

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

誌名	日本養豚学会誌 = The Japanese journal of swine science
ISSN	0913882X
著者	佐藤, 正寛
巻/号	40巻1号
掲載ページ	p. 11-20
発行年月	2003年3月

—技術ノート—

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

佐藤 正寛

農業生物資源研究所, つくば市 305-8602

(2002年5月16日受付, 2002年10月10日受理)

はじめに

複数の記録に基づいて種畜候補の遺伝的能力を評価する方法の1つに選抜指数がある。選抜指数の歴史は古く、最初に総合育種価を最大にする選抜指数がSMITH¹⁾およびHAZEL²⁾によって導かれた。さらに、任意の形質の改良量を0に抑えたまま、他の形質の総合育種価を最大にする選抜指数がKEMPTHORNEとNORDSKOG³⁾によって考案された。その後、改良目標を達成するための選抜指数^{4,5)}をはじめ、数多くの選抜指数が考案された。

一方、AVALOSとSMITH⁶⁾は、種畜候補の血縁情報を選抜指数に取り込むことにより、血縁情報量と遺伝的改良量との関係を明らかにした。血縁情報を利用した選抜指数は、種畜候補によってその情報量が異なるため、実際の種畜評価には不向きである。しかし、BLUP法による遺伝的改良量の概算値を算出することができるなど、いくつかの利点がある。

このように、選抜指数には数多くの種類があり、家系情報を考慮した場合、その算出は非常に厄介な作業である。そこで、家系情報を取り入れた種々の選抜指数を算出するためのプログラムを作成したので紹介する。

1. 選抜指数の種類

(1) 総合経済価値を最大にする選抜指数 (Smith-Hazel型)

総合経済価値を最大にする選抜指数は、選抜指数の原型ともいべきもので、SMITH¹⁾および

HAZEL²⁾によってそれぞれ独立に導かれた⁷⁾。いま、選抜指数における $n \times 1$ の係数ベクトルを $\mathbf{b} = \{b_i\}$ 、表型値(または表型平均)のベクトルを \mathbf{p} とすると、選抜指数 I は、

$$I = \mathbf{b}'\mathbf{p}$$

で表される。ただし、 n は選抜対象となる表型値(または表型平均)数である。一方、育種目標となる形質の相対経済重みおよび育種価のベクトル($m \times 1$)をそれぞれ \mathbf{a} 、 \mathbf{g} とすると、総合育種価 H は、

$$H = \mathbf{a}'\mathbf{g}$$

で表される。ただし、 m は育種目標となる形質数である。この H の期待改良量 $E(\Delta H)$ が最大になるような選抜指数の係数 \mathbf{b} は、

$$\mathbf{b} = \mathbf{P}^{-1}\mathbf{G}\mathbf{a}$$

となる。ただし、 $\mathbf{P} = \text{var}(\mathbf{p})$ 、 $\mathbf{G} = \text{cov}(\mathbf{p}, \mathbf{g}')$ である。

(2) 相対希望改良量を達成する選抜指数 (Yamada型)

総合経済価値を最大にする選抜指数は、育種目標となる形質の相対経済重みを必要とする。これに対し、育種目標となる形質に最終的な改良の到達地点を設定し、改良目標と現時点における集団平均との偏差の比(相対希望改良量)を実現するための選抜指数の係数 \mathbf{b} は、

$$\mathbf{b} = \mathbf{P}^{-1}\mathbf{G}(\mathbf{G}'\mathbf{P}^{-1}\mathbf{G})^{-1}\mathbf{k}$$

A Program for Computing Selection Index Using Family Information

Masahiro SATOH

National Institute of Agrobiological Sciences, Tsukuba-shi 305-8602

となる。ここで、 \mathbf{k} は相対希望改良量のベクトルである。この選抜指数は、PESEK と BAKER⁴⁾ および YAMADA ら⁵⁾ によって導かれた。

(3) 一部の形質の改良量を制限する選抜指数 (Kempthorne 型)

ある形質の期待改良量を 0 に抑えたまま、他の形質の総合育種価を最大にする選抜指数が KEMPTHORNE と NORDSKOG³⁾ によって考案された。この選抜指数の係数 \mathbf{b} は、

$$\mathbf{b} = [\mathbf{I} - \mathbf{P}^{-1}\mathbf{GC}(\mathbf{C}'\mathbf{G}'\mathbf{P}^{-1}\mathbf{GC})^{-1}\mathbf{C}'\mathbf{G}']\mathbf{P}^{-1}\mathbf{Ga}$$

で表される。ここで、 \mathbf{C}' は制限を付加するための行列⁹⁾ である。さらに、KEMPTHORNE と NORDSKOG³⁾ は、この \mathbf{C}' を用いる方法はある形質の期待改良量を 0 に制限するだけでなく、いくつかの形質に相対的な期待改良量を設定した上で、全体の総合育種価の期待改良量を最大にすることが可能であるとしている。阿部ら⁹⁾ および CUNNINGHAM ら¹⁰⁾ は、KEMPTHORNE と NORDSKOG³⁾ と同じ選抜指数を異なる方法で誘導している。一方、HARVILLE¹¹⁾ は同様の目的で、

$$\mathbf{b} = \{[1 - \alpha^2 \mathbf{k}'(\mathbf{G}_1' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1)^{-1} \mathbf{k}] / (\mathbf{a}' \mathbf{G}' \mathbf{W} \mathbf{Ga})\}^{1/2} \mathbf{W} \mathbf{Ga}$$

を導いた。ここで、 $\mathbf{G}_1 = \text{cov}(\mathbf{p}, \mathbf{g}_1')$ である。ただし、 \mathbf{g}_1 は改良量に制限を付加する形質における育種価のベクトルである。また、

$$\mathbf{W} = [\mathbf{I} - \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1 (\mathbf{G}_1' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1)^{-1} \mathbf{G}_1'] \mathbf{P}^{-1},$$

$$\alpha = \begin{cases} [\mathbf{k}'(\mathbf{G}_1' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1)^{-1} \mathbf{k}]^{-1/2} \lambda & [0 < \mathbf{a}' \mathbf{G}' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1 (\mathbf{G}_1' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1)^{-1} \mathbf{k}] \\ 0 & \\ -[\mathbf{k}'(\mathbf{G}_1' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1)^{-1} \mathbf{k}]^{-1/2} \lambda & [0 > \mathbf{a}' \mathbf{G}' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1 (\mathbf{G}_1' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1)^{-1} \mathbf{k}] \end{cases}$$

および

$$\lambda = \{1 + [\mathbf{k}'(\mathbf{G}_1' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1)^{-1} \mathbf{k}] \mathbf{a}' \mathbf{G}' \mathbf{W} \mathbf{Ga} / [\mathbf{a}' \mathbf{G}' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1 (\mathbf{G}_1' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1)^{-1} \mathbf{k}]^2\}^{-1/2}$$

である。さらに、TALLIS¹²⁾ は、

$$\mathbf{b} = [\mathbf{I} - \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1 (\mathbf{G}_1' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1)^{-1} \mathbf{G}_1'] \mathbf{P}^{-1} \mathbf{Ga} + \theta \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1 (\mathbf{G}_1' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1)^{-1} \mathbf{k}$$

で表されることを示した。ただし、

$$\theta = \mathbf{a}' \mathbf{G}' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1 (\mathbf{G}_1' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1)^{-1} \mathbf{k} / \mathbf{k}' (\mathbf{G}_1' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1)^{-1} \mathbf{k}$$

である。このように、一部の形質の改良量を制限する選抜指数は、KEMPTHORNE と NORDSKOG³⁾、HARVILLE¹¹⁾ および TALLIS¹²⁾ によって別々に導かれたが、ITO と YAMADA¹³⁾ はこれらの選抜指数が同値であることを示した。

(4) 相対希望改良量の達成度を制限する選抜指数 (Brascamp 型)

BRASCAMP¹⁴⁾ は、制限を付加する形質において、育種価の期待改良量が最大となるときにのベクトル \mathbf{d} を、これに比例する $\mathbf{0}$ でない任意の相対改良量のベクトル \mathbf{k} を用いて、

$$\mathbf{d} = \alpha_{\max} \mathbf{k}$$

とすることにより、

$$\mathbf{b} = [(1 - \alpha^2 / \alpha_{\max}^2) / (\mathbf{a}_2' \mathbf{G}_2' \mathbf{W} \mathbf{G}_2 \mathbf{a}_2)]^{1/2} \mathbf{W} \mathbf{G}_2 \mathbf{a}_2 + \alpha \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1 (\mathbf{G}_1' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1)^{-1} \mathbf{k}$$

を得た。ここで、 \mathbf{g}_2 は改良量に比例制限を付加しない形質における育種価のベクトル、 \mathbf{a}_2 はそれらの形質に対応する相対経済重みのベクトルで、 $\mathbf{G}_2 = \text{cov}(\mathbf{p}, \mathbf{g}_2')$ とする。また、

$$\alpha_{\max} = [1 / \mathbf{k}' (\mathbf{G}_1' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1)^{-1} \mathbf{k}]^{1/2},$$

$$\mathbf{W} = [\mathbf{I} - \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1 (\mathbf{G}_1' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1)^{-1} \mathbf{G}_1'] \mathbf{P}^{-1}$$

であり、 α は以下の範囲内で任意である。

$$0 < \alpha \leq \alpha_{\max}$$

$\alpha = 0$ のとき、 \mathbf{g}_2 の改良量は $\mathbf{0}$ に制限される。ここで、

$$\alpha = E \cdot [1 / \mathbf{k}' (\mathbf{G}_1' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1)^{-1} \mathbf{k}]^{1/2}$$

とおくと、

$$\mathbf{b} = [(1 - E^2) / (\mathbf{a}_2' \mathbf{G}_2' \mathbf{W} \mathbf{G}_2 \mathbf{a}_2)]^{1/2} \mathbf{W} \mathbf{G}_2 \mathbf{a}_2 + \alpha \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1 (\mathbf{G}_1' \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G}_1)^{-1} \mathbf{k}$$

となる。 $\alpha = 0$ の場合を含めて、

$$0 \leq E \leq 1$$

となる。すなわち、改良量に比例制限を付加する形質において、選抜後の改良量を最大にする場合には $E=1$ 、それらの改良量を最小、すなわち改良量をすべて0にする場合には $E=0$ となる。なお、改良量を0に制限する場合、相対経済重みのベクトル a_2 の要素の値は b に影響しない。

(5) その他の選抜指数

選抜指数にはこれまで述べてきたもの以外にも、育種目標となる一部の形質が1回の選抜で改良目標に到達する場合の選抜指数¹⁵⁾、相対経済重みに対する不等式制限下で総合育種価の期待改良量を最大にする選抜指数^{8, 15, 16)}、相対希望改良量に対して不等式制限を付加する選抜指数¹⁷⁾等がある。

2. 血縁情報の利用

一般に、選抜指数では選抜候補自身の表型値のみを用いる場合が多い。屠体形質のように、選抜候補の後代あるいは全きょうだいの表型値を利用する場合もあるが、それよりも複雑な血縁情報を利用する選抜指数が育種の現場で用いられることはほとんどない。しかし、選抜候補の血縁情報を利用することによって選抜の正確度が高まることは古くから知られていた。AVALOSとSMITH⁹⁾は、選抜候補の血縁情報を利用することによって豚の産子数の改良の可能性を示唆した。選抜候補の血縁情報を用いる選抜指数(家系選抜指数)は、選抜候補によって血縁情報量が異なるため、種畜評

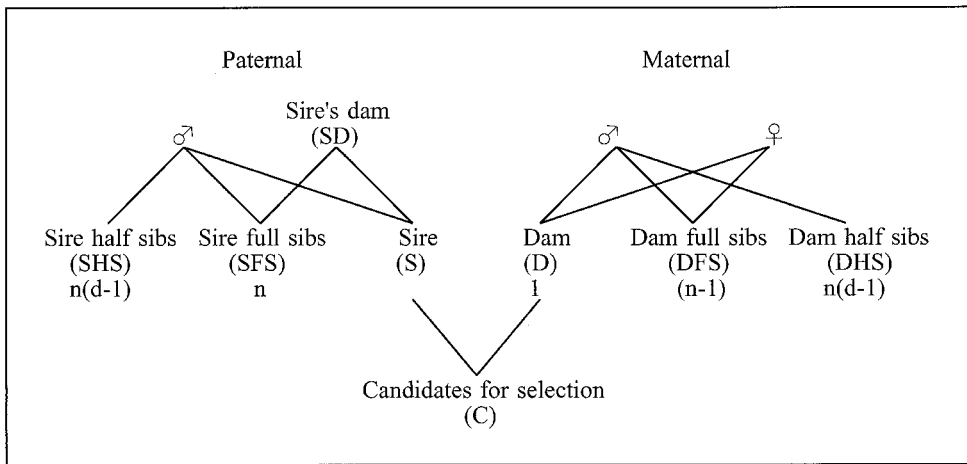


図 1. 選抜指数のための血縁情報 (d は雄に交配される雌の数, n は腹あたりの雌の数).

Fig. 1. Pedigree and information used in the selection indices (d : dams per sire, n : females per litter).

```

コントロールファイル名を入力して下さい ---->
test
出力ファイル名を入力して下さい ---->
test.out
このファイルはすでに存在します。上書きしてよろしいですか？ (Y/N)
Y
プログラムは正常終了しました。
    
```

図 2. 実行例.

Fig. 2. An example of test run.

```

TITLE
Cunninghamによる例 [Acta Agr. Scand. 19:45-48(1969)]
MODEL 1
TRAIT *
1 '180d weight' 1015.0596 302.5891 13.5093 0.0
2 'Market score' 22.8484 93.5066 2.2391 0.0
3 'Productivity' 94.4784 -7.4323 -3.7634 7.6339
GROUP
1 *C 0 0 1 3 1 2 3 1 1 1
WEIGHT
1 0.333
2 1.0
3 2.0
PRINT 10

```

図 3. コントロールファイルの例 1.

Fig. 3. An example of control file (1).

```

TITLE
Avalos & Smithによる例 [Anim. Prod. 44:153-164(1987)]
MODEL 1
TRAIT
1 Litter_Size 8.1225 0.10 0.15
GROUP
1 SD 0 0 1 1 1 2
2 S 101 1 1 0
3 SFS 101 1 3 1 1 2
4 SHS1 101 201 3 1 1 2
5 SHS2 101 202 3 1 1 2
6 SHS3 101 203 3 1 1 2
7 SHS4 101 204 3 1 1 2
8 SHS5 101 201 3 1 1 2
9 SHS6 101 202 3 1 1 2
10 SHS7 101 203 3 1 1 2
11 SHS8 101 204 3 1 1 2
12 SHS9 101 204 3 1 1 2
13 D 102 205 1 1 1 2
14 DFS 102 205 2 1 1 2
15 DHS1 102 206 3 1 1 2
16 DHS2 102 207 3 1 1 2
17 DHS3 102 208 3 1 1 2
18 DHS4 102 209 3 1 1 2
19 DHS5 102 206 3 1 1 2
20 DHS6 102 207 3 1 1 2
21 DHS7 102 208 3 1 1 2
22 DHS8 102 209 3 1 1 2
23 DHS9 102 209 3 1 1 2
24 *C 2 13 1 0
PEDIG
10
1 3
ANC(M) 0
ANC(F) 1 1 2
CAND 0
WEIGHT
1 1.
PRINT 22

```

図 4. コントロールファイルの例 2.

Fig. 4. An example of control file (2).

```

***** 選抜指数の算出のためのプログラム *****

Cunninghamによる例 [Acta Agr. Scand. 19:45-48(1969)]

モデル = Smith-Hazel型選抜指数 [ 相対経済重要度 ]

< 入力行列 >

  個体ベースにおける表型分散共分散行列

1015. 05960    93. 50660    -7. 43230
   93. 50660    22. 84840    -3. 76340
   -7. 43230    -3. 76340    94. 47840

  個体ベースにおける遺伝分散共分散行列

302. 58910    13. 50930     0. 00000
  13. 50930     2. 23910     0. 00000
   0. 00000     0. 00000     7. 63390

  遺伝的パラメーター行列 = 正定値行列 (正常行列)

```

```

< 算出された行列 >

  表型分散共分散行列

1015. 05960    93. 50660    -7. 43230
   93. 50660    22. 84840    -3. 76340
   -7. 43230    -3. 76340    94. 47840

  表型分散共分散行列の逆行列

   0. 00158    -0. 00650    -0. 00013
  -0. 00650     0. 07075     0. 00231
  -0. 00013     0. 00231     0. 01067

```

図 5. 出力例 1.

Fig. 5. A list of output based on control file (1).

価法としては実用的ではない。しかし、家系選抜指数は BLUP 法による選抜反応の予測などに利用することができる¹⁸⁾。

血縁情報が多くなると、 $\mathbf{P}=\text{var}(\mathbf{p})$ や $\mathbf{G}=\text{cov}(\mathbf{p}, \mathbf{g}')$ 等の行列のサイズが大きくなるため、それらを用いた行列計算が複雑になることから、選抜指数の係数 \mathbf{b} の算出は容易ではない。もし、選

抜指数に血縁情報を取り込むことができれば、血縁情報を用いた選抜における反応の予測や、相対経済重みの逆算(後述)などを行うことができる。

3. 選抜指数を算出するプログラム “SIndex”

本プログラム(以下、プログラム名“SIndex”)

＜ 選抜指数 ＞			
グループ	形質	指数の係数	寄与率 (%)
*C	180d weight	0.135042	45.590222
*C	Market score	-0.230916	2.329873
*C	Productivity	0.163026	7.927800
形質	相対経済 重要度	相対希望 改良量	遺伝的改良 量の期待値
180d weight	0.333000	37.742604+	9.329944
Market score	1.000000	1.307274+	0.323157
Productivity	2.000000	1.244525+	0.307646
選抜指数 (I) の標準偏差	=	4.045320	
総合育種価 (H) の標準偏差	=	8.679038	
選抜指数と総合育種価の共分散	=	16.364611	
選抜の正確度	=	0.466102	

図 5. (続き).

Fig. 5. (continued).

は、先にのべた 4 種類の選抜指数の係数を算出する。また、これらの選抜指数に選抜候補の血縁情報や反復記録を取り入れることが可能である。また、SIndex は 4 種類の選抜指数における係数の算出のみならず、世代あたりの遺伝的改良量、選抜指数に対する各情報の寄与率、相対経済重み(または相対希望改良量)の逆算値、選抜の正確度などを算出することができる。これらの算出法は以下の通りである。

いま、I および育種目標となる形質 j の育種価 g_j が多変量正規分布に従うならば、I に基づく選抜による g の期待改良量 $E(\Delta g)$ は、

$$E(\Delta g) = \bar{i}G'b(b'Pb)^{-1/2}$$

となる。ただし、 \bar{i} は標準選抜差である。一方、i 番目の選抜指数の係数に対応する表型価(表型平均)を除いた場合、

$$rv_i = 1 - [1 - b_i^2 / (p^{ii}\sigma_i^2)]^{1/2}$$

は、i 番目の表型価の情報を除いたときの選抜効率の低下の指標となる¹⁹⁾。ただし、 p^{ii} は P^{-1} における i 番目の対角要素である。さらに、

$$a = (G'P^{-1}G)^{-1}k$$

により、育種目標となる形質の相対希望改良量から相対経済重みを逆算することができる。また、選抜指数による選抜の正確度 r_{IH} は、

$$r_{IH} = \text{cov}(I, H) / \sigma_I \sigma_H = b'Ga (b'Pba'G_0a)^{-1/2}$$

によって表される。ただし、 σ_I および σ_H はそれぞれ選抜指数および総合育種価の標準偏差である。ユーザーの必要性に応じて、これらの演算に用いた行列を出力することも可能である。

近年の種畜評価には一般に BLUP 法が用いられている。BLUP 法による遺伝的改良量の簡易予測は、AVALOS と SMITH⁶⁾ が示した血縁情報に基づく選抜指数の利用により可能となる。AVALOS と SMITH⁶⁾ は図 1 に示した血縁情報により、選抜指数式を構築した。一般に、血縁情報を選抜指数に取り入れる場合、世代数が多くなるほど選抜候補の血縁個体が多くなるため、選抜指数の計算は煩雑になる。SIndex の最大の特徴は、家系情報の利用を容易に行うことができる点にある。これ

```

***** 選抜指数の算出のためのプログラム *****

Avalos & Smithによる例 [Anim. Prod. 44:153-164(1987)]

モデル = Smith-Hazel型選抜指数 [ 相対経済重要度 ]

< 選抜指数 >

グループ          形質          指数の係数      寄与率 (%)
SD                Litter_Size    0.035386        2.687006
SFS                Litter_Size    0.093059        5.860136
SHS1              Litter_Size    0.024934        0.402561
SHS2              Litter_Size    0.024934        0.402561
SHS3              Litter_Size    0.024934        0.402561
SHS4              Litter_Size    0.022057        0.305909
SHS5              Litter_Size    0.024934        0.402561
SHS6              Litter_Size    0.024934        0.402561
SHS7              Litter_Size    0.024934        0.402561
SHS8              Litter_Size    0.022057        0.305909
SHS9              Litter_Size    0.022057        0.305909
D                  Litter_Size    0.074353        12.411150
DFS                Litter_Size    0.053469        3.264948
DHS1              Litter_Size    0.021027        0.345095
DHS2              Litter_Size    0.021027        0.345095
DHS3              Litter_Size    0.021027        0.345095
DHS4              Litter_Size    0.018924        0.273312
DHS5              Litter_Size    0.021027        0.345095
DHS6              Litter_Size    0.021027        0.345095
DHS7              Litter_Size    0.021027        0.345095
DHS8              Litter_Size    0.018924        0.273312
DHS9              Litter_Size    0.018924        0.273312

形質              相対経済      相対希望      遺伝的改良
                  重要度        改良量        量の期待値
Litter_Size      1.000000     0.107618+    0.328052

選抜指数(I)の標準偏差      =      0.328052
総合育種値(H)の標準偏差    =      0.901249
選抜指数と総合育種値の共分散 =      0.107618
選抜の正確度                =      0.363998

```

図 6. 出力例 2.

Fig. 6. A list of output based on control file (2).

により、先に述べた BLUP 法に基づいた選抜における遺伝的改良量の簡易予測や、相対希望改良量を達成するために多形質 BLUP 法を用いる場合の重みづけ係数の逆算等を容易に行うことができる。SIndex ではユーザーがこのような計算に容易に対応できる工夫がなされている（家系情報

の利用については実行例参照）。

SIndex を実行させるためには、あらかじめコントロールファイルを作成しておく必要がある。コントロールファイルは、選抜指数の種類、遺伝的パラメーター、相対経済重みや相対希望改良量など、算出したい選抜指数に関する情報を記入す

＜ 家系指数による改良量の予測 ＞			
選抜候補個体およびその最小血縁情報			
形 質	相対経済 重要度	相対希望 改良量	遺伝的改良 量の期待値
Litter_Size	1.000000	0.035315+	0.187923
選抜指数(I)の標準偏差	=	0.187923	
総合育種価(H)の標準偏差	=	0.901249	
選抜指数と総合育種価の共分散	=	0.035315	
選抜の正確度	=	0.208514	
選抜候補個体の血縁係数1/2までの情報			
形 質	相対経済 重要度	相対希望 改良量	遺伝的改良 量の期待値
Litter_Size	1.000000	0.035315+	0.187923
選抜指数(I)の標準偏差	=	0.187923	
総合育種価(H)の標準偏差	=	0.901249	
選抜指数と総合育種価の共分散	=	0.035315	
選抜の正確度	=	0.208514	
選抜候補個体の血縁係数1/4までの情報			
選抜候補個体の血縁係数1/8までの情報			
形 質	相対経済 重要度	相対希望 改良量	遺伝的改良 量の期待値
Litter_Size	1.000000	0.121753+	0.348932
選抜指数(I)の標準偏差	=	0.348932	
総合育種価(H)の標準偏差	=	0.901249	
選抜指数と総合育種価の共分散	=	0.121753	
選抜の正確度	=	0.387165	

図 6. (続き).

Fig. 6. (continued).

る. コントロールファイルの詳細については **SIndex** のマニュアルを参照のこと.

4. “SIndex” の実行例

SIndex を実行させると, 実行例 (図 2) と同様

の質問が出力される. なお, 実行中にエラーが発生した場合には, エラーが発生した場所とその原因メッセージが出力される. エラーが致命的な場合, プログラムは強制終了する.

図 3⁹⁾ および図 4⁸⁾ にコントロールファイルの

例を、またこれらのコントロールファイルに基づいた出力結果の一部を図5および図6に示した。このように、**SIindex**は、①タイトルおよび選択されたモデル、②個体ベースにおける表型分散共分散行列および遺伝分散共分散行列、③個体ベースにおける表型相関係数行列および遺伝相関係数行列、④形質内グループベースにおける表型平均の分散共分散行列とその逆行列、⑤選抜形質内グループにおける表型平均と改良したい形質の育種価との共分散行列、⑥育種改良の対象となる形質の遺伝分散共分散行列、⑦形質内グループの表型平均に対する選抜指数の係数とその寄与率、⑧相対経済重みまたは相対希望改良量とその逆算値、⑨世代あたりの育種価の期待改良量、⑩選抜指数(I)および総合育種価(H)の標準偏差、IとHとの共分散、および選抜の正確度、⑪血縁情報を用いた遺伝的改良量の予測、の各項を計算し、出力する。

5. “SIindex”の提供

SIindexはソースおよび実行形式のいずれのプログラムも提供可能である。**SIindex**の利用希望者は、独立行政法人農業技術研究機構畜産草地研究所ホームページ [<http://www.nilgs.naro.affrc.go.jp>]の「提供プログラム」より、プログラムとそのマニュアルをダウンロードすることができる。

文 献

- 1) SMITH, H.F. : A discriminat function for plant selection, *Annales of Eugenics*, **7**, 240-250, 1936.
- 2) HAZEL, L.M. : The genetic basis for constructing selection indexes, *Genetics*, **28**, 476-490, 1943.
- 3) KEMPTHONE, O. and A. W. NORDSKOG : Restricted selection indices, *Biometrics*, **15**, 10-19, 1959.
- 4) PESEK, J. and R.J. BAKER : Desired improvement in relation to selection indices, *Can. J. Plant Sci.*, **49**, 803-804, 1969.
- 5) YAMADA, Y., K. YOKOUCHI and A. NISHIDA : Selection index when genetic gains of individual traits are of primary concern, *Jpn. J. Genet.*, **50**, 33-41, 1975.
- 6) AVALOS, E. and C. SMITH : Genetic improvement of litter size in pigs, *Anim. Prod.*, **44**, 153-164, 1987.
- 7) HAZEL, L.M., G.E. DICKERSON and A.E. FREEMAN : The selection index - Then, now, and for the future, *J. Dairy Sci.*, **77**, 3236-3251, 1994.
- 8) MALLARD, J. : La theorie et la calcul des index de selection avec restrictions : synthese critique, *Biometrics*, **28**, 713-735, 1972.
- 9) 阿部猛夫・山田行雄・西田 朗 : 制限付き選抜指数の作り方について, *家禽会誌*, **6**, 204-206, 1969.
- 10) CUNNINGHAM, E.P., R.A. MOEN and T. GJEDREM : Restriction of selection indexes, *Biometrics*, **26**, 67-74, 1970.
- 11) HARVILLE, D.A. : Index selection with proportionality constraints, *Biometrics*, **31**, 223-225, 1975.
- 12) TALLIS, G.M. : Constraint selection, *Jpn. J. Genet.*, **60**, 151-155, Corrigendum and addendum, *Jpn. J. Genet.*, **61**, 183-184, 1985.
- 13) ITOH, Y. and Y. YAMADA : Comparison of selection indices achieving predetermined proportional gains, *Génét. Sél. Evol.*, **19**, 69-82, 1987.
- 14) BRASCAMP, E.W. : Selection indices with constraints, *Anim. Breed. Abst.*, **52**, 645-654, 1984.
- 15) HARVILLE, D.A. : Optimal procedures for some constrained selection problem, *J. Amer. Statist. Ass.*, **69**, 446-452, 1974.
- 16) RAO, C.R. : Problems of selection with restrictions, *J. Roy. Statist. Soc. Ser.*, **24**, 401-405, 1962.
- 17) ITOH, Y. and Y. YAMADA : Selection indices for desired relative genetic gains with inequality constraints, *Theor. Appl. Genet.*, **75**, 731-735, 1988.
- 18) SATOH, M. and T. FURUKAWA : Prediction response to selection based on BLUP of breeding values by expected response to family index selection supporting pig selection program, *Anim. Sci. J.*, **71**, 17-25, 2000.

2003, 3月

佐藤

日豚会誌 40卷 1号

19) CUNNINGHAM, E.P.: The relative efficiencies of selection indexes, Acta Agric.

Scand., **19**, 45-48, 1969.