

ランドレース種産肉能力検定測定値の種雄豚評価に対する BLUP 法適用の検討

萱場猛夫・石橋 仁・高橋敏能・今田哲雄*・富樫 稔**
(山形大学農学部農業生産学講座・*山形県養豚試験場・**山形県庄内経済連)
(平成4年9月1日受理)

An Application of Sire Evaluation via BLUP Methods of
Performance Traits Records for Swine

Takeo KAYABA, Hitoshi ISHIBASHI, Toshiyoshi TAKAHASHI,
Tetsuo KONTA* and Minoru TOGASHI**

Section of Agricultural Production, Faculty of Agriculture,
Yamagata University, Tsuruoka 997, Japan

*Yamagata Prefectural Experiment Station of Swine
Husbandry, Sakata 998-01, Japan

**Yamagata Shounai Prefectural Economic Federation of
Agricultural Cooperatives, Sakata 998, Japan

(Received September 1, 1992)

Summary

The best linear unbiased prediction (BLUP) procedure was used to evaluate sires in populations having a high relationship among sires and a partial frequency of sire mates. Traits analyzed in this study were the mean daily weight gain (DG), backfat thickness (BF), feed conversion (CR), loin length (RL), eye muscle area (EM) and rate of ham (HR) of 464 registered Landrace Pigs descended from 23 sires in Yamagata Prefecture from 1980 to 1987.

Expected progeny difference (EPD) was compared among the three models; MM model (without relationship among sires), MMR (with relationship) and LSM (not BLUP). The average coefficient of relationship between the 23 sires was 9.0%. The heritability estimates obtained was 0.71 for DG, 0.82 for CR, 0.42 for RL, 0.42 for EM, 0.25 for HR and 0.54 for BF, respectively. Correlation between MM and MMR ranged from 0.984 to 0.987, and those between LSM and other models ranged from 0.985 to 1.0.

The estimated breeding value from the best situational model at present, the MM and the MMR model, had the lower variance of prediction errors. These results indicate that these models are useful as a practical sire evaluation procedure for pig performance traits in Yamagata Prefecture.

緒 言

山形県における豚の改良事業は、昭和45年に策定された「山形県養豚振興計画」に基づき、養豚の改良を図るため、指定種豚場繋養の種豚を主体に産肉能力調査を行

い実施されている。

昭和45年以前の種豚の改良は、神奈川、静岡、千葉等の各県の共進会で優良な成績を上げた血統を戸別に導入し、種雄豚も導入者の好みによって導入されていたため、血統的に統一(固定)されたものではなく、常にその質

が流動的で向上の跡が認められなかった¹⁾。

昭和45年に「山形県養豚振興計画」が策定され、オランダから約130頭のランドレース種豚が県と経済連の手によって導入されると共に、養豚試験場に産肉能力検定施設が整備されるとともに、種豚改良協会の設立、指定種豚場連絡協議会が相次いで設立され、種豚改良はこの両会を基盤として産肉性を重視した改良が行われることになり、徹底した交配指導と選抜により、能力の均一化を図ることになった¹⁾。

この豚の産肉能力調査として、後代検定を用いた種豚評価が行われている。この検定は、調査する種豚の子供（調査豚）を検定施設に集め、一定期間飼養肥育し、検定を行なう集合検定方式（ステーション方式）を用いている。この方式では、調査豚の飼養方法や与える飼料等が一定であるため、実験計画に基づいた検定が行ない易く、また、集められるデータもかなり精度の高いものである。その反面、調査豚の検定数が施設の収容能力による制限を受けるため、検定済みの種豚の数も限定され、潜在的に高い能力を持っていたとしても評価すべく検定を受けることが出来ない可能性を含有している。

この場合検定に対応するものに、乳牛で用いられている検定方法の現場検定がある。乳牛ではこの現場検定を用いて、雌牛の能力を群単位の検定（牛群検定）で行い、現在では、この成績を種雄牛評価へ利用している。しかし、この様なデータを分析するには、いわば自然発生的なデータも対象とすることになり、相応の手法を適用しなければならない。そこで、このための手法として最善といわれているBLUP (Best Linear Unbiased Prediction; 最良線形不偏予測) 法を用い、種雄牛評価などを行っている²⁾。

このBLUP法は、最近、日本で乳牛以外の家畜や実験動物での研究においても用いられるようになり^{3,4)}、豚に関しても行われつつある^{5,6)}が、実用化の段階にはなっていない。

本研究では、I.において、現在、実施されている後代検定の結果を用いた総合判定法による種豚評価についての概要を述べ、検定に使用されたデータから、最小自乗分散分析を行い、遺伝的パラメーターの推定を行い、さらに、その結果を用いて、データ補正を行い、種雄豚に対し後代検定と同様の方法で判定を試みることを目的とした。

II. では、BLUP法の概略を述べることと、実際の後代検定に用いられたデータを使用して、BLUP法による

種雄豚の評価を行い、さらに、豚におけるBLUP法の利用について検討した。

I. 現行の後代検定での種雄豚評価の検討

この節では、現在、実施されている後代検定の結果を用いた総合判定法に使用されたデータから、最小自乗分散分析、および、遺伝的パラメーターの推定を行い、さらに、その結果を用いてデータの補正を行い、後代検定が実施された種雄豚のデータを後代検定と同様の方法を用いて判定を試み、実際に行われた後代検定による判定結果と比較することを目的とした。

材料および方法

豚における後代検定の概要^{7,8)}

後代検定は、組単位に実施され、この1組の検定は、種雄豚と種雌豚を交配させ、得られた同腹の仔豚のうち調査豚として去勢雄2頭、雌2頭、計4頭を選出して行われる。

検定の開始は調査豚の体重が30kgからであり、90kg到達とともに屠殺、解体し、所定の調査を行い検定を終了する。飼養方法は、同性同腹の2頭飼いとし、検定資料を不断給飼する。他に衛生関係事項として、豚コレラ、豚丹毒予防接種済みで、搬入前にはトキソプラズマ病検査の結果陰性のもので、駆虫は体重30kg前後と60kg前後に2回実施される。山形県では、全期間敷料を使用し、検定年度の11月20日から翌年の3月20日まで床暖房を行っている。

後代検定での調査項目は、1日平均増体量 (DG; 以降、増体量と示す)、飼料要求率 (CR; 以降、要求率と示す)、背腰長II (RL)、ロース芯の断面積 (EM; 以降、ロース芯面積と示す)、大割肉片の割合のうちハムの割合 (HR; 以降、ハムの割合と示す)、および、脂肪層の厚さの平均 (BF; 以降、背脂肪厚と示す) の6項目である。検定成績における各項目の判定は、項目別に組ごとの平均値を求め、その平均値から判定基準に照して、種雄豚ではAからE、種雌豚ではaからeの5段階で表される。総合判定は、各々の項目別での判定をAを5点、Eを1点とし、別に定めた項目別係数を乗じて、満点を50点として合計点数 (TP; 以降、得点と示す) を計算し、総合判定区分に照して行う。これら後代検定に用いられる項目別判定基準、および、項目別係数を表1に示した。項目別係数は、総合判定での重み付けが異なるため、増体量では3、要求率と背脂肪厚では2、背腰長II、ロース断

表1 産肉能力後代検定の項目別判定基準

ラ ン ド レ ー ス 項 目	A (a)	B (b)	C (c)	D (d)	E (e)	係数
1 日 平 均 増 体 量 (D G : g)	800以上	740	680	620	619以下	3
飼 料 要 求 率 (C R :)	3.20以内	3.40	3.60	3.80	3.81以上	2
背 腰 長 II (R L : cm)	72.0以上	70.0	69.0	68.0	67.9以下	1
ロ ー ス 断 面 積 (E M : cm ²)	19.0以上	18.0	16.0	14.0	13.9以下	1
大 割 肉 片 (ハ ム) の 割 合 (H R : %)	33.0以上	32.0	31.0	30.0	29.9以下	1
脂 肪 層 の 厚 さ (平 均) (B F : cm)	2.4以内	2.6	2.9	3.1	3.2以上	2
総 合 得 点 (50点満点) (T P : 点 以上)	42	34	26	18	10	

$$T P = 3 \times D G + 2 \times C R + 1 \times R L + 1 \times E M + 1 \times H R + 2 \times B F$$

面積、および、ハムの割合では1であり、以下の式を用いて得点を算出する。

$$T P = 3 \times D G + 2 \times C R + 1 \times R L + 1 \times E M + 1 \times H R + 2 \times B F$$

種雌豚は、上記の概要に従って実施された1組の検定により評価され、種雄豚は、その種雄豚を交配した異なる種雌豚の4組の検定により評価される。すなわち、1頭の種雄豚の検定は、同時に4頭の種雌豚の検定となる。

使用したデータおよび形質は、昭和55年度から昭和62年度までの養豚試験場年報(山形県養豚試験場発刊)に記載されたランドレースの種雌豚別後代検定成績から後代検定に使用された調査豚のデータより抜粋した総合判定に使用される6つの調査項目(増体量、要求率、背腰

長II、ロース断面積、ハムの割合、および、背脂肪厚)とそれらにより算出される得点の7形質である。

表2には、昭和55年度から昭和62年度までの各年次における種雌豚の後代検定での各期間、検定組数と調査豚頭数、および、調査豚が搬入された時点での平均日齢と平均体重を示した。後代検定での各期間は、後代検定に使用する調査豚の第1組目から最終組までが生産された期間(生産期間)、調査豚の第1組目から最終組までが検定場に搬入された期間(搬入期間)、および、第1組目から最終組までの後代検定が行われた検定期間(第1組目の検定開始から最終組の検定終了まで)である。これらの期間は、そのいずれもが年間を通して行われている。このことは、調査豚の發育や要求率が、主に暑さ、

表2 各年度における種雌豚の後代検定組数(調査豚頭数)、調査豚の搬入時平均日令と体重、および、後代検定における各期間

検定 年度	検定組数(調査豚当数)		日令 (日)	体重 (kg)	検 定 期 間 ^{a)}	搬 入 期 間 ^{b)}	生 産 期 間 ^{c)}
	実施組数	終了組数					
55	35(140)	35(133)	71	25.3	55,4,14~56,6,2	55,4,9~56,2,23	55,1,28~55,12,13
56	33(132)	33(129)	75	27.5	56,3,26~57,5,30	56,3,23~57,2,17	56,1,4~56,11,28
57	30(120)	26(95)	72	25.4	57,4,16~58,5,7	57,4,12~58,2,8	57,1,20~57,11,26
58	32(128)	32(123)	74	27.0	58,5,4~59,4,27	58,5,4~59,1,25	58,2,22~58,11,4
59	23(92)	22(82)	79	28.4	59,4,3~60,5,14	59,4,16~60,2,13	59,1,25~59,11,22
60	20(80)	17(61)	72	25.8	60,5,4~61,8,5	60,4,23~61,3,31	60,2,19~61,2,1
61	19(76)	17(66)	71	24.7	61,4,22~62,8,18	61,4,22~62,3,31	61,2,12~62,2,4
62	21(84)	19(73)	75	26.4	62,4,10~63,6,18	62,4,7~63,3,7	62,1,30~62,12,17
全体	213(852)	201(762)	74	26.3			

a : 一組目の後代検定の検定開始から最終組の検定の終了までの期間

b : 一組目の調査豚の搬入から最終組の調査豚の搬入までの期間

c : 一組目の調査豚の生産から最終組の調査豚の生産までの期間

寒さの影響を受けて季節による検定成績の変動を生じると考えられ、この様な考えから季節による補正を行った梶野らの報告⁹⁾がある。実際、1年中はほぼ一定の気候条件を設定することは困難であり、季節的偏りが存在しないとは考え難いため、季節が検定結果に何等かの影響を与えている可能性が考えられる。

また、種雌豚の後代検定は、各年次での検定組数は35組から19組、調査豚数は140頭から76頭、合計213組の検定組と852組の調査豚について実施された。検定豚の搬入時平均日齢は71日から79日、体重は28.4 kgから25.3 kgの間であった。各年度とも、一般的に事故が少なく、発育が良好だったが調査豚のうち発育不良の組が調査により除外されたため、データが得られた組数は、201組であった。

この時、調査豚頭数は804頭と考えられたが、実際にデータが得られた調査豚頭数は、762頭であった。このように、検定組数に対しその調査豚頭数が少ないということは、1組の後代検定において、なんらかの原因で去勢雄、もしくは、雌のうち、どちらかの性の1頭が欠けた3頭でも後代検定が実施されていることを示している。椎葉ら¹⁰⁾の報告にあるように、同腹の雌や雄、去勢において、発育や屠体形質に差が現われることが一般に認められている事実である。

これらのデータには種雄豚は76頭含まれ、後代検定が実施された種雄豚（検定種雄豚）は23頭存在し、種雌豚の後代検定に4回以上供用された種雄豚（供用種雄豚）も23頭存在した（表3）。各々の23頭の種雄豚のうち、検定種雄豚には、昭和55年以前のデータを含む種雄豚が2頭存在し（SIRE aとSIRE b）、供用種雄豚の方には、後代検定のデータが不明な種雄豚が2頭含まれた（SIRE13とSIRE18）。両方に共通な種雄豚は21頭であり、そのうちSIRE20が最高の8回種雌豚に交配されていた。供用種雄豚は、調査豚の頭数で15頭から29頭の記録をもち、検定組数の合計は123組、調査豚頭数は464頭であった。この供用種雄豚の記録は、単一年度内に集められたものばかりではなく、また、実際に後代検定の検定期間を2年より多くもつ種雄豚の存在も認められた。さらに、項目毎にも各年度に変動が認められた。

この様に後代検定に影響を与えているであろう要因について、そこに格差の存在が認められるかどうかを調べるために、最小自乗法¹¹⁾による分散分析を行い、同時に、遺伝的パラメータの推定を行った。

また、この最小自乗分散分析の結果を用い、各項目に

表3 種雌豚の後代検定に4回以上供用された種雄豚の調査豚頭数（供用回数）

S I R E	♀	♂	計	回数(頭数)
SIRE a	8	8	16	
SIRE 1	7	8	15	4(15)
SIRE 2	8	7	15	4(15)
SIRE 3	7	8	15	4(16)
SIRE b	6	8	14	
SIRE 4	8	8	16	4(16)
SIRE 5	8	7	15	7(27)
SIRE 6	8	6	14	7(26)
SIRE 7	6	7	13	5(16)
SIRE 8	8	7	15	4(15)
SIRE 9	8	8	16	5(20)
SIRE 10	8	8	16	5(20)
SIRE 11	8	7	15	5(18)
SIRE 12	7	8	15	5(18)
SIRE 13 ^{c)}	-	-	--	6(23)
SIRE 14	7	8	15	7(25)
SIRE 15	7	8	15	7(26)
SIRE 16	8	8	16	5(20)
SIRE 17	8	8	16	6(24)
SIRE 18 ^{c)}	-	-	--	4(15)
SIRE 19	8	8	16	4(16)
SIRE 20	6	8	14	8(29)
SIRE 20	6	8	14	8(29)
SIRE 21	7	7	14	7(25)
SIRE 22	8	8	16	6(23)
SIRE 23	8	8	16	4(16)
合 計				123(464)

SIRE a, SIRE b; 使用した年度以前の検定が含まれる種雄豚 c) 後代検定の記録が不明である種雄豚

ついて補正を行い、種雌豚の後代検定に用いられた種雄豚から供用種雄豚を父にもつ調査豚のデータを抜粋し、各々の形質について、補正を行ったデータからその平均を算出し、後代検定と同様の種雄豚評価を行った。

ここで、最小自乗分散分析に含めた要因（効果）は、後代検定が行われた年度（検定年度）、後代検定の終了した季節（検定季節；1年を4つの季節に分割し、1を4月～6月、2を7月～9月、3を10月～12月、4を1月～3月とする）、調査豚の性別（雌、および、去勢雄）、および、父（種雄豚）とした。検定季節に検定が終了した季節を用いたのは、調査豚が屠殺までに経験した季節

の影響を含めるためである。最小自乗法では、種豚におけるデータ数（調査の頭数）の違いをカバーしている。

使用したモデルについては、次に示す数学モデルを仮定した。

$$y_{ijklm} = \mu + Y_{ri} + S_{nj} + S_{xk} + S_{rl} + e_{ijklm}$$

ここで、

y_{ijklm} : i 番目の年度の j 番目の季節の k の性をもつ l 番目 Sire の m 番目の仔豚の記録。

μ : 全平均

Y_{ri} : i 番目の年度に共通な効果 (母教効果),

S_{nj} : j 番目の季節に共通な効果 (母教効果),

s_{xk} : k 番目の性別に共通な効果 (母教効果),

S_{rl} : l 番目の種雄豚に共通な効果 (母教効果),

e_{ijklm} : 残差 (変量効果)

である。ここでは、各要因間での相互作用をないものとし、各々個別なものとして扱った。

最小自乗分散分析は、Harvey の LSMLMW (プログラムパッケージ)¹¹⁾を使用した。

結果および考察

表 4 には、762頭の調査豚データからの最小自乗分散分析の結果を示した。この表より、検定年度における効果は、増体量と背腰長Ⅱに対して5%の水準で有意であり、背脂肪厚と総合得点に対しては1%で有意であった。有意差はなかったが、資料要求率とハムの割合は、ほぼ一定の水準であり、ロース断面積は増加傾向を示した。しかし、増体量において、昭和60年度以降においてかなり低い値が認められ、背腰長Ⅱでは昭和59年度と昭和62年度において、低い値が認められた。背脂肪厚では、昭和57年度、昭和59年度、および、昭和61年度に低い値が認められた。

このことは、昭和59年度以降にそれまでと異なった能

表 4 各効果における各々の形質の最小自乗平均値

	D G	C R	R L	E M	H R	B F	T P
全 体	762.5	3.40	71.6	19.0	32.9	2.66	37.1
検定年度	*	N S	*	N S	N S	**	*
5 5	787.2	3.43	72.1	17.2	32.4	2.72	36.8
5 6	762.8	3.49	72.3	18.1	32.4	2.78	34.9
5 7	798.9	3.34	72.5	18.3	32.8	2.54	39.5
5 8	813.7	3.32	71.9	19.8	33.0	2.76	39.0
5 9	783.2	3.45	70.5	19.4	33.5	2.53	38.3
6 0	713.9	3.42	72.1	19.2	33.0	2.69	35.7
6 1	718.3	3.35	72.8	18.7	33.2	2.46	38.4
6 2	721.7	3.44	68.8	20.9	32.8	2.79	33.9
季節	N S	**	N S	N S	N S	N S	**
1	737.8	3.52	71.7	19.3	33.0	2.67	35.2
2	768.5	3.38	71.3	19.1	32.8	2.70	37.0
3	772.0	3.36	71.6	18.6	32.9	2.66	38.1
4	771.5	3.36	71.9	18.9	32.8	2.62	38.1
性別	**	N S	**	**	**	**	N S
雌	719.8	3.39	72.0	20.1	33.3	2.53	37.4
去勢雄	805.2	3.42	71.3	17.9	32.5	2.80	36.7

*, **, $P < .005$, $P < .001$

D G, 1日平均増体量, C R, 飼料要求率, R L, 背腰長Ⅱ,

E M, ロース芯の断面積, H R, 大割肉片 (ハム) の割合,

B F, 脂肪層の厚さの平均, T P, 総合点数

力を持つ系統を導入した可能性があることを示唆している。また、検定組数と調査豚数においても、58年度以前と比較すると、2/3以下に減少していることも原因の一つと考えられる。

検定季節における効果は、飼料要求率と得点で1%の水準で有意であった。梶野ら⁹⁾はロース断面積とハムの割合以外では有意差が存在したと報告している。彼らは、季節を調査豚の生まれ月により4つに区分し、分析方法も2元分類による分散分析を使用したため、直接比較することは困難である。しかし、ここで使用した検定季節では、その格差は、ほとんどの形質で認められなかった。

調査豚の性別における効果は、飼料要求率と得点以外、1%の水準で有意であった。椎葉ら¹⁰⁾は、増体量、背

腰長Ⅱ、ロース断面積、ハムの割合において、有意な差はなく、背脂肪厚において、雌は去勢より有意に薄かったと報告している。分析方法の違いから椎葉らの結果と直接比較は出来ないが、背脂肪厚については同じ結果が得られた。このことは、調査豚の性別において格差が存在することを示し、後代検定がどちらかの性が欠けた3頭で実施されると、欠けていない方の性にその検定結果が引きずられることを示唆している。

以上のことから、後代検定が行われた年度、および、検定がどちらかの性が1頭欠けた3頭で行われた時に各評価値における誤差が大きくなることが予想される。

表5には、検定種雄豚の後代検定の結果を示した。得点では殆どの種雄豚が40点前後の値を示し、得点の判定

表5 種雄豚の後代検定結果

S I R E	形 質						判 定 区 分						総 合 判 定		
	DG	CR	RL	EM	HR	BF	DG	CR	RL	EM	HR	BF	a	b	c
SIRE 7	806	3.18	71.4	19.3	32.8	2.5	A	A	B	A	B	B	46	A	1
SIRE 3	803	3.15	71.4	18.3	32.8	2.5	A	A	B	B	B	B	45	A	2
SIRE 14	839	3.10	73.4	18.6	32.5	2.7	A	A	A	B	B	C	44	A	3
SIRE 22	746	3.30	72.8	19.0	32.2	2.5	B	B	A	A	A	B	43	A	4
SIRE 1	873	3.24	72.1	18.4	32.0	2.8	A	B	A	B	B	C	42	A	5
SIRE 2	786	3.17	71.5	19.2	33.0	2.7	B	A	B	A	A	C	42	A	5
SIRE 9	803	3.27	72.5	17.7	32.7	2.7	A	B	A	C	B	C	41	B	7
SIRE 12	795	3.32	70.0	20.2	32.7	2.6	B	B	B	A	B	B	41	B	7
SIRE 16	778	3.31	71.7	19.2	32.9	2.6	B	B	B	A	B	B	41	B	7
SIRE 15	772	3.33	70.0	20.0	33.2	2.7	B	B	B	A	A	C	40	B	10
SIRE 5	745	3.47	70.1	18.7	33.3	2.4	B	C	B	B	A	B	39	B	11
SIRE 6	751	3.33	70.9	17.8	32.6	2.6	B	B	B	C	B	B	39	B	11
SIRE 10	766	3.58	72.1	19.8	33.0	2.7	B	C	A	A	A	C	39	B	11
SIRE 19	820	3.41	71.8	18.8	32.7	2.9	A	C	B	B	B	C	39	B	11
SIRE 20	752	3.47	70.7	18.2	33.3	2.5	B	C	B	B	A	B	39	B	11
SIRE 21	727	3.36	72.3	20.7	32.3	2.6	C	B	A	A	B	B	39	B	11
SIRE b	780	3.29	70.0	18.7	32.8	2.8	B	B	B	B	B	C	38	B	17
SIRE 8	780	3.51	73.3	17.1	32.0	2.5	B	C	A	C	B	B	38	B	17
SIRE 17	791	3.22	70.9	18.8	32.7	2.9	B	B	B	B	B	C	38	B	17
SIRE 11	757	3.31	72.5	17.5	31.9	2.8	B	B	A	C	C	C	37	B	20
SIRE a	738	3.51	71.5	16.7	32.1	2.6	C	C	B	C	B	B	34	B	21
SIRE 4	745	3.63	72.1	16.9	32.3	2.8	B	D	A	C	B	C	34	B	21
SIRE 23	699	3.96	72.3	17.8	33.0	2.9	C	E	A	C	A	C	30	C	23

DG, 1日平均増体量, CR, 飼料要求率, RL, 背腰長Ⅱ, EM, ロース芯の断面積, HR, 大割肉片(ハム)の割合, BF, 脂肪層の厚さの平均

a, 総合得点, b, 総合判定, c, 総合得点による順位

SIRE a, SIRE b; 検定交配のデータが、調査年度以前のものが含まれている種雄豚

区分では、7頭のA(得点により付けられた順位の上位5位まで)と1頭のC(23位のSIRE23)以外は全てBと判定されている。これらのなかでの1位はSIRE7(得点は46)であった。5位のSIRE1とSIRE2など5位以降の順位では、同じ順位を持つ個体の存在が認められた。このうち7位に注目すると、得点は41点であり、この順位(得点)をもつ個体はSIRE9,12,16の3頭存在した。3頭のうち、SIRE12とSIRE16は全ての形質の判定区分が同じであり、また、SIRE9では形質の判定間に格差(AからC)が存在が認められ、SIRE12(16)では殆どの形質が同じ判定(ロース断面のA以外はB)を示した。この表に示された同じ得点を持つ個体のうち、この様に全ての形質が同じ判定区分を持つ個体も存在するが、そ

の殆どはいずれかの形質の判定区分が異なる個体として存在した。このことは、同じ得点を持つ個体でも、それらの個体がほぼ均一の判定区分を持つ個体と形質により異なった判定を持つ個体が存在することを示唆している。

上記のことから、同じ得点を持つ個体が2頭の場合、次の3通りの傾向を持つ可能性が考えられる。すなわち、a)全ての形質が同じ傾向を示す、b)一部の形質で異なる傾向を示す場合、c)全ての形質が異なる傾向を示す場合、である。aとbの場合、個体における各形質の判定区分が均一であるのか、それとも、異なっているのかという傾向が加わると思われる。複数の場合、大きく分けると全てbの傾向を示すと判断できるであろうが、細

表6 後代検定に4回以上供用された種雄豚の補正後の後代検定結果

S I R E	形 質						判 定						補 正 ¹⁾			再 計 算 ²⁾		
	DG	CR	RL	EM	HR	BF	DG	CR	RL	EM	HR	BF	a	b	c	a	b	c
SIRE 7	770.9	3.21	71.7	19.8	33.0	2.5	B	B	B	A	B	B	41.1	B	1	41	B	4
SIRE 13 ³⁾	789.3	3.25	72.4	18.7	32.5	2.7	B	B	A	B	B	C	38.6	B	2	39	B	8
SIRE 21	758.6	3.35	72.3	19.7	32.6	2.6	B	B	A	A	B	B	38.5	B	3	42	A	2
SIRE 14	787.3	3.37	70.8	19.1	33.1	2.6	B	B	B	C	A	B	38.5	B	4	42	A	2
SIRE 22	759.7	3.39	71.9	19.4	32.7	2.5	B	B	B	A	B	B	38.3	B	5	41	B	4
SIRE 9	774.5	3.36	72.9	18.7	32.8	2.6	B	B	A	B	B	C	37.8	B	6	39	B	8
SIRE 3	779.7	3.31	71.6	19.4	32.0	2.6	B	B	B	A	B	B	37.6	B	7	41	B	4
SIRE 1	802.0	3.36	72.7	19.2	32.2	2.7	A	B	A	A	B	C	37.5	B	8	43	A	1
SIRE 8	774.8	3.43	73.2	16.9	31.9	2.6	B	C	A	C	C	B	37.1	B	9	37	B	13
SIRE 18 ³⁾	741.5	3.34	73.6	18.4	32.9	2.7	B	B	A	B	B	C	36.9	B	10	39	B	8
SIRE 2	750.5	3.33	72.1	19.4	33.2	2.7	B	B	A	A	A	C	36.6	B	11	41	B	4
SIRE 5	740.5	3.53	71.0	18.9	32.8	2.7	B	C	B	B	B	C	36.2	B	12	36	B	15
SIRE 17	764.0	3.43	71.1	18.1	32.8	2.7	B	C	B	B	B	C	36.4	B	13	36	B	15
SIRE 19	773.8	3.59	71.8	18.2	32.7	2.7	B	C	B	B	B	C	35.8	B	14	36	B	15
SIRE 16	711.3	3.48	72.2	18.6	32.8	2.6	C	C	A	B	B	B	35.7	B	15	36	B	15
SIRE 15	745.6	3.38	71.2	19.8	32.5	2.7	B	B	B	C	B	C	35.7	B	16	39	B	8
SIRE 20	747.8	3.51	71.4	17.9	33.1	2.6	B	C	B	C	A	C	35.5	B	17	36	B	15
SIRE 10	743.3	3.52	73.1	19.2	32.9	2.8	B	C	A	A	B	C	35.0	B	18	38	B	12
SIRE 12	758.0	3.51	70.3	19.2	32.7	2.7	B	C	B	A	B	C	34.5	B	19	37	B	13
SIRE 6	700.3	3.45	71.0	19.2	32.8	2.6	C	C	B	A	B	C	34.2	B	20	34	B	20
SIRE 11	719.0	3.45	72.6	17.4	32.0	2.8	C	C	A	C	C	C	34.1	B	21	32	C	21
SIRE 4	732.4	3.66	72.5	17.2	32.4	2.8	C	D	A	C	B	C	32.1	C	22	31	C	22
SIRE 23	716.2	3.73	72.2	17.4	32.6	2.8	C	D	A	C	B	C	31.1	C	23	31	C	22

DG, 1日平均増体量, CR, 飼料要求率, RL, 背腰長II, EM, ロース芯の断面積, HR, 大割肉片(ハム)の割合, BF, 脂肪層の厚さの平均

a, 総合得点, b, 総合判定, c, 総合得点による順位

1) 補正による総合判定, 2) 各項目の判定により再計算された総合判定, 3) 後代検定の記録が不明な種雄豚

かく分けると a, b, c の全て、もしくは、2つが組み合わせられた傾向を示すと思われる。実際に先に述べた7位の3個体が、a, b, c の全てを組み合わせられた傾向を示していた。

表6には、供用種雄豚の各形質の補正データの平均値から項目別判定基準に照して導いた判定区分、実際の後代検定での得点を補正された得点の平均（補正）、および、各項目の補正データからの判定区分の結果により再計算された得点を示した。補正得点、再計算による得点の両方とも、その得点を a, 得点による順位を b, 総合判定区分を c とした。この2つの得点における判定区分は、両方ともその殆どが B であったが、補正では SIRE4 と SIRE23 のみが C, 再計算では SIRE1, 14, 21 が A, SIRE4, 11, 23 が C であった。得点の方からは、SIRE5, 6, 7, 8 など補正と再計算においてほぼ近似する値をとる個体の存在も認められるが、他の個体では格差の存在が認められ、SIRE1, 2, 3 などその格差が大きい個体も認められた。これは、得点の補正が得点を他の6形質と同じに扱っているのに対し、再計算では別なものとして扱っているためだろう。さらに加えるならば、補正では、得点を形質の中の1つとして扱っているのに対し、再計算では、補正された6形質の重み付けによる度合いが、係数を用いて計算することにより、得点を補正するだけの補正よりも強調されるといって異なってくる。このことは、得点を補正するだけでは、判定区分からの得点を推定することが困難であることを示唆している。

この後代検定に関する2つの表を比較したところ、各形質の判定区分においても変動が認められた。このうち形質ごとの変動に影響される得点について、各々の表からその得点、順位、判定区分を抜粋し、表7を作成した。全ての個体において、得点および順位でこの3つが一致することはなかった。得点については、2と3の間の差よりも1と3間での差の方が小さい傾向を示した。これは、1と3が同じ計算方法を用いて計算された値であるのに対し、2は得点の補正值であるためであろうと思われる。この1と3の差が比較的大きい個体は、補正前と補正後での各形質の判定において、得点を計算する時に用いる係数が大きい増体量、飼料要求率、背脂肪厚に変動が認められる傾向にあった。順位での1位は1と2では SIRE7 であったが、3では SIRE1 となった。この2頭の個体での順位の変動は、SIRE7 では1, 2, 3の順に1, 1, 4位であり、SIRE1 では5, 8, 1位であった。この様に、順位が多くに変動が認められた。これは、

表7 後代検定における総合得点と補正後の総合得点、および、それらの判定区分と順位

S I R E	得 点			順 位			判 定		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3
SIRE 1	42	37.5	43	5	8	1	A	B	A
SIRE 2	42	36.6	41	5	11	4	A	B	B
SIRE 3	45	37.6	41	2	7	4	A	B	B
SIRE 4	34	32.1	31	21	22	22	B	C	C
SIRE 5	39	36.2	36	11	12	15	B	B	B
SIRE 6	39	34.2	34	11	20	20	B	B	B
SIRE 7	46	41.1	41	1	1	4	A	B	B
SIRE 8	38	37.1	37	17	9	13	B	B	B
SIRE 9	41	37.8	39	7	6	8	B	B	B
SIRE 10	39	35.0	38	11	18	12	B	B	B
SIRE 11	37	34.1	32	20	21	21	B	B	C
SIRE 12	41	34.5	37	7	19	13	B	B	B
SIRE 13	-	38.6	39	-	2	8	-	B	B
SIRE 14	44	38.5	42	3	4	2	B	B	A
SIRE 15	40	35.7	39	10	16	8	B	B	B
SIRE 16	41	35.7	36	7	15	15	B	B	B
SIRE 17	38	36.4	36	17	13	15	B	B	B
SIRE 18	-	36.9	39	-	10	8	-	B	B
SIRE 19	39	35.8	36	11	14	15	B	B	B
SIRE 20	39	35.5	36	11	17	15	B	B	B
SIRE 21	39	38.5	42	11	3	2	B	B	A
SIRE 22	43	38.3	41	4	5	4	A	B	B
SIRE 23	30	31.1	31	23	23	22	C	C	C

1 ; 後代検定での総合判定

2 ; 後代検定の総合得点を補正した総合判定

3 ; 補正された各形質の判定から再計算された総合判定

- ; 後代検定結果のないSIRE

1と3において、得点における1点差は、同じ得点である個体が存在する可能性が高いため、順位での変動の幅が大きくなるためと思われる。しかし、判定では、その変動が少なく、変動の認められた個体での得点は、殆どが判定基準での境目附近の値をとっていた。

これら評価における変動は、種雄豚の後代検定に使用された調査豚と分析に用いた調査豚の頭数が2/3以上で異なっていたため、調査豚の頭数の違いによる影響とも考えられたが、実際には補正による影響がこれらの評価に現れたためであろうと思われる。

各形質の遺伝率、遺伝相関、および、表型相関を表8に示した。遺伝率は、増体量、飼料要求率、および、得

表8 最小自乗法により推定された遺伝率, 遺伝相関, および, 表型相関

形質	DG	CR	RL	EM	HR	BF	TP
DG	.710	-.603	-.127	.266	-.336	.353	.766
CR	-.335	.817	-.032	-.609	-.386	.747	-.947
RL	-.094	.125	.430	-.499	-.593	.254	-.159
EM	-.066	-.105	-.037	.461	.441	-.417	.515
HR	.056	-.133	-.277	.158	.247	-.253	.490
BF	-.026	.126	-.134	-.193	-.154	.543	-.777
TP	.617	-.630	.058	.262	.274	-.528	.944

対角要素が遺伝率, 対角要素の右上が遺伝相関, 対角要素の左下が表型相関

DG, 1日平均増体量, CR, 飼料要求率, RL, 背腰長II, EM, ロース芯の断面積, HR, 大割肉片(ハム)の割合, BF, 脂肪層の厚さの平均, TP, 総合得点

点において高い値が示された。得点に対し, その値を算出する時に高い係数を持つ増体量, 飼料要求率, 背脂肪厚が遺伝および表型相関の両方において高い相関関係を示した。殆どの相関において, 表現型相関よりも遺伝相関の方が高い相関関係を示した。

以上のことから, 現在行われているデータでの後代検定を用いた評価では, 考慮されなければならない要因についての検討が行われていないため, 評価値に様々な誤差が含まれることが示唆された。さらに, 要因による誤差を減少させるために補正を各形質について行い, 評価を行う必要が認められた。

II. 種雄豚評価について

現在, BLUP 法は人工授精が普及している乳牛で最も研究, および実用化が進んでおり, 種雄牛評価などに用いられている²⁾。

しかし, この BLUP 法は, 豚においてまだ使用されている段階にはなっていない。

この節では, BLUP 法の概略を述べることで, 実際の後代検定に用いられたデータを使用して, BLUP 法による種雄豚の評価を行うことを目的とした。

材料および方法

BLUP 法は, 乳牛において1948年に C. R. Henderson によって, 選抜指数法に代る手法として, 最初に発表された¹²⁾。しかし, 1970年代に入るまでは, この方法は顧みられることもなかった。この理由としては, 乳牛に

ついてであるが, 使用されてきた他の評価方法で間に合ったことや, この方法がかなり大きな行列式を定義するため, BLUP 法を利用できるまでにコンピュータが発達していなかったためである¹³⁾。

ここで, BLUP とは, 最良線形不偏予測子 (Best Linear Unbiased Prediction) の略である。この予測子 (Prediction) は, 予測誤差分散が最小であることから「最良 (Best)」であり, 変量効果の予測に偏りが生じないことから「不偏 (Unbiased)」であることを表わしている。さらに, この予測子は真の値との相関が最大である^{12, 13)}。この BLUP は, 次の方程式の解として得られる。

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + I(\sigma^2_e/\sigma^2_u) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

この時,

y; 各形質の測定値ベクトル

X; 既知のデザインマトリックス

β ; 年次一群などの母数ベクトル

Z; 既知のデザインマトリックス

\hat{u} ; 変量効果ベクトルで, $E(u) = 0$, かつ,

その分散-共分散行列 G は $I\sigma^2_u$ であるとみなす。

e; 残差効果 (変量効果) のベクトルで, その平均は

0 (ゼロ), かつ, その分散-共分散行列 R は,

$I\sigma^2_e$ であるとみなす。

I; 単位行列である。

BLUP 法は, 一般に分子血縁行列 (Numerator Relationship Matrix; A と表される) の逆行列 (A^{-1}) を考慮する (上記の単位行列を分子血縁行列に置き換える) ことにより, その正確さがより高くなることが知られている。分子血縁行列とは, 対角要素に近交係数に 1 を加えた値と非対角要素に血縁係数を求める時に計算される分子の値を用いて作られる行列のことである。

種雄豚の評価に使用したデータは, 第1章の最小自乗分散分析において使用した供用種雄豚23頭における検定組数123組, 調査豚頭数464頭の補正データである (表3)。この23頭の種雄豚における平均近交計数と平均血縁係数は, 各々4.8%, 9.0 (後代検定に使用された76頭の種雄豚全体での平均近交係数と平均血縁係数は, 5.3%, 9.8% であり, 各々の最大値は, 25.4%, 44.4%) であった。このことは, 種雄豚間の強い血縁関係を示唆するものであり, 一般的に種雄豚評価を行う際, 血統情報を含めた方がよいと推察される。

評価方法は選出した種雄豚を 1 つの群とみなし,

BLUP 法による種雄豚間の血縁関係を考慮しないモデル (MM) と血縁関係を考慮したモデル (MMR) の2種類で行なった。それぞれのモデルについては、次に示す数学モデルを仮定した。

$$y_{ijk} = \mu + g_i + s_{ij} + e_{ijk}$$

ここで、

y_{ijk} : i 番目系統群内の j 番目種雄豚を父にもつ k 番目調査豚の記録。

μ : 全平均。

g_i : 種雄豚の属する遺伝的グループに共通の効果 (母教効果)。

s_{ij} : i 番目の種雄ぶた j に共通な効果 (変量効果)。

e_{ijk} : 残差 (変量効果)

である。

混合モデル方程式は次の様になる。

MM モデル ;

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z+kI \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta \\ s \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

MMR モデル ;

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z+kA \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta \\ s \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

ただし、

y ; 各形質の測定値ベクトル

β ; 母数のベクトル

X ; β に対応する既知の計画行列、

s ; 種雄豚 (変量効果) のベクトルで、期待値は 0、分散は MM モデルの場合 $I\sigma_s$ 、MMR モデルの場合 $A\sigma_s$ と仮定し、

Z ; s に対応する既知の計画行列

k ; 分散比である。 ($k = \sigma_e^2 / \sigma_s^2$)

ここで、 I は単位行列、 A は分子血縁行列、 σ_s^2 は種雄豚分散、 σ_e^2 は誤差分散である。また、分散比 k は、次の様に遺伝率 (h^2) から算出できる。

$$h^2 = 4\sigma_s^2 / (\sigma_e^2 + \sigma_s^2)$$

$$\therefore k = \sigma_e^2 / \sigma_s^2 = 4/h^2 - 1$$

各形質の遺伝率は、第1章の最小自乗分散分析により算出したものを使用した (表8)。

種雄豚評価の精度の指標として予測誤差分散 (PEV) を用いて検討した。なお、比較するために平均値による評価値と誤差分散を LSM として示した。

BLUP 法による推定は、氏家¹⁴⁾によるものを用いた。

結果および考察

使用したデータにおける基本統計量 (平均値および標準偏差) を表9に示した。第1での全体での最小自乗平均値 (表4) と比較して、その頭数の違いにかかわらず変化はないことが認められた。

表10-1 から7には、各々の形質における各モデルによる推定値、および、その推定値からの順位を示した。

表9 種雄豚評価に使用した形質の平均値、標準偏差、および、分散比

形 質	平均	標準偏差	分散比
1 日 平均 増 体 量	753.13	77.622	4.63
飼 料 要 求 率	3.43	.289	3.90
背 徳 長 II	71.89	2.276	8.30
ロース芯の断面積	18.76	2.699	7.68
大割肉片(ハム)の割合	32.67	1.263	15.19
脂肪層の厚さ (平均)	2.67	.301	6.37
総合得点 (50点満点)	36.2	5.828	3.02

表10-1 1日平均増体量に関する各モデルでの評価値および順位

S I R E	M M		M M R		L S M	
	EPD	b	EPD	b	EPD	b
SIRE 1	36.8	1	36.5	1	48.1	1
SIRE 13	29.6	2	27.1	3	35.8	2
SIRE 14	28.2	3	27.8	2	33.3	3
SIRE 3	20.1	4	20.8	4	25.7	4
SIRE 8	16.0	6	17.6	5	20.8	5
SIRE 9	16.8	5	16.4	6	20.6	6
SIRE 19	15.5	7	14.2	7	19.9	7
SIRE 7	13.3	8	12.9	8	17.0	8
SIRE 17	8.5	9	6.9	9	10.0	9
SIRE 22	5.0	10	1.2	11	5.8	10
SIRE 21	4.1	11	3.6	10	4.7	11
SIRE 12	3.3	12	.9	12	4.0	12
SIRE 2	-2.6	13	-2.9	13	-3.5	13
SIRE 20	-5.2	14	-5.3	15	-6.2	14
SIRE 15	-6.9	15	-10.2	17	-8.3	15
SIRE 10	-8.5	16	-7.6	16	-10.7	16
SIRE 18	-9.4	17	-5.1	14	-12.5	17
SIRE 5	-11.3	18	-10.8	18	-13.4	18
SIRE 4	-16.6	19	-17.0	19	-21.6	19
SIRE 11	-27.7	20	-27.2	21	-35.0	20
SIRE 23	-29.2	21	-26.7	20	-37.8	21
SIRE 16	-34.5	22	-34.9	22	-42.6	22
SIRE 6	-45.4	23	-45.8	23	-53.6	23

EPD : Expected progeny difference ; 後代期待差

b : EPD 値における順位

表10-2 飼料要求率

S I R E	M M		M M R		L S M	
	EPD	b	EPD	b	EPD	b
SIRE 7	-.175	1	-.164	1	-.218	1
SIRE 13	-.154	2	-.142	2	-.180	2
SIRE 3	-.101	3	-.083	3	-.125	3
SIRE 2	-.078	4	-.067	4	-.099	4
SIRE 18	-.076	5	-.078	5	-.096	5
SIRE 21	-.069	6	-.045	6	-.080	6
SIRE 9	-.064	7	-.051	7	-.076	7
SIRE 1	-.059	8	-.047	8	-.074	8
SIRE 14	-.050	9	-.038	9	-.058	9
SIRE 15	-.048	10	-.027	10	-.055	10
SIRE 22	-.039	11	-.004	11	-.046	11
SIRE 17	-.005	12	.014	13	-.006	12
SIRE 8	.000	13	.001	12	.000	13
SIRE 11	.016	14	.020	14	.019	14
SIRE 6	.017	15	.030	15	.020	15
SIRE 16	.043	16	.054	16	.051	16
SIRE 12	.067	17	.102	20	.081	18
SIRE 20	.069	18	.086	18	.078	17
SIRE 10	.070	19	.080	17	.083	19
SIRE 5	.086	20	.101	19	.099	20
SIRE 19	.128	21	.143	21	.158	21
SIRE 4	.182	22	.194	22	.226	22
SIRE 23	.239	23	.237	23	.297	23

a, EPD値(Expected progeny difference; 後代期待差)
b, 判定区分 c, 順位

表10-4 ロース芯の断面積

S I R E	M M		M M R		L S M	
	EPD	b	EPD	b	EPD	b
SIRE 15	.845	1	.671	3	1.110	1
SIRE 21	.743	2	.705	2	.986	2
SIRE 7	.722	3	.714	1	1.083	3
SIRE 22	.532	4	.361	6	.724	4
SIRE 2	.461	5	.454	4	.712	5
SIRE 3	.455	6	.202	11	.688	6
SIRE 6	.397	7	.389	5	.530	8
SIRE 10	.365	8	.259	9	.519	9
SIRE 1	.343	9	.335	7	.533	7
SIRE 14	.329	10	.321	8	.445	11
SIRE 12	.324	11	.165	12	.476	10
SIRE 5	.253	12	.229	10	.210	12
SIRE 13	.014	13	-.025	14	.034	13
SIRE 9	-.005	14	-.013	13	.008	14
SIRE 16	-.062	15	-.070	15	-.071	15
SIRE 18	-.212	16	-.202	16	-.306	16
SIRE 19	-.356	17	-.296	17	-.513	17
SIRE 17	-.463	18	-.397	18	-.596	18
SIRE 20	-.630	19	-.575	19	-.783	19
SIRE 23	-.867	20	-.670	20	-1.269	21
SIRE 11	-.897	21	-.695	21	-1.266	20
SIRE 4	-1.004	22	-1.011	22	-1.472	22
SIRE 8	-1.187	23	-1.032	23	-1.782	23

a, EPD値(Expected progeny difference; 後代期待差)
b, 判定区分 c, 順位

表10-3 背腰長Ⅱ

S I R E	M M		M M R		L S M	
	EPD	b	EPD	b	EPD	b
SIRE 18	1.084	1	1.007	1	1.656	1
SIRE 8	.832	2	.666	2	1.265	2
SIRE 10	.824	3	.601	3	1.138	3
SIRE 9	.652	4	.590	4	.895	4
SIRE 1	.482	5	.425	5	.720	5
SIRE 11	.448	6	.277	8	.626	6
SIRE 4	.354	7	.296	7	.510	7
SIRE 13	.341	8	.418	6	.436	8
SIRE 21	.222	9	-.026	11	.268	9
SIRE 16	.159	10	.097	9	.197	10
SIRE 23	.135	11	-.071	12	.177	11
SIRE 2	.101	12	.044	10	.129	12
SIRE 22	-.068	13	-.085	13	-.121	13
SIRE 19	-.090	14	-.359	16	-.164	14
SIRE 7	-.200	15	-.258	15	-.332	15
SIRE 3	-.237	16	-.129	14	-.389	16
SIRE 20	-.415	17	-.603	19	-.561	17
SIRE 15	-.540	18	-.576	18	-.740	18
SIRE 17	-.605	19	-.523	17	-.842	19
SIRE 5	-.722	20	-.931	21	-.972	20
SIRE 6	-.738	21	-.805	20	-1.002	21
SIRE 14	-.881	22	-.947	22	-1.202	22
SIRE 12	-1.140	23	-1.109	23	-1.693	23

a, EPD値(Expected progeny difference; 後代期待差)
b, 判定区分 c, 順位

表10-5 大割肉片の割合(ハム)

S I R E	M M		M M R		L S M	
	EPD	b	EPD	b	EPD	b
SIRE 20	.287	1	.275	2	.448	3
SIRE 14	.282	2	.280	1	.463	2
SIRE 2	.247	3	.246	3	.507	1
SIRE 7	.154	4	.152	4	.310	4
SIRE 18	.122	5	.088	10	.256	5
SIRE 5	.120	6	.124	6	.198	7
SIRE 10	.117	7	.124	5	.217	6
SIRE 6	.091	8	.089	9	.156	9
SIRE 9	.083	9	.081	11	.157	8
SIRE 17	.076	10	.094	7	.136	11
SIRE 16	.075	11	.073	12	.144	10
SIRE 12	.023	12	.093	8	.055	12
SIRE 19	.013	13	.036	13	.038	13
SIRE 22	.008	14	-.002	15	.026	14
SIRE 21	-.019	15	.002	14	-.018	15
SIRE 23	-.023	16	-.008	16	-.033	16
SIRE 13	-.082	17	-.054	17	-.124	17
SIRE 15	-.112	18	-.171	19	-.164	18
SIRE 4	-.149	19	-.150	18	-.276	19
SIRE 1	-.235	20	-.237	20	-.458	20
SIRE 3	-.327	21	-.405	22	-.622	21
SIRE 8	-.373	22	-.437	23	-.734	23
SIRE 11	-.379	23	-.384	21	-.682	22

a, EPD値(Expected progeny difference; 後代期待差)
b, 判定区分 c, 順位

表10-6 脂肪層の厚さ(平均)

S I R E	M M		M M R		L S M	
	E P D	b	E P D	b	E P D	b
SIRE 22	-.106	1	-.074	3	-.137	1
SIRE 7	-.094	2	-.088	1	-.133	2
SIRE 16	-.090	3	-.083	2	-.119	3
SIRE 8	-.070	4	-.070	4	-.101	4
SIRE 14	-.070	5	-.063	6	-.089	5
SIRE 21	-.067	6	-.054	7	-.086	7
SIRE 3	-.062	7	-.063	5	-.088	6
SIRE 20	-.061	8	-.049	8	-.076	8
SIRE 9	-.032	9	-.026	9	-.044	9
SIRE 6	-.032	10	-.025	10	-.041	10
SIRE 12	.005	11	.016	11	.005	11
SIRE 5	.015	12	.024	12	.018	12
SIRE 13	.022	13	.033	14	.027	13
SIRE 1	.025	14	.031	13	.035	14
SIRE 18	.038	15	.046	15	.053	15
SIRE 2	.041	16	.047	16	.056	16
SIRE 19	.046	17	.051	17	.067	17
SIRE 15	.054	18	.071	18	.067	18
SIRE 17	.061	19	.073	19	.076	19
SIRE 10	.061	20	.074	20	.080	20
SIRE 4	.070	21	.076	21	.097	21
SIRE 11	.090	22	.100	22	.121	22
SIRE 23	.155	23	.131	23	.216	23

a, EPD値(Expected progeny difference; 後代期待差)

b, 判定区分 c, 順位

表10-7 総合得点

S I R E	M M		M M R		L S M	
	E P D	b	E P D	b	E P D	b
SIRE 7	3.985	1	3.757	1	4.801	1
SIRE 22	2.656	2	1.951	4	3.038	2
SIRE 14	2.493	3	2.250	2	2.824	3
SIRE 13	2.389	4	2.093	3	2.733	4
SIRE 21	2.104	5	1.655	7	2.384	5
SIRE 1	1.965	6	1.739	6	2.397	6
SIRE 3	1.959	7	1.763	5	2.364	7
SIRE 8	1.253	8	1.167	8	1.531	8
SIRE 9	1.125	9	.889	9	1.314	9
SIRE 18	.376	10	.377	10	.464	10
SIRE 15	.113	11	-.384	12	.133	11
SIRE 2	-.007	12	-.233	11	-.003	12
SIRE 20	-.283	13	-.633	13	-.309	13
SIRE 17	-.639	14	-.993	14	-.719	14
SIRE 19	-.949	15	-1.312	15	-1.136	15
SIRE 5	-1.151	16	-1.427	16	-1.284	16
SIRE 16	-1.240	17	-1.476	17	-1.436	17
SIRE 12	-1.532	18	-1.849	18	-1.803	18
SIRE 10	-1.670	19	-1.910	19	-1.936	19
SIRE 6	-1.835	20	-2.079	20	-2.059	20
SIRE 11	-2.567	21	-2.655	21	-3.025	21
SIRE 4	-3.650	22	-3.878	22	-4.386	22
SIRE 23	-4.896	23	-4.641	23	-5.886	23

a, EPD値(Expected progeny difference; 後代期待差)

b, 判定区分 c, 順位

この時、表10の1から7まで順に、増体量、飼料要求率、背腰長Ⅱ、ロース断面積、ハムの割合、背脂肪厚、および、得点と対応している。MMとMMRとの比較のために、最小自乗法(LSM)で求められた後代に対する推定値とその順位も示した。順位において、ハムの割合以外の形質では、MMモデルとLSMモデルに殆ど変化は認められなかった。MMモデルとMMRモデルでは、MMモデルとLSMとの比較に比べて、その変化は多く認められた。

表11には、各々の形質でのMMとMMRモデルでの評価値間の単純相関、ならびに、MMモデル、MMRモデル、および、LSMでの推定値に基づく種雄豚の序列のSpearmanの方法による順位相関¹⁵⁾を示した。両相関とも、評価値間の相関は0.9以上と高い値を示した。

表12には、表価モデルの精度を検討するために、予測誤差分散(PEV)の大きさを示した。ここで、比較のためにLSMでの誤差分散も示した。背脂肪厚に関して、PEV値においてMMモデルでは.03055、MMRモデル

表11 各モデル間の相関係数

形 質	Model	相関係数		
		LSM	MM	MMR
一日平均 増 体 重	MM MMR	.999 .990		.997 .989
飼 料 要 求 率	MM MMR	.999 .990		.996 .998
背 腰 長 Ⅱ	MM MMR	.982 1.000		.984 .982
ロ ー ス 芯 の 断 面 積	MM MMR	.994 .967		.990 .971
脂 肪 層 の 厚 さ (平均)	MM MMR	.999 .995		.992 .993
大 割 肉 片 の 割 合 (ハム)	MM MMR	.992 .958		.987 .964
総 合 得 点	MM MMR	.999 .993		.997 .992

対角より右上が単純相関、左下が順位相関

表12 各モデルにおける誤差分散

Model	D G	C R	R L	E M	H R	B F	T P
MM	.0492	.05239	.03968	.04088	.04381	.03055	.05570
MMR	.0516	.05560	.04018	.04155	.04500	.03020	.05989
L S M	17.0161	.06175	.49303	.59894	.06692	.28539	1.23109

D G, 1日平均増体量, C R, 飼料要求率, R L, 背腰長(3), E M, ロース芯の断面積, H R, 大割肉片(ハム)の割合, B F, 脂肪層の厚さの平均, T P, 総合得点

では.03020と精度の向上が認められた。しかし、他の全ての形質に対し、PEV比はMMモデルよりもMMRモデルの方が大きな値を示した。このことは、MMRモデルによる精度の向上が認められなかったことを示している。しかし、全ての形質において、LSMに対して、MM、および、MMRモデルとを比較すると、MM、および、MMRモデルにおける誤差の減少が認められた。このことは、BLUP法の使用による評価における精度の向上、つまり、BLUP法の有用性を示唆していると思われる。

これらのことは種雄豚評価を行う時に、評価する種雄豚を1つの群とみなしたため、実際は異なった群として区分されなければならない種雄豚が存在したことによるものであろうと推察される。本研究では、種雄豚間の血縁関係を分子血縁行列のみを考えた。そのため、扱った種雄豚を1つの集団とみなしている。しかし、種雄豚の中には明らかに他の種雄豚と血統が異なるもの(両親、もしくは、その豚自身が輸入豚であろうもの)も存在した。このことから、種雄豚をいくつかの群に分けて分析する方法の見当が必要であることが今後の課題として示唆される。本研究では行われなかったが、鈴木ら¹⁶⁾が乳牛で、氏家ら⁵⁾が肉牛で行った母方祖父の能力を考慮したモデルでの評価を検討すべきことも今後の課題として必要であろう。

今回用いたデータは、それ自体の精度が高かったためBLUP法を用いるまでもなく、むしろ年度や性別による補正で評価が可能であると推察された。

総 合 考 察

本研究では、評価に関して、BLUP法を用いるまでもなくむしろ年度や性別による補正において、種豚を評価することが可能であると考察される。Belonskey G. M. and B. W. Kennedy⁶⁾は雌100頭雄4頭の閉鎖群で10年の選抜期間を仮定したコンピュータ・シミュレーションで

の結果から、遺伝率が低い形質の方が高い形質よりBLUP法を使用する効果が現れた、と報告している。今回、使用した形質は、いずれの遺伝率も高い値を示した(表8)。これらのことから、実際にBLUP法による評価法(MMとMMR)を用いた評価と、補正データの平均からの評価法(LSM)での評価値と比較して、その判定区分における有効性は認められなかった。また、今回のデータの様にデータ自体の精度が高い場合、年度等による補正を用いるだけでも種豚評価を行うには十分であると思われた。しかし、PEVの面から、MMとMMRは、LSMと比較して、その誤差の減少をもたらしていることから、種豚評価をより高い精度で行うことが必要であるならば、BLUP法を用いるべきであり、このBLUP法を用いる種豚評価は、その役割を十分行うことが可能であると思われる。

BLUP法を豚の種豚評価に応用するために、考慮しなければならない点がいくつか存在する。まず最初に考えられるのは、検定に使用するために蓄積されるデータに関することである。種豚評価を行う際、種豚におけるデータの数が多くなるにしたがって、その評価の精度は向上するのは明らかなことである。しかし、現在、検定において用いられている方式は、集合検定方式である。この方式は、実験計画に基づいた検定が行い易く、また、集められるデータもかなり精度の高いものである。その反面、調査豚の検定数が施設の収容能力による制限を受けるため、集団の規模を大きくすることが出来ず、おのずからデータの量に制限が加わっている。データの量を増加させるには、検定方式を考慮する必要が認められる。

集合検定方式以外の方式で、現在用いられているものに、現場検定がある。これは、乳牛で用いられている方式である。この現場検定では、集団の規模を増大させ、蓄積されるデータも増加する。しかし、蓄積されるデータの量が膨大になる可能性や、集合検定方式では考慮す

る必要のなかった地域、飼養条件、群（農家1個を1群とみなす）、および、血統等の様々な要因の増加が考えられる。また、農家サイドの協力も必要となる。幸い山形県では県の指導が行き届いているため、現場検定を行うとしても農家サイドの協力が望めるであろう可能性がある。集合検定方式になる以前に行われていた根柢のない改良にならないように県サイドで注意を払うならば、この現場検定は有効に活用されると思われる。

次に、BLUP法を用いてどの様な目的において、何を評価するのかという点である。これは、使用する群が閉鎖群であるのかそうでないのか、先に述べた集合検定方式であるか現場検定方式であるかにより異なってくる。また、使用する形質やその遺伝率によってもその効果が変わってくる。

現在、山形県においてランドレースの系統造成が行われており、種豚の血統の均一化を図っている。この系統造成は閉鎖群であり、この系統造成において選抜に使用される形質は、今回用いられた遺伝率の比較的高いものだけでなく低いものも扱われ、さらに、意図的な淘汰も行われる。Belonskey G. M. and B. W. Kennedy⁶⁾の報告は、雌100頭、雄4頭の閉鎖群で選抜期間として10年間を仮定したコンピュータ・シミュレーションにおいて、頭数こそ異なるが、遺伝率が低い形質ほどBLUP法を用いた効果が高くなり、さらに、意図的な淘汰が含まれることにより高くなると述べている。つまり、BLUP法は、系統造成に応用することが可能であることが示唆されている。

種雄豚評価の場合、現行では集合検定方式で行われる種雌豚の後代検定の記録のみを用いているが、調査や検定を行う形質を限定することによって、指定種豚場から出てくる現場データを利用した種雄豚評価を行うことは可能であると思われる。さらに、止め雄として使用を考えるならば、その評価を雑種の記録を使用し推定を行うことの可能性が認められる。また、山形県では豚の人工授精を行っており、この人工授精は、種雄豚供給の広域化をもたらす。この時、種雄豚は、各々の指定種豚場もしくは肥育農家が群と見なされることにより、それらの群の効果も含まれた評価を必要とする。

現場からのデータを用い、群の効果をも含める分析は、最小自乗法においても行うことは可能である。しかし、この手法では、現場のデータから遺伝的要素を推定することが困難であることが知られている²⁾。また、使用する種雄豚の血統情報を十分加味することが困難であると

いう面を有している。これらのことから、種雄豚の血統情報を含めることが可能であるBLUP法の使用が示唆される。実際、人工授精の普及している乳牛での種雄牛の能力検定による評価は、現場からの記録を用い行われているが、最近まで最小自乗法を用いた評価が行われていた。しかし、現在ではBLUP法を使用した種雄牛評価に移行している。乳牛と豚では評価の手法（方法）は、扱う形質が異なるとはいえ、基本的には同じであると考えられるため、豚の評価にBLUP法を応用することは、高い精度で種雄豚評価を行うためには必要であり、有効であると思われる。

豚において種豚評価をBLUP法で行うための研究は、近年行われ始めたところである。この手法を早期に導入した乳牛等から、種畜の評価法を学び、それを豚に応用していくことは必要なことであり、それにより、よりよい家畜としての改良を進めることが可能となると思われる。

要 約

昭和55年度から昭和62年度までの山形県における、ランドレースの種雌豚別後代検定成績から、年度、季節、調査豚の性別における要因の効果を調べた。さらに、この期間に後代検定された種雄豚について、6形質の遺伝的パラメータの推定を行うとともに、BLUP法による種雄豚の評価を行った。

この期間に後代検定された種雌豚の記録を用い、年次、季節、調査豚の性別による要因を含めた最小自乗分散分析を行った結果は、年次と調査豚の性別においては有意な差が存在する傾向が認められた。遺伝率推定値では各形質とも高い値を示した。種雄豚頭数は23頭の記録を最小自乗法での結果により補正し、BLUP法により種雄豚の評価を行った。評価に使用したモデルは、平均値を使用したモデル(LSM)、種雄豚間の血縁関係を考慮しないモデル(MM)、および、血縁関係を考慮した(MMR)の3種類で行った。

各形質の判定区分による評価、および、評価値により導かれた順位では、遺伝率の低い形質ほど各モデル間での変動が認められた。種雄豚間の平均血縁係数は、最小自乗法で用いた76頭の種雄豚では9.8%、種雄豚評価での23頭では9.0%と高く、種雄豚評価において血縁関係を考慮する必要性が示唆された。しかし、MMモデルとMMRモデル間の相関係数は、単純相関と順位相関とも0.96以上と高い値を示した。さらに、種雄豚評価の精度

の指標として各モデルの予測誤差分散を用いて検討した。種雄豚間の血縁を考慮することによる予測誤差分散の減少は認められなかった。しかし、LSM と比較して、MM および MMR での予測誤差分散には減少が認められており、精度的には、BLUP 法は高い評価値を示すことが確認された、

参 考 文 献

- 1) 養豚振興のための計画的改良繁殖の研究と実用化
富樫 稔, 日本畜産学会東北支部会報, 33, 3 : 100-108, 1983.
- 2) 乳用種雄牛評価への BLUP 法の適用(1)
横内囃生・和田康彦・鈴木三義・松本成生, 畜産の研究, 第43巻 第10号 : 1193-1196, 1989.
- 3) 多形質の BLUP 法によるゴールデンハムスターの繁殖性の選抜 — 4 世代までの結果—
佐藤正寛・西田 朗, 草食家畜用実験動物, 14 : 43-47, 1989.
- 4) 黒毛和種体測定値の種雄牛評価に対する BLUP 法適用の検討
氏家 哲・八巻邦次・山岸敏宏・本間 豊・日畜会報, 60 : 817-823, 1989.
- 5) 種雄豚の特定集団における近交係数と血縁係数について
新部昭夫・杉本隆重・高橋 弘, 第82回日本畜産学会大会大会要旨, 117, 1989.
- 6) Selection on Individual Phenotype and Best Linear Unbiased Predictor of Breeding Value in a Closed Swine Herd
Benelonsky G. M. and B. W. Kennedy, J. Anim. Sci. 66 : 1124-1131, 1988.
- 7) 豚の登録と審査
小春英世, 日豚研誌, 14(2) : 108-116, 1977
- 8) 畜産大事典
内藤元男, 監修 養賢堂, 東京, 1196-1198, 1985.
- 9) 豚産肉能力検定成績の季節補正について
梶野清二・阿部 登・山崎 昶・山田 渥, 日豚研誌, 16(3) : 268, 1979.
- 10) ランドレースの発育および体形質に関する性的差異について
椎葉純一・宮島松一・河野建夫・稲垣二郎, 日豚研誌, 19(1) : 10-13, 1982.
- 11) User's Guide for LSMLMW
PC-1 VERSION
WALTER R. HARVEY, COPYRIGHT 1987(1988).
- 12) WILTON, J. W. : Animal Breeding Method Livestock and Poultry Breeding 40-423 Notes; 39
- 13) 畜産ハンドブック
姫野健太郎ら, 講談社, 東京, 1984.
- 14) 最良線形不偏推定値および予測量による遺伝評価プログラム
氏家 哲・八巻邦次, SENAC, 23 : (2) 104-121, 1990.
- 15) パソコン統計解析ハンドブック I 基礎統計編
脇本和昌・垂水共之・田中 豊編, 共立出版株式会社, 東京, 1986.
- 16) 北海道の乳用種雄牛評価における 3 種の評価モデルの比較
鈴木三義・光本孝次, 日畜会報, 57 : 718-725, 1986.