技術ノート

表計算ソフトを用いた近交・血縁係数及び遺伝的寄与率の計算

永井健一・高橋幸水・野村こう・古川 力

東京農業大学農学部畜産学科, 神奈川県厚木市, 243-0034

(2014 年 9 月 16 日受付, 2014 年 12 月 1 日受理)

はじめに

豚において三元交雑による肉豚生産が一般的であるが、単なる品種の組合せではバラツキが大きく、コマーシャルにおいても品質にバラツキが生じてしまう。そこで、閉鎖群育種により集団の遺伝的能力を高めるとともに、血縁係数として示される群としての遺伝的斉一性を高める系統造成が行われている(阿部, 1987)。系統造成の中・後期やその後の系統維持においてはホモ接合になる確率が上昇するため、近交係数が増加し、近交退化が発生することが危惧される。そのため、個体の近交係数や個体間の血縁係数を算出し、これをもとに実際の交配を検討することが重要である。

近交係数および血縁係数を算出するプログラムとして **coeFR** があり、大規模な血統に対応しているとともに高速演算が可能である(佐藤, 2000)。しかし **coeFR** は事前に血統ファイル及び血縁ファイルをテキスト形式で作成しておかなければならない。また、一般的に種豚の交配表は**表計算ソフト**(Excel)によって管理されている場合が多く、**coeFR** の計算結果の血縁係数を表示するときにはテキストファイルから血縁係数を読み込み、行列形式で表示することが多い。そこで、Excel を用いて交配表から近交係数および血縁係数を算出して行列で表示するとともに、統計量を算出するプログラム **coan** を作成した。これを用いることにより Excel と計算という二

つの操作から解放され、また交配表の情報をそのまま近交係数および血縁係数の算出に使用することが可能になる。

一方、系統造成や系統維持においては現集団のある個体のゲノムのうち当該始祖豚に由来すると期待される割合を示す遺伝的寄与率も算出される。これは豚集団の遺伝的特徴や遺伝的均一化の程度を把握するために利用される。同時に現集団の遺伝的構成が認定集団ないし基礎集団と比較してどの程度変化しているかを評価するために遺伝的寄与率変動係数も算出される。そこで Excel を用いて基礎集団ないし認定集団の各個体が現集団の各個体に及ぼしている遺伝的寄与率を算出するとともに、現集団における遺伝的寄与率変動係数を算出するプログラム **GRC** も作成した。

1. シートの構成及びその理論的背景

あらかじめ世代もしくは更新年を単位とする繁殖構造データベースを作成しておく必要がある。維持群においては世代が重複している個体が存在するため、前世代から維持されているものには **code0** を、現集団から維持群に導入されたものには **code1** をそれぞれ割り振り区別する。したがって世代もしくは更新年において複数年にわたって個体情報が入力されている個体が存在することになる。また共祖係数の計算には前世代に親が存在している必要があるため、維持群から除外された個体に関しては、その

Calculation of Inbreeding Coefficient, Relationship Coefficient and Genetic Rate of Contribution Using Spreadsheet Software

K. NAGAI, Y. TAKAHASHI, K. NOMURA and T. FURUKAWA

Key words : inbreeding coefficient, relationship coefficient, genetic rate of contribution, Excel

連絡者 : 高橋幸水 (E-mail : y2takaha@nodai.ac.jp TEL. 046-270-6097)

個体が最後に生産した子の更新年の前年までデータベースに個体情報を入力して、翌年以降は入力しない。

近交係数は両親の共祖係数を算出することで、子の近交係数として行列形式で表示する。行列形式で表示された当該世代の共祖係数をもとに、当該世代の共祖係数における非対角要素の左下要素を抽出した後、当該世代の共祖係数及び近交係数における各統計量を算出する。算出される統計量は当該世代の標本数、中央値、1/4 分位数、3/4 分位数、平均値、標準偏差、最大値、最小値である。次に行列形式で表示された当該世代の共祖係数をもとにして、当該世代の個体間の血縁係数を算出して行列形式で表示する。共祖係数および近交係数と同様に血縁係数の各統計量も算出する。

当該集団の各個体に対する遺伝的寄与率はその両親に対する遺伝的寄与率の和を 2 で除して算出する。個体ごとの遺伝的寄与率の算出と同時に各統計量を算出する。算出される統計量は集団全体に対する各始祖の遺伝的寄与率およびその検算値、有効始祖数、当該世代の標本数、雌雄別の始祖個体数と雌雄別の始祖個体における遺伝的寄与率の期待値（これら 2 つの値は世代を通して変化しない）、遺伝的寄与率変動係数およびその χ^2 値である。

以下に理論的背景を記述する。

1). 共祖係数 (coancestry)

2 個体間の共祖係数とは各個体から 1 つずつランダムに取られた 2 つの配偶子が同祖的な対立遺伝子を保持している確率であり、 f で表す。これはそれらの個体が交配したときの子の近交係数に等しい。また 2 個体の両親間の全組合せにおける共祖係数の平均値とも等しくなる (ファルコナー, 1993)。ここで以下のような系図を考える。

個体 X の両親を P, Q, 個体 P の両親を A, B, 個体 Q の両親を C, D, 近交係数を F , 共祖係数を f とすると次式の関係が成り立つ。

$$F_X = f_{PQ} = \frac{1}{4}(f_{AC} + f_{AD} + f_{BC} + f_{BD})$$

また個体 X 自身の共祖係数は次式により算出される。

$$f_{XX} = \frac{1}{2}(1 + F_X)$$

2). 血縁係数 (coefficient of relationship)

血縁係数とは共通祖先を持つ 2 個体間の遺伝子型が一致する確率であり、 R で表す。

個体 X の近交係数を F_X , 個体 Y の近交係数を F_Y , 個体 X, Y 間の共祖係数を f_{XY} , 個体 X 自身の共祖係数を f_{XX} , 個体 Y 自身の共祖係数を f_{YY} とし、個体 X, Y 間の血縁係数 R_{XY} は以下のように算出される (ファルコナー, 1993)。

$$R_{XY} = \frac{2f_{XY}}{\sqrt{(1+F_X)(1+F_Y)}} = \frac{f_{XY}}{\sqrt{f_{XX}f_{YY}}}$$

3). 遺伝的寄与率 (genetic rate of contribution)

閉鎖群で飼育されている当該世代のある個体の遺伝子は始祖集団の個体の遺伝子が当該世代まで伝えられることによって構成されている。始祖集団のある個体が当該世代のある個体の遺伝子の構成にどの程度寄与しているかは始祖個体毎に異なる。当該世代のある個体の遺伝子のうち、当該始祖個体に由来すると期待される割合を遺伝的寄与率 (genetic rate of contribution, GRC) と言い、 g で表す。当該世代の各個体及び集団全体における各始祖の遺伝的寄与率の合計は 1 になる。

遺伝的寄与率は次式により算出される。

$$g = \sum_{i=1}^n a_i \left(\frac{1}{2} \right)^t$$

ここで、 n は当該世代のある個体の血統を当該始祖個体の世代までさかのぼったときの世代数、 a_i は t 世代目において当該始祖個体が現れた回数である (高柳, 2001)。

また、両親と子の遺伝的寄与率において次式の関係が成り立つ。

$$g_I = \frac{1}{2}(g_{Si} + g_{Di})$$

ここで、 g_I は当該個体 I に対する始祖個体 i の遺伝的寄与率、 g_{Si} は当該個体 I の父親に対する始祖個体 i の遺伝的寄与率、 g_{Di} は当該個体 I の母親に対する始祖個体 i の遺伝的寄与率である。

4). 遺伝的寄与率変動係数およびその χ^2 値

遺伝的寄与率変動係数は当該集団における遺伝的構成が認定集団ないし基礎集団におけるそれと比較して異なっているかを示す値である。

遺伝的寄与率変動係数に当該集団の雌雄合わせた個体数を乗じて算出された χ^2 値は遺伝的寄与率変

動と比べて、当該集団の遺伝的構成が認定集団ないし基礎集団と比較して統計的に有意に異なったものになっているか否かを χ^2 分布により検定することで評価できる(西田ら, 2005)。遺伝的寄与率変動係数は k で表し、次式により算出される。

$$k = \sum_{i=1}^N \left[\frac{(f_i - \phi_i)^2}{\phi_i} \right]$$

ここで、 N は認定(基礎)集団における雌雄合わせた個体数、 f_i は第 i 番目の認定(基礎)個体の当該集団における遺伝的寄与率である。 ϕ_i は第 i 番目の認定(基礎)個体の認定(基礎)集団における遺伝的寄与率であり、雌雄別に算出される。雌雄各々の ϕ_i は認定(基礎)集団における雌と雄の個体数をそれぞれ n_f , n_m とした時に $1/(2n_f)$ 及び $1/(2n_m)$ となる。

また遺伝的寄与率変動係数の χ^2 値は次式により算出される。

$$\chi^2 = mk$$

ここで、 m は当該集団における雌雄合わせた個体数である。

求めた χ^2 値が自由度 $(N-1)$ 、危険率 α の χ^2 表の値に等しいかそれよりも大きければ、「危険率 α で認定集団ないし基礎集団と当該集団の遺伝的構成は異なる」といえる。逆に χ^2 値が表の値よりも小さければ、「認定集団ないし基礎集団と当該集団の遺伝的構成は異なるとはいえない」という検定結果となる。

5). 有効始祖数 (effective number of founders)

有効始祖数は現集団で観察された遺伝的多様性と同一多様性を生産するのに、各始祖個体が同等の寄与をするとして必要な始祖個体数であり、 f_e で表す(LACY, 1989)。

$$f_e = 1 / \left(\sum_{i=1}^n p_i^2 \right)$$

ここで、 n は実際の始祖個体数、 p_i は第 i 番目の始祖個体における集団全体に対する遺伝的寄与率である。

2. 計算プロトコル

1). 共祖及び近交・血縁各係数計算用プログラム coan

①このプログラムは a. 世代(更新年)ごとに、更新コード、父番号、母番号、個体番号からなる血統シート [ped] (図 1), b. 基礎集団シート [base_f], c. 親世代の共祖係数行列シート [parent_f], d. 子世

代の共祖係数行列シート [offspring_f] (図 2), e. 非対角要素の統計量を計算するシート [copy], [三角形], f. 共祖係数から血縁係数を計算するシート [共祖・近交], [血縁・近交] により構成されている。世代(更新年)ごとの計算結果は新しいシートを開いて、値として貼り付ける。

② ped シートに世代(更新年), code, 父親番号, 母親番号, 個体番号, 性別(雄 1, 雌 2)を入力する。code においては、前世代(前年)から維持されているものには 0 を、その世代(年)に新規に導入されたものには 1 を入力する。

③ base_f シートに基礎集団の個体番号を入力する。同一個体同士が交差したセルには 0.5 が、それ以外のセルには 0 が入力されていることを確認する。

④ base_f シートをコピーし、parent_f シートの対応部分に値として貼り付ける。parent_f シートのデータをコピーし、新しいシートに値として貼り付ける。

⑤ offspring_f シートに基礎集団の次世代の code, 父親番号, 母親番号, 個体番号を ped シートからコピーし、対応部分に値として貼り付ける。

⑥ offspring_f シートの対応部分に個体の近交係数が表示される。個体番号同士が交差したセルには、それらの個体間の共祖係数が表示される。

⑦ offspring_f シートの計算結果を保存するためには、code, 父親番号, 母親番号, 個体番号, 算出された近交係数, 共祖係数をコピーし、新しいシートに値として貼り付ける。

⑧⑦で貼り付けたデータを copy シートにも貼り付ける。共祖係数のうち、非対角要素の左下要素が三角形シートに表示され、これをもとに各統計量が算出される。また、近交係数についても同様の統計量が算出される。

⑨⑦で貼り付けたデータを共祖・近交シートにも貼り付ける。個体番号同士が交差したセルに、それらの個体間の血縁係数が表示される。code, 父親番号, 母親番号, 個体番号, 近交係数, 算出された血縁係数をコピーし、新しいシートに値として貼り付ける。

⑩⑨で貼り付けたデータを copy シートにも貼り付ける。血縁係数のうち、非対角要素の左下要素が三角形シートに表示され、これをもとに各統計量が算出される。また、近交係数についても同様の統計量が算出される。parent_f シートのデータを全て消

coon 会誌用.xlsx - Excel

ファイル

タブ

ホーム

挿入

ページレイアウト

数式

データ

校閲

表示

MS Pジョー

11

文字拡大

文字縮小

フォントの色

元に戻す

元に戻す

フォント

手がき

フィル

編集

コピー

貼り付け

切り取り

上書き保存

電子メール

B4	:	X	✓	fx	1																	
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T		
1	世代	code	父親番号	母親番号	個体番号	性別																
4	0	1	0	0	3	2																
5	0	1	0	0	4	1																
6	0	1	0	0	5	2																
7	0	1	0	0	6	2																
8	1	1	1	2	11	1																
9	1	1	1	2	12	2																
10	1	1	1	3	13	2																
11	1	1	4	5	14	1																
12	1	1	4	5	15	2																
13	1	1	4	6	16	2																
14	2	1	11	13	21	1																
15	2	1	11	15	22	2																
16	2	1	11	15	23	2																
17	2	1	14	12	24	1																
18	2	1	14	12	25	2																
19	2	1	14	16	26	2																
20	3	0	11	15	22	2																
21	3	0	11	15	23	2																
22	3	0	14	12	24	1																
23	3	1	21	22	31	1																
24	3	1	21	25	35	2																
25	3	1	24	26	36	2																
26	4	0	14	12	24	1																
27	4	0	24	26	36	2																
28	4	1	31	36	41	1																
29	4	1	24	22	42	2																
30	4	1	31	23	43	2																
31	4	1	24	35	45	2																

ped base_f parent_f offspring_f copy 三角形 共祖・近交 血縁・近交 まえめ

11

go

図 1 血統シート [ped] の画面

世代	code	父親番号	母親番号	個体番号	近交係数
1	0	14	12	24	0
2	0	24	26	36	0.15625
3	1	31	36	41	0.078125
4	1	24	22	42	0.125
5	1	31	23	43	0.203125
6	1	24	35	45	0.171875
7	0	14	12	24	0.5
8	0	24	26	36	0.328125
9	1	31	36	41	0.21875
10	1	24	22	42	0.3125
11	1	31	23	43	0.117188
12	1	24	35	45	0.335938
13	0	14	12	24	0.328125
14	0	24	26	36	0.578125
15	1	31	36	41	0.328125
16	1	24	22	42	0.21875

図 2 子世代の共祖係数行列シート [offspring_f] の画面

去して、⑦で貼り付けたデータを貼り付ける。

⑪ **offspring_f** シートの不要部分を消去し、**ped** シートから次世代（更新年）の code, 父親番号, 母親番号, 個体番号をコピーし、**offspring_f** シートの対応部分に貼り付ける。

⑫⑥～⑪をすべての世代（更新年）について繰り返す。

2). 遺伝的寄与率計算用プログラム GRC

①このプログラムは a. 世代（更新年）ごとに、更新コード, 父番号, 母番号, 個体番号からなる血統シート [ped], b. 基礎集団シート [base_GRC], c. 親世代の寄与率行列シート [parent_GRC], d. 子世代の寄与率行列シート [offspring_GRC] (図 3) により構成されている。世代（年）ごとの計算結果は新しいシートを開いて、値として貼り付ける。

② **ped** シートに世代（更新年）, code, 父親番号, 母

図 3 子世代の寄与率行列シート [offspring_GRC] の画面

図 4 モデル血統の系図

親番号, 個体番号, 性別 (雄 1, 雌 2) を入力する。
code においては, 前世代 (前年) から維持されているものには 0 を, その世代 (年) に新規に導入されたものには 1 を入力する。

③ **ped** シートから基礎集団の個体番号をコピーし, **base_GRC** シートの対応部分に貼り付ける。さら

に, その個体番号に対応した性別 (雄 1, 雌 2) をそれぞれ入力する。

④ **base_GRC** シートの対応部分をコピーし, **parent_GRC** シートの対応部分に貼り付ける。
parent_GRC シートのデータを新しいシートに貼り付ける。

表 1 coan を用いて算出された近交係数

G0	個体番号	1	2	3	4	5	6
	近交係数	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G1	個体番号	11	12	13	14	15	16
	近交係数	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G2	個体番号	21	22	23	24	25	26
	近交係数	0.125	0.000	0.000	0.000	0.000	0.125
G3	個体番号	31	22	23	24	35	36
	近交係数	0.156	0.000	0.000	0.000	0.094	0.156
G4	個体番号	41	42	43	24	45	36
	近交係数	0.078	0.125	0.203	0.000	0.172	0.156

表 2 coeFR を用いて算出された近交係数
(両親が不明の場合は 0 で表す)

個体番号	父親番号	母親番号	近交係数
1	0	0	0.000
2	0	0	0.000
3	0	0	0.000
4	0	0	0.000
5	0	0	0.000
6	0	0	0.000
11	1	2	0.000
12	1	2	0.000
13	1	3	0.000
14	4	5	0.000
15	4	5	0.000
16	4	6	0.000
21	11	13	0.125
22	11	15	0.000
23	11	15	0.000
24	14	12	0.000
25	14	12	0.000
26	14	16	0.125
31	21	22	0.156
35	21	25	0.094
36	24	26	0.156
41	31	36	0.078
42	24	22	0.125
43	31	23	0.203
45	24	35	0.172

⑤基礎集団の次世代の code, 父親番号, 母親番号, 個体番号を **ped** シートからコピーし, **offspring_GRC** シートの対応部分に貼り付ける。

⑥ **offspring_GRC** シートでは, 各列の始祖豚の各行の個体に対する遺伝的寄与率が計算され, セルに表示される。同時に, 各統計量が表示される。

⑦計算結果を保存するためには, **offspring_GRC** シートのデータをコピーし, 新しいシートに値として貼り付ける。

⑧ **parent_GRC** シートの不要部分を消去する。また, **offspring_GRC** シートの不要部分を消去する。

⑨⑦で貼り付けたデータを **parent_GRC** シートに

値として貼り付ける。その次世代(更新年)の **code**, 父親番号, 母親番号, 個体番号を **ped** シートからコピーし, **offspring_GRC** シートの対応部分に値として貼り付ける。

⑩⑥～⑨をすべての世代(更新年)について繰り返す。

3. 実際の利用に際して

coan で適用可能な基礎集団の頭数及び毎世代(年)の繁殖集団の大きさは, 初期設定においてそれぞれ 200 頭である。これよりも大きな集団を扱う場合は計算式をオートフィルで拡張する。**GRC** における始祖集団の頭数及び毎世代(年)の繁殖集団の大きさに関しても同様である。

coan は閉鎖群育種における各世代の近交・血縁係数の算出を目的に作成されたものである。しかし近年では系統造成途中において新規に種豚を導入する開放型育種も広く用いられている(家畜改良増殖推進検討会, 2005)。本プログラムは新規導入された種豚と他個体間の共祖係数を 0, 種豚自身の共祖係数を 0.5 と設定して共祖係数行列に組み込むことで, 開放型育種においても各世代の近交・血縁係数を算出することが可能である。

4. 利 用 例

coan を用いてモデル血統における近交係数および血縁係数をそれぞれ算出し, **coeFR** を用いて算出した近交係数及び血縁係数と比較した。モデル血統の系図を図 4 に示した。**coan** を用いて算出された近交係数を表 1 に示し, **coeFR** を用いて算出された近交係数を表 2 に示した。2 種類の方法で算出された近交係数および血縁係数は同一の値であり, **coan** は近交係数および血縁係数を算出するために

表 3 GRC を用いて算出された遺伝的寄与率及び遺伝的寄与率変動係数

GRC						
G0						
sex(雄1, 雌2)	1	2	2	1	2	2
個体\始祖	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
2	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000
3	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000
4	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
5	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
6	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000
遺伝の寄与率変動係数	0.000					
G1						
sex(雄1, 雌2)	1	2	2	1	2	2
個体\始祖	1	2	3	4	5	6
11	0.500	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000
12	0.500	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000
13	0.500	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
14	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
15	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
16	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.500
遺伝の寄与率変動係数	0.056					
G2						
sex(雄1, 雌2)	1	2	2	1	2	2
個体\始祖	1	2	3	4	5	6
21	0.500	0.250	0.250	0.000	0.000	0.000
22	0.250	0.250	0.000	0.250	0.250	0.000
23	0.250	0.250	0.000	0.250	0.250	0.000
24	0.250	0.250	0.000	0.250	0.250	0.000
25	0.250	0.250	0.000	0.250	0.250	0.000
26	0.000	0.000	0.000	0.500	0.250	0.250
遺伝の寄与率変動係数	0.222					
G3						
sex(雄1, 雌2)	1	2	2	1	2	2
個体\始祖	1	2	3	4	5	6
22	0.250	0.250	0.000	0.250	0.250	0.000
23	0.250	0.250	0.000	0.250	0.250	0.000
24	0.250	0.250	0.000	0.250	0.250	0.000
31	0.375	0.250	0.125	0.125	0.125	0.000
35	0.375	0.250	0.125	0.125	0.125	0.000
36	0.125	0.125	0.000	0.375	0.250	0.125
遺伝の寄与率変動係数	0.288					
G4						
sex(雄1, 雌2)	1	2	2	1	2	2
個体\始祖	1	2	3	4	5	6
24	0.250	0.250	0.000	0.250	0.250	0.000
36	0.125	0.125	0.000	0.375	0.250	0.125
41	0.250	0.188	0.063	0.250	0.188	0.063
42	0.250	0.250	0.000	0.250	0.250	0.000
43	0.313	0.250	0.063	0.188	0.188	0.000
45	0.313	0.250	0.063	0.188	0.188	0.000
遺伝の寄与率変動係数	0.281					

使用することが可能であることが示された。

一方, GRC を用いてモデル血統における各始祖個体の遺伝的寄与率及び遺伝的寄与率変動係数を算出して表 3 に示した。また高柳 (2001) の式から算出した遺伝的寄与率を表 4 に示した。2 種類の方法で算出された遺伝的寄与率は同一の値を示し, GRC は遺伝的寄与率を算出するために使用することが可能であることが示された。

5. coan 及び GRC の提供

coan 及び GRC は Excel のワークシートとして提供可能である。両プログラムの利用を希望する方は以下のメールアドレスまでご連絡ください。
東京農業大学農学部畜産学科家畜育種学研究室
高橋幸水 y2takaha@nodai.ac.jp

表 4 高柳の式を用いて算出された遺伝的寄与率

高柳の式						
G0						
sex(雄1, 雌2)	1	2	2	1	2	2
個体\始祖	1	2	3	4	5	6
1	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
2	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000
3	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000
4	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
5	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
6	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000
G1						
sex(雄1, 雌2)	1	2	2	1	2	2
個体\始祖	1	2	3	4	5	6
11	0.500	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000
12	0.500	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000
13	0.500	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
14	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
15	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
16	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.500
G2						
sex(雄1, 雌2)	1	2	2	1	2	2
個体\始祖	1	2	3	4	5	6
21	0.500	0.250	0.250	0.000	0.000	0.000
22	0.250	0.250	0.000	0.250	0.250	0.000
23	0.250	0.250	0.000	0.250	0.250	0.000
24	0.250	0.250	0.000	0.250	0.250	0.000
25	0.250	0.250	0.000	0.250	0.250	0.000
26	0.000	0.000	0.000	0.500	0.250	0.250
G3						
sex(雄1, 雌2)	1	2	2	1	2	2
個体\始祖	1	2	3	4	5	6
22	0.250	0.250	0.000	0.250	0.250	0.000
23	0.250	0.250	0.000	0.250	0.250	0.000
24	0.250	0.250	0.000	0.250	0.250	0.000
31	0.375	0.250	0.125	0.125	0.125	0.000
35	0.375	0.250	0.125	0.125	0.125	0.000
36	0.125	0.125	0.000	0.375	0.250	0.125
G4						
sex(雄1, 雌2)	1	2	2	1	2	2
個体\始祖	1	2	3	4	5	6
24	0.250	0.250	0.000	0.250	0.250	0.000
36	0.125	0.125	0.000	0.375	0.250	0.125
41	0.250	0.188	0.063	0.250	0.188	0.063
42	0.250	0.250	0.000	0.250	0.250	0.000
43	0.313	0.250	0.063	0.188	0.188	0.000
45	0.313	0.250	0.063	0.188	0.188	0.000

文 献

- 阿部猛夫：1987, わが国豚系統の造成とその利用, 日畜会報, **58**, 271-276.
- ファルコナー, D.S.: 1993, 「量的遺伝学入門」, 原書第3版, 野村哲郎・田中嘉成訳, 蒼樹書房, 東京.
- 家畜改良増殖推進検討会：2005, 家畜改良増殖推進検討会報告書—今後の家畜改良増殖体制について—, 農林水産省.
- LACY, R.C.: 1989, Analysis of founder representations in pedigrees: Founder equivalents and

- founder genome equivalents, Zoo Biol, **8**, 111-123.
- 西田 朗・篠原 久・大友由紀子・鈴木啓一：2005, 豚系統の維持集団における遺伝的構成の変化の評価法について, 日豚会誌, **42**, 34-36.
- 佐藤正寛：2000, 大規模血統情報から近交係数を算出するプログラムの開発, 日豚会誌, **37**, 122-126.
- 高柳誠二：2001, 遺伝的寄与率, 佐々木義之編, 「動物遺伝育種学事典」, 57, (社)畜産技術協会, 東京.