短 報

豚の精液性状に関する形質における反復記録数と
育種価の推定精度との理論的關係

佐藤正寛

東北大学大学院農学研究科, 宮城県仙台市, 980-0845

(2016 年 11 月 8 日受付, 2016 年 12 月 7 日受理)

緒 言

近年, アニマルモデルや変量回帰モデルにより, 豚の精液性状に関する形質における遺伝的パラメーターの推定値が報告されている (例えば, アニマルモデルでは WOLF (2010), BURANAWIT and IMBOONTA (2016), 変量回帰モデルでは OH and SEE (2008), STRATHE ら (2013))。精液性状や産子数のように, 同一個体から複数の記録が得られる形質の育種価を推定する場合には, 一般に永続的環境効果を含む分析モデルが用いられている。

産子数のような雌性繁殖形質では産次ごとに記録が得られるため, 1 頭の雌が有する繁殖形質の反復記録数は最大でも産次数に等しい。佐藤ら (2009) は, 産子数において産次ごとの記録数の違いが遺伝的パラメーターの推定精度に及ぼす影響について調べている。一方, 雄性繁殖形質である精液性状に関する形質は 1 週間に 1 回程度の記録を得ることができるため, 1 年間で約 50 反復記録, 生涯ではそれ以上の記録を得ることができる。反面, 雌性形質である産子数などと比較すると, 雄性形質の記録を持つ個体の数は少ない。このように, 反復記録が得られる雌性形質に比べ, 精液性状に関する形質はデータ構造が異なっており, このような形質における育種価の推定精度 (選抜の正確度) と反復記録数との関係を明らかにした例はない。

本研究では, 精液性状に関する形質を想定し, そ

の反復記録数と選抜の正確度との関係を選抜候補個体の血縁情報を用いた選抜指数 (AVALOS and SMITH, 1987) によって算出し, 育種価を高い精度で推定するための記録数や家系から得られる情報の推定精度に与える影響を明らかにすることを目的とした。

材料および方法

本研究は数値実験であり, 動物を用いた実験は行っていない。

単一形質において, 選抜候補個体およびその血縁個体からなる表型値のベクトル $\mathbf{p}$ の分散共分散行列を $\mathbf{P}$, $\mathbf{p}$ と選抜候補個体の育種価 g との共分散ベクトルを $\mathbf{g}$ とする。 $\mathbf{b}$ を表型値に対する重み付け値 (選抜指数の係数) のベクトルとすれば,

$$\mathbf{Pb} = \mathbf{g}$$

を満たす $\mathbf{b}$ は, g と $\hat{g} (= \mathbf{b}'\mathbf{p})$ との相関を最大にする (HAZEL, 1943)。このときの選抜の正確度 $r_{g\hat{g}}$ は,

$$r_{g\hat{g}} = \text{cov}(g, \hat{g}) / \sigma_g \sigma_{\hat{g}} = \mathbf{b}'\mathbf{g} / \sqrt{\mathbf{b}'\mathbf{P}\mathbf{b}} \sigma_g$$

で表される。

本研究で用いた精液性状に関する形質の遺伝的パラメーターは, 遺伝率 (h^2) を 0.10 または 0.25, 永続的環境分散の表型分散に対する比 (pe^2) を 0.10 または 0.25 とした 4 通りの組み合わせを想定した。 $r_{g\hat{g}}$ を求める血縁情報は, ①選抜候補個体自身のみの記録, ②①および父の記録, ③②および祖父の記録, ④③および曾祖父の記録の 4 通りを想定した。すべての記録が得られる以前に雄の早期評価の可能

Relationship Between Number of Repeated Records and Accuracy of Breeding Value Estimates

Masahiro SATOH

Key words : Semen trait, Repeated records, Breeding value, Accuracy of selection

連絡者: 佐藤正寛 (E-mail : masahiro.satoh.d5@tohoku.ac.jp TEL. 022-757-4112)

性を検討するため、選抜候補となる雄の記録数は 1 から 50 まで変化させた。なお、選抜候補個体の父、祖父、曾祖父はいずれも精液性状に関する同一形質の反復記録を常に 50 有するものとし、集団の大きさが一定であれば、種雄豚 1 頭の後代から平均的に 1 頭の雄が種雄として選ばれることから、選抜候補個体の全きょうだいや半きょうだいのような傍系の記録が得られるとは限らない。そのため、本研究では選抜候補個体の血縁記録として直系の記録のみを想定した。

精液性状に関する形質の遺伝的パラメーターを変えて、選抜候補個体における各反復記録数および異なる血縁情報のもとで r_{gg} を算出した。また、選抜候補個体が記録を持たない場合についても r_{gg} を算出した。 r_{gg} の算出にはプログラム SIndex (佐藤, 2003) を用いた。

結 果

精液性状に関する形質において、選抜候補個体の反復記録数が異なる場合の r_{gg} を図 1 に示した。反復記録数が増えることによる r_{gg} の増加量は、 pe^2 が一定の場合、 h^2 が低い形質 ($h^2=0.10$) でやや大きく、また h^2 が一定の場合には pe^2 の低い形質 ($pe^2=0.10$) で顕著に大きくなった。反復記録数に対する r_{gg} は上に凸の曲線となり、反復記録数が 10 から 15 程度以上になると、 r_{gg} の増加量は著しく減少した。育種価の推定に用いる血縁情報量が多いほど r_{gg} は高まるものの、2 代粗 (祖父) までの記録を用いた場合と 3 代粗 (曾祖父) までの記録を用いた場合の r_{gg} の差は僅かであり、特に h^2 が 0.25 の場合にはその傾向が強かった。

h^2 が 0.1 のときの r_{gg} は、選抜候補個体が 1 記録を持つ雄よりも、記録を持たずすべての血縁情報から育種価を推定するほうが高い値を示した。しかし、 h^2 が 0.25 の場合は逆の結果となった。反復記録数が増えると、 pe^2 が一定であれば h^2 の低いほうが、また h^2 が一定であれば pe^2 の高いほうが、血縁情報を用いることによる r_{gg} の増加量が大きくなった。反復記録数を 30 以上に増やしても、 r_{gg} の上昇はごく僅かであり、特に h^2 が高い場合や pe^2 が高い場合にはその傾向が強かった。

考 察

本研究では、精液性状に関する形質の遺伝的パラメーターとして、 h^2 を 0.10 または 0.25、 pe^2 を 0.10

または 0.25 とした組み合わせを想定した。精液性状に関する遺伝的パラメーターは、射精 1 回あたりの精液量、精子濃度、精子の運動能、奇形率、精子総数、正常精子数などが REML 法アニマルモデルによって推定されている (SMITAL ら, 2005; OH ら, 2006a; WOLF, 2009a; 2009b; WOLF and SMITAL, 2009a; 2009b; WOLF, 2010; STRATHE ら, 2013; BURANAWIT and IMBOONTA, 2016)。例外はあるものの、これらの形質における h^2 の多くは 0.1 前後から 0.3 前後の値が推定されている。また、変量回帰モデルによって、精子総数、正常精子数、精子濃度、精液量の遺伝的パラメーターが推定されている (OH ら, 2006b; OH and SEE, 2008; STRATHE ら, 2013)。変量回帰モデルによる h^2 の推定値は、いずれの形質でも雄の年齢とともにやや高くなる傾向がみられるものの、0.2 から 0.3 前後の値で推移している。一方、 pe^2 の推定値も 0.1 から 0.3 前後の値が推定されている (WOLF, 2009b; WOLF and SMITAL, 2009a; WOLF, 2010)。これらのことから、本研究で想定した精液性状に関する形質における遺伝的パラメーターの値は、先行研究の文献値と比較して妥当なものであると考える。

一般に、遺伝的パラメーターを推定するための情報量 (血統情報や記録を持つ選抜候補の血縁個体数) が増加した場合、遺伝率が低い形質ほど r_{gg} の増加量は大きくなる (佐藤と西田, 1990)。一方、反復記録数が増えることによる r_{gg} の増加量は pe^2 の高い形質のほうが小さくなった。このことは次のように説明できる。すなわち、反復率が 0 であれば、反復記録の平均値の表型分散は、反復記録がない場合における表型分散の $1/m$ (m は反復記録数) となる。しかし、反復率が 0 でない場合は、それが大きくなるほど表型分散の減少割合が緩和されるため、反復記録数の増加に伴う r_{gg} の増加量は pe^2 の高い形質で小さくなる。

本研究の結果、2 代祖までさかのぼった直系 (選抜候補個体の祖父まで) の情報と 3 代祖までさかのぼった直系 (選抜候補個体の曾祖父まで) の情報による r_{gg} にはほとんど差がみられなかった。このことから、精液性状のように多くの反復記録を得ることのできる形質における育種価の推定には、2 代祖までさかのぼった直系の情報を用いることで、十分な精度が得られるものと考えられた。

雌の繁殖形質とは異なり、雄では選抜候補個体の傍系の記録がある可能性は小さい。しかし、そのよ

図 1. 精液正常に関する形質において選抜候補個体の反復記録数が異なる場合の選抜の正確度 (h^2 =遺伝率, pe^2 =永続的環境分散の表型分散に対する比)。

Fig. 1. Accuracy of selection in semen traits with different number of repeated records of candidate for selection (h^2 =heritability, pe^2 =permanent environmental variance per phenotypic variance).

うな記録があれば育種価の推定精度はより高くなると考えられる。したがって、BLUP 法により精液性状に関する形質の育種価を推定する場合、本研究で得られた精度よりも高い精度で育種価を推定できることが期待される。

pe^2 が 0.25 の場合、反復記録数が 10 程度あれば、それ以上反復記録数を増やしても r_{gg} が大きく増加することはない。一方、 pe^2 が 0.10 の場合、反復記録数が 10 を超えても r_{gg} は増加する。精液性状に関する形質では、反復記録数を 1 回増やすことに

よって選抜の間隔が 1 週間延びることになる。したがって、 pe^2 が比較的高い場合には採精から 2 か月程度の記録を得ることで育種価を推定すればよいが、 pe^2 が高い場合には一定期間あたりの r_{gg} の増加量を加味する必要がある。このように、精液性状に関する形質の育種価を推定する場合、当該形質における h^2 に加え、 pe^2 の大きさも考慮する必要がある。

謝 辞

本研究成果は、農林水産省委託プロジェクト研究「家畜の生涯生産性向上のための育種手法の開発」において得られた成果である。

文 献

- AVALOS, E. and C. SMITH : 1987, Genetic improvement of litter size in pigs, *Anim. Prod.*, **44**, 153-164.
- BURANAWIT, K. and N. IMBOONTA : 2016, Genetic parameters of semen quality traits and production traits of pure-bred boars in Thailand, *Thai J. Vet. Med.*, **46**, 219-226.
- HAZEL, L.M. : 1943, The genetic basis for constructing selection indexes, *Genetics*, **28**, 476-490.
- OH, S.H. and M.T. SEE : 2008, Comparison of genetic parameter estimates of total sperm cells of boars between random regression and multiple trait animal models, *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, **21**, 923-927.
- OH, S.H., M.T. SEE, T.E. LONG and J.M. GALVIN : 2006a, Estimates of genetic correlations between production and semen traits in boar, *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, **19**, 160-164.
- OH, S.H., M.T. SEE, T.E. LONG and J.M. GALVIN : 2006b, Genetic parameters for various random regression models to describe total sperm calls per ejaculate over the reproductive lifetime of boars, *J. Anim. Sci.*, **84** : 538-545.
- 佐藤正寛 : 2003, 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, *日豚会誌*, **40**, 11-20.
- 佐藤正寛・西田 朗 : 1990, BLUP 法に用いるデータ量が閉鎖群における育種価推定の正確度に与える影響, *日畜会報*, **61**, 902-906.
- 佐藤正寛・佐々木修・石井和雄 : 2009, 豚において産次ごとの産子数における記録数の違いが遺伝的パラメーターの推定精度に及ぼす影響, *日豚会誌*, **46**, 152-158.
- SMITAL, J., J. WOLF and L.L. DE SOUSA : 2005, Estimation of genetic parameters of semen characteristics and reproductive traits in AI boars, *Anim. Reprod. Sci.*, **86**, 119-130.
- STRATHE, A.B., I.H. VELANDER, T. MARK, T. OSTERSEN, C. HANSEN and H.N. KADARMIDEEN : 2013, Genetic parameters for male fertility and its relationship to skatole and androstenone in Danish Landrace boars, *J. Anim. Sci.*, **91**, 4659-4668.
- WOLF, J. : 2009a, Genetic correlations between production and semen traits in pigs, *Anim.*, **3**, 1094-1099.
- WOLF, J. : 2009b, Genetic parameters for semen traits in AI boars estimated from data on individual ejaculates, *Reprod. Dom. Anim.*, **44**, 338-344.
- WOLF, J. : 2010, Heritabilities and genetic correlations for litter size and semen traits in Czech Large white and Landrace pigs, *J. Anim. Sci.*, **88**, 2893-2903.
- WOLF, J. and J. SMITAL : 2009a, Effects in genetic evaluation for semen traits in Czech Large White and Czech Landrace boars, *Czech J. Anim. Sci.*, **54**, 349-358.
- WOLF, J. and J. SMITAL : 2009b, Quantification of factors affecting semen traits in artificial insemination boars from animal model analyses, *J. Anim. Sci.*, **87**, 1620-1627.