

豚における簡便法を用いた産子数の遺伝的改良量予測

(独)農業・食品産業技術総合研究機構 畜産草地研究所
石井和雄

豚の改良には、ある形質に対し、優れた個体を選抜してその個体を交配に用いることで、より優れた個体を生産することが必要である。年あたりの遺伝的改良量は以下に示す式で表すことができる。

年あたりの遺伝的な改良量＝選抜強度×選抜の正確度×遺伝分散の平方根／世代間隔

この式によると、年あたりの改良量を増すためには、1) 選抜強度を強くする、2) 選抜の正確度を高める、3) 遺伝分散の平方根を大きくする、4) 世代間隔を短くする、といった異なる4つ方法で取り組むことができる。具体的には、1) はより多くの種豚候補豚から種豚を選抜する、すなわち選抜圧を強くすること、2) はより正確度の高い種畜評価をおこなうこと、3) は集団の多様性を大きくとること、4) は世代更新を早くおこなうこと、を意味する。

この中で、3) の集団の多様性を大きくすることは困難である。

産子数は限性形質で、0.1 程度の低い遺伝率の形質であるため効率的に改良するには BLUP 法アニマルモデルを用いる必要がある。今回は Avalos と Smith(1987)の方法を参考し、家系選抜指数を用いて血統構造とデータ数が遺伝的改良量に及ぼす影響を検討した。

家計選抜指数を用いた遺伝的改良量の予測は家系内のみ血縁がつながっていることを仮定している。今回の仮定より血縁が複雑になる BLUP 法アニマルモデルで推定された育種価で選抜した場合、今回示した値より遺伝的改良量は小さくなることをご留意いただきたい。

材料と方法

遺伝的改良量の予測には SIndex プログラム(佐藤, 2003)を用いた。'SIndex' は選抜指数における係数の算出とそれに基づいた遺伝的改良量を予測するプログラムである。このプログラムは、様々な家系情報下で、1 標準選抜差の選抜をおこなったときの遺伝的改良量を予測することができる。遺伝的改良量の予測には表型分散 8.1225、遺伝率 0.10、反復率 0.15 の遺伝的パラメーターを用いた (Avalos と Smith, 1987)。分析に用いた家計情報を図 1 に示す。雄豚と交配する雌豚の数 (d=3, 5, 10, 15)、一腹あたりの出産記録のある雌豚の数

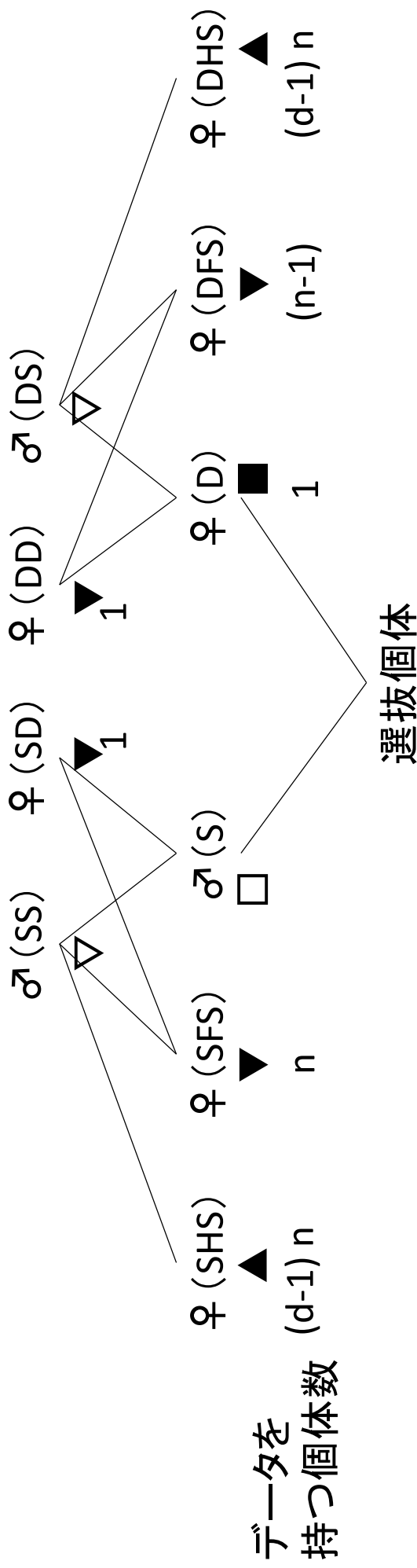


図1 遺伝的改良量の算出に用いた血統構造 (AvalosとSmith, 1987を改変)

SS: 雄親の雄親, SD: 雄親の雌親, DD: 雌親の父親, DS: 雌親の父親, S: 父親, D: 雌親, SHS: 雄親の半きようたい, SFS: 雄親の全きようたい, DFS: 雌親の全きようたい, DHS: 雌親の半きようたい, d: 雄親あたりの交配雌の数, n: 一腹あたりの記録を得た雌の数。
 □: 選抜候補個体との血縁係数が0.5以上, ▽: 0.25以上, △: 0.125以上。黒塗りは繁殖記録が存在。
 d: 種雄豚に交配する雌豚の数, n: 一腹内で繁殖データを持つ雌豚の数

(n=1, 2, 3)、および平均産次 (p=1, 2, 3) を変化させて遺伝的改良量の期待値を求めた。

結果

表 1 に SIndex で算出された選抜個体における遺伝的改良量の期待値を示す。この期待値は標準選抜差が 1 のとき得られる遺伝的改良量である。種雄豚に交配する種雌豚の数、一腹内に繁殖データを持つ種雌豚の数、産次数が増えるほど産子数の遺伝的改良量の期待値は増大する。特に産次数を 1 から 2 に増加させることが遺伝的改良量の期待値を向上させるのに有効であることが示された。

表 1 異なる家系情報およびデータ数における産子数の遺伝的改良量の期待値

| 種雄豚一頭に交配する雌の数(d) | 一腹内で繁殖データを持つ雌の数(n) | 産次数(p) | | |
|------------------|--------------------|--------|-------|-------|
| | | 1 | 2 | 3 |
| 3 | 1 | 0.173 | 0.226 | 0.260 |
| | 2 | 0.204 | 0.262 | 0.296 |
| | 3 | 0.228 | 0.287 | 0.320 |
| 5 | 1 | 0.184 | 0.239 | 0.273 |
| | 2 | 0.220 | 0.277 | 0.310 |
| | 3 | 0.245 | 0.302 | 0.334 |
| 10 | 1 | 0.207 | 0.263 | 0.296 |
| | 2 | 0.246 | 0.301 | 0.332 |
| | 3 | 0.272 | 0.324 | 0.352 |
| 15 | 1 | 0.223 | 0.279 | 0.310 |
| | 2 | 0.263 | 0.316 | 0.343 |
| | 3 | 0.287 | 0.335 | 0.361 |

表 2 に切断型選抜時における異なる選抜圧下での期待標準選抜差を示す。ここで、種雄豚については年あたりの更新率を 100%とし、種雌豚については年あたりの更新率を 25%から 100%で変化させた。また種雄豚は選抜圧を上位 5%から 50%、種雌豚は上位 30%から 50%とした。ただし、この遺伝的改良量の期待値は産子数のみを選抜形質とした場合の結果である。

表 1 と表 2 の結果を組み合わせることで年あたりの期待される遺伝的改良量の期待値を算出できるが、種雌豚の更新率が 100%でデータを持つ産次数が 3産など実際にできない組み合わせも存在することを留意していただきたい。

また、種雄豚の選抜圧が上位 5% など極端に強い場合、近交が急激に進み遺伝的多様性は大きく減少する。

表 2 異なる選抜圧と更新率下における期待標準選抜差

| 種雄豚の選抜圧 | 種雌豚の選抜圧 | 1 年あたりの雌豚の更新率 (%) | | | |
|---------|---------|-------------------|-------|-------|-------|
| | | 100 | 75 | 50 | 25 |
| 上位 5% | 上位 30% | 1.611 | 1.466 | 1.321 | 1.176 |
| | 上位 40% | 1.515 | 1.394 | 1.273 | 1.152 |
| | 上位 50% | 1.431 | 1.331 | 1.231 | 1.131 |
| 上位 10% | 上位 30% | 1.457 | 1.312 | 1.167 | 1.022 |
| | 上位 40% | 1.361 | 1.240 | 1.119 | 0.998 |
| | 上位 50% | 1.277 | 1.177 | 1.077 | 0.977 |
| 上位 20% | 上位 30% | 1.280 | 1.135 | 0.990 | 0.845 |
| | 上位 40% | 1.183 | 1.062 | 0.942 | 0.821 |
| | 上位 50% | 1.099 | 0.999 | 0.900 | 0.800 |
| 上位 50% | 上位 30% | 0.979 | 0.834 | 0.689 | 0.544 |
| | 上位 40% | 0.882 | 0.761 | 0.641 | 0.520 |
| | 上位 50% | 0.798 | 0.698 | 0.599 | 0.499 |

表 3 に代表的な表 1 と表 2 の組み合わせた年あたりの産子数の遺伝的改良量の期待値と選抜個体と血縁係数が 12.5% 以上となるデータ数を示す。一番高いもので年あたり 0.558 頭、一番低いもので年あたり 0.167 頭の遺伝的改良量が期待される。しかし、年あたりの遺伝的改良量が大きいほど血縁係数が 12.5% 以上のデータ数は多くなる。遺伝的改良量の期待値が最大となった種雄豚の選抜圧、種雌豚の選抜圧、種雌豚の更新率、種雄豚一頭に交配する雌の数、一腹内に繁殖データを持つ雌豚の数、およびデータを持つ産次数がそれぞれ、5%、10%、100%、15 頭、10 頭、および 3 産のときの、血縁係数が 12.5% 以上のデータ数は 601 頭にもなる。

まとめ

今回の結果から、選抜方法しだいで 10 年間で最大 5.6 頭の遺伝的改良量が期待できる。しかし、実際の選抜の現場では肢蹄不良や発育不良による淘汰、近交抑制のための計画交配が行われるため、切断型選抜はおこなうことができない。また、実際の改良では産子数 1 形質のみを改良することはない。海外育種団体において雌系品種の改良であっても繁殖形質に最大でも 50% 程度の重み

表3 様々な選抜条件下における年あたりの期待改良量と血縁係数が12.5%以上のデータ数

| 雄豚の選抜 圧 (%) | 雌豚の選 抜圧(%) | 雌豚の選 更新率 | 種雄豚一頭に交 配する雌の数 | 一腹内に繁殖デー タを持つ雌の数 | データを持 つ産次数 | 期待される年あ たりの改良量 | 血縁係数が12.5% 以上のデータ数 |
|----------------|---------------|-------------|-------------------|---------------------|---------------|-------------------|-----------------------|
| 5 | 30 | 100 | 15 | 3 | 1 | 0.463 | 92 |
| 10 | 30 | 100 | 15 | 3 | 1 | 0.418 | 92 |
| 5 | 50 | 50 | 10 | 1 | 2 | 0.371 | 44 |
| 10 | 50 | 50 | 10 | 1 | 2 | 0.324 | 44 |
| 50 | 50 | 50 | 10 | 1 | 2 | 0.180 | 44 |
| 5 | 50 | 25 | 5 | 1 | 3 | 0.378 | 36 |
| 10 | 50 | 25 | 5 | 1 | 3 | 0.326 | 36 |
| 50 | 50 | 25 | 5 | 1 | 3 | 0.167 | 36 |
| 20 | *1 | 50 | 4 | 2 | 1 | 0.233 | 16 |
| 5 | *2 | 10. | 15 | 10 | 2 | 0.558 | 601 |

*1：系統造成で行うのとほぼ同じ選抜条件。ただし、上記は切断型選抜により得られる期待改良量であり、実現は難しい。

*2：急激な近交を避けるため、雌の選抜圧を高くした例。

付けしかしていない。前述したが、今回の簡便法による結果は推定育種価による選抜より、改良量が高くなる傾向にある。これらのことを考慮すると今回示した最大の期待改良量 5.6 頭の半分である 2.8 頭が現実的な改良量であると思われる。今回、高い遺伝的改良量を得るには多くのデータを収集する必要があることが示された。効率的に育種改良を進めるためにもデータの収集体制を整えていく必要がある。

参考文献

Avalos E, and Smith C. Genetic improvement of litter size in pigs. *Anim. Prod.*, 44:153-164. 1987.

佐藤正寛, 血縁情報を取り入れた選抜指数を算出するプログラムの開発, 日本養豚学会誌 40巻1号11-20. (2003)