次代検定林における情報制度の向上

次代検定林における情報精度の向上

I 試験担当者

生物機能開発部遺伝科集団遺伝研究室　　明石孝輝・金指あや子

II 要　旨

次代検定林のデータ解析からの情報を，より有効に育種事業に活用するために，その取り扱いに関し技術開発を行った。立地条件により歪められたデータの処理の方法，及び各系統が植栽されるであろう地域を総合した各系統の評価の方法と，その電算機プログラムを開発した。さらに，検定林の植栽材料の成長にともない，調査経費の面から省力が要求されるので必要なデータ数等について考察し，また，省力的な樹高測定についての手法を開発した。今後の設定法に関し，いろいろな条件下に設定された検定林のデータ処理について解析例を示し，情報を提供した。

III 試験目的

多くの次代検定林のなかには部分的もしくは全体として適地の誤り等が原因で，データ収集に問題のある場合がある。また，立地変動の大きい試験地で，適切な系統配置が行われていないときには，各系統の諸形質の平均値に歪みを与える。このようなデータを用いて各系統の評価を行っても，これら種苗が植栽されるであろう実際の造林地の成績と，かけ離れた結果となり役に立たない。このような場合は，それらのデータの取捨選択や修正等を行わなければならない。また，系統評価は１検定林のみの成績で評価すべきでなく，その系統が植栽されるであろう地域の複数検定林を総合した成績で評価すべきである。したがって，複数検定林を総合した成績で各系統を評価する方法と，その電算機プログラムの開発が必要である。また，省力的な面から必要なデータ数に関する情報や，能率的な樹高測定についての手法が必要である。以上のような問題点について，林木育種場や近県の協力を得て技術開発を行った。

IV 試験の方法と結果

1．スギのサシキクローンと立地との交互作用

複数系統の成長比較の良否において，各系統の成長が立地条件が異なることにより違った反応を示す場合は，立地ごとに各系統を植え分ける必要がある。立地条件の良否は植栽

地の違いにもとづく場合と，1植栽地内において生じる場合がある。1植栽地内での各系統の立地に対する反応量が小さいときは，1検定林内で立地の違いにこだわることなくデータ収集を行ってもよく，また，あらゆる立地条件下に満遍なく植栽する必要もない。各系統の立地に対する反応量の相対的な大きさは，統計的に系統と立地の交互作用の大きさで示される。しかし，この値は一般の次代検定林で設定されている乱塊法のデータからは算出できない。このため神奈川県に設定されている単木混交植栽のスギクローン検定林のデータを用いて検討した。

1）材料と方法

データは神奈川県足柄上郡松田町寄に1976年5月に設定された関・神4号検定林から得た11年の成長期間を経た樹高である。土壌は森林褐色土（B_D型）である。表1に各クローン名と植栽本数とデータ数を示した。

2）結果及び考察

表1のクローン別平均値にみられるとおり，最高の成長を示したのは中5号の671.1cmで，最低は丹沢5号の298.6cmであり，その差は大きく前者は後者の2倍に達し，クローン間差は統計的にも有意であった（表2）。検定林内に大きな立地差が認められたので，現地の踏査結果と，図面上に記載されたデータの大きさにもとづき，検定林内の立地区分を行った。その結果，3ブロックに立地区分された。各ブロックごとのデータ数が2個以上得られた34クローンを対象として立地によるクローンの成長反応の違いについて分析した。ブロック別平均値はブロック1が525.9cm，ブロック2が543.5cm，ブロック3が419.7cmであり，ブロック3が他の2ブロックよりも100cm以上も小さかった。立地とクローンの交互作用は，立地ごとのクローン別データ数が同一であれば，個々のデータを用いて副次級のある2元分類の分散分析で求められる。しかし，一定でないので，第一段階としてブロックごとクローン別平均値（プロット平均値）をデータとして2元分類の分散分析を行った。結果は表3のとおりであり，当然であるが主効果の立地とクローンは有意であった。この分散分析の誤差が，立地とクローンの交互作用に相当する。なお，この誤差の平均平方の期待成分には，いわゆる交互作用分散と，プロット内個体分散のプロット内データ数分の1を含む。したがって，この誤差を交互作用として検定するためには，別途，プロット内個体分散と，プロット内のデータ数代表値を求めなければならない。前者は3ブロックと34クローンで区分された要因，いわゆるプロットを要因とした分散分析の誤差として求めることができる。後者はブロックごとクローン内のデータ数の調和平均値である。求めたプロット内個体分散と，データ数の調和平均値は表3の下に示した。交互作用の有意性は，前述の理由からプロット内個体分散をデータ数代表値で割った値を用いて検定される。検定結果のF値は表3に示すとおり1.386であり有意ではなかった。このように統計的に交互作用は有意ではなかったが，存在すると仮定した場合の大きさを，交互作用分散の寄与率で検討した。表3の平均平方の期待成分に従い求めた結果，クローン間分散37.

2%，プロット内個体分散59.5%，交互作用分散3.3%であり，交互作用分散の寄与は極めて小さいことが明かであった。さらに，ブロックごとのクローン平均値で，ブロック相互の相関図を見ることにより，各クローンの立地に対する成長反応の違いを確かめた（図1）。ブロック1とブロック2の相関係数0.852，ブロック1とブロック3の相関係数0.690，ブロック2とブロック3の相関係数0.839であり，ブロック1とブロック3の相関係数0.690がやや小さい値であった。この理由は，図1のブロック1とブロック3の相関図に見られる通り，ブロック1で最小の平均値を示したクローンがブロック3では，それほど小さい値でなっかたことに原因がある。しかし，このクローンのブロック1におけるデータは，2個のデータの平均値として得られたものであり信頼性が低い。そこで，このデータを除いて相関係数を求めると0.806となり，他の2者と大差ない値となる。以上のことから立地とクローンの交互作用は極めて小さいと判断された。

（明石孝輝・金指あや子）

2．系統あたりの必要標本数

母樹家系ごとやクローンごとに最少限何個のデータがあれば，目的とする精度で平均値を得ることができるか，調査労力の面から等，問題とされる。スギクローンの単木混交植栽の場合の2例と，スギ母樹家系の乱塊法植栽の1例について検討した結果について述べる。

1）スギサシキクローンの単木混交植栽の場合

（1）材料及び方法

単木混交植栽の場合の第1の例は前項で述べた材料である。第2の例は神奈川県津久井郡藤野町牧野姫松1298に1983年に設定された関・神・9号検定林の6年の成長期間を経た樹高である。この検定林には精英樹のサシキクローンの他，自然受粉家系が植栽されている。表4に各系統名と，クローンと家系のそれぞれについての個体数を記載した。

（2）結果及び考察

標本数は各系統の平均値をどの程度の精度で推定するかということと，平均値を得る際の各データのばらつきの大きさで定まる。クローン平均値に関し第1の例についてまず検討する。クローンごとの平均値をx，必要とする信頼度に相当するt表の値をtとし，データのばらつきをあらわす誤差分散をσ_e^2とすれば，平均値xの信頼区間は次式であらわされる。

$$x = t\sqrt{\sigma_e^2/n}$$

この平均値の95%信頼区間を，どの大きさの範囲におさめるかの値をeとして相当するnの値を求めれば必要な標本数となる。

$$n > t^2\sigma_e^2/e^2$$

この式においてtには近似的に2を用いるので，標本数を決定するための一般式は次の

とおりとなる。

$n > 4\sigma_e{}^2 / e^2$

誤差分散は表２の誤差の平均平方が該当するので，平均値の95%信頼区間を，どの大きさの範囲におさめるかの値ｅを定めれば標本数ｎは決定される。このｅの値は，育種を実行する人が必要に応じ任意に定めればよい。例えば，検定林全体を通じて樹高が約500cmであったから，その10%の範囲の50cmをｅの値とすれば，

$n > 4 \times 13913.6 / 50^2$

$n > 23$

となり，23データ以上でよいことになる。

立地の比較的均一な検定林における誤差分散は，表３の下に示した立地ごとクローン内の個体分散が，その１例として該当する。この値で同様にして標本数を求めると，

$n > 4 \times 10733.316 / 50^2$

$n > 17.17$

となり，立地条件の比較的均一なところでは18データでよいことになる。

以上は，各クローンの平均値の信頼区間を基準において考えた。しかし，クローン平均値間の差を有意水準５%で検出しようとすれば，差の分散は，元の分散の２倍となることから，必要な標本数も２倍となる。したがって，立地変化の大きいところでは46データ以上，立地の比較的均一な検定林では36データ以上となる。

第２の例（表４）は６成長期間のデータでクローン平均値は217.6cmであった。この分散分析の結果は表５のとおりであり，誤差の平均平方は3567.202である。前例と同様に，平均値の95%信頼区間を，その約10%の範囲22cmでよいとして標本数を試算すると，

$n > 4 \times 3567.202 / 22^2$

$n > 29.5$

であり，必要標本数は30データとなり，前例よりもやや大きい値となる。これは前例で平均値の95%信頼区間を平均値の10%である50cmとしたのに対し，今回の例では平均値が小さく，その10%の22cmとしたためである。後者の例では成長量の増大にともない今回の22cmは，もっと大きい値になるから必要標本数は減少する。なお，標本数を増加させるほうに働く誤差分散も成長量の増大にともない大きくなるが，成長量と比例するほど大きくはならない。また，この第２の例でも立地区分を考慮すると必要標本数は減少する。

２）スギの実生家系の単木混交植栽の場合

（１）材料及び方法

材料は前項の第２の例に示した（表４）。標本数の試算の方法についても，これまでの場合と同様である。

（２）結果及び考察

全家系を通ずる平均値は，307.7cmであり，分散分析表は表６のとおりであり，誤差分散は5087.355である。前例と同様に，平均値の95%信頼区間を，その約10%の範囲31cmでよいとして標本数を試算すると

$n > 4 \times 5087.355 / 31^2$

$n > 21.17$

であり，必要標本数は22データとなる。この値は，前述した同じ検定林に植栽されたクローンの場合の必要標本数の30データよりも小さく矛盾する。この理由は，平均値の95%信頼区間の許容範囲をサシキクローンの場合の22cmより大きい，平均値307.7cmの10%，31cmとしたためである。すなわち，実生家系の場合もクローンの場合と同様に許容範囲を22cmとすれば，必要標本数は43データとなり，サシキクローンの場合よりも大きい数となる。以上の例では，平均値の95%の信頼区間の許容範囲を，得られるであろう平均値の10%として試算した。しかし，この値に根拠があるわけではなく，その大きさは育種実行上で，必要に応じ定めるべき値である。

３）スギの実生家系を乱塊法植栽した場合

（１）材料及び方法

1986年に千葉県夷隅郡大多喜町に設定された関・千・３号検定林の５年生時のデータを用いた。反復は斜面の上下に区分されており，乱塊法として反復間変動を大きく誤差を小さくすることを配慮した理想的配置である。植栽材料は精英樹の24家系とクモトオシ，キジン，トミスギ，ジスギの在来種である。表７に各系統名と反復ごとのデータ数を示すが，系統によってはデータ数が２個と極めて少ないものある。

（２）結果及び考察

反復ごと系統別平均値（プロット平均値）をデータとして分散分析した結果，表８に示すように，系統間差は樹高，胸高直径ともに有意でなかった。この理由として，斜面と直角方向の立地変化が，反復内のプロット間変動を大きくしたことが考えられる。そこで，各反復について立地変化に関してのデータ修正を行った。方法は，植栽配置の一方の端に基点をとり，その点から各プロットまでの距離を説明変数として，各プロット平均値を従属変数とした重回帰式[1)]で各プロットについての立地効果を推定した。この推定値と実際のプロット平均値との差を，そのプロットの効果として修正値を得た。しかし，有意な重回帰式が得られ，それを用いて修正したにもかかわらず修正後のデータについの系統間差は認められなかった。

系統間差の認められなかったもう一つ理由として，プロットごとのデータ数の不足が考えられる。そのことを明らかにするためにプロット平均値をデータとして，反復間の相関図を作成しデータ数の影響を調べた。樹高の例を図２に示すが，三角印のついたものは，３反復を通じ10個以下のデータのあった系統であり，四角印のついたものは，同様の考えで11以上20個未満のデータのあった系統，丸印は20個以上の系統である。同図を通覧すれば明らかなようにデータ数の少ない系統ほど反復によるばらつきが大きい。ただし，丸印

とおりとなる。

$n > 4\sigma_e^2 / e^2$

誤差分散は表２の誤差の平均平方が該当するので，平均値の95%信頼区間を，どの大きさの範囲におさめるかの値ｅを定めれば標本数ｎは決定される。このｅの値は，育種を実行する人が必要に応じ任意に定めればよい。例えば，検定林全体を通じて樹高が約500cmであったから，その10%の範囲の50cmをｅの値とすれば，

$n > 4 \times 13913.6 / 50^2$

$n > 23$

となり，23データ以上でよいことになる。

立地の比較的均一な検定林における誤差分散は，表３の下に示した立地ごとクローン内の個体分散が，その１例として該当する。この値で同様にして標本数を求めると，

$n > 4 \times 10733.316 / 50^2$

$n > 17.17$

となり，立地条件の比較的均一なところでは18データでよいことになる。

以上は，各クローンの平均値の信頼区間を基準において考えた。しかし，クローン平均値間の差を有意水準５%で検出しようとすれば，差の分散は，元の分散の２倍となることから，必要な標本数も２倍となる。したがって，立地変化の大きいところでは46データ以上，立地の比較的均一な検定林では36データ以上となる。

第２の例（表４）は６成長期間のデータでクローン平均値は217.6cmであった。この分散分析の結果は表５のとおりであり，誤差の平均平方は3567.202である。前例と同様に，平均値の95%信頼区間を，その約10%の範囲22cmでよいとして標本数を試算すると，

$n > 4 \times 3567.202 / 22^2$

$n > 29.5$

であり，必要標本数は30データとなり，前例よりもやや大きい値となる。これは前例で平均値の95%信頼区間を平均値の10%である50cmとしたのに対し，今回の例では平均値が小さく，その10%の22cmとしたためである。後者の例では成長量の増大にともない今回の22cmは，もっと大きい値になるから必要標本数は減少する。なお，標本数を増加させるほうに働く誤差分散も成長量の増大にともない大きくなるが，成長量と比例するほど大きくはならない。また，この第２の例でも立地区分を考慮すると必要標本数は減少する。

２）スギの実生家系の単木混交植栽の場合

（１）材料及び方法

材料は前項の第２の例に示した（表４）。標本数の試算の方法についても，これまでの場合と同様である。

（２）結果及び考察

全家系を通ずる平均値は，307.7cmであり，分散分析表は表６のとおりであり，誤差分散は5087.355である。前例と同様に，平均値の95%信頼区間を，その約10%の範囲31cmでよいとして標本数を試算すると

$n > 4 \times 5087.355 / 31^2$

$n > 21.17$

であり，必要標本数は22データとなる。この値は，前述した同じ検定林に植栽されたクローンの場合の必要標本数の30データよりも小さく矛盾する。この理由は，平均値の95%信頼区間の許容範囲をサシキクローンの場合の22cmより大きい，平均値307.7cmの10%，31cmとしたためである。すなわち，実生家系の場合もクローンの場合と同様に許容範囲を22cmとすれば，必要標本数は43データとなり，サシキクローンの場合よりも大きい数となる。以上の例では，平均値の95%の信頼区間の許容範囲を，得られるであろう平均値の10%として試算した。しかし，この値に根拠があるわけではなく，その大きさは育種実行上で，必要に応じ定めるべき値である。

３）スギの実生家系を乱塊法植栽した場合

（１）材料及び方法

1986年に千葉県夷隅郡大多喜町に設定された関・千・３号検定林の５年生時のデータを用いた。反復は斜面の上下に区分されており，乱塊法として反復間変動を大きく誤差を小さくすることを配慮した理想的配置である。植栽材料は精英樹の24家系とクモトオシ，キジン，トミスギ，ジスギの在来種である。表７に各系統名と反復ごとのデータ数を示すが，系統によってはデータ数が２個と極めて少ないものある。

（２）結果及び考察

反復ごと系統別平均値（プロット平均値）をデータとして分散分析した結果，表８に示すように，系統間差は樹高，胸高直径ともに有意でなかった。この理由として，斜面と直角方向の立地変化が，反復内のプロット間変動を大きくしたことが考えられる。そこで，各反復について立地変化に関してのデータ修正を行った。方法は，植栽配置の一方の端に基点をとり，その点から各プロットまでの距離を説明変数として，各プロット平均値を従属変数とした重回帰式[1]で各プロットについての立地効果を推定した。この推定値と実際のプロット平均値との差を，そのプロットの効果として修正値を得た。しかし，有意な重回帰式が得られ，それを用いて修正したにもかかわらず修正後のデータについの系統間差は認められなかった。

系統間差の認められなかったもう一つ理由として，プロットごとのデータ数の不足が考えられる。そのことを明らかにするためにプロット平均値をデータとして，反復間の相関図を作成しデータ数の影響を調べた。樹高の例を図２に示すが，三角印のついたものは，３反復を通じ10個以下のデータのあった系統であり，四角印のついたものは，同様の考えで11以上20個未満のデータのあった系統，丸印は20個以上の系統である。同図を通覧すれば明らかなようにデータ数の少ない系統ほど反復によるばらつきが大きい。ただし，丸印

の中の西畑1号のみは，データ数の多いグループに入るが反復間のばらつきが大きく立地変化に特異の反応を示す系統である可能性もある。データ数の少ない系統を順次除去しながら分散分析を行った結果，系統変動の寄与は逐次大きくなり（表9），データ数不足が原因で系統間差を見いだせなかった大きい理由であることが明らかにされた。また，そのため重回帰式による立地修正の効果が認められなかったことも理解される。すなわち，重回帰式による立地修正は検定林内の立地変化の影響を取り除くものであり，データ数の不足，いいかえれば，標本抽出誤差に対しては無関係であるためである。

乱塊法における系統平均値の標準誤差は反復数r，プロット内個体数n，プロット間分散σ_p^2，プロット内個体分散σ_e^2とすれば次式であらわされる。

$$s_x=\sqrt{\sigma_p^2/r+\sigma_e^2/(rn)}$$

この式から系統平均値の95%信頼区間を，どの大きさの範囲におさめるかの値をeとして相応する反復数rとプロット内個体数nを求める式が得られる。なお，試験地設定時においては，プロット間分散σ_p^2，プロット内個体分散σ_e^2は未知であるから，別の試験で得られたデータから推定して用いなければならない。

$$e>t^2\sigma_p^2/r+t^2\sigma_e^2/(rn)$$

すなわち，この式により許容範囲のeより小さくなるrとnを求めればよい。同式にみられるとおり，プロット内個体分散σ_e^2は反復数rとプロット内個体数nの積で割られるのに対し，プロット間分散σ_p^2は反復数rで割られるのみだから，平均値のばらつきに与える影響は，一般的にはプロット間分散のほうが大きい。しかし，本例のように，あまりにもデータ数の少ないプロットの存在する場合は，プロット内個体数の影響が生じる。

なお，このようにプロット内の個体数の不足による影響の生じる現象は，クローンを植栽した乱塊法では生じにくい。すなわち，クローンの場合のプロット内の個体変動は，実生家系と異なりプロット内のミクロな環境変動のみであり，遺伝変動が加わらないためである。以上のように，実生家系の場合の1プロット内のデータ数は20個以上が望ましい。

（明石孝輝・金指あや子）

3．同一母樹群の実生家系の成長とサシキクローンの成長の関係

1）単木混交植栽による検定林の場合

（1）材料及び方法

各精英樹を実生苗木とサシキ苗木で植栽した場合，両者とも成長の順位は大きく変わらないだろうと予想されている。このことについて，前述した同一精英樹群についての自然受粉家系とクローンを単木混交植栽した表4の関・神・9号検定林のデータで検討した。同表に示した植栽系統に家系とクローンを併記してあるものの中からデータが，それぞれ3個以上得られたものを用いた。

（2）結果及び考察

同一母樹から実生家系とサシキクローンが得られた20組についてクローン平均値をX軸に，実生家系平均値をY軸にとり散布図を示した（図3）。相関係数は−0.044で無相関とみなされる。しかし，特に実生とクローンで飛び離れた値を示す足柄下9号を除いて相関係数を求めると0.173となる。このような相関係数は，植栽材料が無作為集団の場合は，その2倍の値が狭義の遺伝率に相当する。この試験での2倍値0.346は，これまで報告された狭義の遺伝率の大きさと比較し小さいとはいえない。しかし，足柄下9号のような精英樹は他にも存在するであろうから，精英樹系統のクローンもしくは実生家系としての評価は，やはり独立して行うべきである。

実生家系とサシキクローンの成長の違いは，相加的遺伝効果が小さい場合の他，次のようなことが考えられる。実生家系の成長を歪める原因に劣性主働遺伝子の関与がある。また，サシキクローンの成長を歪める原因にサシキ発根性の良否がある。さらに，この発根性の良否とも関係するが，サシキクローンが実生家系よりもサシ穂から出発し育苗されたので樹齢が高いという問題点がある。

（明石孝輝・金指あや子）

4．データの精度向上

一般の次代検定林は乱塊法で設定されているが，この方法の原則は，前述したようにマクロな立地変動を，反復間変動として取り除き誤差変動を小さくすることにより，系統間差の検出精度を高めることをねらいとしている。しかし，林内試験地における立地変化は複雑であり，設定時に反復間に生じるであろうと予想した立地変化が生じず，予想外の立地差が調査時に明らかになることがある。この場合，立地変化が漸次生じている際のデータ修正には，重回帰式による方法がある。その適用によりデータの精度向上が顕著であった1例について述べる。また，立地変化が不連続な場合に用いる方法として，乱塊法として予定した反復内をさらに区分して反復数を増加させた形で分析した結果，精度向上が認められた1例を示す。

1）スギサシキクローンの乱塊法植栽の場合

（1）材料及び方法

材料は熊本局熊本営林署桜ケ水国有林5い林小班に設定された熊本署第4スギ次代検定林のスギサシキクローンの樹高についての10年生時のデータである。この検定林は乱塊法として，反復を斜面の上下にとり，マクロな立地変動が取り除けるように配置した。しかし，反復以外にもマクロな立地変動が生じることが予測されたので，その変動を取り除くことができるように，乱塊法の植栽区を挟んで単木混交植栽の立地修正区が配置された。すなわち，図4に示すように乱塊法として大きさ5行×5列＝25本の各プロットを斜面上下に積み重ね，それらを挟む形で立地の影響を捉え，データを修正できるように5列ずつ

の単木混交の列が配置されている。漸次変化している立地の影響を推定する重回帰式は次のように求めた。

単木混交の列も図面上で両隣の乱塊法のプロットの大きさにあわせ，5行×5列に区分し平均値を求める。この平均値群（以下，単木混交のプロットと呼ぶ）と乱塊法の各プロット平均値は，図面上で列方向と行方向に隙間なく並べられた形となる。この全プロットに行方向と列方向に左下から順次番号を与える。各プロット平均値に影響を与えている行方向や列方向等に漸次変化している立地変化は，この番号と，その2者によってつくられる斜め方向の番号を説明変数として，各プロット平均値を従属変数とした重回帰式で推定する。推定値と実測値の差が，マクロな立地効果を取り除いた，当該プロットのミクロな環境効果を含むクローンの効果である。乱塊法として植栽されたクローン名とクローン別プロットごとのデータ数は表10のとおりである。なお，単木混交として植栽された材料は，乱塊法として植栽された材料と同じクローンを混交したものであるが，データ数等についての説明は省略する。

（2）結果及び考察

立地変化を捉えるために得られた重回帰式は次のとおりである。

説明変数としてプロット配置における行番号X_1及び列番号X_2の他，プロット配置の左下から右上への斜め方向にランクされた番号X_3，右下から左上への斜め方向にランクされた番号X_4，さらに，それら4方向へ曲線的な変化を推定するものとして2次項から4次項を取入れ，回帰分析を行い残差平方和が最小となる重回帰式を求めた。この重回帰式は表11に示すように統計的に有意であり，得られた重回帰式は次のとおりである。

$$Y=-29.13329X_1+8.51388X_1^2-1.08322X_1^3+0.04611X_1^4+0.83354X_2^2$$
$$-0.05937X_2^3-15.77263X_4+3.42355X_4^2-0.24804X_4^3+0.00560X_4^4+74.26448$$

なお，この式の算出に際し，説明変数のデータとして入力するものは，各プロット位置に関する行番号X_1及び列番号X_2だけであり，その他の変数は，プログラムの中で算出されるので入力に際し大きな手間とはならない。式の各項を通覧すれば明らかなように結果的には変数X_3に関するものは取り入れられなかった。

修正前後のデータについて求めた分散分析の結果は表12のとおりである。すなわち，修正前に認められなかったクローン間差が，修正後に顕著に認められた。反復ごとのクローン平均値が，修正の前後においてどのように変化したかを知るために，反復ごとのクローン平均値をデータとして反復間の相関関係を求めた結果は図5のとおりである。

図5中に示したように修正前においては反復相互間の相関係数3個のうち，2個までがマイナス相関であった（反復1と反復2の相関係数＝－0.049と反復1と反復2の相関係数＝－0.308）のに対し，修正後においてはいずれの反復相互間も0.5以上のプラスの相関係数となっている。このように修正の効果は非常に有効であった。

この項では「スギサシキクローンの乱塊法植栽の場合」として述べたが，立地変動を取

り除くための単木混交植栽区を設置していたので一般の乱塊法だけでの場合の結果とは異なる。乱塊法だけへの適用例については，参考文献[2]を参照願いたい。

2）乱塊法の反復の再区分による精度向上

（1）材料及び方法

大阪局倉吉営林署大峰国有林58ぬ$_2$林小班に設定された関西林木育種場山陰支場管内の西山大第7号検定林を対象とした。この検定林にはスギサシキ40クローンが3反復の乱塊法で植栽されている。その15年生時の樹高と胸高直径のデータを用いた（表13）。図6，7にプロット配置を示した。太線は反復界であり，細線でプロット界を示した。両図内のプロットの中のヒストグラムは樹高及び胸高直径のプロット平均値である。以下に述べる分析は，この各プロット平均値をデータとして行った。両図の中の各反復を破線で区分したのは，現地調査と図面上で判断した立地区分である。後に，この区分により各反復を2分して6反復とみなし分析することとした。

（2）結果及び考察

設定時の3反復の乱塊法として2元分類の分散分析を行った結果は表14のとおりである。樹高，胸高直径ともにクローン間差は有意でない。前述したように，図6，7の太線で示した反復内を立地差の観察から各反復を2分し，反復1を新しく反復1，2，反復2を新しく反復3，4，反復3を新しく反復5，6とした。したがって，新しい6反復においては，各クローンとも，3反復の中に存在するだけで，残りの3反復については必ず欠測となる。したがって，本例の場合，欠測数は実在数と同数の240である。このようなデータには一般の2元分類の分散分析は適用できない。そのため次に述べる方法で欠測値の補正を行い分析した。

データX_{ij}をi反復のjクローンのデータとすれば，その数学的モデルは次式であらわされる。

$$X_{ij}=m+b_i+s_j+e_{ij}$$

この式におけるmは，全データを通じる平均値であり，b_iはi検定林の偏差効果，s_jはjクローンの偏差効果，e_{ij}はi反復のjクローンのデータにともなう誤差である。実在の各データにこのモデルをあてはめ，最小2乗法により変数b_iと変数s_jを推定し，各欠測値に該当するb_iとs_jにmを加え補正値を得る。補正後のデータについて参考分献[3]の方法により分散分析した結果は表15のとおりであり，両形質ともにクローン間差は有意である。また，クローン間分散の全分散に対する寄与率は修正前で樹高9.9%，胸高直径17.5%であり，修正後で樹高43.6%，胸高直径47.6%と向上し，修正効果が明らかである。さらに，誤差の減少率で精度効率をみると樹高308.1%と胸高直径268.6%と向上量が大きい。

データ補正により，6反復としたことにより，各クローン平均値も，設定時の3反復で求めた値と異なってくる。はたして，修正によって各クローンの平均値の信頼性が高まっ

たがどうか次の方法により確かめた。

西山大第７号検定林に植栽された40クローンのうち，23クローンは西山大第８号検定林（大阪局川本営林署大峰国有林58ぬ$_2$林小班）にも植栽されている。この検定林のデータは，クローン間差に有意性が認められており，信頼性が高い（表16）。そこで，ここで得られた修正前後の23クローンの各平均値と，西山大第８号検定林の23クローン各平均値との相関を求めてみた。結果は図８（樹高）と図９（胸高直径）に示すとおりであり，修正後の各クーロンの平均値が，修正前の各クローンの平均値よりも対角線上に集まり，修正により西山大第８号検定林のクローン平均値との相関が向上した。この２検定林間において，いずれか一方の成長量から，一方の成長量を説明する大きさは全変動に対する共変動の寄与率で示されるが，この値は相関係数の２乗である。したがって，樹高で修正前10%，修正後29%，胸高直径で修正前16%，修正後35%と両形質ともに向上し修正効果が顕著に認められた。

（明石孝輝・金指あや子）

５．三重格子法による次代検定林

前項では乱塊法による次代検定林の反復をさらに区分して，反復数を立地条件に併せて多くすることにより，データの精度向上をはかった。三重格子法は乱塊法の反復の中をあらかじめ立地条件に併せ小区分して設定する方法である。計画的な区分であるため，その計算も最小２乗法によるのではなく，一定の手順により解析される。本文では，開発した三重格子法によるデータ解析の電算機プログラムと，三重格子法により得られた次代検定林データの解析例について述べる。

１）三重格子法の概要と解析プログラム

９系統を配置する場合の三重格子法の例を図10により説明する。反復は，その名のとおり，必ず３反復である。その中の小区分をブロックとよぶ。反復内ブロック数の２乗が系統数である。図10の反復１（Ｘ群）と反復２（Ｙ群）及び反復３（Ｚ群）の相互で次のような関係がある。反復１のブロック１に配置された系統群ａ，ｂ，ｃは，反復２及び反復３の各ブロックの中に１系統ずつ必ず配置される。このような関係は，いずれの反復のどのブロックの系統群についても成立する。ただし，図10の系統配置はあくまでも基本配置であり，実際の配置においては，反復内のブロックと，ブロック内の各系統の配置はランダム化しなければならない。ランダム化しない場合は，図10にみられるようにａ系統が必ず左上隅に配置されるようになり系統評価が損なわれる。なお，三重格子法は16系統（４×４），２５系統（５×５），36系統（６×６）等，逐次，系統数を増加できるような基本配置が開発されている。解析用の電算機プログラムはフォートランで作成したが，いずれの配置に対しても適用できる。

（１）データ入力の仕方

ａ，データの名前

次代検定林の名称や調査年月等，データ識別のための任意名を１行80カラム中に入力する。

ｂ，ブロックごとの系統数の入力

上記例ならば３，その他４，５，６等を10カラムに右詰めで入力する。

ｃ，系統名の入力

各系統名を系統数だけ５カラム中に順次入力する。

ｄ，系統配置の入力

反復１から反復３までの系統配置に従い，ブロックごとの系統名を入力するが，ブロックごとに改行する。

ｅ，データの入力

各データをｄの系統配置に従い同様の順序で入力する。ブロックごとに改行し，入力することも同様である。

（２）印刷される結果

ａ，系統名一覧表

ｂ，系統配置一覧表

ｃ，データ一覧表

ｄ，乱塊法としての分散分析表

ｅ，各系統の平均値と三重格子法により修正された系統平均値

ｆ，三重格子法の分散分析表

ｇ，三重格子法を行ったことの効率

２）三重格子法の検定林データについての分析結果

（１）材料

関西林木育種場管内に設定されているの三重格子法の６箇所の次代検定林と２箇所の遺伝試験林のデータの分析を行い，精度向上を検討した。各検定林の名称は表17に示した。

（２）結果及び考察

表17に示した効率は，三重格子法による場合の有効誤差分散と乱塊法による場合の誤差分散との比率である。この値の大きいほど三重格子法を用いたことによる有効性の高いことを示す。この中で，最高はヒノキ遺伝子試験林の155.7%で，最小は西大阪７号の101.6%である。この両検定林の効率の差は，反復内のプロット配置の違いによると考えられるので，プロット配置を検証してみた。結果は図11のとおりであり，遺伝子試験林ではブロックごとのプロット平均値が似た大きさであるのに対し，西大阪７号検定林はそうでなくばらばらの大きさの傾向を示している。このように，三重格子法による場合は，反復内の立地変化を，ブロックで区分することにより，ブロック変動として取り除くことが大切である。なお，表17に示した効率と検定結果のＦ値の大きさの傾向とは一致しない。すなわち，効率の最高であったヒノキ遺伝試験林はＦ値が１以下であり，これに対し，最低の西

大阪7号検定林のF値は極めて大きい。この理由は，三重格子法においては，検定誤差を減少させるだけでなく，系統平均値を修正するので，その結果として系統間変動が減少する場合があるからである。しかし，一般的には，効率とF値は同時に上昇するものであり，本試験の中でも，西大阪2号，8号，9号，10号がその傾向を示す。

なお，この試験で用いた西大阪3号と西大阪8号のデータについて樹齢は異なるが，重回帰式による立地修正で精度向上を試みた。この結果よりも今回の三重格子法によるほうが多少なりとも精度が向上した。したがって，この方法により設定された検定林データに関しては，三重格子法による分析を適用し，系統検定と同方法により修正された系統平均値を求めるべきと判断される。

（金指あや子・明石孝輝）

6．複数検定林を総合した系統評価とその電算機プログラム

1）順位づけの考え方

複数検定林を総合した系統の成長の良否に基づく順位づけには二つの方法がある。その一つは，各検定林ごとに系統の順位づけを行い，その順位を複数検定林として平均し系統の順位とする方法である。もう一つは，検定林ごとに系統別平均値を求め，その値を複数検定林として平均して系統の順位をつける方法である。

両方法とも複数検定林が2検定林であれば問題は生じない。しかし，3検定林以上の複数検定林であると，実際には複数検定林のすべてに各系統が共通して植栽されていないので，順位づけに際し次のような問題が生じる。

前者の方法では，共通系統を多く保有する検定林の下位の順位の数値が，共通系統が少ない検定林の下位の順位の数値より大きくなることにより歪みを生じる。

後者の方法は，大きい平均成長を示す検定林に植栽された系統が，小さい平均成長を示す検定林に植栽された系統よりも有利な順位となる矛盾がある。

以上の欠陥を是正するものとして，次の方法により順位づけを行うこととした。

まず，複数検定林の中で，ある系統が任意の数以上の検定林に植栽されていれば系統評価の対象とすることとし，その任意の数を定める。このことにより対象とする系統数が決定されるので検定林と系統との2元表が作成できる。しかし，当然いくつかの欠測値が生じるので，以下に説明する最小2乗法により補正する。

i検定林のj系統のデータをX_{ij}とした場合の数学的モデルを次の線形式であらわす。

$X_{ij}=m+p_i+s_j+e_{ij}$

この式におけるmは，データ全体を通じる平均値であり，p_iはi検定林の偏差効果，s_jはj系統の偏差効果，e_{ij}はi検定林のj系統のデータにともなう誤差である。この式を全データにあてはめ，e_{ij}が最小になるようなmと，検定林ごとに得られるp_i及び，系統ごとに得られるs_jを求める。各欠測値に該当するp_iとs_jにmを加え補正値を得る。

このようにして完全にデータが揃った状態で，順位づけを行う。なお，順位づけを行う検定林の相互間の系統平均値が，どのように似た成長傾向を示しているかを知るために相関行列を作成する。

2）電算機プログラム

電算機プログラムは，上述のように，ある任意の数以上の検定林に植栽されている共通系統について，各検定林ごとに順位を求め，それをもとに複数検定林として順位を求める方法と，最小2乗法で補正し，補正後のデータに基づいて順位を求める方法の2種類を用意した。なお，本プログラムは，MS-DOS N88BASICにより作成した（別表3）。

（1）データファイルの用意

プログラム実行の前に，多くの検定林に植栽され，得られたデータを，あらかじめデータファイルとして作成しておく。その内容は次の2種類である。

A，系統名

検定林に植栽された全ての系統に一連番号をつけ，番号順にその系統名を入力する。

例：
"武儀 4"
"南那珂 5"
"新治 2"
"上都賀 115"
"大井 6"
⋮
以下略

B，測定値

検定林ごとの系統別平均値を系統の一連番号とともに入力する。この場合の入力順序はAで定めた系統の番号順でなくてもよい。検定林と検定林の区切りにはゼロのデータを入力する。この入力順位が検定林の一連番号となる。

例：
1，　15.3　………　検定林NO.1のデータ
2，　12.6
3，　16.0
4，　10.3
⋮
10，　11.8
0，　0
1，　14.5　………　検定林NO.2のデータ
9，　15.0
5，　14.0
7，　14.3

0,　　0
2,　　10.3　　………　検定林NO.３のデータ
3,　　12.2
⋮
以下略

（2）データの入力

プログラム実行時にキーボードより次のように入力する（　の部分）。

A，検定林数

前項（1）Aのデータファイルで用意した検定林数。

例：　　検定林数＝？ 5

B，系統数

前項（1）Bのデータファイルで用意した系統数

例：　　全系統数＝？ 10

C，順位づけの対象とする複数検定林の数と検定林の番号

順位づけを行う複数検定林の数を入力し，続いて該当する検定林の番号を入力する。

例：　　順位づけ対象検定林数＝？ 4

検定林NO.＝？ 1
検定林NO.＝？ 2
検定林NO.＝？ 4
検定林NO.＝？ 5

D，データの出現回数

順位づけを行う複数検定林の中で何回以上出現した系統を順位づけの対象とするかを任意に定めた数。

例：　　共通系統の最低組数＝？ 3

（3）印刷される結果

a，検定林ごとに系統に順位をつけたデータの一覧表

全ての検定林について系統順位をつけて表示するか，任意の検定林について系統順位をつけて表示するか２種類があるので選択する。別表１は全検定林の一覧表の出力例，別表２は，検定林NO.１とNO.４を検定林ごとに出力した例である。

b，検定林相互間の相関行列

複数検定林の中の各検定林の系統別データによる検定林相互間で求めた相関行列を出力する。なお，相関係数は，２つの検定林間で共通する系統のデータについて求め，その時の共通系統の数を（　）内に併記して出力する（別表１）。

C，複数検定林における系統の順位

前述のとおり，２種類の順位づけがあるので選択する。

その一つは，各検定林の系統順位をもとに単純に複数検定林として求めた順位である（別表１）。ここでは，対象とする複数検定林の中で，任意に定めた数以上に出現する共通系統について改めて検定林ごとに順位づけを行い，さらにそれらの複数検定林を通じた平均値より総合して，系統順位を求める。したがって，プログラムのはじめで出力される検定林ごとの系統順位を直接平均して求めた順位とは異なる。

もう一つは最小２乗法による補正値より求めた順位である。この方法による場合は，補正前後のデータ一覧表と，複数検定林を総合した系統順位，及びそれらの系統平均値が出力される（別表２）。

なお，別表１，２の出力例はいずれも，テストデータの検定林NO.１，２，４，５を対象とし，系統が共通して出現する検定林の数を３以上とした場合の結果である。このように同じデータで同じ条件であっても，順位による場合と補正値を加えて得た平均値による場合で，系統の総合順位は若干異なる。

（金指あや子・明石孝輝）

7．樹高の能率的な測定法

検定林の設定後の年数経過とともに樹高測定に多大の労力を必要としている。樹高測定には一般に測桿やブルーメライスで行われている。測桿による方法は，実測に近いことから測定精度が高く能率もよいと考えられるが，実際には，測桿と梢端を平行的に眺める位置を捜すのに手間がかかり，見る方向により相当に大きい誤差を生じる。また，ブルーメライスによる方法は，根元と梢端を測定する位置が制約されるので，その位置を捜すのに手間がかかり，測定木の位置までの距離測定も正確ではない。このようなことから，根元と梢端さえ見えさえすれば，どこからでも測定できる方法を先に報告した[4)]。しかし，この方法では，測定木と測定位置との水平斜距離は必要ではないが，その斜距離を測る必要があった。今回の方法はこの距離測定を省略できるように改良した。

1）方法及び結果

測定木と測定位置との水平斜距離を省略する手だてとして，測定木のところに，基準となるポールを立てる。測定木と高さが既知であるポールを同じ位置から測定することにより測定木の高さを換算して求める。

図12にもとづいて説明すると，測定位置からの根元をみた俯角（θ），基準ポールをみた仰角（α），測定木の梢端をみた仰角（β）及び，測定の必要はないが，測定位置から測定木までの距離ℓ，基準ポールの高さp，樹高の水平線からの高さ差h_2として，以下に説明するように最終的に（5）式により３個の角度α，β，θにより樹高が算出できる。

$\tan\alpha = (p - h_1) / \ell$

$\ell = (p - h_1) / \tan\alpha$ ……………………………………………………（1）

$\tan\theta = h_1 / \ell$

$\ell = h_1 / \tan\theta$ ……………………………………………………（2）

（1）式と（2）式とから

$(p - h_1) / \tan\alpha = h_1 / \tan\theta$

$\tan\theta \cdot p - \tan\theta \cdot h_1 = \tan\alpha \cdot h_1$

$\tan\alpha \cdot h_1 + \tan\theta \cdot h_1 = \tan\theta \cdot p$

$h_1 = \tan\theta \cdot p / (\tan\alpha + \tan\theta)$ ……………………………………（3）

$h_2 / \tan\beta = h_1 / \tan\theta$

$h_2 = (\tan\beta / \tan\theta)\, h_1$

（3）式を代入

$h_2 = (\tan\beta / \tan\theta)\ \{\tan\theta \cdot p / (\tan\alpha + \tan\theta)\}$

$\quad = \tan\beta \cdot p / (\tan\alpha + \tan\theta)$ ……………………………………（4）

したがって樹高（$h_1 + h_2$）は3式と4式から

$h_1 + h_2 = \tan\theta \cdot p / (\tan\alpha + \tan\theta) + \tan\beta \cdot p / (\tan\alpha + \tan\theta)$

$\quad = \{(\tan\theta + \tan\beta) / (\tan\alpha + \tan\theta)\}\ p$ ………………（5）

2）考察

この測定法は3個の角度α，β，θによって決定されるのだから，この角度の測定精度を，どの程度で行えばよいかが問題となる。樹高や基準ポールの高さ及び測定位置までの距離によって異なるが，いくつかの事例をあてはめて試算すると，各角度は0.5度の単位までの測定精度が望ましい。また，測定位置は測定木より斜面上部から行うほうが見やすい。検定林で全数調査を行う場合は，斜面上部へ２列の間を登りながら，下方の両側２個体を測定する。終了したならば次の２列の間を下りながら，下方の両側２個体を測定する。なお，そうでなく下方から上方に向かって測定した場合，根元を見た角度が俯角（θ）でなく仰角となることが生じるが樹高算出の結果は変わらない。

（金指あや子・明石孝輝）

V　ま と め

検定林内の立地とクローンの交互作用の小さかったことと，クローンごとの必要標本数が，比較的少数でよかったことから，単木混交植栽の１検定林でクローン検定を行う場合は，立地変化の少ない箇所を選んでクローンごとに20数個の少数データについて調査すればよいことが示唆される。しかし，実生家系の場合は，クローンが１遺伝子型値を推定するのに対し，多くの遺伝子型の平均値を推定するものであり本質的に異なるので，同様の考えをあてはめることはできない。本試験の結果から，系統平均値の差を検出することを

前提にすれば40数個のデータが必要とされる。また，実生家系を乱塊法で植栽した場合の１プロットごとの標本数は10個以下では，極めて精度の低いことが明らかにされた。

本試験でみられたように実生家系の場合，その平均値に遺伝変動をともなうので家系間差を有意に検出できないことが多くあらわれる。そのような場合には，複数検定林のデータを総合して系統評価に役立てるようにしなければならない。

同一母樹群に由来する実生家系とクローンの苗木を植栽したデータにより求めた，両群間の相関は大きくなかった。原因として実生家系への遺伝的寄与（相加的遺伝効果）が小さいことと，サシキクローンと母樹の成長量が異なった発現をすることの２者が考えられるが，現時点では明らかでない。いずれにしても実生家系の検定と，クローン検定は独立して考える必要がある。この同一母樹群の実生家系とサシキクローンの成長の関係については，さらに追試する必要がある。すなわち，もしもサシキクローンの成長に樹齢加算の影響があるとすれば，精英樹の選抜効果にもその部分の修正が必要となる。また，母樹と実生家系の相関の大きさと，母樹とサシキクローンの相関の大きさを相対的に比較し，その結果にもとづき，第２次精英樹の取り扱い等についても検討しなければならない。なお，確かな情報を得るための試験方法としては，ある母樹群から実生家系とサシキクローンを養成し，２者と母樹群との成長を比較し検討すればよい。

乱塊法で設定された検定林で，反復間に生じるであろうと予想した立地変化が，期待どおりに生じないことの例は多い。また，本文で述べたように反復の中が２分されたような変化があったり，また，特定箇所に障害を生じ，データとして適当でないと判断されることがある。反復の中を２分することについは本文で述べたが，後者のデータを取捨選択する事例については，本文では述べなかった。しかし，方法としては，不適当と判断されたデータを除外し，同じように欠測値として最小２乗法で補正して分析すればよい。このようなデータの取捨選択は，調査時に造林地との対応を考えた技術判断にもとづくことが重要である。なお，この試験の中で，修正前後のデータを，他の精度の高い検定林のデータと比較し相当の大きさの相関係数を得た。植栽地の異なる２箇所での相関係数の大きさは，その値が大きい程，クローンと植栽地の交互作用の小さいことを示すものであるが，本試験で得られた値（樹高 $r = 0.534$，胸高直径 $r = 0.591$）は相当に大きく，地域内の設定すべき検定林数がそれほど多くなくてもよいことを示唆するものであり注目に値する。

乱塊法の間に立地修正区を配置した次代検定林のデータは，本報告に述べた方法を適用し系統評価を行うべきである。もちろん，立地による影響を取り除かなくても充分な精度を持つ場合も考えられるが，その立証は，検定林ごとの平均値をデータとして，検定林相互間の相関係数の大きさから判定できる。

三重格子法による次代検定林は今後の設定に取り入れるべきである。これまで，この方法が利用されなかった原因に，欠測値が生じた場合の補正が困難視されたこともある。しかし，現在では電算機の普及にともないこの問題は解決しているので，今後の検定林の設

定計画では積極的に取入れて差し支えない。

（明石孝輝・金指あや子）

引用文献

1）明石孝輝：重回帰式利用による試験地内のマクロな立地効果の除去，林試研報，280，47〜55，1976

2）松崎智徳・明石孝輝：次代検定林の反復区分の変更と立地修正によるデータの精度向上，39回日林関東支論，87〜88，1987

3）George W. Snedecor & Wiliam G. Cochran （畑村又好他共訳）：スネデカー，コクラン統計的方法，546pp，岩波，東京

4）北村系子・明石孝輝：樹高を能率よく測定する方法，林業技術，NO.557，38〜40，1988

表１．関・神・４号検定林のクローンごとの植栽本数と現存数及び平均樹高

番号	クローン名	植栽本数	本数	平均値 cm	番号	クローン名	植栽本数	本数	平均値 cm
1	足柄上２号	48	44	538.8	20	箱根１号	46	41	475.9
2	足柄上４号	38	33	550.0	21	箱根３号	48	40	563.5
3	足柄下４号＊	29	9	346.7	22	箱根４号	27	16	569.4
4	足柄下５号	28	15	450.0	23	津久井１号	47	37	505.1
5	足柄下６号	47	32	605.0	24	津久井２号	48	40	592.8
6	足柄下７号	26	20	519.5	25	津久井３号	47	37	624.9
7	足柄下８号	27	16	383.8	26	三保２号	48	45	553.6
8	足柄下９号	27	11	424.5	27	三保３号＊	43	10.	432.0
9	中１号	47	31	416.1	28	三浦１号	28	19	402.1
10	中２号	28	24	449.6	29	三浦２号	39	21	437.1
11	中３号	49	35	497.1	30	丹沢５号	28	14	298.6
12	中４号	29	22	505.9	31	丹沢８号	49	45	535.8
13	中５号	26	18	671.1	32	愛甲１号	27	11	420.0
14	片浦１号＊	29	12	344.2	33	愛甲２号	45	36	626.1
15	片浦３号	46	39	552.8	34	与瀬１号	47	39	491.5
16	片浦５号	47	40	549.5	35	与瀬２号	48	32	400.3
17	片浦６号	48	33	571.2	36	与瀬３号	47	43	615.1
18	久野１号	45	36	565.3	37	与瀬４号	47	38	465.8
19	久野２号	46	38	617.6					

注）＊：交互作用の検定に用いなかった

表２．関・神・４号検定林の単木データによる分散分析表

要因	自由度	平方和	平均平方	F
クローン	36	6501078.0	180585.5	12.979＊＊
誤差	1035	14400594.0	13913.6	
全体	1071	20901672.0		

注）＊＊：有意水準１％で差あり

表３．関・神・４号検定林の立地ごとのクローン別平均値をデータとした分散分析表

要因	自由度	平方和	平均平方	F	平均平方の期待成分
立地	2	305193.296	152596.625	70.611 ＊＊	$\sigma_e^2/n_0+\sigma_{dc}^2+34k_b^2$
クローン	33	734594.261	22260.430	10.301 ＊＊	$\sigma_e^2/n_0+\sigma_{dc}^2+3\sigma_c^2$
誤差	66	142631.555	2161.084	1.386	$\sigma_e^2/n_0+\sigma_{dc}^2$
全体	101	1182419.113			

注）＊＊：有意水準１％で差あり

n_0：立地ごとクローン別本数代表値＝6.888

σ_e^2：立地ごとクローン内個体分散＝10733.316

σ_{dc}^2：立地とクローンの交互作用分散

k_d^2：立地効果

σ_c^2：クローン間分散

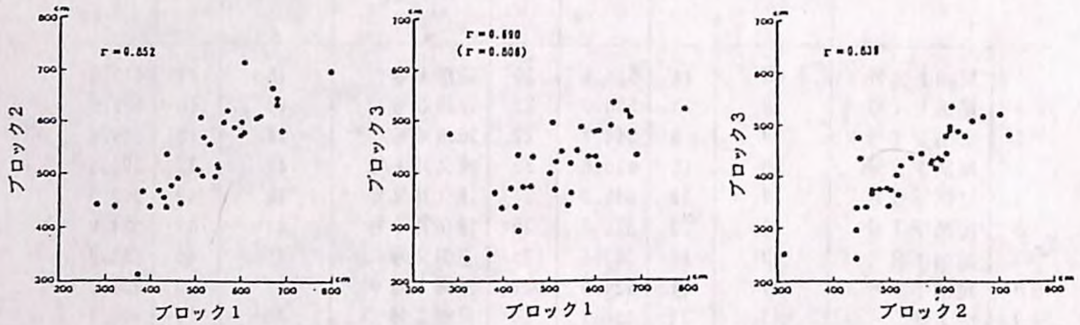

図１．立地ごとクローン別平均値による立地間の相関

表４．関・神・９号検定林の系統別の本数と平均値

番号	系統名	サシキ		実生		番号	系統名	サシキ		実生	
		本数	平均値	本数	平均値 cm			本数	平均値	本数	平均値 cm
1	津久井１号	140	202.8	20	342.5	29	中13号	5	135.2	18	281.5
2	津久井２号	77	240.4	0	—	30	足柄下３号	17	166.5	0	—
3	津久井３号	40	229.6	27	340.4	31	足柄下４号	4	125.5	0	—
4	与瀬１号	75	226.5	0	—	32	足柄下５号	58	199.1	0	—
5	与瀬２号	21	201.1	0	—	33	足柄下６号	64	259.4	1	344.0
6	与瀬３号	156	226.6	0	270.0	34	足柄下７号	91	227.5	19	307.4
7	丹沢１号	6	140.3	1	—	35	足柄下８号	0	—	17	313.1
8	丹沢２号	25	219.3	0	—	36	足柄下９号	9	285.9	6	235.3
9	丹沢３号	29	166.4	1	267.0	37	足柄上２号	52	171.8	15	281.6
10	丹沢４号	3	311.7	32	300.1	38	足柄上３号	21	158.3	0	—
11	丹沢５号	5	163.2	0	—	39	足柄上４号	28	199.5	0	—
12	丹沢６号	7	214.9	20	330.0	40	三保２号	15	169.8	10	340.7
13	丹沢８号	7	191.4	0	—	41	三保３号	13	181.9	0	—
14	丹沢10号	1	227.0	16	305.0	42	三保４号	1	272.0	4	327.8
15	丹沢11号	0	—	4	334.8	43	久野１号	55	248.5	20	347.5
16	愛甲２号	108	224.5	36	329.6	44	久野２号	72	241.4	0	—
17	愛甲３号	26	211.6	2	394.0	45	箱根１号	47	176.9	0	—
18	中１号	53	190.4	0	—	46	箱根２号	4	299.0	10	327.1
19	中２号	2	168.5	17	320.9	47	箱根３号	24	206.5	31	265.8
20	中３号	27	232.8	33	304.4	48	箱根４号	71	204.7	10	284.4
21	中４号	5	285.4	12	286.7	49	片浦１号	0	—	13	319.3
22	中５号	29	221.4	1	232.0	50	片浦３号	33	201.5	0	—
23	中６号	24	207.1	0	—	51	片浦４号	5	206.0	0	—
24	中８号	50	234.6	32	285.1	52	片浦５号	62	209.8	0	—
25	中９号	114	269.5	0	—	53	片浦６号	31	191.7	15	305.3
26	中10号	8	180.3	1	222.0	54	三浦１号	8	161.4	28	294.2
27	中11号	6	197.2	33	308.0	55	三浦２号	2	165.0	0	—
28	中12号	0	—	13	281.1	56	丹沢天然	4	195.3	0	—

表５．関・神・９号検定林のクローンについての分散分析

要因	自由度	平方和	平均平方	F	平均平方の期待成分
クローン	49	1493408.875	30477.730	8.544＊＊	$\sigma_e^2+k_0\sigma_c^2$
誤差	1788	6378158.125	3567.202		σ_e^2
全体	1837	7871567.000			

注）＊＊：有意水準１％で差あり
σ_e^2：誤差分散（クローン内個体分散）
k_0：クローンごとデータ数代表値＝36.02
σ_c^2：クローン間分散＝74.710

表６．関・神・９号検定林の家系についての分散分析

要因	自由度	平方和	平均平方	F	平均平方の期待成分
家系	27	303249.062	11231.445	2.208＊＊	$\sigma_e^2+k_0\sigma_s^2$
誤差	485	2467367.937	5087.355		σ_e^2
全体	512	2770617.999			

注）＊＊：有意水準１％で差あり
σ_e^2：誤差分散（家系内個体分散）
k_0：家系ごとデータ数代表値＝18.13
σ_s^2：家系間分散＝338.891

表７．関・千・３号検定林の家系名とプロットごとのデータ数

番号	家系名	データ数			番号	家系名	データ数		
		反復１	反復２	反復３			反復１	反復２	反復３
1	東１号	30	26	33	15	駄沢９号	18	24	26
2	千倉１号	51	34	37	16	上都賀７号	61	60	50
3	勝浦１号	7	3	5	17	北会津１号	19	23	24
4	鬼泪２号	25	29	31	18	北設楽１号	24	20	15
5	鬼泪５号	42	43	44	19	久慈８号	30	30	27
6	鬼泪６号	7	5	7	20	西多摩１号	24	17	14
7	鬼泪７号	17	16	18	21	西多摩５号	8	9	5
8	鬼泪８号	24	24	21	22	岡崎１号	51	42	46
9	北三原３号	16	18	16	23	下水内２号	18	18	16
10	西畑１号	35	36	23	24	天竜17号	11	2	10
11	周南３号	22	33	27	25	キジン	18	18	12
12	安部４号	10	11	9	26	クモトオシ	9	9	10
13	東加茂２号	26	31	22	27	トミスギ	34	29	37
14	飯山10号	6	5	9	28	ジスギ	86	80	72

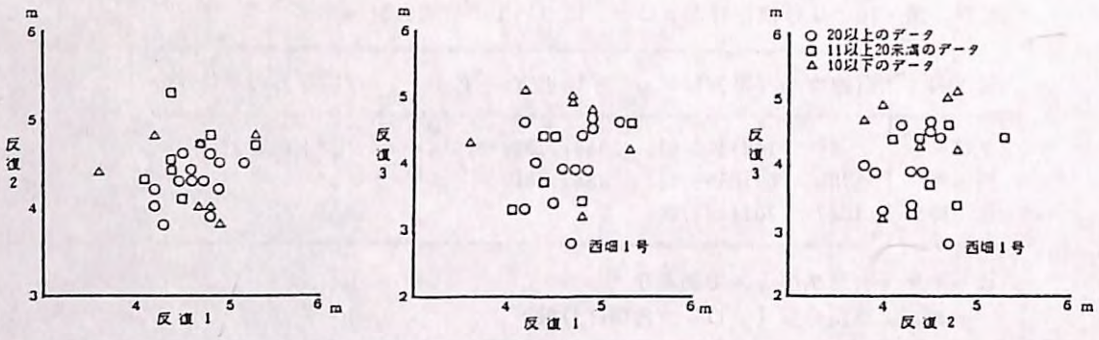

図2．反復ごとクローン別平均値による反復間の相関

表8．関・千・3号検定林の樹高と胸高直径についての分散分析

要因	自由度	樹高			胸高直径			平均平方の期待成分
		平方和	平均平方	F	平方和	平均平方	F	
反復	2	3.113	1.556	8.570	45.233	22.616	27.356	$\sigma_e^2/H_o+\sigma_P^2+28K_R^2$
家系	27	6.827	0.253	1.392	16.502	0.611	0.739	$\sigma_e^2/H_o+\sigma_P^2+3\sigma_S^2$
誤差	54	9.807	0.182		44.644	0.827		$\sigma_e^2/H_o+\sigma_P^2$
全体	83	19.747			106.378			

注）σ_e^2：プロット内個体分散（樹高0.561、胸高直径2.163）
H_o：プロットごとデータ数代表値（14.27）
σ_P^2：プロット間分散（樹高0.182－0.561／14.27＝0.143、胸高直径0.827－2.163／14.27＝0.675）
σ_S^2：家系間分散
K_R^2：反復効果

表9．関・千・3号検定林の樹高と胸高直径についての各変動の寄与率（％）

形質	樹高			胸高直径		
データ区分	反復	家系	誤差	反復	家系	誤差
全データ	13.9(12.0)	9.7(14.3)	76.4(73.7)	41.0(40.1)	0.0(0.0)	59.0(59.9)
10以下のデータを除外	25.5(23.2)	15.0(22.9)	59.5(53.9)	57.6(56.8)	4.6(6.9)	37.8(36.3)
20以上のデータのみ	28.3(28.2)	14.0(29.4)	57.7(42.4)	60.8(62.0)	8.6(14.0)	30.6(24.0)

注）：（　）内は西畑1号（No10）のデータを除外した場合

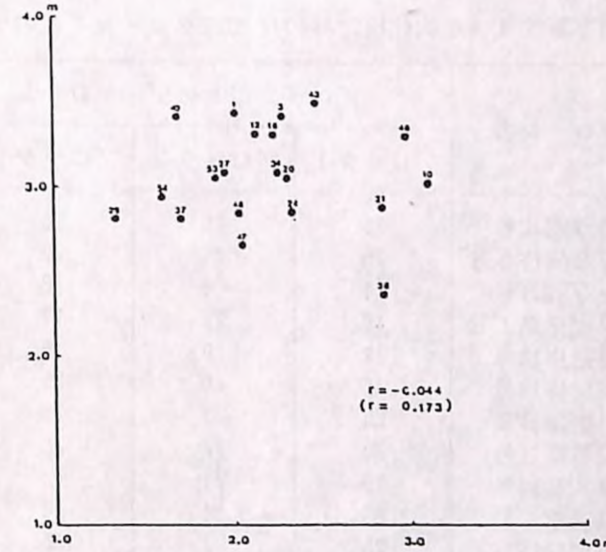

図3．クローン別平均値と実生家系平均値との相関

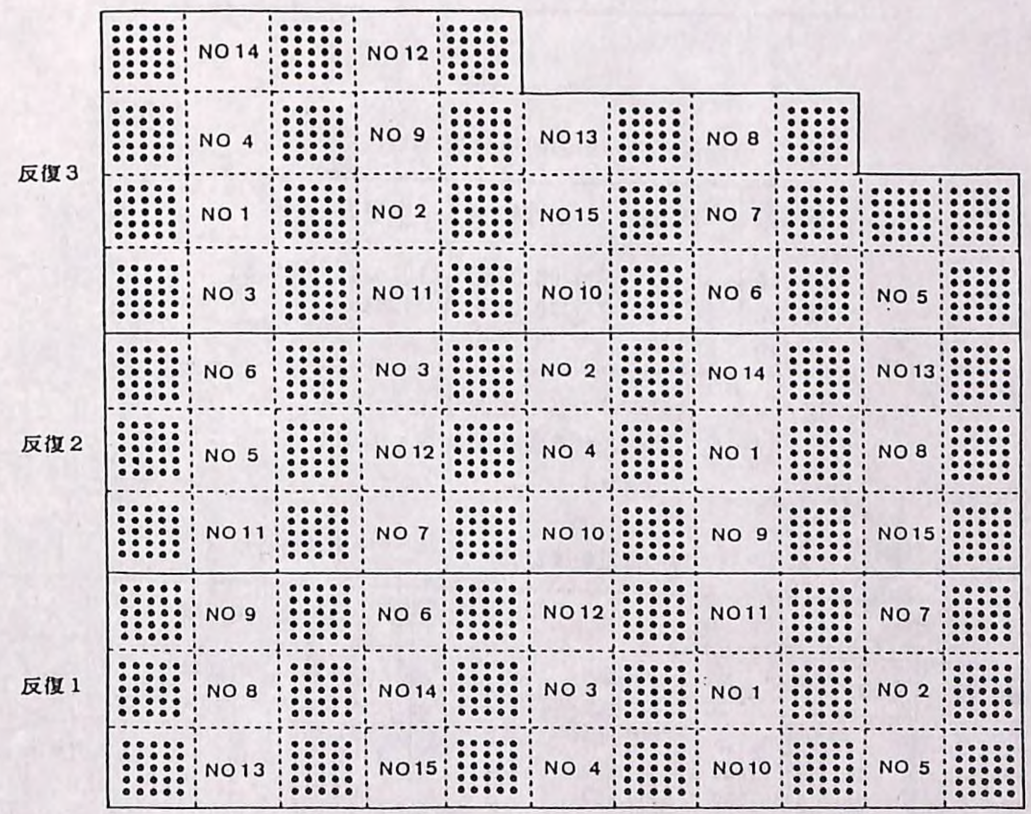

図4．乱塊法と立地修正区の単木混交区の配置
（実線は反復界、点線はプロット界を示す）

表10．熊本署第４スギ次代検定林の反復別クローンごとのデータ数

番号	クローン名	ブロックごとのデータ数		
		ブロック１	ブロック２	ブロック３
1	県浮羽４号	25	25	25
2	県西臼杵５号	20	21	22
3	県浮羽８号	24	9	18
4	県鹿児島１号	19	22	17
5	県姶良14号	22	6	9
6	県臼杵12号	12	25	25
7	県唐津８号	25	23	25
8	県日南３号	20	22	25
9	県八女10号	25	21	13
10	県三重１号	25	24	24
11	県東臼杵５号	25	23	25
12	高岡署１号	22	13	21
13	福岡署２号	21	22	25
14	県阿蘇１号	25	25	23
15	県肝属１号	20	21	25

表11．立地修正のための回帰分析

要　因	自由度	平方和	平均平方	F
回　帰	10	6108.3052	610.831	17.530＊＊
残　差	91	3170.9358	34.845	
全　体	101	9279 2410		

注）＊＊：有意水準１％で差あり
　　自由度で調整された重相関係数＝0.811

表12．熊本署第４スギ次代検定林の修正前後のデータについての分散分析

		修　正　前			修　正　後		
要　因	自由度	平方和	平均平方	F	平方和	平均平方	F
反　復	2	270.125	135.063	1.269	31.875	15.938	0.792
クローン	14	1305.625	93.259	0.876	1452.250	103.732	5.157＊＊
誤　差	28	2979.250	106.402		563.188	20.114	
全　体	44	4555.000			2047.313		

注）＊＊：有意水準１％で差あり

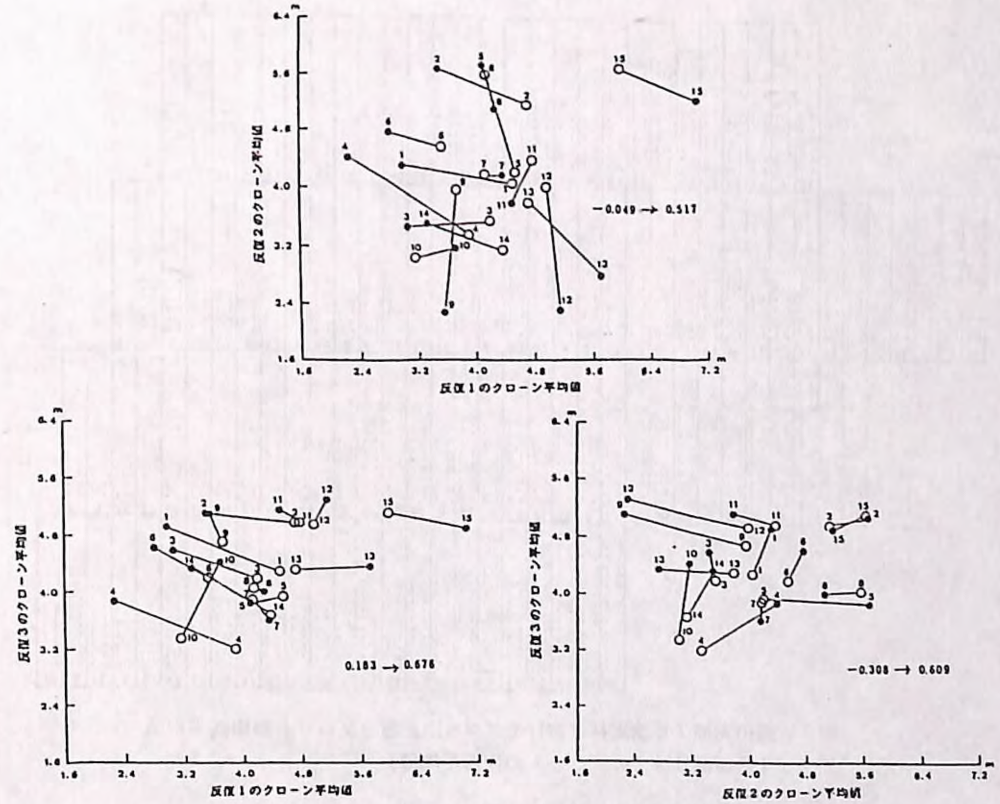

図５．乱塊法のブロット平均値による反復相互間の相関図
（黒丸が修正前、白丸が修正後）

表13．西山大第７号検定林の樹高と胸高直径のクローン別平均値

番　号	系　統　名	樹　高	胸高直径	番　号	系　統　名	樹　高	胸高直径
1	城端１号	325.8cm	53.9mm	21	出石２号	380.7cm	53.3mm
2	河北１号	465.4	60.9	22	美方３号	431.2	66.6
3	江沼１号	285.2	38.6	23	八頭２号	335.0	45.4
4	鳳至１号	428.5	64.4	24	東伯４号	468.0	75.3
5	金沢１号	411.4	66.2	25	日野７号	399.3	59.6
6	小松７号	416.8	56.1	26	日野８号	424.8	63.1
7	小松13号	299.7	46.5	27	日野９号	455.1	70.5
8	足羽４号	244.3	29.9	28	日野11号	387.3	63.0
9	高島５号	323.2	52.1	29	日野13号	391.5	61.4
10	京北２号	286.3	38.0	30	日野14号	320.0	50.5
11	京北13号	392.2	58.2	31	日野15号	356.0	46.0
12	園部２号	309.8	55.9	32	日野16号	350.5	48.7
13	園部３号	349.7	60.7	33	日野17号	444.8	60.3
14	園部５号	424.1	61.3	34	那賀２号	346.4	51.6
15	園部10号	519.1	90.6	35	邑智５号	386.9	58.5
16	綾部３号	383.6	54.6	36	大田２号	507.8	85.9
17	福知山１号	474.7	74.9	37	大田３号	416.8	54.0
18	福知山２号	286.6	42.4	38	福井署１号	417.5	60.9
19	朝来５号	378.0	63.6	39	敦賀署１号	380.7	52.7
20	朝来７号	491.9	71.5	40	沖ノ山Ａ	393.8	60.6

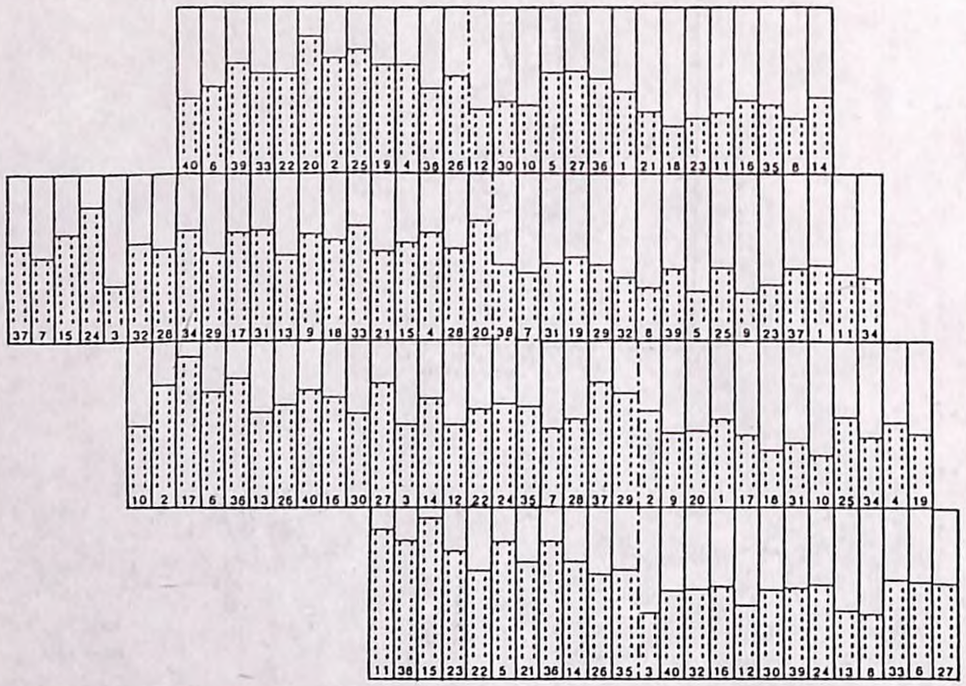

図６．西山大第７号検定林におけるプロット配置とプロット別樹高平均値
（点線部分はそのプロットの樹高平均値）

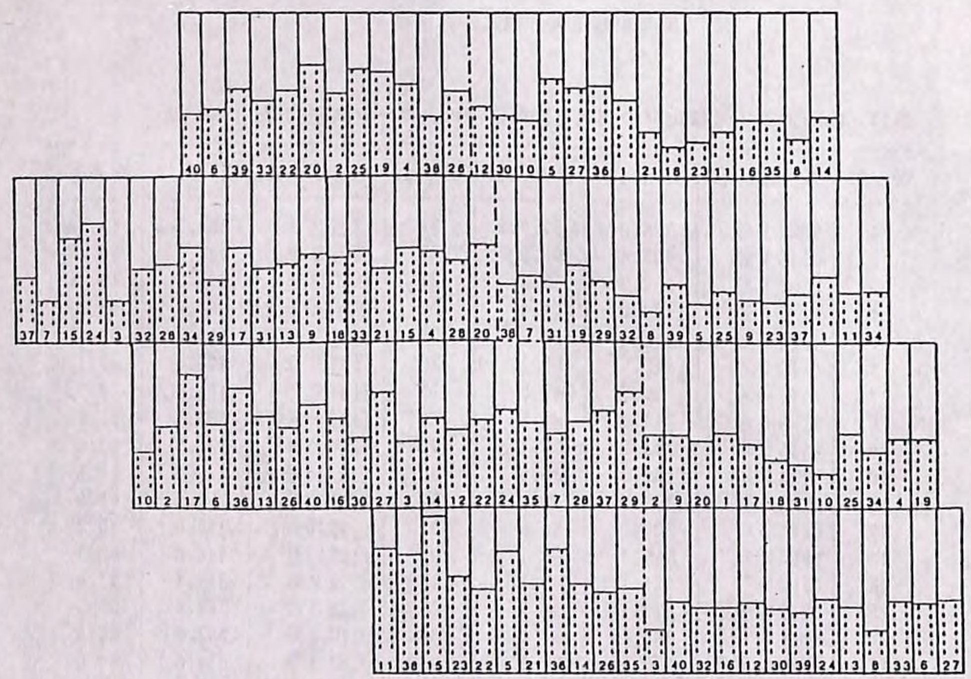

図７．西山大第７号検定林ににおけるプロット配置とプロット別胸高直径平均値
（点線部分はそのプロットの胸高直径平均値）

表14．西山大第７号検定林の樹高と胸高直径の未修正データについての分散分析

要因	自由度	樹高 平方和	樹高 平均平方	樹高 F	胸高直径 平方和	胸高直径 平均平方	胸高直径 F
反復	5	0.6449	0.323	0.335	1.5375	0.769	0.289
クローン	39	49.9451	1.281	1.329	169.6538	4.350	1.636
誤差	78	75.1775	0.964		207.4178	2.659	
全体	119	125.7675			378.6092		

表15．西山大第７号検定林の樹高と胸高直径の修正データについての分散分析

要因	自由度	樹高 平方和	樹高 平均平方	樹高 F	胸高直径 平方和	胸高直径 平均平方	胸高直径 F
反復	5	164.1867	32.837(5.093)	16.279＊＊	42.5971	8.519(1.908)	19.272＊＊
クローン	39	68.7475	1.763(0.863)	2.757＊＊	24.9295	0.639(0.313)	3.164＊＊
誤差	75	23.4626	0.313		7.4253	0.099	
全体	119	256.3969			74.9519		

注）（　）内の平均平方は別途に計算された
＊＊：有意水準１％で差あり

表16．西山大第８号検定林の樹高と胸高直径についての分散分析

要因	自由度	樹高 平方和	樹高 平均平方	樹高 F	胸高直径 平方和	胸高直径 平均平方	胸高直径 F
反復	2	103.968	51.984	37.739＊＊	294.488	147.244	51.083＊＊
クローン	39	142.315	3.649	2.649＊＊	329.753	8.455	2.933＊＊
誤差	78	107.441	1.377		224.832	2.882	
全体	119	353.724			849.073		

注）＊＊：有意水準１％で差あり

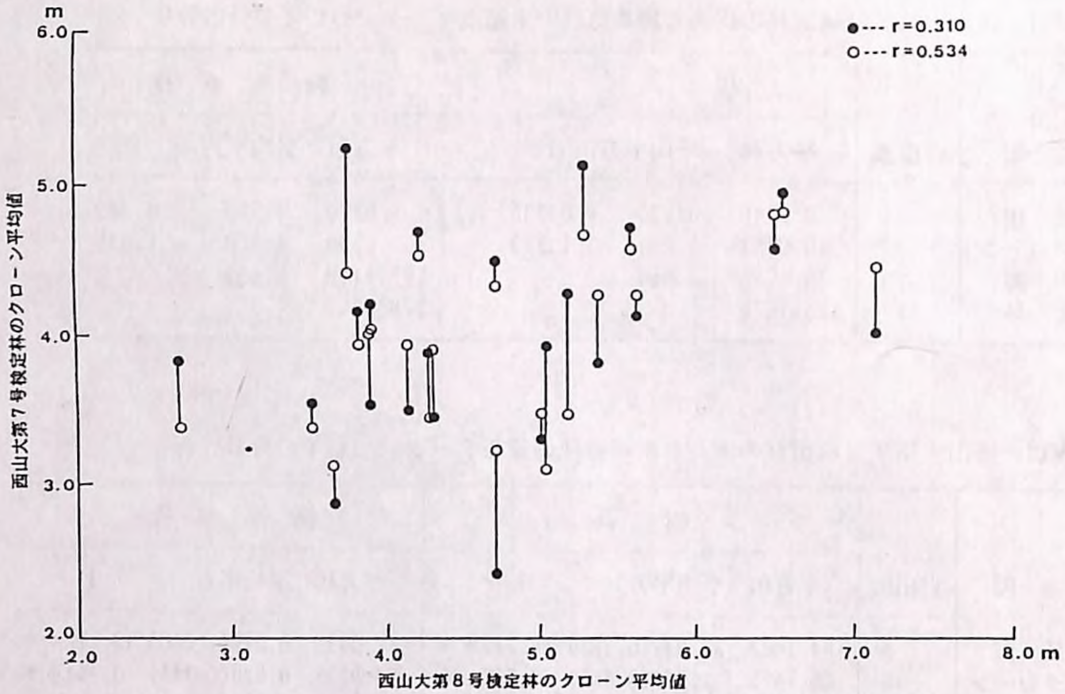

図８．西山大第７号検定林の修正前後の樹高のクローン別平均値と西山大第８号検定林の樹高のクローン別平均値との相関（黒丸が修正前、白丸が修正後）

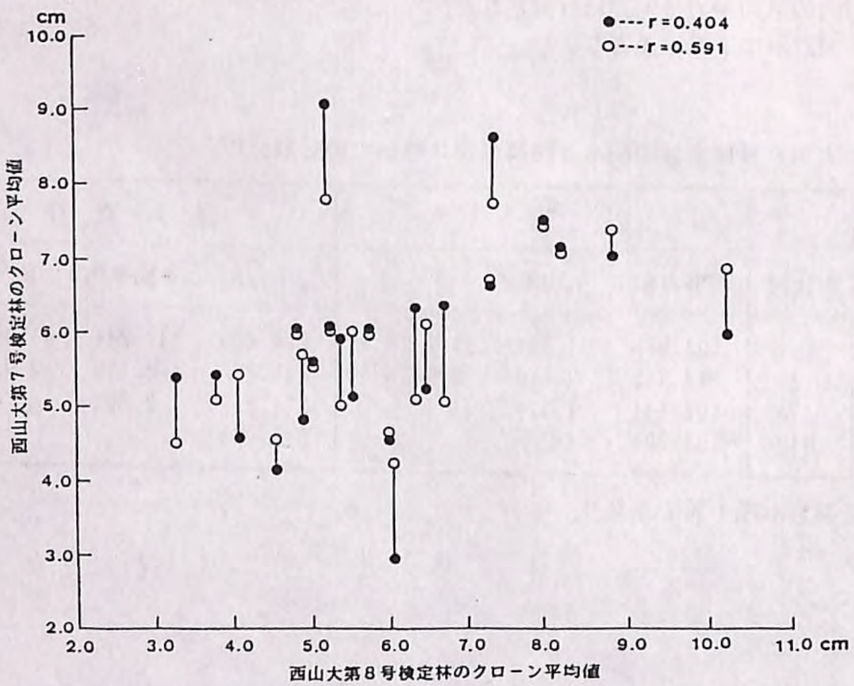

図９．西山大第７号検定林の修正前後の直径のクローン別平均値と西山大第８号検定林の直径のクローン別平均値との相関（黒丸が修正前、白丸が修正後）

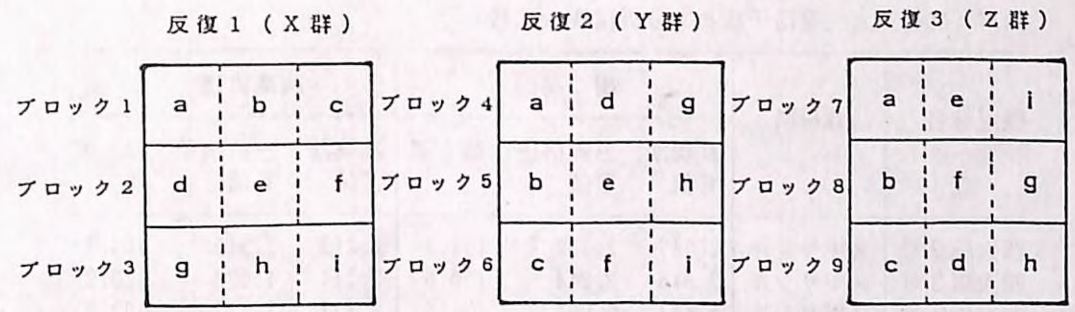

図10．三重格子法の基本配置

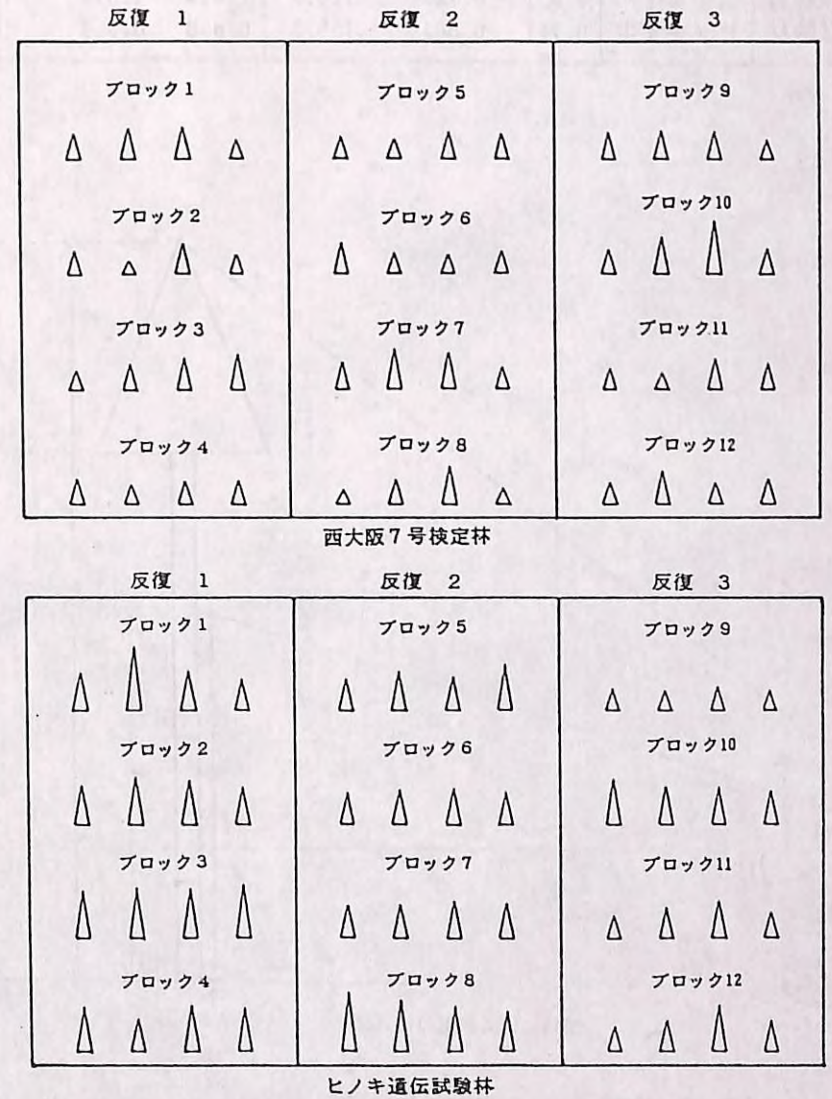

図11．効率の良否の生じた２検定林のプロット別樹高平均値

表17．乱塊法と三重格子法との分析精度の比較

検定林名	植栽材料	樹高			胸高直径		
		乱塊法 F値	三重格子 F値	効率	乱塊法 F値	三重格子 F値	効率
西大阪２号	スギサシキ	2.347	2.307	102.1	2.213	2.319	109.2
西大阪３号	スギサシキ	2.616	3.244	120.6	3.214	4.028	120.2
西大阪７号	スギサシキ	5.114	5.084	101.6	2.131	2.172	103.8
西大阪８号	スギサシキ	2.779	3.611	136.7	1.998	2.109	109.5
西大阪９号	スギサシキ	0.939	1.426	126.6	1.147	1.602	120.6
西大阪10号	スギサシキ	2.058	2.405	128.3	1.605	1.682	121.6
遺伝試験林	スギ実生	0.921	0.727	126.9	1.049	1.010	103.1
遺伝試験林	ヒノキ実生	0.741	0.884	155.7	0.698	0.990	164.5

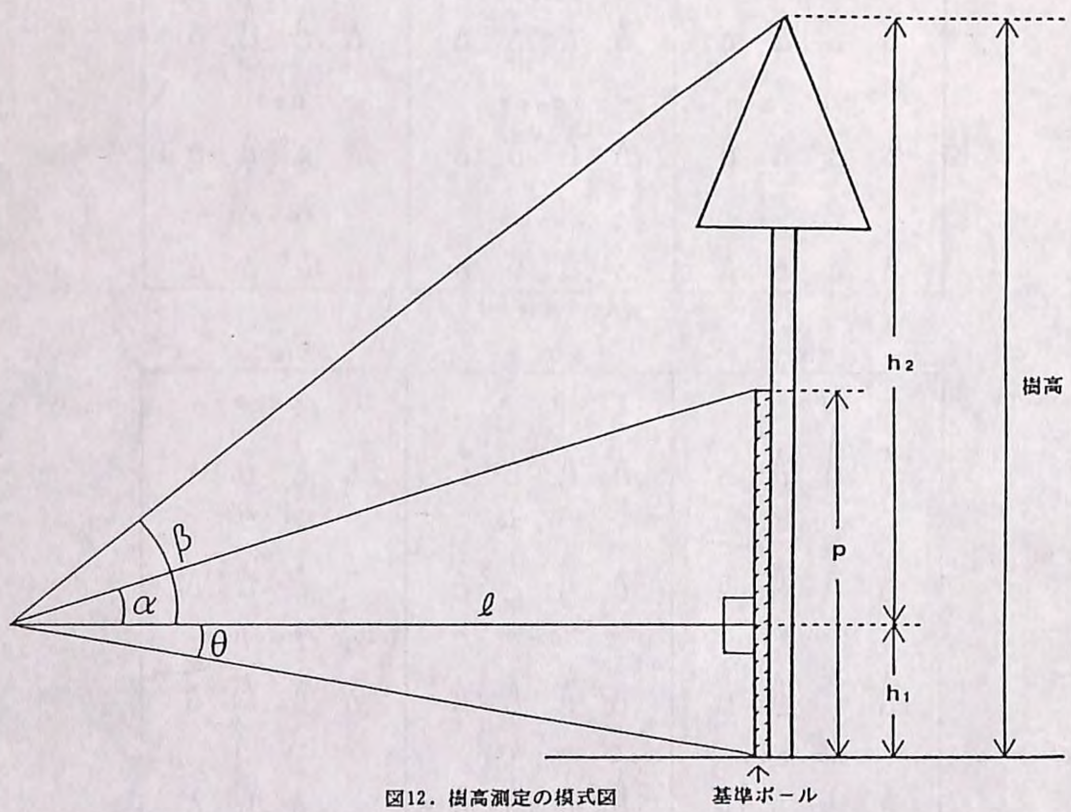

図12．樹高測定の模式図

別表３．複数検定林を総合した系統評価の電算機プログラム

```
10 '  B:JUN15
20 '      複数検定林データの相関、順位、最小二乗法によるデータの補正
30 '                                                  '88.Sep
40 CLS 3
50 '
60 INPUT " 系統数   =";N2
70 INPUT " 検定林数 =";N1
80 INPUT "                    OK(Y/N)";Y$ : IF Y$="N" THEN 40
90 DIM CNAM$(N2),X(N1,N2),CN(N1,N2),XN(N1),JN(N1,N2),KCN(N2),KX(N2),MX(N1),SX(N1),CCN(N2)
100 '
110 OPEN "B:KEITO.DAT"   FOR INPUT AS #1    : '系統のデータファイルオープン
120 OPEN "B:SOKUTEI.DAT" FOR INPUT AS #2    : '測定値のデータファイルオープン
130 '
140 FOR I=1 TO N2 : INPUT #1,CNAM$(I) : NEXT I
150 '
160 ' ------------------------------------------------------------ データの読み
170 FOR I1=1 TO N1 : I2=1 : MX(I1)=0 : SX(I1)=0
180 '
190 INPUT #2,Y1,Y2   : IF Y1<=0 THEN 230
200 CN(I1,I2)=Y1     : X(I1,I2)=Y2 : KX(I2)=Y2   : KCN(I2)=I2
210 MX(I1)=MX(I1)+Y2 : SX(I1)=SX(I1)+Y2*Y2
220 I2=I2+1          : GOTO 190
230 XN(I1)=I2-1      : N=XN(I1)    : GOSUB *SORT : GOSUB *JUNI
240 SX(I1)=SQR((SX(I1)-MX(I1)*MX(I1)/XN(I1))/XN(I1))
250 MX(I1)=MX(I1)/XN(I1)
260 '
270 NEXT I1  : CLOSE
280 '
290 CLS 3 : PRINT " *** 検定林ごとのデータの出力 ***"
300         PRINT "  1. データの印刷  (全検定林)"
310         PRINT "  2. データの印刷  (各検定林)"
320         PRINT "  3. 次に進む"
330         INPUT "                    NO=";Y : IF Y>3 OR Y<0 THEN 290
340 ON Y GOTO 360,430,590
350 ' ----------------------------------------------------------- データの印刷
360 LPRINT "   *** 検定林ごと系統別データとその順位 ***" : LPRINT
370 L=0
380 KL=L*5  : LPRINT " 系統 NO ";
390 KL=KL+1 : IF KL>N1 THEN LPRINT : GOSUB *LP1 : LPRINT : GOTO 590
400 IF KL>L*5+5 THEN LPRINT : GOSUB *LP1 : L=L+1 : LPRINT : GOTO 380
410 LPRINT USING "     検定林 ##     ";KL:          : GOTO 390
420 '
430 LPRINT : INPUT "印刷する検定林 NO.=";I1
440 LPRINT USING " < 検定林 ## >  ";I1   : LPRINT
450 LPRINT " 系統NO.    順位   データ             系統名"
460 FOR I2=1 TO N2
470 FOR I3=1 TO XN(I1) : IF CN(I1,I3)=I2 THEN 500
480 NEXT I3
490 GOTO 530
500  LPRINT USING "  [###]  ";I2:
```

```
510  LPRINT USING "  (###)  ###.###   ";JN(I1,I3),X(I1,I3);
520  LPRINT "  -----  ";CNAM$(I2)
530 NEXT I2
540 '
550 PRINT : INPUT "他にデータを印刷する検定林がありますか (Y/N)";Y$
560 IF Y$="N" THEN 590 ELSE 430
570 '
580 ' -------------------------------------------------------- 相関係数の計算
590 PRINT : PRINT : PRINT " *** 相関係数の計算 ***" : PRINT
600                 PRINT "  1. 相関行列の印刷"
610                 PRINT "  2. 次に進む"
620                 INPUT "                         NO=";Y : IF Y>2 OR Y<0 THEN 590
630                 IF Y=2 THEN 920
640 '
650 LPRINT : LPRINT "  *** 検定林相互間の相関係数と組数 ***"
660 LPRINT : L=0 : SP=0
670 P=SP   : L1=L*7+1 : L2=L*7+8 : IF L2>N1 THEN L2=N1
680          P1=P*7+1 : P2=P*7+8 : IF P2>N1 THEN P2=N1
690          LPRINT "              ";
700 FOR J=P1+1 TO P2  : LPRINT USING "  検定林 ##   ";J; : NEXT J
710 IF P2-L2>1 THEN P1=P1+1
720 FOR I1=L1 TO L2-1 : LPRINT : LPRINT USING "検定林 ## ";I1;
730 IF P2-L2>1 THEN 760
740 P1=P1+1 : IF I1-L*7=1 THEN 760
750 FOR J=1 TO I1-L*7-1 : LPRINT "              "; : NEXT J
760 FOR K1=P1 TO P2
770 TX=0    : TXX=0     : TY=0    : TYY=0     : TXY=0     : N=0
780 FOR I2=1 TO N2
790 FOR I3=1 TO XN(I1)  : IF CN(I1,I3)=I2 THEN 810
800 NEXT I3             : GOTO 860
810 FOR K3=1 TO XN(K1)  : IF CN(K1,K3)=I2 THEN 830
820 NEXT K3             : GOTO 860
830 UX=X(I1,I3)         : UY=X(K1,K3)
840 TX=TX+UX : TY=TY+UY : TXY=TXY+UX*UY
850 TXX=TXX+UX*UX       : TYY=TYY+UY*UY      : N=N+1
860 NEXT I2             : GOSUB *GETR
870 NEXT K1
880 NEXT I1                 : LPRINT : LPRINT : LPRINT
890 IF N1>P2 THEN P=P+1     : GOTO 680
900 IF N1>L2 THEN SP=SP+1 : L=L+1  : IF SP*7<N1 THEN 670
910 '
920 ' ---------------------------------------------------- 対象複数検定林の順位
930 PRINT  : INPUT "順位づけ対象検定林数 =";G1
940 IF G1>N1 THEN 930
950 FOR J=1 TO G1 : PRINT J; : INPUT "検定林 NO.=";GN(J) : NEXT J
960 PRINT  : INPUT "  共通系統の最低組数 =";NP : IF NP<=0 OR NP>G1 THEN 960
970 '
980 ' ------------------------------------------------------ 共通系統の拾い出し
990 KN=0
1000  FOR I2=1 TO N2     : JJ=0
```



```
1010 FOR J=1 TO G1       : I1=GN(J)
1020 FOR I3=1 TO XN(I1) : IF CN(I1,I3)=I2 THEN 1040
1030 NEXT I3             : GOTO 1050
1040 JJ=JJ+1
1050 NEXT J
1060 IF JJ<NP THEN 1080
1070 KN=KN+1             : CCN(KN)=I2
1080 NEXT I2
1090 '
1100 ' ------------------------------------------------------------- 結果の印刷
1110 CLS 3 : PRINT " *** 複数検定林での成績評価 ***"
1120         PRINT "  1. 順位による"
1130         PRINT "  2. 平均値による"
1140         PRINT "  3. 終了"
1150         INPUT "                          NO=";Y : IF Y>3 OR Y<0 THEN 1110
1160         IF Y=3 THEN END
1170 ON Y GOTO 2130,1180
1180 ' ------------------------------------------------- 共通データのわりあて
1190 DIM XH(KN,G1)
1200 FOR K=1 TO KN
1210 FOR G=1 TO G1 : XH(K,G)=-1 : NEXT G
1220 NEXT K
1230 '
1240 FOR G=1 TO G1 : I1=GN(G)
1250 FOR K=1 TO KN
1260 FOR I3=1 TO XN(I1)
1270 IF CN(I1,I3)=CCN(K) THEN XH(K,G)=X(I1,I3) : GOTO 1290
1280 NEXT I3
1290 NEXT K : NEXT G
1300 '
1310 LPRINT  : LPRINT  : LPRINT " ********** データ行列 **********"
1320 LPRINT "        ";
1330 FOR G=1 TO G1   : LPRINT USING "   ##    ";GN(G); : NEXT G : LPRINT
1340 FOR K=1 TO KN   : LPRINT USING " [###] ";CCN(K);
1350 FOR G=1 TO G1   : LPRINT USING " ###.#   ";XH(K,G); : NEXT G
1360 LPRINT USING " ----- [###] ";CCN(K); : LPRINT CNAM$(CCN(K)) : NEXT K : LPRINT
1370 '
1380 ' ------------------------------------------------------- 欠測値の補正
1390 DIM HC(KN,G1),HB(60,60),HP(60,60),HX1(KN,G1),HNA(KN),HNB(G1),HXA(KN),HXB(G1),HXXA(KN),IHEN(60)
1400 '
1410 FOR K=1 TO KN   : FOR G=1 TO G1
1420 IF XH(K,G)>0 THEN HC(K,G)=1 ELSE HC(K,G)=0
1430 NEXT G          : NEXT K
1440 FOR K=1 TO KN   : HNA(K)=0               : HXA(K)=0
1450 FOR G=1 TO G1   : HNA(K)=HNA(K)+HC(K,G)
1460 IF XH(K,G)>0 THEN HXA(K)=HXA(K)+XH(K,G)
1470 NEXT G
1480 HXXA(K)=HXA(K)/HNA(K)     : NEXT K
1490 FOR K=1 TO KN   : FOR G=1 TO G1
1500 HP(K,G)=HC(K,G)/HNA(K)
```

```
1510 NEXT G          : NEXT K
1520 FOR G=1 TO G1   : HNB(G)=0  : HXB(G)=0
1530 FOR K=1 TO KN   : HNB(G)=HNB(G)+HC(K,G)
1540 IF XH(K,G)>0 THEN HXB(G)=HXB(G)+XH(K,G)
1550 NEXT K          : NEXT G
1560 '
1570 M2=G1-1
1580 FOR K=1 TO M2   : FOR G=1 TO M2
1590 HB(K,G)=0
1600 FOR L1=1 TO KN  : HB(K,G)=HB(K,G)+HC(L1,K)*HP(L1,G)
1610 NEXT L1         : HB(K,G)=HB(K,G)*(-1)
1620 NEXT G          : NEXT K
1630 FOR L2=1 TO M2  : FOR K=1 TO KN
1640 HNB(L2)=HNB(L2)-HC(K,L2)*HP(K,L2)
1650 HXB(L2)=HXB(L2)-HP(K,L2)*HXA(K)
1660 NEXT K
1670 HB(L2,L2)=HNB(L2) : HB(L2,G1)=HXB(L2)
1680 NEXT L2
1690 '
1700 GOSUB *HAKDAS
1710 HB(G1,G1)=0
1720 FOR K=1 TO KN : FOR G=1 TO G1
1730 HXXA(K)=HXXA(K)-HP(K,G)*HB(G,G1)
1740 NEXT G         : NEXT K
1750 FOR K=1 TO KN : FOR G=1 TO G1
1760 HX1(K,G)=HXXA(K)+HB(G,G1)
1770 IF XH(K,G)<0 THEN XH(K,G)=HX1(K,G)
1780 NEXT G         : NEXT K
1790 '
1800 LPRINT : LPRINT " ********** 補正値の印刷 **********"
1810 LPRINT "        "; : FOR G=1 TO G1 : LPRINT USING "   ##   ";GN(G); : NEXT G : LPRINT
1820 FOR K=1 TO KN : LPRINT USING " [###] ";CCN(K);
1830 FOR G=1 TO G1 : LPRINT USING " ###.## ";XH(K,G); : NEXT G
1840 LPRINT USING "  ----- [###] ";CCN(K); : LPRINT CNAM$(CCN(K)) : NEXT K
1850 '
1860 FOR K=1 TO KN : KX(K)=0 : KCN(K)=CCN(K)
1870 FOR G=1 TO G1 : KX(K)=KX(K)+XH(K,G)
1880 NEXT G : KX(K)=KX(K)/G1 : NEXT K
1890 GOTO *PRRSL
1900 '
1910 *HAKDAS : ' ---------------------------------------------------- 掃き出し計算
1920 FOR I=1 TO M2 : IHEN(I)=0 : NEXT I
1930 FOR I=1 TO M2 : IPIV=0    : SI1MAX=0
1940 FOR J=1 TO M2
1950 IF IHEN(J)<>0 THEN 1980
1960 IF SI1MAX>=ABS(HB(J,J)) THEN 1980
1970 SI1MAX=ABS(HB(J,J))    : IPIV=J
1980 NEXT J
1990 IHEN(IPIV)=IPIV : PIV=HB(IPIV,IPIV)
2000 FOR J=1 TO G1
```



```
2010 HB(IPIV,J)=HB(IPIV,J)/PIV
2020 NEXT J
2030 FOR K=1 TO M2
2040 IF K=IPIV THEN 2090
2050 SAGYO=HB(K,IPIV)
2060 FOR J=1 TO G1
2070 HB(K,J)=HB(K,J)-SAGYO*HB(IPIV,J)
2080 NEXT J
2090 NEXT K
2100 NEXT I
2110 RETURN
2120 '
2130 '-------------------------------------------------------- 順位による計算
2140 FOR G=1 TO G1       : I1=GN(G) : JJ=0
2150 FOR K=1 TO KN
2160 FOR I3=1 TO XN(I1) : IF CCN(K)=CN(I1,I3) THEN 2180
2170 NEXT I3             : GOTO 2190
2180 JJ=JJ+1             : KX(JJ)=X(I1,I3) : KCN(JJ)=CCN(K)
2190 NEXT K
2200 XN(I1)=JJ
2210 FOR K=1 TO JJ : X(I1,K)=KX(K) : CN(I1,K)=KCN(K)
2220 NEXT K
2230 NEXT G
2240 '
2250 FOR G=1 TO G1       : I1=GN(G)
2260 FOR I3=1 TO XN(I1) : KX(I3)=X(I1,I3) : KCN(I3)=I3 : JN(I1,I3)=0
2270 NEXT I3 : N=XN(I1) : GOSUB *SORT     : GOSUB *JUNI
2280 NEXT G
2290 '
2300 FOR K=1 TO KN       : KX(K)=0 : JJ=0
2310 FOR G=1 TO G1       : I1=GN(G)
2320 FOR I3=1 TO XN(I1) : IF CN(I1,I3)<>CCN(K) THEN 2350
2330 JZ=N2-JN(I1,I3)
2340 KX(K)=KX(K)+JZ      : JJ=JJ+1          : GOTO 2360
2350 NEXT I3
2360 NEXT G
2370 '
2380 KX(K)=KX(K)/JJ : KCN(K)=K
2390 NEXT K
2400 '
2410 *PRRSL : ' ---------------------------------------------------- 結果の印刷
2420 N=KN   : GOSUB *SORT : I1=1 : XN(I1)=KN
2430 FOR I=1 TO KN : JN(1,I)=0   : NEXT I   : GOSUB *JUNI
2440 LPRINT : LPRINT : LPRINT " *** 検定林"; : FOR I=1 TO G1 : LPRINT USING "##.,";GN(I); : NEXT I
2450 LPRINT " グループの順位";
2460 ON Y GOTO 2470,2530
2470 LPRINT " (順位による) ***" : LPRINT
2480 LPRINT "  順位  平均順位         系統NO  系統名 "
2490 FOR I=1 TO KN                 : KX(I)=N2-KX(I)
2500 LPRINT USING " (###)    ###.##    ----- [###]  ";JN(1,KCN(I)),KX(I),CCN(KCN(I)); : LPRINT CNAM$(CCN(KCN(I)))
```

```
2510 NEXT I : CLOSE : END
2520 '
2530 LPRINT " （平均値による） ***" : LPRINT
2540 LPRINT "  順位      平均値              系統NO  系統名 "
2550 FOR I=1 TO KN
2560 LPRINT USING " (###)     ###.##     ----- [###]   ";JN(1,KCN(I)),KX(I),KCN(I); : LPRINT CNAM$(KCN(I))
2570 NEXT I : CLOSE : END
2580 '
2590 *SORT
2600 D=1
2610 D=D+D : IF D>N THEN 2670 ELSE 2610
2620 FOR I=1 TO N-D : J=I
2630 K=J+D : IF KX(K)<=KX(J) THEN 2660
2640 SWAP KX(K),KX(J) : SWAP KCN(K),KCN(J)
2650 J=J-D : IF J>0 THEN 2630
2660 NEXT I
2670 D=INT((D-1)/2) : IF D>0 THEN 2620
2680 RETURN
2690 '
2700 *JUNI
2710 FOR I2=1 TO XN(I1)-1 : JN(I1,KCN(I2))=I2
2720 IF KX(I2)>KX(I2+1) THEN 2750
2730 JN(I1,KCN(I2+1))=JN(I1,KCN(I2)) : I2=I2+1
2740 IF I2>XN(I1) THEN 2770 ELSE 2720
2750 NEXT I2
2760 IF JN(I1,KCN(I2))=0 THEN JN(I1,KCN(I2))=XN(I1)
2770 RETURN
2780 '
2790 *GETR
2800 IF N>1 THEN 2820
2810 LPRINT "                 "; : RETURN
2820 R=N*TXY-TX*TY
2830 R=R/SQR((N*TXX-TX*TX)*(N*TYY-TY*TY))
2840 LPRINT USING "  ##.###(###) ";R,N;
2850 RETURN
2860 '
2870 *LP1     : LPRINT
2880 FOR I2=1 TO N2 : LPRINT USING "  [###]  ";I2;
2890 FOR I1=L*5+1 TO KL-1
2900 FOR I3=1 TO XN(I1) : IF CN(I1,I3)=I2 THEN 2930
2910 NEXT I3
2920 LPRINT "                   "; : GOTO 2950
2930 Z=X(I1,I3)
2940 LPRINT USING "  (###)  ###.###   ";JN(I1,I3),Z;
2950 NEXT I1 : LPRINT "  ----- ";CNAM$(I2)
2960 NEXT I2
2970 RETURN
2980 '
```