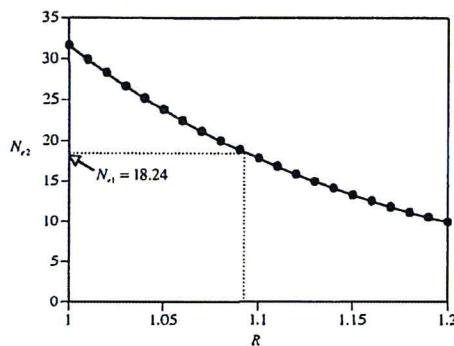


Fig. 1. Effective population size ( $N_{e2}$ ) expected from optimal mating frequency, in relation to intended value of relative genetic gain ( $R = G_2/G_1$ ) for BMS.

$G_1$ =genetic gain expected from actual mating frequency

$G_2$ =genetic gain intended in optimization of mating frequency

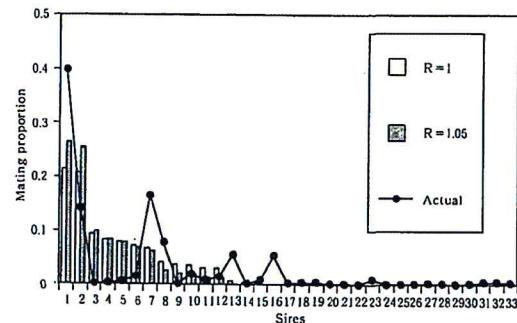


Fig. 2. Optimal proportions of mating for sires ranked according to their EPD values for BMS. Proportions for the two intended values of genetic gain (R; see Fig. 1) are shown together with the actual proportions.

Table 3. Correlation between EPD and actual mating frequency

Trait <sup>a)</sup>					
DG	CWT	BMS	REA	RT	SFT
0.11 (p>0.52)	0.19 (p>0.29)	0.54 (p<0.001)	-0.05 (p>0.77)	0.09 (p>0.60)	0.15 (p>0.40)

<sup>a)</sup> DG: Daily gain, CWT: Carcass weight, BMS: Beef marbling score, REA: Rib eye area, RT: Rib thickness, SFT: Subcutaneous fat thickness

## 種雄牛の交配頻度の最適化

これらの種雄牛よりも EPD が劣るにもかかわらず、比較的高頻度で交配に供されている種雄牛（7, 13 および 16 番目の種雄牛）が存在することである。各農家は当然のことながら経済利益を追求するのであるから、現実にトップの種雄牛の精液配布数に関して現状を大きく下回るような厳しい制限を設けることは困難をもとなう可能性がある。しかしながら、上で述べたような EPD が比較的劣る種雄牛の供用を控え、それよりも EPD が優れた種雄牛を供用するような指導は比較的容易に受け入れられるのではないかと考えられる。その場合でも上位の種雄牛に対して新たな供用の偏りが生じないように、得られた最適交配率に基づく交配指導が必要であろう。

熊本県の褐毛和種の精液は、従来 3ヶ所で分散して管理されてきたが、1995 年度以降は農業研究センター畜産研究所で一括管理されることになっており、それにともなって現在供用中の種雄牛から優良個体の再選抜が予定されている。その際、選抜する種雄牛の頭数が問題になると思われる。この点に関して今回の結果においては、 $R=1$  のときは 16 番目以降、 $R=1.05$  のときは 13 番目以降の種雄牛の最適交配率はすべてゼロであった。もちろん、実際の選抜は BMS 以外の形質についても十分な配慮を払って行なうべきであるが、上記の結果および最適交配率がゼロとなった種雄牛のほとんどは 10 歳齢前後であり、またそれらの現実の供用頻度も極めて低いことを考え合わせると、これらの種雄牛に対して思い切った淘汰を実施しても交配率に十分注意を払っている限りは、集団の有効な大きさに重大な影響は与えないものと推察される。

以上、本研究では限られた場面への適用を考えてきたが、提示した方法はさまざまな場面への拡張が可能である。第 1 は、複数の形質が改良の対象となる場面への適用である。本研究では BMS のみに関して交配率の最適化を試みたが、実際には他の形質の動きにも十分な注意を払う必要がある。たとえば、BMS 以外のある形質の変化 ( $C$ ) を  $C_L \leq C \leq C_U$  の範囲におさめたいときには、これを制約条件に加えて今回の方法と同じく 2 次計画によって最適交配率を求めることができる。また、各個体の総合育種価が得られているときには、本研究で用いた方法をそのまま利用することも可能である。

第 2 は、評価値の正確度が種雄牛ごとに大きく異なる場面への適用である。特に、アニマルモデル BLUP 法による評価のように、後代数が少ない若い個体についても評価値が得られるときには、この点が重要になる。その場合には、式(1)による遺伝的改良量の予測を以下のように修正しなければならない。いま、Gomez-Raya<sup>10</sup> や

よび向井<sup>18</sup> に従って、 $N_m$  頭の種雄牛を  $n$  個の正確度クラスに分け、 $i$  番目 ( $i=1, 2, \dots, n$ ) のクラスの正確度を  $r_i$ 、 $i$  番目のクラスに属する種雄牛数を  $N_{mi}$  とする ( $\sum_{i=1}^n N_{mi} = N_m$ )。さらに、 $i$  番目のクラス内  $j$  番目 ( $j=1, 2, \dots, N_{mi}$ ) の種雄牛の交配率を  $p_{1(i,j)}$  とすれば、 $i$  番目のクラス内  $j$  番目の種雄牛のクラス内での交配率 ( $q_{1(i,j)}$ ) は、

$$q_{1(i,j)} = \frac{p_{1(i,j)}}{\sum_{j=1}^{N_{mi}} p_{1(i,j)}}$$

また、 $i$  番目のクラスの遺伝的改良量 ( $G_i$ ) への寄与 ( $\alpha_i$ ) は、

$$\alpha_i = \frac{\sum_{j=1}^{N_{mi}} p_{1(i,j)}}{\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^{N_{mi}} p_{1(i,j)}} = \frac{N_{mi}}{\sum_{i=1}^n N_{mi}} \sum_{j=1}^{N_{mi}} p_{1(i,j)}$$

と表せる。 $i$  番目のクラス内  $j$  番目の種雄牛の育種価予測値を  $g_{1(i,j)}$  として、Gomez-Raya<sup>10</sup> やよび向井<sup>18</sup> の示す方法に従えば、 $G_i$  は

$$G_i = \frac{\sigma_A}{2} \sum_{i=1}^n \alpha_i r_i \frac{\sum_{j=1}^{N_{mi}} g_{1(i,j)} q_{1(i,j)}}{\sigma_{A,i}} = \frac{\sigma_A}{2} \sum_{i=1}^n r_i \frac{\sum_{j=1}^{N_{mi}} g_{1(i,j)} p_{1(i,j)}}{\sigma_{A,i}}$$

となり、式(1)と同じく交配率の 1 次関数が得られる。ここで、 $\sigma_A$  は相加的遺伝標準偏差、 $\sigma_{A,i}$  は  $i$  番目のクラスの種雄牛の育種価予測値の標準偏差である。集団の有効な大きさ ( $N_{ei}$ ) も

$$N_{ei} = \frac{4}{\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^{N_{mi}} p_{1(i,j)}^2}$$

として、式(2)と同様に交配率に関する 2 次関数として推定でき、提示した方法と同じく 2 次計画によって最適交配率  $p_{2(i,j)}$  を得ることができる。

第 3 は、交配が任意交配からずれている集団への適用である。この点は、とくに和牛集団のように、少なからず任意交配からずれた交配が行なわれている場合には考慮すべき重要な問題である。式(2)のように任意交配を前提とした年当たりの集団の有効な大きさ ( $N_e$ ) と近交係数の上昇量の間には

$$\Delta F_{ST} = \frac{1}{2N_e}$$

なる関係がある<sup>28</sup>。ここで、 $F_{ST}$  は Wright<sup>28</sup> の  $F$ -統計量のうちの集団の有限性によって蓄積する近交係数であり、 $\Delta F_{ST}$  はその年当たりの上昇量である。いっぽう、実際の交配から期待される近交係数  $F_{IT}$  は、任意交配からのずれを表す近交係数  $F_{IS}$  を用いて、

$$F_{IT} = F_{ST} (1 - F_{IS}) + F_{IS}$$

と書ける<sup>28)</sup>。なお、 $F_{IS}$ は血統分析によって推定できるパラメータである<sup>29)</sup>。交配に際して常にほぼ一定の程度で任意交配からのずれが生じるならば、実際の近交係数の上昇量  $\Delta F_{IT}$  は、

$$\Delta F_{IT} = \Delta F_{ST} (1 - F_{IS}) + F_{IS} = \frac{1 - F_{IS}}{2N_e} + F_{IS}$$

として表せる。実際の育種の現場では、集団の有効な大きさ自身よりも、近交度の上昇量に大きな関心があるものと考えられる。そのような場合には、上式を用いて与えられた集団の有効な大きさの下での近交度の上昇量を試算できる。また、逆に近交度の上昇量に許容値が設定できるときには、上式から許容値に応じた集団の有効な大きさを求め、最適交配率を計算することもできる。

和牛においては BLUP 法による育種価情報が提供され始めたため農家レベルでも育種価に対する関心が高まりつつあり、本研究で認められたような少数の種雄牛への人気の集中は、他の品種においても今後一層拍車がかかることが予想される。和牛各品種のように、他品種との交雑を基本的な繁殖様式としない場合には、品種内で遺伝的多様性や近交回避の余地を温存しつつ生産性を高めるような育種を行なっていかなければならない。そのためには、集団の有効な大きさにも十分な配慮を払う必要がある。本研究で用いた方法は、さまざまな場面への拡張の可能性を持っており、和牛各品種において今後の交配指導を行なう際の指針を示すものとして有効であると考えられる。

## 文 献

- 1) Brinks JS, Knapp BW. Effects of inbreeding on performance traits of beef cattle in the Western region. *Tech. Bull.*, 123. Colorado State Univ. Exper. Sta., Colorado. 1975.
- 2) Burrow HM. The effects of inbreeding in beef cattle. *Anim. Breed. Abst.*, 61 : 737-751. 1993.
- 3) Falconer DS. Introduction to Quantitative Genetics. 3rd ed. 70-76, 188-206, 248-254. Longman Scientific & Technical, Essex. 1989.
- 4) Gomez-Raya L. Prediction of genetic progress with different accuracies among selection-candidates. *J. Anim. Breed. Genet.*, 109 : 347-357. 1992.
- 5) Hill WG. A note on effective population size with overlapping generations. *Genetics*, 92 : 317-322. 1979.
- 6) Hill WG. Variation in response to selection. In : *Proceedings of the International Conference on Quantitative Genetics* (Pollak E, Kempthorne O, Bailey TB eds.), 343-365. Iowa State Univ. Press. 1977.
- 7) Hill WG. Fixation probabilities of mutant genes with artificial selection. *Genet. Sel. Evol.*, 17 : 351-358. 1985.
- 8) James JW. The spread of genes in random mating control populations. *Genet. Res., Camb.*, 3 : 1-10. 1962.
- 9) Lamberson WR, Thomas DL. Effects of inbreeding in sheep : a review. *Anim. Breed. Abst.*, 52 : 287-297. 1984.
- 10) Latter BDH. Genetic sampling in a random mating control population of constant size and sex ratio. *Aust. J. Biol. Sci.*, 12 : 500-505. 1959.
- 11) Lindgren D, Matheson AC. An algorithm for increasing the genetic quality of seed from seed orchards by using the better clones in higher proportions. *Silvae Genetica*, 35 : 173-177. 1986.
- 12) Lindgren D, Libby WS, Bondesson FL. Deployment to plantations of numbers and proportions of clones with special emphasis on maximizing at a constant diversity. *Theor. Appl. Genet.*, 77 : 825-831. 1989.
- 13) Lindgren D. Optimal utilization of genetic resources. *Forest Tree Improvement*, 23 : 49-67. 1991.
- 14) Lindgren D. Quantitative comparison between truncation selection and a better procedure. *Hereditas*, 118 : 289-292. 1993.
- 15) Luenberger DG. Introduction to Linear and Nonlinear Programming. 224-227. Addison Wesley Publishing Company, Reading. 1973.
- 16) 松本道夫. 種牛の遺伝的能力評価システムによる褐毛和種の改良. *あかうし*, 66 : 45-54. 1994.
- 17) Moriya K, Takayanagi S, Nomura T, Dogo T, Sasaki Y. Change of population structure of a completely closed sub-population in Japanese Black Cattle. *Proc. of the 5th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.*, 17 : 144-147. 1994.
- 18) 向井文雄. 黒毛和種の産肉形質の選抜法ならびに遺伝的評価に関する研究. *日畜会報*, 65 : 890-905. 1994.
- 19) Nieto B, Salgado C, Toro MA. Optimization of artificial selection response. *J. Anim. Breed. Genet.*, 103 : 199-204. 1986.
- 20) 野村哲郎・佐々木義之. 黒毛和種登録牛における親牛の年齢構成および父牛の多様性からみた繁殖構造. *日畜会報*, 57 : 305-309. 1986.
- 21) 野村哲郎・山南純. 近交回避が選抜反応に及ぼす影響：コンピュータシミュレーションおよび *Tribolium* を用いた選抜実験による検討. *日畜会報*, 66 : 134-141. 1995.
- 22) Nozawa K. Statistical studies on the popula-