豚の閉鎖育種集団の有効な大きさと近交度

II. 複数の形質に対する選抜下での予測

家入誠二・野村哲郎*

熊本県農業研究センター, 熊本県合志市栄 3801, 861-1113

* 京都産業大学工学部生物工学科, 京都市北区上賀茂本山, 603-8555

(2008 年 3 月 14 日受付, 2008 年 6 月 25 日受理)

要 約 複数形質に対する指数選抜下での集団の有効な大きさおよび近交度を予測するための理論を開発した。予測モデルにおいては, 選抜指数の遺伝率を用いて指数選抜を単一形質に対する選抜で近似する方法を採用した。7 世代にわたる指数選抜によって造成された現実の系統に得られた予測理論を適用し, 集団の有効な大きさと近交係数の予測値を造成過程で観測された値と比較した。集団の有効な大きさに関する予測値と観測値の間には 2, 3 の世代で相対的に大きな差が認められたが, 世代にわたる調和平均で見ると予測値は観測値に近い値を示した。集団の有効な大きさから予測された共祖係数および近交係数は, 観測値とよく一致した。これらの結果から, 選抜指数を用いた豚の閉鎖群育種の設計に当たって, 提示した予測理論が利用できるものと考えられた。

緒 言

集団の有効な大きさは, 近交係数の上昇率および遺伝的浮動の大きさを決定するパラメータであり, 豚の系統造成のように比較的小規模な閉鎖集団における育種計画の策定にあたって考慮すべき重要なパラメータの 1 つである。選抜が働く集団では, 遺伝的に優れた親からは多くの子どもが選ばれる傾向があるため, 各親が選抜された個体群に寄与する子どもの数(家系サイズ)の分散が大きくなり, これによって集団の有効な大きさは無選抜下で期待される値よりも小さくなる。しかし, 前報¹⁾で述べたように, ある世代の選抜は親

世代の家系サイズの分散だけでなく, さらに遡った世代の家系サイズの分散にも影響を与える。したがって, 選抜の働いている集団の有効な大きさは, 親世代だけでなく, さらに遡った世代の家系サイズの分散に対して選抜が与える影響を考慮しない限り, 過小に予測されることになる。

このような選抜が集団の有効な大きさに与える影響を, 最初に定式化したのは ROBERTSON²⁾であった。彼は, 選抜の累積効果と呼ばれる概念を導入し, 選抜下での集団の有効な大きさに関する基本的な予測式を導いた。その後, WRAY と THOMPSON³⁾ および SANTIAGO と CABALLERO⁴⁾ は, 選抜の累積効果をより厳密に定義し, 予測式の改良を行っ

Effective Size and Inbreeding in Closed Breeding Herds of Pig

II. Prediction under Selection on Multiple Traits

S. IEIRI and T. NOMURA*

Kumamoto Agricultural Research Center, Sakae 3801, Koushi-city, Kumamoto 861-1113, Japan

* Department of Biotechnology, Faculty of Engineering, Kyoto Sangyo University, Kyoto-city 603-8555, Japan

連絡者: 野村哲郎 (E-mail: nomurat@cc.kyoto-su.ac.jp Tel. 075-705-1929)

た。彼らの得た結果は、世代の重複、家系情報を組み込んだ選抜など、育種上重要な場面に対応できるように拡張されてきた⁵⁾。しかし、複数の形質に対する選抜についての拡張は、これまでなされてこなかった。

豚の系統造成においては、通常、複数の形質が改良の対象となるため、集団の有効な大きさの予測理論を複数の形質に対する選抜に対応できるように拡張することは、実用上の重要な課題である。そこで本報告では、複数の形質に関する個体情報に基づく指数選抜下での集団の有効な大きさの予測式を導いた。また、前報¹⁾で材料とした豚の閉鎖系統「ヒゴサカエ 301」の造成過程における集団の有効な大きさおよび近交度を予測し、観測値と比較することで予測式の有効性を評価した。

材料および方法

1. 選抜計画

毎世代、 N_m 頭の雄親を N_f 頭の雌親に交配する計画を想定した。ただし、雄親 1 頭当りに交配する雌親の数は $r = N_f / N_m$ 頭に固定した。雌親 1 個体が寄与する選抜候補個体（一腹当たりの育成豚）の数は、雄の育成豚については n_{fm} 頭、雌の育成豚については n_{ff} 頭とした。したがって、雄親 1 個体が寄与する育成豚の数は、雄については $n_{mm} = rn_{fm}$ 頭、雌については $n_{mf} = rn_{ff}$ 頭となる。全育成豚の中から後述する選抜基準に基づき、 N_m 個体の雄と N_f 個体の雌が選抜され、次世代の親となるものとした。したがって、選抜率は雄では $p_m = 1/n_{mm}$ 、雌では $p_f = 1/n_{ff}$ である。選抜強度および標準正規分布上での切断点を、それぞれ雄については i_m および x_m 、雌については i_f および x_f で表す。

選抜の基準には、候補個体自身の m 個の形質の表現型値 ($P_1, P_2, \dots, P_m$) が含まれ、選抜は指数

$$I = b_1 P_1 + b_2 P_2 + \dots + b_m P_m \quad (1)$$

に基づいて行われるものとした。ここで、 b_i は i 番目の形質に対する重み付け値である。

2. 予測モデル

(1) 選抜指数の遺伝率

単一の形質の選抜について開発されてきた集団の有効な大きさの予測理論を、選抜指数 (1) の下での選抜に対応できるように拡張するために、LIN と ALLAIRE⁶⁾ および NORDSKOG⁷⁾ によって導入された選抜指数の「遺伝率」の概念を利用した。選抜指数の遺伝率 (h_i^2) とは、選抜指数 (1) を「1 つの形質」とみなしたときの「表型分散」に対する「相加的遺伝分散」の比であり、

$$h_i^2 = \frac{\mathbf{b}'\mathbf{G}\mathbf{b}}{\mathbf{b}'\mathbf{P}\mathbf{b}} \quad (2)$$

として得られる。ここで、 $\mathbf{b}' = [b_1 \ b_2 \ \dots \ b_m]$ であり、 $\mathbf{P}$ および $\mathbf{G}$ はそれぞれ m 個の形質の表型および遺伝分散共分散行列である。このような捉え方により、指数選抜を単一の形質に対する選抜と同等に扱うことができる。たとえば、選抜指数の分散 (表型分散) を σ_i^2 、選抜強度を i とすると、選抜指数の世代当たりの改良量は

$$\Delta G_i = h_i^2 i \sigma_i$$

と書け、単一形質の遺伝的改良量と同等の形式で表せる^{6,7)}。

(2) 集団の有効な大きさの予測

集団の有効な大きさの予測は、SANTIAGO と CABALLERO⁴⁾ の方法を利用して行った。予測方法は次のように要約される。いま、添字 s (雄のとき m 、雌のとき f) で性を表し、性 s の親が次世代の雄親および雌親に寄与する子の数 (性 s の家系サイズ) の分散のうち非遺伝的な要因によって生じる成分を、それぞれ V_{sm} および V_{sf} とすれば、第 t 世代までの選抜の累積効果を考慮した集団の有効な大きさ ($N_{e,t}$) は、前報¹⁾で用いた LATTER⁸⁾ の式を拡張した式

$$\begin{aligned} \frac{1}{N_{e,f}} = & \frac{1}{16N_m} \left[2 + V_{mm} + \left(\frac{N_m}{N_f} \right)^2 V_{mf} + 4Q_i^2 C_m^2 \right] \\ & + \frac{1}{16N_f} \left[2 + V_{ff} + \left(\frac{N_f}{N_m} \right)^2 V_{fm} + 4Q_i^2 C_f^2 \right] \end{aligned} \quad (3)$$

によって予測できる⁴⁾。ここで、 Q_i は第 t 世代までの選抜の累積効果を表す係数、 C_s^2 は性 s の親から生まれる子が持つ選抜に対する優越度の分散である Q_i および C_s^2 は、それぞれ次のようにして得られる。

$$Q_t = 1 + \frac{G}{2} + \left(\frac{G}{2}\right)^2 + \left(\frac{G}{2}\right)^3 + \cdots + \left(\frac{G}{2}\right)^t$$

$$= \sum_{i=0}^t \left(\frac{G}{2}\right)^i$$

$$C_s^2 = i^2 \rho_s$$

ここで、 G は $k_s = i_s (i_s - x_s)$ および $G_s = 1 - k_s h_i^2$ とすると $G = (G_m + G_f)/2$ であり、 $i = [(i_m + i_f)/2]$ は選抜強度の雌雄平均である。 G_s は性 s の親における選抜後の指数 (1) の相加的遺伝分散の残存率⁹⁾ である。また、 ρ_s は性 s の親を共有する個体の指数 (1) に関する級内相関であり、 ρ_{FS} および ρ_{HS} をそれぞれ指数 (1) の全きょうだいおよび半きょうだい間の級内相関とすれば、

$$\rho_m = \frac{1}{r} \rho_{FS} + \left(1 - \frac{1}{r}\right) \rho_{HS}$$

$$\rho_f = \rho_{FS}$$

として得られる。 ρ_{FS} および ρ_{HS} は親が選抜を受けていることを考慮すれば

$$\rho_{FS} = \frac{1}{4} h_i^2 (1 - k_m h_i^2) + \frac{1}{4} h_f^2 (1 - k_f h_i^2)$$

$$\rho_{HS} = \frac{1}{4} h_i^2 (1 - k_m h_i^2)$$

と書ける。

予測式 (3) 中の V_{sm} および V_{sf} は、前報¹⁾ で示した二項分布で近似した家系サイズの分散、すなわち

$$V_{sm} = \frac{N_m}{N_s} \left[1 - \frac{1}{n_{sm}} \left(\frac{N_m}{N_s} \right) \right]$$

$$V_{sf} = \frac{N_f}{N_s} \left[1 - \frac{1}{n_{sf}} \left(\frac{N_f}{N_s} \right) \right]$$

に等しい。したがって、無選抜下での集団の有効な大きさの期待値を N_{eR} とすれば、式 (3) は

$$\frac{1}{N_{e,f}} = \frac{1}{N_{eR}} + \left[\frac{C_m^2}{4N_m} + \frac{C_f^2}{4N_f} \right] Q_t^2 \quad (4)$$

と書ける。右辺の第 2 項が選抜による集団の有効な大きさの減少を説明する部分である。近交係数の上昇率が $\Delta F = 1/2N_e$ であることに注意すれば、第 t 世代における近交係数の上昇率は、式 (4) より

$$\Delta F_t = \Delta F_R + \Delta F_{S,t} \quad (5)$$

と表せる。ここで、 $\Delta F_R = 1/2N_{eR}$ は無選抜下での近交係数の上昇率であり、

$$\Delta F_{S,t} = \left[\frac{C_m^2}{8N_m} + \frac{C_f^2}{8N_f} \right] Q_t^2$$

は第 t 世代までの選抜の累積効果による近交係数の上昇率である。

3. 観測値との比較

豚の閉鎖系統「ヒゴサカエ 301」の造成過程における集団の有効な大きさを式 (3) を用いて予測し、前報¹⁾ で得た観測値と比較した。「ヒゴサカエ 301」は、一日平均増体重 (P_{DG})、超音波診断によって生体から測定された背脂肪の厚さ (P_{BF}) およびロースの断面積 (P_{EM}) の 3 形質について希望改良量を達成するための制限付き選抜指数式¹⁰⁾

$$I = 0.054P_{DG} - 6.590P_{BF} + 0.390P_{EM} \quad (6)$$

による選抜で造成された系統である。形質間の表型および遺伝分散共分散は表 1 に示すとおりであった。式 (2) から求めた選抜指数 (6) の遺伝率は、 $h_i^2 = 0.314$ であった。

なお、遺伝的パラメータを推定するための十分な情報が得られていなかった最初の 2 世代の選抜には、遺伝的パラメータの文献値に基づく指数

$$I = 0.151P_{DG} - 10.128P_{BF} + 0.914P_{EM} \quad (7)$$

が選抜基準として用いられた。表 1 に示した表型および遺伝分散共分散から求めた指数 (7) の遺伝率は、 $h_i^2 = 0.355$ であった。集団の有効な大きさの予測は、指数 (6) および (7) の遺伝率に加えて、指数の遺伝率を 0.2 および 0.4 とした場合についても行った。

集団の有効な大きさの計算に際しては、前報¹⁾ の結果を踏まえて雄親および雌親の数はそれぞれ $N_m = 10$ および $N_f = 50$ 、一腹当たりの平均育成豚数は雄で $n_{fm} = 1$ 頭、雌で $n_{ff} = 2.5$ 頭を造成当初の設計値とした。したがって、選抜率は雄で $p_m = 1/5$ 、雌で $p_f = 50/125$ となる。それぞれの遺伝率について式 (3) により得た各世代の集団の有効な大きさの予測値に加えて、 Q_t の漸近値

$$Q_L = \sum_{i=0}^{\infty} \left(\frac{G}{2} \right)^i = \frac{2}{2-G}$$

から得られる漸近予測値 $N_{e,L}$ を求めた。

得られた集団の有効な予測値を用いて、各世代の共祖係数 (f_t) を WRIGHT¹¹⁾ の漸化式

$$f_t = f_{t-1} + \frac{1}{N_{e,t}} (1 - 2f_{t-1} + f_{t-2})$$

表 1. 豚の閉鎖系統「ヒゴサカエ 301」における一日平均増体重 (DG), 背脂
 肪の厚さ (BF) およびロース芯の面積 (EM) に関する表型および遺
 伝分散共分散の推定値

Table 1. Estimated phenotypic and genetic variance and covariance for
 daily gain (DG), back fat thickness (BF) and rib eye area (EM)
 in a closed pig strain “Higosakae 301”

	Phenotypic variance & covariance			Genetic variance & covariance		
	DG	BF	EM	DG	BF	EM
DG	3302.0	2.736	-3.486	1452.9	4.634	7.057
BF		0.070	-0.048		0.046	0.004
EM			9.200			4.232

によって予測した。また、半きょうだい以上の血縁関係を持つ個体間での交配を回避している系統においては、近交係数の上昇は共祖係数の上昇よりも 2 世代遅れること¹⁾を考慮して、第 t 世代の近交係数 F_t を

$$F_t = f_{t-2}$$

として予測した。これらの予測値を前報¹⁾で求めた造成過程における近交係数および共祖係数の観測値と比較した。

結果および考察

表 2 には、前報¹⁾で示した共祖係数の上昇率から求めた集団の有効な大きさの観測値および第 3 世代以降に用いられた選抜指数 (6) の遺伝率 $h_f^2 = 0.314$ を仮定した予測値を示した。世代の進行とともに選抜の効果が蓄積されるため、集団の有効な大きさの予測値は徐々に小さくなった。しかし、漸近値 ($N_{e,L}$) への収束は早く、後半世代の予測値は実質的に漸近値に一致した。また、第 7 世代までの予測値の調和平均も漸近値に極めて近い値を示した。各世代について予測値と観測値を比較すると、第 2, 5 および 6 世代において予測に大きな誤差が生じた。第 2 世代の過小な予測は、この世代に用いられた雄親の頭数が 18 頭と予測において仮定した 10 頭よりも 2 倍近く多かったこと¹⁾によるものである。一方、第 5 および 6 世代の過大な予測は、これらの世代で実際に行われた選抜・交配が、式 (3) で説明される効果を超える

影響を集団の有効な大きさに与えたことを示唆している。このことには、前報¹⁾で述べたように、系統の認定基準を満たすために、これらの世代で選抜・交配に意図的な調整が行われたことが反映されているものと考えられる。すなわち、これらの世代における観測値と予測値の差には、予測モデルに考慮されていない要因が関与しているものと考えられる。しかし、上記の 3 世代を除くと、式 (3) による予測は観測値に近い値を与えており、さらに第 1 世代以降、集団の有効な大きさが小さくなるという観測値に認められた傾向を捉えることができています。また、予測値の調和平均および漸近値はいずれも観測値の調和平均に近い値である。

豚の系統造成の初期段階においては、遺伝的パラメータの推定に対して十分なデータが蓄積されていないため、遺伝的パラメータの推定値に基づく選抜基準は初期世代では大きな誤差を含むことが予想される。今回の研究で材料とした「ヒゴサカエ 301」においても、遺伝的パラメータの推定値に基づく最適指数 (6) が用いられたのは第 3 世代以降であり、それ以前の世代は異なる選抜指数 (7) が選抜基準に用いられた。このような選抜基準の誤差や見直しの影響を評価するために、初期世代に用いられた選抜指数 (7) の下での遺伝率 $h_f^2 = 0.355$ に加えて $h_f = 0.2$ および 0.4 を仮定して予測を行った結果も表 2 に示してある。いずれの予測値も、遺伝的パラメータの推定値に基づく最適指

表 2. 閉鎖系統「ヒゴサカエ 301」において観測された集団の有効な大きさ (N_e) および選抜指数の遺伝率 (h_I^2) に種々の値を仮定したときの集団の有効な大きさの予測値
 $h_I^2=0.314$: 第 3 世代以降に用いられた選抜指数 (6) の遺伝率
 $h_I^2=0.355$: 第 1 および 2 世代で用いられた選抜指数 (7) の遺伝率
 $N_{e,L}$: 集団の有効な大きさの漸近予測値

Table 2. Observed effective population size (N_e) in a closed pig strain “Higosakae 301”, and the predicted values under various heritabilities (h_I^2) of selection index

Generation	Observed N_e	Predicted N_e			
		$h_I^2=0.314$	$h_I^2=0.355$	$h_I^2=0.2$	$h_I^2=0.4$
1	36.0	34.0	33.7	35.0	33.4
2	44.8	31.2	30.8	32.6	30.6
3	26.8	30.0	29.7	31.4	29.5
4	28.8	29.5	29.3	30.9	29.1
5	21.4	29.3	29.1	30.7	29.0
6	22.0	29.3	29.1	30.6	28.9
7	27.9	29.3	29.0	30.5	28.9
Harmonic mean	28.0	30.3	30.0	31.6	29.8
$N_{e,L}$		29.2	29.0	30.5	28.9

$h_I^2=0.314$: heritability of selection index (6) actually applied after generation 3.

$h_I^2=0.355$: heritability of selection index (7) actually applied in generations 1 and 2.

$N_{e,L}$: asymptotic prediction of effective population size.

表 3. 共祖係数の上昇率の観測値 (Δf_i), 無選抜下での近交係数の上昇率の予測値 (ΔF_R), 選抜による近交係数の上昇率の予測値 ($\Delta F_{S,t}$) および全近交係数の上昇率の予測値 ($\Delta F_t = \Delta F_R + \Delta F_{S,t}$)

Table 3. Observed increasing rate of coancestry (Δf_i), predicted rate of inbreeding under random selection (ΔF_R), predicted component of rate of inbreeding due to selection ($\Delta F_{S,t}$), and predicted total rate of inbreeding ($\Delta F_t = \Delta F_R + \Delta F_{S,t}$)

Generation	Observed Δf_i (%)	Predicted		
		ΔF_R (%)	$\Delta F_{S,t}$ (%)	ΔF_t (%)
1	1.39	1.35	0.12	1.47
2	1.12	1.35	0.25	1.60
3	1.87	1.35	0.32	1.67
4	1.74	1.35	0.34	1.69
5	2.34	1.35	0.35	1.70
6	2.27	1.35	0.36	1.71
7	1.79	1.35	0.36	1.71

数(6)の下での遺伝率 $h^2=0.314$ を仮定した予測と大差はなかった。この結果は、式(3)による予測は、遺伝的パラメータの推定誤差あるいは実際のな場面で想定される範囲内での選抜基準の見直しに対して頑健性を持つことを示唆している。

表3は、各世代で観測された共祖係数の上昇率(Δf_t)、式(5)から求めた選抜指数(6)による選抜の下での近交係数の上昇率の予測値(ΔF_t)、無選抜下での予測値(ΔF_R)、および選抜による寄与の成分($\Delta F_{S,t}$)を示したものである。無選抜下での予測値は全世代を通じて一定の値を示し、第3世代以降は常に観測値を過小に予測している。近交係数の上昇率への選抜による寄与の予測値は、選抜の効果が蓄積されるため世代の進行とともに大きくなるが、第4世代以降は、ほぼ一定の寄与を示した。これら2つの成分の和として予測された近交係数の上昇率は、集団の有効な大きさの予測において誤差の大きかった第2, 5および6世代を除くと、観測値に近い値を与えた。これらの結果は、系統造成の過程における近交係数の上昇の予測には、明らかに選抜の影響を考慮する必要があることを示している。

図1は、各世代の共祖係数と近交係数の予測値を前報¹⁾で求めた観測値と比較したものである。予測値の計算には、選抜指数(6)による選抜下での集団の有効な大きさの漸近予測値($N_{e,L}$)を全世代にわたって用いた。各世代の集団の有効な大きさの予測値($N_{e,t}$)を用いた予測も行ったが、 $N_{e,L}$ を用いた場合と大きな違いは認められなかったので図では省略してある。すでに述べたように予測モデルに考慮されていない要因が働いたと考えられる世代が含まれるにもかかわらず、予測の精度は極めて良好であった。今回材料とした「ヒゴサカエ301」に限らず、現実の系統造成においては、種々の予測不可能な要因が生じることが予想されるが、図1の結果は、今回の予測モデルがそのような場合でも実用上有効な予測値を与えることを示している。

以上、今回の研究では、単一形質に対する選抜下での集団の有効な大きさおよび近交係数の予測理論を複数の形質に対する指数選抜に対応できるように拡張した。しかし、現在、わが国で行われ

図1. 共祖係数(f)および近交係数(F)の7世代までの観測値(obs)と予測値(pre)

Fig. 1. Observed (obs) and predicted (pre) coancestry (f) and inbreeding coefficient (F) over 7 generations

ている豚の系統造成では、指数選抜から多形質のアニマルモデルBLUP法から得られる予測育種価による選抜(多形質のBLUP選抜)へと移行している。単一形質のBLUP選抜について、WRAYとHILL¹²⁾は血縁個体の記録を用いた選抜指数(擬似BLUP)として近似する方法を開発し、選抜反応の予測を行っている。NOMURAら¹³⁾は、この方法を利用して、単一形質のBLUP選抜下での集団の有効な大きさおよび近交度が予測できることを示した。本研究で採用した複数の形質に関する選抜指数を単一の形質として取り扱う考え方を拡張して、複数の形質に関する擬似BLUPを単一の形質として扱うことは理論上可能である。しかし、著者らが予備的に検討したところ、計算式が極めて煩雑になることが明らかになった。近似的な解法を含めて、複数形質のBLUP選抜下での集団の有効な大きさおよび近交度を予測するための実用的方法の開発については、今後検討する予定である。

文 献

- 1) 野村哲郎・家入誠二・山下 純 : 豚の閉鎖育種集団の有効な大きさと近交度 I. 血統分析, 日豚会誌, **45**, 149-155, 2008.
- 2) ROBERTSON, A. : Inbreeding in artificial selection programmes, Genet. Res., **2**, 189-194, 1961.
- 3) WRAY, N.R. and R. THOMPSON : Predictions of rates of inbreeding in selected populations, Genet. Res., **55**, 41-54, 1990.
- 4) SANTIAGO, E. and A. CABALLERO : Effective size of populations under selection, Genetics, **139**, 1013-1030, 1995.
- 5) NOMURA, T. : Developments in prediction theories of the effective population size of populations under selection, Anim. Sci. J., **76**, 87-96, 2005.
- 6) LIN, C.Y. and F.R. ALLAIRE : Heritability of a linear combination of traits, Theor. Appl. Genet., **51**, 1-3, 1977.
- 7) NORDSKOG, A.W. : Some statistical properties of an index of multiple traits, Theor. Appl. Genet., **52**, 91-94, 1978.
- 8) LATTER, B.D.H. : Genetic sampling in a random mating population of constant size and sex ratio, Aust. J. Biol. Sci., **12**, 500-505, 1958.
- 9) BULMER, M.G. : The Mathematical Theory of Quantitative Genetics, Clarendon Press, Oxford, 1980.
- 10) YAMADA, Y., K. YOKOUCHI and A. NISHIDA : Selection index when genetic gains of individual traits are of primary concern, Jap. J. Genet., **50**, 33-41, 1975.
- 11) WRIGHT, S. : Evolution in Mendelian populations, Genetics, **16**, 97-159, 1931.
- 12) WRAY, N.R. and W.G. HILL : Asymptotic rates of response from index selection, Anim. Prod., **49**, 217-227, 1989.
- 13) NOMURA, T., F. MUKAI and A. YAMAMOTO : Prediction of response and inbreeding under selection based on best linear unbiased prediction in closed broiler lines, Anim. Sci. J., **70**, 273-281, 1999.

Effective Size and Inbreeding in Closed Breeding Herds of Pig

II. Prediction under Selection on Multiple Traits

Seiji IEIRI and Tetsuro NOMURA*

Kumamoto Agricultural Research Center, Sakae 3801,
Koushi-city, Kumamoto 861-1113, Japan

* Department of Biotechnology, Faculty of Engineering,
Kyoto Sangyo University, Kyoto-city 603-8555, Japan

Theory for predicting the effective population size and inbreeding under index selection on multiple traits was developed. The concept of heritability of selection index was used for the prediction model. The prediction theory was applied to an actual pig strain selected over 7 generations by a desired-gain selection index of daily gain, back fat thickness and rib eye area, and the predicted effective size and inbreeding coefficient were compared with the observed values. Although the difference between the predicted and observed effective sizes was relatively large in a few generations, the harmonic mean of the predicted effective size over generations was well agreed with that of observed values. The coancestry and inbreeding coefficient obtained from the predicted effective size were close to the observed values. These results suggest that the proposed theory could be used for designing closed breeding programs of pigs with index selection on multiple traits.

Jpn. J. Swine Science, **45**, 3 : 156-163

Key words : prediction theory, inbreeding, effective population size, index selection