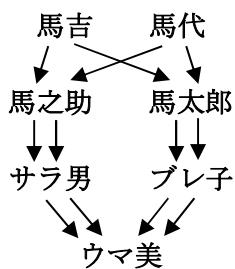


$$F = \Sigma [(1/2)^n (1+F_A)]$$

n : 片親から共通祖先へさかのぼって、もう一方の親へ戻ってくる「輪」に登場する個体の数
 <ウマ美ちゃんの場合>

F_A : 共通祖先自身の近交係数
 <ウマ美ちゃんの共通祖先である馬吉さんの近交係数はここでは0と仮定>

Σ : 共通祖先が複数の場合はそれらの合計
 <馬之助さんと馬太郎さんは全兄弟なら、以下のとおり、その母親（馬代さん）を頂点とする「輪」がもう1つできるので、 3×3 のインクロスが2つ（ダブルで）入っているということになり、 $(1/2)^5 + (1/2)^5 = 1/16$ となる>



サラブレッドは近親交配を執拗に繰り返しています。すると、各個体においては、5代血統表でカバーしきれないインクロスする祖先が多数存在することとなり、またその祖先自身が近親交配で生まれた馬だと F_A の値が上昇し、結果として近交係数の上昇をきたします。つまり、単に 3×4 と言っても、昔と今とでは状況がかなり違ってしまっているのです。

これは、5代血統表レベルでは完全にアウトクロスの馬でも、近交係数はそこそこの値であるという馬も少なからずいるということを意味し、以下で論ずる遺伝的多様性の低下の進行とともにそのような例は自ずと増加します。

繰り返しますが、サラブレッドは近親交配を執拗に繰り返してきているので、5代血統表でカバーしきれないインクロスする祖先が多数存在します。よって、 F_A の値および Σ の合計値を厳密に算出することに限界があるのも実際です。

ウマ美ちゃんが馬吉さんの潜性遺伝子 a をホモで保有する確率は1.56%でしたが、以上を鑑み、とりあえずサラブレッドの近親交配の度合を語るには、算定対象を5代前までとした数値（以下「近交値」と言うことにします）を用いるのが、ベストとは言えないまでも妥当と考えました。なおこのように、焦点を当てる対象を一定の代までに限定し、 F_A の値も考慮しないものを近交係数と呼んでいる論文もあるのかもしれません、本書では敢えて言葉を分けました。そうすると、それぞれの近交値は以下となります（小数点第三位を四捨五入）。

1×2 :	$1/2 \times 1/4 = 1/8$	= 12.5%
2×2 :	$1/4 \times 1/4 = 1/16$	= 6.25%
2×3 :	$1/4 \times 1/8 = 1/32$	$\approx 3.13\%$
2×4 :	$1/4 \times 1/16 = 1/64$	$\approx 1.56\%$
2×5 :	$1/4 \times 1/32 = 1/128$	$\approx 0.78\%$
3×3 :	$1/8 \times 1/8 = 1/64$	$\approx 1.56\%$
3×4 :	$1/8 \times 1/16 = 1/128$	$\approx 0.78\%$
3×5 :	$1/8 \times 1/32 = 1/256$	$\approx 0.39\%$
4×4 :	$1/16 \times 1/16 = 1/256$	$\approx 0.39\%$
4×5 :	$1/16 \times 1/32 = 1/512$	$\approx 0.20\%$

$$5 \times 5 : 1/32 \times 1/32 = 1/1024 \approx 0.10\%$$

ちなみに、エフフォーリアはサンデーサイレンスの 3×4 ですが、もしアーモンドアイと交配したならば、生まれくる仔はサンデーの $3 \times (4 \times 5)$ となり、これは 3×4 と 3×5 が重なって入ったものとなり、その仔の近交値はこの合算値となります。

おわかりのとおり、 2×3 が1つ、 3×3 が2つ、 3×4 が4つ入った場合の近交値は同じ数値になります（前述の%の値は四捨五入しているので端数は不一致）。

そして、遺伝子同士の相互作用、浸透度、および外部要因を考えないあくまで理屈上の話ですが、 2×3 の配合におけるリスクは、各個体は複数の有害遺伝子を保有しているのが通常であることから、3.13%にその保有する有害遺伝子の数を乗じた値になるということです。

昨年12月14日に行われたアルゼンチンGⅠのホアキン・S・デアンチョレナ大賞を勝ったEl Que Sabeを樹形図に加筆した際に（樹形図の頁は14-2の右側）、眺めたこの馬の5代血統表

(図表12) El Que Sabe (牡 鹿毛 2020年生)

