



Title	カイコの繭型の遺伝的分化に関する統計分析
Author(s)	中田, 徹; NAKADA, Tohru
Citation	北海道大学農学部邦文紀要, 21(1), 101-109
Issue Date	1998-01-22
Doc URL	<a href="https://hdl.handle.net/2115/12179">https://hdl.handle.net/2115/12179</a>
Type	departmental bulletin paper
File Information	21(1)_p101-109.pdf



## カイコの繭型の遺伝的分化に関する統計分析

中 田 徹

(北海道大学農学部農林統計処理学研究室)

(平成9年7月22日受理)

### A Statistical Analysis on the Genetic Differentiation of Cocoon Shape in the Silkworm, *Bombyx mori*

Tohru NAKADA

(Laboratory of Statistical Data Processing, Faculty of Agriculture,  
Hokkaido University, Sapporo 060, Japan)

#### I. 緒 論

カイコ (*Bombyx mori*) は、いうまでもなく、その幼虫が分泌する絹を利用することを主な目的として、世界各地で飼育されている昆虫である。養蚕の起源は中国の長江流域であり、その祖先はクワコ (*Bombyx mandarina*) に由来すると考えられているが、数千年にわたる飼育馴化の過程や、現在のカイコへの遺伝的分化と地域品種の形成等に関しては、なお不明の点が多く残されている。

このようにカイコの特徴的な形質は、繭を作ることにあるから、これを農業生産として利用する関係上、効率的な絹生産を目的とした育種学的な観点から、品種改良の研究が進められている。しかしながら、基礎生物学や遺伝進化学の立場からみると、カイコの特徴として、比較的短い世代で、複雑に分化した繭の形の変異の分析は興味深い問題である。

カイコの繭型は、品種により異なり、楕円型、俵型、ピーナッツ型、紡錘型など多くの特徴的な形に分化している。これは、世界各国に伝播したカイコの遺伝的分化や地域品種の形成を反映する一つの結果と考えられるが、系統間交雑による後代分析などの遺伝的解析はほとんど行われていない。その理由の一つは、形態の正確な測定が煩雑で手数がかかる作業であり、多くのデータを収集することが困難なところにある。

著者<sup>1)</sup>はこの問題を解決するために、近年簡易画像解析システムの開発を試み、これに成功した。そ

こで、このシステムを繭型計測に応用して、正確かつ容易に多くのデータを得ることができた。これらのデータを用いて、いろいろな観点から、判別分析、主成分分析、クラスター分析等の多変量解析を試みた。

このように本研究の目的は、カイコの遺伝的分化と品種形成の過程を推定することにあるが、そのために、著者は世界各国の地域品種の実地調査を行い、その遺伝学的特徴の調査と繭の収集を進めており、統計遺伝学的検討に着手している。今回はその一つの手段として、本邦産品種、とくに本学保存の特性品種の繭型の類似性に関する調査を行ったので、その結果の概要を報告する。

#### II. 材料及び方法

カイコの保存品種を大別すると、実用的な育成素材である実用品種と、遺伝学等の基礎研究の材料昆虫として用いられている特性品種がある。本研究の供試材料は、北海道大学農学部附属農場養蚕部で維持している多数のカイコの特性品種であり、これらを用いて飼育実験を行い、得られた繭についてデータ解析を行った。

幼虫が吐糸完了して化蛹後、繭を切開して蛹体重および繭層重を個体別に cg 単位で秤量した。このように繭は生体である蛹と、幼虫の分泌物である繭層という異質の成分からなり、その合計が全繭重である。これら蛹体重及び繭層重の秤量には、以前著者<sup>2)</sup>が開発製作した、ディジバランス (島津製作所

製, D-1003) とパソコン (精工舎製, SEIKO-5900) を連結した自動計測システムを使用した。

秤量後これらの繭に番号をつけて保存し, のち繭型の画像解析を行った。使用した画像解析システムは, 近年著者<sup>9)</sup>が CCD カメラ (ピクチャー社製) とパソコン (NEC 製, PC9801RX) を連結して, これにソフトとして眼力 (テックメイト製) を利用して, 自作で構築したものである。このシステムの構築により, 形態計測が容易かつ正確に実行できるようになり, 短時間に大量のデータが得られるようになった。繭型計測の目的形質は, 長径, 短径, 断面積及び体積であり, これにより長幅率 (短径/長径) を算出した。なお, この簡易画像解析システムは2次元のものであり, 体積は直接求められないので, 繭の切口がほぼ真円であることを利用して, 断面積画像から回転体の計算を行い, その推定値として算出した。

本研究は 1991 年から 1996 年にわたって得られた膨大なデータを用いて行ったが, 本論文ではこのうち 1996 年のデータについて, 統計的検討を行った結果を報告する。これらの変数選択の組合せについては, ①繭型に関する 5 変数の場合と, ②これに全繭重を加えた 6 変数の場合について比較検討を行った。これは形に関する変数のみでクラスターを形成した場合と, 重さに関する変数が加わった場合とで, デンドログラムのパターンがどのように変化するかを比較するためである。これらの繭重, 繭型に関する計測変数の一覧表を, 表 1 として示した。

以上の基礎データの取りまとめには, 北大大型計算機センターの HITAC-M682 を用いて, 自作の FORTRAN プログラムにより統計分析を行った。また多変量解析には, 同センターで統計解析プログ

ラム, SAS を利用したほか, 自作のパソコン用に開発したプログラムを併用して, 主としてクラスター分析と主成分分析を試みた。

クラスター分析には多くの方法が開発されており, 分析法の違いが, デンドログラムとして作図した結果に影響を与えることが知られている。本研究で利用したプログラムの設定に当たっては, ①個体間の非類似度として, 平方ユークリッド距離, 標準化平方ユークリッド距離, マハラノビスの距離, ミンコフスキーの距離などがあり, それぞれについて, ②最短距離法, 最長距離法, 群平均法, 重心法, メジアン法, ウォード法, 可変法などが開発されている。

この①と②を組み合わせることにより, 膨大な数のデンドログラムが出力される。今回は以上の組合せのうち, 個体間の非類似度の尺度として標準化平方ユークリッド距離を, またクラスターの融合法として群平均法を採用した。これは多くの試行の結果, 本研究のデータ解析では, この方法が最適と判断されたためである。

また, 併せて主成分分析を行い, 以上のクラスター分析の結果, 作図されたデンドログラムに示される各クラスターの形成に関連する変数情報の解析を試みた。これらの繭形質に関係する変数が, 第 1 主成分や第 2 主成分でどのような数値を示すかを計算することによって, 供試品種間の繭型発現やその類似性への影響を判定した。すなわち, 形や大きさに関係する変数が, クラスター形成にどの程度関与するかを明らかにする目的で, 主成分分析を行ったものである。

### III. 結 果

表 2 は供試品種の繭型及び繭重に関する諸変数 (A1~A8) の数値一覧表である。これらの数値は, ここでは雌雄平均値として示した。また, これらの変数の分散, 共分散, 相関行列等を計算した結果を表 3 に示した。これを用いてクラスター分析を行い, その結果をデンドログラムとして図示した。A1 及び A2 を除いた, A3~A8 の 6 変数を用いた場合, 図 1-1 の結果が得られた。また, A3~A6, A8 の 5 変数で同様の分析を行った結果を図 1-2 に示した。前者の 6 変数の場合は, 繭型 5 変数と繭重 1 変数, 後者の 5 変数の場合は, 繭型のみ 5 変数を用いて以上の分析を行っている。

表 1 多変量解析に用いた繭形質変数

Table 1. Variables related to cocoon character

Index	Variable	Unit
A1	Pupal weight	g
A2	Cocoon shell weight	g
A3	Long diameter	mm
A4	Short diameter	mm
A5	Area	mm <sup>2</sup>
A6	Volume	mm <sup>3</sup>
A7	Total cocoon weight (A1+A2)	g
A8	S/L ratio (A4/A3)	—

表2 多変量解析に用いた繭形質変数 (A1~A8) の数値一覧表  
(1996, 春蚕期, 21 品種, 繭重及び繭型 8 変数)

Table 2. The value of variables adopted at multivariate analysis  
(1996, spring, 21 strains, 8 variables, cocoon shape & weight)

Strain	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8
Tw1	1.207	0.167	43.18	19.42	592	7422	1.374	0.450
Eq-1	0.862	0.110	32.91	16.48	436	4719	0.971	0.500
Eq-2	0.791	0.090	31.47	16.54	404	4380	0.881	0.526
Pb	1.073	0.139	32.02	15.78	417	4420	1.212	0.493
No	1.194	0.189	44.20	21.33	622	8623	1.383	0.483
Ro	0.856	0.142	32.25	16.96	440	4956	0.998	0.526
on	1.150	0.150	44.49	16.32	470	4993	1.300	0.367
Ge	1.330	0.213	38.19	16.61	523	5816	1.543	0.435
Wa	0.978	0.140	39.82	17.53	517	5772	1.117	0.441
rw	0.978	0.144	35.75	15.55	402	4122	1.122	0.435
NTL	0.926	0.126	39.66	16.26	491	5214	1.052	0.410
Yuki	1.142	0.303	36.05	20.39	517	6946	1.445	0.566
C98	1.092	0.155	33.33	16.69	388	4265	1.247	0.464
Kon	1.486	0.231	38.94	17.71	577	6847	1.717	0.455
Kuni	1.164	0.161	40.37	17.33	529	6108	1.325	0.431
Chi	1.065	0.135	42.71	16.21	475	5054	1.200	0.380
bm	1.096	0.148	34.39	17.05	461	5191	1.244	0.496
Hr	1.304	0.286	38.49	21.23	609	8564	1.590	0.552
Tr	0.991	0.199	31.40	18.13	455	5451	1.190	0.578
Cw	1.152	0.183	35.17	19.78	571	7583	1.335	0.563
M4	1.269	0.245	37.72	19.39	571	7353	1.514	0.514

繭形質の総合的な類似性について検討した結果、これらの供試品種は、繭形質の属性に従っていくつかのグループに分類できることが分かった。実際に1996年春蚕期飼育の特性品種21種のデータについて

検討すると、繭の大きさや重さ、長さや丸みの程度によりグループ化がみられる。すなわち6変数の場合、まず繭の大小によって2つのグループ化が起こり、ついで各グループ内で繭の形の違いによる分

表3 繭形質相互の相関行列 (上三角) と分散・共分散行列 (下三角)  
(1996年春蚕期, 北大農場保存21品種, 雌雄平均)

Table 3. Matrix of cocoon characters (1996, spring 21 strains)  
upper triangle: correlation  
boldface: variance  
under triangle: covariance

	A3	A4	A5	A6	A7	A8
A3	<b>1.82+01</b>	.27	.62	.47	.42	-.65
A4	2.06+00	<b>3.19+00</b>	.81	.93	.56	.54
A5	1.92+02	1.04+02	<b>5.21+03</b>	.96	.73	.10
A6	2.81+03	2.34+03	9.69+04	<b>1.96+06</b>	.70	.32
A7	3.87-01	2.14-01	1.13+01	2.11+02	<b>4.61-02</b>	.04
A8	-1.67-01	5.81-02	4.15-01	2.69+01	4.69-04	<b>3.64-03</b>

註: +00, +01, +02 はそれぞれ,  $\times 10^0$ ,  $\times 10^1$ ,  $\times 10^2$  を示す  
-01, -02, -03 はそれぞれ,  $\times 10^{-1}$ ,  $\times 10^{-2}$ ,  $\times 10^{-3}$  を示す

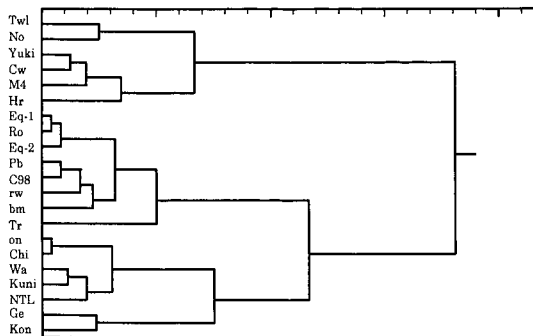


図1-1 クラスター分析によるデンドログラム  
(1996年春蚕期, 21品種, 繭重及び繭型6変数, 群平均法)  
Fig. 1-1 Dendrogram drawn by group average  
method  
(1996, spring, 21 strains, 6 variables,  
cocoon shape & weight)

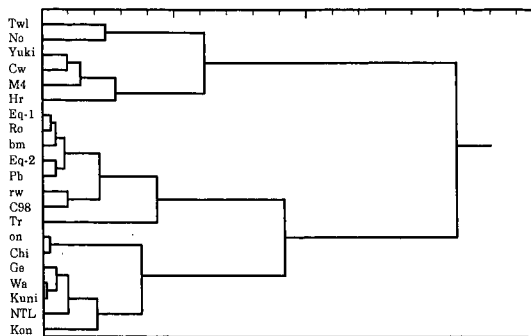


図1-2 クラスター分析によるデンドログラム  
(1996年春蚕期, 21品種, 繭型5変数, 群平均法)  
Fig. 1-2 Dendrogram drawn by group average  
method  
(1996, spring, 21 strains, 5 variables,  
cocoon shape only)

類がみられる。ここでは第1クラスターでは、繭が大型で楕円形または丸いグループに属する品種「No」など6品種が含まれる。これに対して、第2クラスターには「Eq」や「Ro」をはじめとする中・小型の8品種が含まれ、微妙な形の違いによってさらに細分化される。第3クラスターには、比較的大型で長俵型の「Ge」など7品種が含まれる。

このグループ分けのパターンは、6変数と5変数の場合を比較すると多少の相違がみられるものの、各クラスターに含まれる品種は同じであり、デンドログラムのパターンはほぼ同じであるといっている。

このクラスター分析の基本となる諸変数間の相関行列をみると、繭の大きさに関する変数と重さに関する変数である断面積と全繭重、体積と全繭重等では、相関係数の値が大きくなっている。これは、重さという属性が大きさという属性で代行できることを示唆している。

次に、主成分分析の結果を表4-1及び4-2に示した。固有値、固有ベクトル、寄与率、累積寄与率等により、その概要を知ることができる。

6変数の場合、第1主成分では繭の大きさに関する変数である短径、断面積、体積等が0.46~0.51と比較的大きな数値となっているが、単独で極端に大きな数値を示す変数はみられなかった。これに対して、重量に関する変数の全繭重では0.41、また繭型の特徴を端的に示す変数である長径や長幅率では、それぞれ0.29, 0.11と小さな値を示している。これ

に対して、第2主成分では、長径で-0.60、また長幅率で-0.74という比較的大きな数値を示し、また第3主成分では、全繭重のみに-0.88という極端に大きな値がみられたが、他の変数では無視できる程度の小さな値であった。これらの主成分の寄与率をみると、第1主成分で約62%、第2主成分で約29%、第3主成分で約7%となっており、ここまでの累積寄与率は、98%以上となっている。

5変数の場合も同じ方法を用いての計算を行ったが、ほぼ同様の結果を得た。ここでは繭型変数のみの分析であり、第1主成分では繭の大きさに関する変数である短径、断面積、体積等が0.52~0.56と6変数の分析の場合よりやや大きな数値となっている。これは重量変数である全繭重を除外したため、重さと大きさとの相関係数が大きい関係で、重さの成分がこれらの大きさの成分に含まれていたためであろう。第2主成分では、やはり6変数の場合と同様に、長径で0.63、長幅率で-0.73という大きな値がみられたが、他の変数では無視できるほどの小さな値であった。一方、寄与率をみると、第1主成分では63%、第2主成分では35%となっており、ここまでの累積寄与率は、ほぼ98%となる。

このほか結果は示さないが、1991年から1995年までの春蚕期の特性品種データを用いて、以上のクラスター分析や主成分分析を行ったところ、毎年の供試品種の組合せの違いに基づくクラスター形成の相違が多少みられたものの、ほぼ同様のパターンを示した。

表 4-1 固有ベクトル・固有値・寄与率・累積寄与率  
(1996年春蚕期, 北大農場保存 21 品種, 繭型・繭重 6 変数, 雌雄平均)  
Table 4-1. An eigenvector, eigenvalue and related contribution ratio  
(1996, spring 21 strains, 6 variables, cocoon weight & shape)

variable	component	1st	2nd	3rd	4th	5th
A3		.29	-. <b>60</b>	.31	.34	.58
A4		<b>.46</b>	.27	.30	.57	-.37
A5		<b>.50</b>	-.08	.11	-.70	.09
A6		<b>.51</b>	-.09	.15	-.19	-.28
A7		<b>.41</b>	-.09	-.88	.19	.06
A8		.11	<b>.74</b>	.03	.03	.66
eigenvalue		3.69	1.75	0.45	0.09	0.01
contribution		0.62	0.29	0.07	0.02	0.00
accum. ratio		0.62	0.91	0.98	1.00	1.00

註：太字は関連の大きい数値を示す

第 1：大きさ 第 2：形 第 3：重さ

A boldface shows important variable related to each component

1st: size factor 2nd: shape factor 3rd: weight factor

表 4-2 固有ベクトル・固有値・寄与率・累積寄与率  
(1996年春蚕期, 北大農場保存 21 品種, 繭型 5 変数, 雌雄平均)

Table 4-2. An eigenvector, eigenvalue and related contribution ratio  
(1996, spring, 21 strains, 5 variables, cocoon shape only)

variable	component	1st	2nd	3rd	4th	5th
A3		.30	<b>.63</b>	-.42	.56	-.13
A4		<b>.52</b>	-.23	-.60	-.37	.41
A5		<b>.54</b>	.12	.65	.17	.49
A6		<b>.56</b>	-.05	.18	-.29	-.75
A8		.15	-. <b>73</b>	-.07	.65	-.11
eigenvalue		3.14	1.74	0.11	0.01	0.00
contribution		0.63	0.35	0.02	0.00	0.00
accum. ratio		0.63	0.98	1.00	1.00	1.00

註：太字は関連の大きい数値を示す

第 1：大きさ 第 2：形

A boldface shows important variable related to each component

1st: size factor 2nd: shape factor

一般に主成分分析結果の評価は必ずしも容易ではないが、以上の結果から繭型の類似性の分析について、第 1 に大きさ、第 2 に形の相違が関係していることが明らかとなった。また重量要因については、ほとんど無視してよいことが分かった。その理由は、繭の重量は大きさと高い相関、すなわち密接な関係があり、大きさを示す諸変数で重量要因が代行できることを示している。

#### IV. 考 察

カイコの繭は育種の目的形質であり、以前から多くの研究が行われている。その大半は絹生産に直結する形質に関するもので、繭の重量、繊維の太さの尺度である織度などの改良のための育種学的分析であり、基礎生物学的な観点からの研究は極めて少ない。

そのいくつかを紹介すると、古くは、福田(1914)<sup>1)</sup>

は繭の形態の雌雄差について論じているが、各系統に共通した明確な差を見出すには至ってはいない。その後、繭型の雌雄差を見出す試みはいくつかあるが、中田ら(1991)<sup>10)</sup>の繭重や繭型変数の組合せによる判別分析の結果をまつまでは、有力な方法はみられない。また、勝木及び長沢(1917)<sup>3)</sup>は一代雑種の繭の形は両親系統の中間形を示すといっている。服部及び紀井(1937)<sup>2)</sup>は繭の形態計測法について述べ、表面積や体積の推定値を求めているが、形の計測は当時まだ困難であり、十分な成果をあげたとはいえない。

繭型形成に関する数理的検討は、カッシーニの卵形線などがあるが、近年、三浦(1990)<sup>4)</sup>は、宇宙空間の作業領域に関する数理的検討を行っている過程で、得られた楕円状の閉曲線形成の理論解が繭の形状に一致したという、興味ある報告を行っている。

繭の形状は品種によって複雑に分化しており、球形、楕円型、卵型、俵型、紡錘型等があり、俵型にも縊れの程度が異なるものがあり、長径と短径の割合を示す長幅率なども品種によってかなり異なる。また、これらの形状やサイズの変異は、品種により安定している場合と発現がかなり異なるものがある。しかし、形状を数値化するのは実際上困難であり、とくに総合的なスコアとして示すには、線形数学の利用が必要である。

Nakada(1975)<sup>6)</sup>は、繭の重量発現に関する遺伝学的研究を行い、特定の染色体または遺伝子レベルでの量的形質発現への関連を明らかにした。その後、中田及び村上(1988)<sup>7)</sup>は、数十世代の連続戻し交雑の観察を行った結果、数種の特定遺伝子の量的発現への効果を明らかにした。さらに中田(1991)<sup>9)</sup>は、倍数体の繭重分析にもこの方法を応用して、数種の特定のマーカー遺伝子を組み合わせて交雑実験を行い、後代の繭重発現に関する数理統計的解析をすすめた結果、常染色体および性染色体の後代分離に伴う繭重の量的発現について、その詳細を明らかにすることができた。

しかし、重量発現の遺伝分析の場合より、形の発現に関する遺伝分析は困難である。繭型の異なる品種間交雑の場合、雑種第1代では両親のほぼ中間形を示すが、以上のような特定のマーカー遺伝子を用いて後代分析を行う試みはほとんど行われておらず、僅かに武井ら(1990)<sup>17)</sup>、中田(1997)<sup>14)</sup>による繭型の遺伝分析の試みがあるに過ぎない。Miura *et*

*al*(1997)<sup>15)</sup>は、カイコの営繭行動を画像解析装置により連続的に観察して、繭型形成の品種間の差を分析しており、営繭行動の違いが繭型や繭の中央にあるくびれの深浅に関係するという。これらの遺伝分析や行動解析によって、従来未知であった繭型分析に新しい方法論が導入されようとしている。

これらの体系的な検討が行われなかった理由は、第1にこれらの形状の測定は煩雑な作業であり、その試みは上記のように、個々の繭型変数を測定するだけに終わっており、第2にこれらの変数を総合的に分析することは、コンピューターの開発とそれに伴う情報数学の発展、とくに多変量解析法の利用なしには困難であったという事情によるものと思われる。

近年、Nakada(1989)<sup>8)</sup>、中田(1992)<sup>11)</sup>は、簡易画像処理システムの開発に成功して、繭型測定を正確かつ容易に行い、多量のデータを得ることを可能とした。そこで、このシステムを利用して、中田ら(1991)<sup>10)</sup>は、同一品種内における雌雄差の判別分析を行い、繭重変数と繭型変数を組み合わせることによって、雌雄鑑別の効率をあげることができた。以降、繭型計測とそのデータ解析については、中田(1992, 1993)<sup>11)12)</sup>、Ryu and Nakada(1993)<sup>16)</sup>、Nakada(1994)<sup>13)</sup>、Rao *et al*(1997)<sup>15)</sup>など、著者やその国際研究グループによる統計遺伝学的視点からの、いくつかの研究成果がある。

繭型の類似性の検討に関する本研究の結果は、世界各国の地域品種の収集と、その遺伝分析を行う際に有力な手がかりを与えるものである。すなわち、クラスター分析の結果、繭型の類似性によるグループ化が可能となり、主成分分析の結果、このクラスター形成には第1に繭のサイズに関係する変数が、第2に形に関係する変数が関与することが明らかになった。また、この分析に繭重変数を除外して、繭型変数のみで多変量解析を行っても、クラスター形成にほとんど影響を与えないことが分かった。これらの結果は、カイコの遺伝的分化と品種形成の過程の一端を反映するものと考えられる。

著者は現在、カイコの起源とその品種形成に関する遺伝的分化の検討を行っている。そのため、アジア温帯及び熱帯地域をはじめ、世界各地のカイコの地域品種の調査を続行中であり、その遺伝的特徴を把握してデータベースとして整理する試みを行っている。しかしながら、各国におけるカイコの系統は

遺伝資源として重要視されており、世界各国で、生体の国外への持ち出しは基本的に禁止されている。ただし、繭は生糸の材料として加工されるため、殺蛹後の繭の移出は自由であり、何等問題がない。

カイコの遺伝的分化を検討するには、DNA分析などの分子生物学的な方法を導入するのが望ましいが、上記のように、生体の国外への持ち出しが現在不可能である。著者は、現在文部省科学研究費による国際学術研究を実施中であり、国際研究グループ作りや海外調査等の努力を続けているが、外国の品種との交雑試験などの実験的検討は困難な実状にある。そこで、繭型を世界各地の保存品種間の遺伝的近縁性の比較検討のためのメルクマールとして、今後の遺伝的検討の基礎資料として利用することを考えている。ただし、将来上述の分子生物学的な実験的検討が可能となった時点で、繭型分析の結果との相同性を調査する必要がある。

本研究の結果、繭形質の統計分析に当たり、生体である蛹体重変数を除外しても、繭型分析によって品種特性を把握することができた。以上の成果により、今後世界各地のカイコの品種の遺伝的特性の調査を行う際に、繭型分析は一つの有力な手がかりとなるものと考えられる。またその際、たとえ直接カイコの繭収集ができなくても、その写真等の映像資料を収集できれば、以上の品種間の繭型の類似性やそれらの遺伝的近縁性に関するデータ解析が可能になると思われる。

## V. 摘 要

著者は供試材料として、北海道大学農学部附属農場養蚕部で維持している多くの特性品種を用いて、カイコの繭型の類似性に関する統計的検討を行った。カイコ幼虫が吐糸完了後繭を調査して、蛹体重及び繭層重を秤量した。また、秤量後繭を保存して、のちに著者が開発した画像解析システムを用いて、繭型に関する諸変数を計測した。

カイコの繭型は、品種によって楕円型、俵型、ピーナッツ型、紡錘型など複雑に分化しているが、これはカイコの世界各地への伝播と、それに伴う地域品種の形成の過程で、多くの遺伝的分化を生じた結果と思われる。

そこで、1996年飼育の特性品種21種を用いて統計分析を行った。これらの品種間の遺伝的分化を推定するための方法として、繭重・繭型に関係する変

数を組み合わせて、繭型の類似性を分析するために多変量解析を試みた。クラスター分析の結果、繭型の類似性に応じて、これらの品種はいくつかにグループ化することができ、これをデンドログラムとして作図した。

繭型5変数と、これに全繭重を加えた6変数のデンドログラムを比較すると、両者にほとんど差がみられず、従って繭重変数を除外して繭型5変数のみで以上の分析を行っても、クラスター形成にはほとんど影響しないことが分かった。

そこで、繭型5変数による主成分分析を行った結果、第1主成分では、繭の大きさに関係する変数の値が大きく、その寄与率は約63%となった。また第2主成分では、繭の形に関係する変数の値が大きく、寄与率は約35%となり、第1及び第2主成分で、累積寄与率はほぼ100%近くとなることが分かった。従って、繭型のクラスター形成に関して、第1に繭の大きさ、第2に繭の形に関係することが明らかになった。

この結果は、著者が現在計画している世界各国のカイコの地域品種間相互の、遺伝的近縁性の調査のための基礎資料となるものである。そこで、カイコの遺伝的分化を推定するための一つのメルクマールとして、繭型分析の結果を国内外の品種の調査に応用したい。

## 謝 辞

本研究の遂行に当たり、実験に供したカイコ特性品種の飼育管理に関して協力いただいた、北海道大学農学部附属農場養蚕部、斉藤寛技官及び山田恭裕技官に深謝する。また、画像解析に協力いただいた、当時本研究室に留学滞在中のインド国立中央蚕業研究所(CSRTI) 遺伝育種部多化性蚕品種研究室長、P. ラオ博士に感謝する。また、統計解析プログラムの開発に関して助言をいただいた、文部省統計数理研究所村上征勝教授に厚くお礼申し上げる。なお本研究の一部は、文部省科学研究費(国際学術研究学術調査07041117)の助成によって行った。

## 文 献

1. 福田衷二：繭の形態上に於ける雌雄判別法。大日本蚕糸会報 23(227)：21-23, 1914
2. 服部達吉・紀井栄一：繭の表面積、体積等の1測定法に就いて。日本蚕糸学雑誌 8(3)：204-219, 1937

3. 勝木喜重・長沢千丈：一代雑種における繭の形に就いて。大日本蚕糸会報 **26**(308)：8-15, 1917
4. 三浦公亮：繭形の空間の数理。形の科学会報 **18**：9-12, 1990
5. Miura, M., Morikawa, H., Kato, H. and Iwasa M.: Analysis of the construction process of cocoon shape by *Bombyx mori*. J. Seric. Sci. Jpn **66**(1)：23-30, 1997
6. Nakada, T.: Untersuchungen über die statistische Vererbung des Kokongewichts von Seidenraupen, *Bombyx mori*. J. Facult. Agri., Hokkaido University, **58**(2)：101-201, 1975
7. 中田 徹・村上征勝：カイコの交雑後代における繭重と標識遺伝子との関係。統計数理 **36**(1)：23-40, 1988
8. Nakada, T.: On the measurement of cocoon shape by use of image processing method, with an application to the sex discrimination of silkworm, *Bombyx mori*. Proceedings of the 6th International Congress of SABRAO, Tsukuba, Japan: 957-960, 1989
9. 中田 徹：カイコ特性品種の倍数体の繭重, 北大農邦文紀要 **17**(3)：356-364, 1991
10. 中田 徹・前田勇人・村上征勝：判別分析によるカイコの繭型の雌雄差の検討。統計数理 **39**(2)：169-186, 1991
11. 中田 徹：画像処理によるカイコの繭型計測とそのデータ解析。東北蚕糸研究報告 **17**：4-5, 1992
12. 中田 徹：カイコの繭型に関する数理的データ解析—特に品種間差異について— 東北蚕糸研究報告 (18)：5, 1993
13. Nakada, T.: On the cocoon shape measurement and its statistical analysis in the silkworm, *Bombyx mori* L. Indian J. Sericulture, **33**(1)：100-102, 1994
14. 中田 徹：カイコの繭型発現に関する多変量解析と遺伝分析への応用, 日本蚕糸学会第67回学術講演会要旨集：68, 1997, 東京
15. Rama Mohana Rao, P., Nakada, T. and Datta, R. K.: Clustering of polyvoltine breeds of the silkworm, *Bombyx mori* by image processing method: Significance of cocoon shape and weight variables. Indian J. Sericulture, **36**：1997. (in press)
16. Ryu, K. S. and Nakada, T.: Sex-Discrimination of Silkworm Pupa, *Bombyx mori* with Image Analyzer. Korean J. Seric. Sci. **35**(2)：105-113, 1993
17. 武井隆三・中本 浩・中垣雅雄・小平律子・長島 栄

一：カイコにおける繭型の遺伝分析, 日本蚕糸学会第60回学術講演会要旨集：53, 1990, 上田

### Summary

The mulberry silkworm, *Bombyx mori*, is characterized by spinning a cocoon before pupation of larvae. There are many local silkworm strains maintained as a material for practical breeding and basic studies in biology at experimental stations worldwide. Each strain has diversely complicated cocoon shapes, such as spherical, elliptical, spindle, peanut shell and other types. This may reflect the cross section of genetic differentiation and local race formation of silkworms spread around the world.

It is difficult to analyse the inheritance of cocoon shape. As a matter of facts, the measurement of cocoon shape is troublesome work and its difficulty has prevented the development of genetic analysis. Recently the author has developed a new simple image processing system which linked a CCD camera with a personal computer for an accurate and rapid measurement of some morphological traits in the silkworm. The cocoon shape variables measured are long and short diameters, cross-sectional area, volume and short/long ratio. These measurements were carried out after weighing individual pupal and cocoon shells of each strain.

The similarity of cocoon shape among silkworm strains was statistically analysed by a method of multivariate analysis, and classified into groups. In this case two kinds of variable combinations were compared by use of dendrogram drawn after the cluster analysis. The first trial consists of 6 variables including cocoon shape and weight, and the another one is 5 variables referring to cocoon shape only. The result of each analysis was illustrated, and the difference between both clusters mentioned above, was statistically insignificant. This suggests that the cocoon shape analysis, except for the weight factor, may be available to compare the degree of similarity based on its genetic differentiation of silkworm strains.

As a result of the principal component analysis on cocoon shape, it is clear that the first component contains the variable to size factor and the second component deals with shape factor. Each of their contribution ratio of eigen value has shown to be

63% and 35% respectively.

In conclusion, these results of statistical analysis may be useful to evaluate the genetic differentiation and procedure of local race formation of silkworm strains around the world.