〔ミニレビュー〕

ファジィ集合を利用した近交回避の交配方法の可能性

中村 淳

科学技術振興事業団 独立行政法人 農業技術研究機構 北海道農業研究センター

The use of fuzzy set to reduce inbreeding in mating strategies

Atsushi NAKAMURA

National Agricultural Research Center for Hokkaido Region, Japan Science and Technology Corporation

1. はじめに

家畜の育種集団において中期および長期の選抜は集団の近交度の上昇と共に遺伝分散の減少を招き、結果的に選抜反応は期待されるよりも減退する。さらに、近交退化によって代謝能力や繁殖能力の低下が懸念される。これまで、育種システムの構成要素である遺伝的能力評価法、繁殖技術は遺伝的改良に大きく貢献してきた。家畜の遺伝的評価法では、個体の生産記録と血縁情報に基づいたBLUP法 (Henderson, 1984) が主流であるが、BLUP法による推定育種価を用いた選抜は表型値による選抜と比較して近交度の上昇を促進することが知られている (Quinton, 1992)。これは、特定の家系が集中的に選抜されることに起因する。乳用牛や肉用牛においては繁殖技術としての人工授精や受精卵移植が広く利用されている。これらの技術の普及に伴い集団の有効な大きさが相対的に小さくなり、祖先からの相同な遺伝子を受け継ぐ個体が増加する傾向にある。したがって、育種集団において可能な限り近交度を低く保ち遺伝的改良を進めていく必要がある。近交上昇を回避する方法として、選抜の段階で特定の家系の集中を緩和する方法と交配の段階で近縁個体の交配を避ける方法が考えられる。前者は無作為交配を前提とした方策であり、後者は非無作為交配を前提とした方策とみなすこともできる。これらの方策に関する研究の多くは選抜・交配の意思決定において数理的な最適さを前提に提案されている。また、近年、近交度上昇のメカニズムは集団遺伝学的な背景からの理論的な研究も進んできている。本稿では近交回避のための交配法を実用的面と情報処理的側面からファジィ理論 (Zadeh, 1965) の枠組みで検討する。

2. 近交回避のための交配決定問題

近交抑制のための交配決定問題を“ある交配数の下

で次世代の平均近交係数を可能な限り小さくする交配組合せを決定する問題”と限定する。たとえば、 N_s 頭の雄と N_d 頭の雌が候補集団から選抜された場合を考える (図1)。また、交配様式は階層型とする。このとき、雄の交配数は N_d/N_s 頭の雌に制限され、雌は一頭の雄のみと交配するように制限される。したがって、すべての交配数は N_d である。たとえば、図1のように雄が2頭、雌が6頭選抜された場合、すべての交配数は6となる。

交配決定における問題解決のプロセスを図2に示した。一般に、コンピュータを利用して実際の問題を考える場合、現実の対象をモデル化し、そのモデルに対応したアルゴリズムによって解を求め、得られた解を現実の対象に適用するというプロセスを経る。すなわち、現実の対象は選抜個体群における雄・雌間の交配組合せであり、モデルは次世代の平均近交係数を最小化するという意味で交配組合せ最適化するための目的関数であり、得られた解を現実の対象に適用し交配組合せ決定する。したがって、通常、このような最適化手法によるアプローチは交配組合せの明確な解を意思決定者に提供する。たとえば、図2に示すように、すべての交配組合せは解として交配に用いる部分と交配しない部分に明確に分類される。ここで、乳牛のMOET育種法 (Nicholas and Smith, 1983) を想定した

図1. 近交抑制のための交配決定問題

図2. 交配決定における意思決定のプロセス

場合、ある雌が繁殖障害等で次世代に寄与できないため交配に利用できない状況を考えよう。このような場合、前述した雄・雌の交配数の制限から逸脱するが、他の共祖係数が小さくなるような供卵牛の選定のために交配に利用されなかった部分から検討する必要があるだろう。しかしながら、図2に示されたアプローチにおいて、交配に使われない部分からどの供卵牛を選べばよいかという問いには答えることは不可能である。本来、交配しない部分にも交配への望ましさの優先順位をつけることが可能であれば、代替案としての交配組合せを検討できる。しかしながら、このような最適化手法によるアプローチでは、代替案のための有効な情報は失われている。家畜等の動物を取り扱う場合、交配の代替案は次世代における集団のサイズを維持するためにも必要であろう。したがって、交配に用いる部分と交配に用いない部分を明確に分類せず、代替案の望ましさに応じてその中間のグレーゾーンを認めることが可能であれば、より実用性の高い交配決定法が提案できるだろう。ファジィ集合は交配の代替案としてのグレーゾーンを表現するために利用できる。

3. ファジィ集合とは？

ファジィ集合は、1965年にL. A. Zadehによって提案された概念である。ファジィ集合は、従来の集合（クリスプ集合）においてその要素の属性が所属するかどうかによって0か1の2値によって表されるのに対して、0から1の中間的な状態を表現できるよう拡張されたものである。例えば、今、選抜候補集団は育種価に基づいて切断点 s で選抜されるものとする。すなわち、この場合選抜集団の集合は育種価が s 以上の個体

図3. クリスプ集合とファジィ集合による選抜の考え方

であるというように切断点を明確に定める必要がある。しかしながら、育種の現場では、選抜集団の集合(1)に繁殖に不向きな個体が生じた場合、非選抜集団の集合(0)から育種価の高い個体を再度選択する必要性が生じる。すなわち、我々は暗黙にうちに候補の全てに順位付けをして選抜の意思決定を実際に行っているにもかかわらず、選抜集団と非選抜集団とに明確に分けるような操作は現実問題として不適合な場合がある。ファジィ集合では選抜対象となる候補集団を育種価の高い集合へ含まれる度合いを求め、これを育種価 z に対するメンバーシップ関数($\mu(z)$)のグレードとして表現する。例えば、ここでは育種価の高い集合をあらゆるメンバーシップ関数をロジスティック関数として表す(図3)。また、遺伝的能力を高めたい場合、育種価の高い集合は選抜に好ましい集合と解釈しても矛盾が生じないことから、全ての選抜候補の集団における個体はグレードによって切断点を明確に定めることなく選抜に望ましい個体を選択することが可能になる。すなわち、意思決定者はグレードの大きさに応じて選抜個体を選んでいけばよく、本来人間が行う意思決定と矛盾しない。クリスプ集合ではある切断点以下の個体は選抜個体でなくなるという非現実性があるが、ファジィ集合は柔軟に実際に育種の現場にある問題の取り扱いを可能にする。

図4. クリस्प集合とファジィ集合から見た交配組合せ

一方、交配組合せにおいても、一度解として得られた交配組合せは、次世代に後代を残す交配組合せの集合(1)であり、それ以外は交配に用いない交配組合せの集合(0)とみなせる(図4)。しかしながら、交配に用いない組合せの集合のすべてが完全に交配に望ましくないとはいえないことから、その望ましさを程度として表現することは自然なことであろう。そのためには、考慮すべき全ての交配組合せについて交配の望ましさをファジィ集合で表現する必要がある。

4. 交配決定問題におけるファジィ集合

4. 1. ファジィ集合

ここでは、下記の2つの交配目標を満たす交配組合

せの選択を考える。

- 1) 交配によって期待される後代の遺伝的能力、すなわち高い期待育種価(両親の育種価の平均値)を持つ交配組合せを選択すること。
- 2) 同様に、後代の近交係数、すなわち共祖係数の小さい交配組合せを選択すること。

従来の集合論では、ある要素が集合に属するか属さないかは明確に示す必要があった。ファジィ集合では、所属のあいまいさを許容するので、すべての交配組合せに対して、1)については“期待育種価の高い”ファジィ集合、2)については“共祖係数の小さい”ファジィ集合と考えることにする。

4. 2. メンバシップ関数

“期待育種価の高い”を表すファジィ集合のメンバーシップ関数は次式のロジスティック関数を用いた。

$$\mu_B(g) = (1 + e^{-g})^{-1}$$

図5に示すとおり、ファジィ集合のグレードは0から1の間で与えられ、期待育種価が大きい程、集合への所属度が増加しグレードが1に近づく。ここで g は全ての交配組合せ内で標準化された期待育種価を表す。したがって、平均値におけるグレードは0.5となる。このようなスケーリングによって、その世代の範囲内の期待育種価の高さを考慮することができる。すなわち、“期待育種価の高い”の適用範囲は意思決定を下すべき当該集団であり、複数世代にわたる絶対的に期待育種価の高い交配組合せを考えるわけではな

図5. 交配決定問題におけるファジィ集合

い。このことによって、毎世代、同じスケールで同一のメンバーシップ関数の利用が可能であり、育種計画や遺伝率の違いによって累積選抜反応や近交係数のスケールが異なる場合でも汎用性を確保することができる。

同様に、“共祖係数の小さい”を表すファジィ集合のメンバーシップ関数は次式のロジスティック関数を用いた。

$$\mu_S(c) = (1 + e^c)^{-1}$$

このメンバーシップ関数では、反対に共祖係数が小さい程、集合への所属度が増加しグレードが1に近づく(図5)。ここでcは全ての交配組合せ内で標準化された共祖係数を表す。個々のメンバーシップ関数のグレードの大きさはそれぞれの交配目標の望ましさと一致し、明らかに個々の交配目標と同じ目的に役立っている。

5. ファジィ交配決定基準

5.1. ファジィ演算と交配決定基準

ファジィ演算はファジィ集合に関する演算を意味する(坂和ら、1996)。期待育種価の高くかつ(and)共祖係数の小さい交配組み合わせを同時に検索するため

に、4節で述べた期待育種価と共祖係数に関するファジィ集合をandの意味を含んだ演算子によってひとつに統合する必要がある。交配目標としての効用はファジィ集合のグレードで表されるので、これらの異質な情報の統合は容易である。一般に、ファジィ理論の枠組みで、andを表す演算子としてt-norm演算子(坂和ら、1996)が用いられる。代表的なt-norm演算子として以下の二つを例として挙げる。 $\mu_S(c) = b$ 、 $\mu_B(g) = a$ とすると、

論理積： $a \wedge b$

代数積： $a \cdot b$

ここで、論理積は与えられたグレードのうち最小の値をとる演算子であり、どちらか一方の情報が失われる。代数積は単純な積演算子であり、両方の情報が考慮される演算子である。また、近交の抑制と選抜反応の間には拮抗関係があることから、期待育種価と共祖係数のファジィ集合におけるグレード間の重みを調整するトレードオフパラメータを考慮することは实际的である。グレード間のトレードオフパラメータを考慮する演算子には、各グレードの情報が失われないことから代数積が望ましい。それゆえに、代数積演算子とグレード間のトレードオフパラメータを考慮して、

図6. ファジィ交配決定基準と交配決定のアルゴリズム

重みつき幾何平均によるファジィ交配決定基準(FMC)を次式として定義した。

$$FMC = \mu_B(g)^{1-w} \cdot \mu_S(c)^w, \quad (0 < w < 1)$$

統合したFMCの値は全ての交配組合せの優先度を考慮しているので、交配決定基準として利用可能である。FMCのとり得る値の平面を図6に示した ($w = 0.5$)。この図から期待育種価が高く共祖係数が低い交配組合せがFMCの値に応じて優先的に選択されることが期待される。また、この交配決定基準の等高線は直線的ではなく非線形的な形状をしている。ここでは、FMCの値は達成すべき交配目標を満たすため“望ましい交配組合せ”を表すファジィ集合としても解釈できることに注意していただきたい。

5. 2. アルゴリズム

FMC利用した交配決定のアルゴリズムは次のとおりである (図6)。

- 1) 雄および雌に対し最大許容交配数を設定する。
- 2) 全ての交配組合せについてFMCに基づいて序列化する。
- 3) FMCの序列に基づいて、雄および雌の最大許容交配数の許す交配組合せを選択する。
- 4) 全ての交配数を満たすまで3)に戻り繰り返す。

6. FMCに基づく交配決定の最適性

FMCに基づく交配決定は、数学的な最適さが保証された意思決定法とはいえない面がある。そこで、Toroら (1988) による近交抑制のための最適な交配法である最小血縁交配法 (Minimum coancestry, MC) とFMCに基づく交配決定をシミュレーション実験によって比較した。育種計画は、BLUP法による推定育種価を用いて雄・雌それぞれ100頭の候補から10頭 ($=N_s$) および50頭 ($=N_d$) の選抜を想定した。世代は10世代までとした。遺伝率の初期値は0.25である。FMCに基づく交配 (FMC法) において、雄の許容交配数を5、雌の許容交配数を1とした。

最小血縁交配法は次世代の平均近交係数が最小になるように、 N_s 頭の雄および N_d 頭の雌の許容交配数の制限の下で、最適化される。この問題は、階層型交配様式の場合、線形計画法で解けることが知られている。

すなわち、最小化すべき目的関数は次式で表される。

$$\sum_{i=1}^{N_s} \sum_{j=1}^{N_d} x_{ij} c_{ij}$$

ここで、 c_{ij} は i 番目の雄と j 番目の雌間の共祖係数である。 x_{ij} はこの線形計画問題の解であり、交配する場合

には1、交配しない場合は0となる。線形計画問題の制約は次の3式から成る。

$$\sum_{i=1}^{N_s} x_{ij} = N_d / N_s, \quad \sum_{j=1}^{N_d} x_{ij} = 1, \quad \sum_{i=1}^{N_s} \sum_{j=1}^{N_d} x_{ij} = T$$

ここで、 T は全交配数である。雄は N_d / N_s 頭の雌と交配し、雌は1頭の雄と交配する。この場合、 $T = N_d$ である。交配組合せはシンプレックス法によって求めた (Press *et al.* 1992)。

集合論の観点からすればMCによる演算結果は交配に利用する組合せの集合 ($x = 1$) と利用しない集合 ($x = 0$) に明確に分類している。したがって、この方法はクリスプ集合的なアプローチといえよう。これに対し、FMCは全ての交配組合せについて0から1の範囲の値が与えられる。

表1からMCとFMCによる交配決定は、無作為交配 (RM) と比較して累積選抜反応の損失なしに同レベルの近交抑制効果を示した。特に、FMCのトレードオフパラメータ値の増加に伴い ($w = 0.10$ から 0.90)、選抜後に選抜強度が変化しないため、累積選抜反応には大きな変化が認められなかった。同時に近交の上昇は抑制される傾向にあった。近交レベルあたりの10世代にわたる累積選抜反応を図7に示した。MCとFMCによる交配決定は特に世代の初期において近交抑制効果が高いことがわかる。このような傾向はToroら (1988) や Nakamura and Shimizu (1998, 2000) が報告しており、他の遺伝率や育種計画においても同様の傾向にある。

表1. 近交抑制のための交配法と無作為交配の世代当たりの近交上昇率 (ΔF) と選抜反応 (ΔG)、10世代における累積選抜反応量 (F_{10}) と近交係数 (G_{10})

交配法	F_{10}	ΔF	G_{10}	ΔG
RM	0.24	0.031	2.83	0.29
MC	0.19	0.023	2.85	0.30
FMC _{0.10}	0.24	0.031	3.10	0.33
FMC _{0.25}	0.21	0.026	3.02	0.32
FMC _{0.50}	0.20	0.024	3.00	0.32
FMC _{0.75}	0.19	0.023	2.98	0.31
FMC _{0.90}	0.19	0.023	3.00	0.32

選抜雄個体数: 10 / 100、選抜雌個体数: 500 / 100

$h^2 = 0.25$

RM: 無作為交配

MC: 最小血縁交配法

w: トレードオフパラメータ

図7. 遺伝率0.25における無作為交配法(RM)、最小血縁交配法(MC)とファジー交配決定法(FMC)の近交レベル当たりの遺伝的改良量。
選抜基準: BLUP法による推定育種価

7. 家系情報を制限したBLUP法とFMCに基づく交配の併用

これまでの述べてきた交配による近交回避法とは別に、選抜の段階で近交を抑制する方策が提案されている。代表的なものとして、選抜グループ内の平均育種価と平均血縁係数を含む目的関数と独自のアルゴリズムを用いて選抜個体を決定するタイプ(Brisbane and Gibson, 1995)と、血縁情報の重みを軽減した推定育種価によって選抜するタイプ(Grundy *et al.*, 1994)がある。これらの方法は、BLUP法による推定育種価を用いた選抜では選抜グループ内に同一の家系が集中しやすいため特に有効である。

ここではGrundyら(1994)によって提案されている家系情報の重みを軽減したBLUP法(IH-BLUP)による推定育種価を用いた選抜(IH)を検討する。なお、この方法は無作為交配が前提となる。GrundyらはBLUP法の正規方程式における分子血縁逆行列(A^{-1})の係数とみなされる分散比に着目した(図8)。この分散比(k)の計算に要する真の遺伝率を故意に高めることで k 値が低く抑えられ、家系情報である分子血縁逆行列の重みを軽減する。また、近交を抑制するための交配法(Compensatory mating(Santiago and Caballero, 1995), Minimum coancestry(Toro *et al.*, 1998))とIH法の併用策は、それぞれの近交抑制効果

BLUP法の正規方程式

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + kA^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

分散比

$$k = \frac{1 - h^2}{h^2}$$

$h^2 = 0.25 \quad k = 3$
↓
 $h^2 = 0.5 \quad k = 1$

図8. 家系情報を制限した近交抑制策(IH-BLUP)の説明

図9. 家系情報を制限した近交抑制策(IH)とFMC法の併用策における10世代に渡る近交レベル当たりの累積選抜反応。

が独立に働き、近似的に相加的な近交抑制効果を示すことが知られている。ここでは、IH-BLUP法の推定育種価に基づく選抜、FMCによる交配決定(FMC)とIHの併用(FMC + IH)をシミュレーション実験によって検討した。シミュレーション実験の設定は、IH-BLUP法による推定育種価に基づき雄・雌それぞれ100頭の候補から5頭および50頭を選抜する10世代までの育種計画を想定した。遺伝率の初期値は0.25である。交配様式は階層型とした。IH-BLUP法において、分

散比に考慮すべき遺伝率は真の値0.25から0.5へ高めた(図8)。したがって、 k 値は3から1に軽減される。FMCに基づく交配決定(FMC, $w=0.75$)と無作為交配(RM)においては通常のBLUP法による推定育種価の選抜を適用した。FMCに基づく交配において、雄の許容交配数を10、雌の許容交配数を1とした。

10世代にわたる近交レベルあたりの累積選抜反応を図9に示した。また、10世代における平均近交係数を括弧内で示した。各近交抑制策はRMと比べて改良量に損失は認められなかった。10世代におけるFMCに基づく交配決定およびIHによる選抜ではRMと比較して同レベルの近交抑制効果が認められた。また、これらの併用策であるFMC + IHによる近交抑制効果は個々の近交抑制効果の和に近似した。FMCに基づく交配決定はIHによる選抜と近交抑制効果に関して独立性があり、そのメカニズムを検討する必要がある。

8. 近交抑制のメカニズム

近年、近交度の予測理論の研究が多く研究者によって発展し、理論的な観点から近交上昇のメカニズムが明らかになってきている。例えば、Woolliams and Thompspon (1994)はWray and Thompson (1990)による予測式において非無作為交配を説明するために修正した次式を提案した。

$$\Delta F = (1 + S_{c,\infty}^2)(1 - \alpha_1) / 4N$$

ここで、 $S_{c,\infty}^2$ は遺伝的寄与率の分散、 α_1 はハーディワインベルグ比率の偏り、 N は繁殖に用いられる個体数を表す。

また、Santiago and Cabarello (1995)は無作為交配

下における近交度の予測式を次式のように提案した。

$$\Delta F = \frac{2(1 - \alpha_1) + (S_k^2 + 4i^2T_E + 4Q^2T_G)(1 + \alpha_1 + 2\alpha_0)}{8N}$$

ここで、 S_k^2 は家系サイズの分散、 i は選抜強度、 T_E と T_G はそれぞれきょうだい間に生じる非遺伝的要因、遺伝的要因による相関、 Q は選抜による累積効果、 α_0 は相同遺伝子間の相関を表す。これら2式に基づいて、5・6節で検討した選抜および交配法の近交抑のメカニズムをシミュレーション実験によって考察した。シミュレーション実験の設定は、BLUP法による推定育種価に基づき雄・雌それぞれ64頭の候補からそれぞれ16頭を選抜する10世代までの育種計画を想定した。遺伝率の初期値は0.1である。選抜基準は通常のBLUPと家系情報の重みを軽減したIHを検討した。7節では、分散比 k 値を構成する真の遺伝率を故意に高めることで間接的にその値を小さくしたが、ここでは真の k 値に直接0.6を乗じることで分子血縁逆行列に対する重みを軽減した。交配は、無作為交配(RM)、最小血縁交配法(MC)およびFMCに基づく交配決定法(FMC)である。FMCに基づく交配において、雄・雌の許容交配数はそれぞれ1とした。

表2は予測式における主たるパラメータと10世代における累積選抜反応(G_{10})、近交上昇率($\Delta F (\times 100)$)、Falconer, 1989)を示した。BLUP法による推定育種価の選抜において、交配法MCとFMCによる $S_{c,\infty}^2$ 、 α_1 、 α_0 の値は近交上昇率の抑制は無作為交配(RM)の結果よりも減少し、近交上昇の抑制に寄与する。Caballeroら(1996)はMinimum coancestry (Toro *et al.*, 1988)とCompensatry mating (Santiago and Caballero, 1995)

表2. 近交抑制のメカニズムに影響するパラメータの比較

選抜基準	交配法	G_{10}	ΔF	NF	S_k^2	S_c^2	α_1	α_0
BLUP	RM	1.38	5.39	2.82	7.75	4.67	0.001	-0.004
	MC	1.45	3.58	0.00	7.27	2.66	-0.059	-0.075
	FMC (0.75)	1.50	3.66	0.41	7.44	3.17	-0.052	-0.044
IH-BLUP ($k=0.6$)	RM	1.40	4.48	2.49	6.96	4.24	0.001	0.005
	MC	1.44	3.31	0.00	6.63	2.27	-0.058	-0.076
	FMC (0.75)	1.50	3.23	0.40	6.80	2.44	-0.052	-0.045

$h^2 = 0.10$
選抜雄個体数: 16 / 64
選抜雌個体数: 16 / 64

NF: 全きょうだい交配数
Sk: 家系サイズの分散
Sc: 遺伝的寄与率の分散
 α_1 : ハーディワインベルグ比率の偏り
 α_0 : 相同遺伝子間の相関係数

について同様の分析を行っているが本研究の結果とはほぼ一致している。他方、IH-BLUPによる近交上昇の抑制は S_k^2 の減少によって生じ、 $S_{c,\infty}^2 \alpha_1, \alpha_0$ の値が変化しない。このことからIH-BLUP選抜による近交抑制効果はMCおよびFMCによる交配と異なるメカニズムに起因する。また、交配法MC、FMCをIH-BLUPに基づく選抜と併用した場合、 $S_{c,\infty}^2 \alpha_1, \alpha_0, S_k^2$ の全ての値が減少した。Caballeroら(1996)はMinimum coancestryとCompensatory matingをIHと併用した場合、これらの近交抑制効果が独立した近交抑制効果を示すことを言及しているが、その結果を示していない。しかしながら、本研究の結果が示すとおり、交配(MC、FMC)と選抜(IH)の近交抑制策を組合せて利用した場合、これらの近交抑制効果は近似的ではあるが相加的に作用する。また、Grundyら(1994)はCompensatory matingとIHの併用とこれらの近交抑制効果の独立性について論議している。

全きょうだい間の交配数(NF)の平均はMC法では0であった。FMCにおいて全きょうだい間の交配数0.4であり、きょうだい間の交配が生じる可能性は否定できない。しかしながら、FMCによる交配決定は最適な手法でないのではこの程度は許容範囲ではないかと思われる。

9. ファジィ交配決定基準を利用した Mate selection

これまで検討してきたファジィ交配決定基準(FMC)を用いた単純な交配決定問題では選抜による特定家系の集中化を回避できなかった。したがって、中期および長期の近交抑制には限界がある。家系情報の重みを軽減したBLUP法(IH-BLUP)による選抜との併用はひとつの方法ではあるが、変更した個々の分散比に基づいて繰り返し育種価を推定する必要がある、集団が大規模になるほど計算時間を含め計算コストが増大するだろう。また、IH-BLUPによる正確度が低下した推定育種価は近交を抑制するためには有効であるが、本来の正確な遺伝的メリットに関する情報を提供しない。当然、IH-BLUPの推定育種価を利用して正確な後代の期待育種価を検討することは無意味であろう。ファジィ集合を利用したMate selectionは、IH-BLUPを利用せずに選抜グループに特定の家系が集中させないことが期待される。すなわち、家系サイズの分散を減少させ、同時に通常の推定育種価を利用できるので交配組合せによる後代の近交と遺伝的能力を同時に考慮できる近交抑制策である。ファジィ集合を利用したMate selectionは期待する選抜頭数(S)よりも余分に

選抜候補を考慮する以外、操作自体はこれまで論議してきた交配決定と同様である。この場合、期待育種価と共祖係数間のトレードオフパラメータも十分期待できるが、選抜個体における次世代へ等しい遺伝的な寄与は保証されない。

シミュレーション実験において10世代までの乳牛における成牛MOET中核育種システムを仮定し、その設定を表3に示した。遺伝率の初期値は0.3とし、交配様式は階層型である。選抜基準はBLUP法に基づく推定育種価である。無作為交配(RM)において雌は128頭中32頭を選抜した。また雄の選抜頭数(S)は4、

表3. 無作為交配(RM)とFMCに基づくMate SelectionにおけるMOET育種計画のシミュレーション実験の設定。

設定	RM	FMC
集団の大きさ(雄:雌)	32:128	32:128
選抜雄牛数	4, 8, 16	変動
選抜雌牛数	32	32
全きょうだい数(雄:雌)	1:4	1:4
交配雌牛数/雄牛	8, 4, 2	—
交配雄牛数/雌牛	1	—
雄の最大許容交配数(m)	—	$\leq 2, 3, 4, 6, 8$

図10. FMCを利用したMate Selectionによる10世代における近交レベル当たりの累積選抜反応。
RM: 無作為交配、w: FMCのトレードオフパラメータ

8, 16頭の3通りを検討した。Mate selectionは雄側からの選抜のみを検討した。すなわち、雌はあらかじめ32頭を推定育種価に基づいて選抜し、雄は32頭の候補すべてをMate selectionの対象とした。雄の最大許容交配数(m)は2, 3, 4, 6, 8の5通りを検討した。したがって、雄の選抜頭数は一定になることは保証されない。FMCのトレードオフパラメータの値は0.25, 0.5, 0.75の3通りを検討した。雄の許容交配数が2, 4, 8でかつ各選抜雄個体が同じ頭数の雌と交配した場合、雄の選抜頭数はそれぞれ16, 8, 4頭となる。雌の許容交配数は1である。

10世代における近交レベルあたりの累積選抜反応を図10に示した。RMにおいて、雄の選抜頭数が16頭から4頭に減少するに伴い急激に近交度が上昇する。他方、選抜圧が高まるにもかかわらず、遺伝的改良量の増加はわずかでしかない。これは遺伝分散が減少することに起因する。Mate selectionにおいて、最大許容交配数が8頭から2頭に変化するに伴い、雄の選抜頭数が増加し選抜差も小さくなるので近交の抑制と同時に累積選抜反応が減少する傾向にあった。また、トレードオフパラメータ値が大きいほど共祖係数に関するファジィ集合に重み加わるので、近交の抑制効果は高いが累積選抜反応の若干の損失が認められた。このことから、トレードオフパラメータ値が大きくなると、選抜グループ内で個体の入れ替えが大きくなり家系の集中化が緩和されるので家系サイズの分散が減少する。ファジィ集合を利用したMate selectionはトレードオフパラメータと許容交配数の設定を育種システムに応じて設定する必要がある。

育種計画の実施において繁殖障害等から、育種の模擬実験で仮定した交配様式は完全に実施できない状況が生じることが想定される。例えば、MOET中核育種牛群の供卵牛から期待数の受精卵が得られないとき、供卵牛の追加が必要な場合があり事前に設定された交配決定の組合せが最適であろうとも交配を再検討する必要がある。そのような場合、Mate selectionに余分な雌の供卵牛の候補を考慮することは可能であろう。

10. ファジィ集合を利用した交配決定における意思決定のプロセス

ファジィ集合を利用した交配決定とMC法の意思決定は2節で説明した意思決定のプロセスに沿って行われる(図2)。MC法において数理モデルは線形計画法における目的関数や交配数の制約であり、数学的手法

は線形計画法、数値・データ処理はシンプレックス法によって行われる。他方、ファジィ交配決定では数理モデルはメンバーシップ関数と交配の制約であり、数学的手法はファジィ演算、数値・データ処理はFMCのソーティングと選択である。ファジィ集合による交配決定のための意思決定法はMC法と数学的な取り扱いが異なるが、数値演算が簡便であり、すべての交配組合せについて選好順序が割り当てられる。

11. おわりに

実際の家畜等を取り扱う現場では、交配決定問題をどのように定義するかにかかわらず、時間制約の下で、可能な限り実用上許される正確さで解くような近交抑制策に意義があり、そのための手法が必要とされよう。これまでの交配決定問題では0-1計画問題等の最適化手法によって交配組合せを決定してきた。本稿では交配組合せについてファジィ集合の枠組みで0-1間の数値を許容できるよう拡張することで、選抜基準と同様に交配決定基準としての応用形態をとることを可能にした。この方策は交配決定の最適解よりも劣ることもありえる満足解を簡単な情報操作で得ることを目的としている。したがって、最適化手法の育種への応用を否定しているわけではなく、むしろその次の段階の研究として位置づけて考えている。すなわち、ファジィ交配決定においても最適化手法の効率を基準として検討されなければ、その満足解について肯定されないものである。

家畜を取り巻く情報は推定育種価と血縁情報だけとは限らず、繁殖や疾病情報など多岐にわたる。交配決定の問題は推定育種価と血縁情報のみを対象としてモデル化されることが多いが、そのような情報を事前に考慮して数理的モデルを検討するのが困難な場合もあるだろう。そのような状況でのファジィ交配決定基準の応用に関しては今後の研究としたい。

ファジィ交配決定の問題点は、雌が複数の雄と交配するような交叉型交配様式において、5.2節のアルゴリズムによって全ての交配組合せを利用しても、雄および雌の交配数が設定どおりに得られない場合がある。この点については今後改善する必要があるだろうが、交叉型交配様式をMate Selectionと同時に利用すれば、検討可能な交配組合せが増加しこのような問題は生じないので解決策のひとつとなろう。また、ファジィ交配決定基準(FMC)はデータのスケールリング、メンバーシップ関数、ファジィ演算子の組合せから成り、それぞれについて今後詳細に検討していく必要が

あると思われる。

引用文献

- Brisbane J R, Gibson J P. Including genetic relationships in selection decisions: alternative methodologies. *Theor. Appl. Genet.*, 91: 769–775. 1995.
- Caballero A, Santiago E, Toro MA. System of mating to reduce inbreeding in selected population. *Anim.Sci.*, 62: 431–442. 1996.
- Falconer D S. Introduction to quantitative genetics. 3rd ed. Longman, London. 1989.
- Grundy B, Caballero A, Santiago E, Hill W G, A note on using biased parameter values and non-random mating to reduce rates of inbreeding in selection programmes. *Anim.Prod.*, 59: 465–468. 1994.
- Henderson C R. Application of linear models in animal breeding. University of Guelph, 1984.
- Nakamura A, Shimizu H. Mate selection with fuzzy operator in controlling inbreeding. Proceedings of 6th World cong. Genet. Appl. Livestock Prod., 1998.
- Nakamura A, Shimizu H. Combinative Use of Selection and Mating Approaches to Control Inbreeding in a Selection Program. *Anim. Sci. J.*, 71: 563–571 2000.
- Nicholas F W, Smith C. Increased rates of genetic change in dairy cattle by embryo transfer and splitting. *Anim. Prod.*, 36: 341–353. 1983.
- Press W H, Teukolsky S A, Vetterling W T, Flannery B P. Numerical recipes on FORTRAN: the art of scientific computing, 2nd ed., 1992.
- Quinton M, Smith C, Goddard M E. Comparison of selection methods at the same level of inbreeding. *J. Anim. Sci.*, 70: 1060–1067. 1992.
- 坂和正敏, 馬野元秀, 大里有生, ソフトコンピューティング用語集, 朝倉書店. 1996.
- Santiago E, Caballero A. Effective size of population under selection. *Genetics*, 139: 1013–1030. 1995.
- Toro M, Nieto, B, Salgado C. A notes on minimization of inbreeding in small-scale selection programmes. *Livest. Prod. Sci.*, 20: 317–323. 1988.
- Woolliams J A, Thompson R. A Theory of genetic contribution. Proceedings of the 5th World cong. Genet. Appl. Livestock Prod., Guelph 19: 127–1. 1994.
- Wray N R, Thompson R. Predictions of rates of inbreeding in selected populations. *Genet. Res.*, 55: 41–54. 1990.
- Zadeh L A. Fuzzy sets. *Inform. and Control*. 8: 338–353. 1965.