

黒毛和種における1塩基多型(SNP)情報解析

(4)現場後代検定牛選抜におけるゲノム育種価の有効性の検討

棚原武毅 末澤遼平* 一関可純** 笹子奈々恵**
竹田将悠規** 小島孝敏** 平安山英登

I 要 約

1塩基多型(SNP)をSNPチップで解析することにより、沖縄県黒毛和種種雄牛のゲノム育種価(以下、GEBV)をG-BLUP法により算出した。GEBVの有効性を調査した結果、下記のとおりだった。

1. 枝肉6形質の推定育種価とGEBVを比較したところ、いずれの形質も高い相関が認められた。
2. BLUP法による期待育種価およびGEBVについて、推定育種価との相関を比較したところ、いずれの形質においてもGEBVのほうが推定育種価との間により高い相関が認められた。

これらのことから、沖縄県ではGEBVが現場後代検定牛選抜の指標として有効だと考えられる。

II 緒 言

現在、能力の優れた黒毛和種種雄牛を選抜する方法としてHendersonが開発した^{1,2)} BLUP法がよく用いられている。ただしこの方法ではメンデルアンサンプリングを考慮できないため、同じ父親と母親をもつ全きょうだいの期待育種価は同じ値として評価される。

VanRadenは、SNP情報をもとにした選抜モデルであるG-BLUP法を提唱した³⁾。SNP情報は生後すぐに得ることができ、全きょうだいの比較も可能である。

アメリカの乳牛では2009年よりこのSNP情報から得られるGEBVを活用しており、乳量、生産寿命など1年当たりの遺伝的改良量の増加について報告⁴⁾がされている。

今回、全国の黒毛和種肥育牛群の枝肉成績とSNP情報から沖縄県種雄牛のGEBVを算出し⁵⁾、GEBVの有効性を検討するため推定育種価とGEBVの相関を調べた。また、GEBVを現場後代検定牛選抜の指標として活用するため、現行のBLUP法による期待育種価と比較したので、その結果を報告する。

III 材料および方法

1. 沖縄県黒毛和種肥育牛および沖縄県黒毛和種種雄牛のSNP型判定

肥育牛のDNAは、核酸自動分離装置(クラボウ社製)を用いて、県内で肥育された黒毛和種肥育牛の腎周囲脂肪から抽出した。種雄牛は、Lysation Bufferを用いて、精液からDNAを抽出した。DNA抽出後、濃度測定(Thermo Fisher Scientific社製)と電気泳動により断片化が確認されたものは解析対象から除外した。抽出したDNAより、肥育牛はGGP Bovine LD Beadchip(illumina社製)、種雄牛はBovine HD Beadchip(illumina社製)にてSNP型を判定した。

2. 沖縄県黒毛和種種雄牛のGEBV

(独)家畜改良センター、全国20道県、(一社)ジェネティクス北海道、全国農業共同組合連合会ET研究所からなる和牛ゲノミック評価コンソーシアムが収集した黒毛和種肥育牛55604頭および、本県の(株)沖縄県食肉センター出荷牛640頭、(株)八重山食肉センター出荷牛304頭を含む枝肉成績とSNP情報から、(独)家畜改良センターがGEBVを算出した。

3. 沖縄県黒毛和種種雄牛のBLUP法による推定育種価および期待育種価

前報⁶⁾では(公社)沖縄県家畜改良協会が算出した推定育種価のデータを使用した。死亡した母親はデータベースから削除されるため、期待育種価を算出できた沖縄県種雄牛は12頭であった。本報ではできるだけ多くの種雄牛の期待育種価を算出するため、畜産研究センターにて推定育種価を解析し、期待育種価を算出した。なお、両親の推定育種価を足して2で割ったものを種雄牛自身の期待育

* 現宮古農林水産振興センター宮古家畜保健衛生所 ** (独)家畜改良センター

種価とした。

分析には、本県で生産され、県内および県外各地で肥育された肉用牛の産肉データを肉用牛全国枝肉データベースおよび（公社）沖縄県家畜改良協会から取得し、そのうち1999年1月から2020年2月までにと畜された黒毛和種266941頭の格付成績を用いた。

遺伝的パラメータおよび個体の育種価は、母数効果として性、食肉市場、と畜年、と畜月および肥育農家を取りあげ、共変量としてと畜時月齢への2次までの回帰を考慮した以下のアニマルモデルを用いて推定した。

プログラムは、遺伝的パラメータの推定にはAIREMLF90⁷⁾を用い、個体の育種価の推定にはJAA⁸⁾を用いた。また、個体の育種価は単形質モデルで推定した。

$$y_{ijklmn} = S_i + T_j + Y_k + M_l + H_m + u_{ijklmn} + a_1 t_{ijklmn} + a_2 t_{ijklmn}^2 + e_{ijklmn}$$

y_{ijklmn} : 枝肉形質の観測値

S_i : i番目の性の効果

T_j : j番目の食肉市場の効果

Y_k : k番目のと畜年の効果

M_l : l番目のと畜月の効果

H_m : m番目の農家の効果

u_{ijklmn} : 個体の効果

t_{ijklmn} : 個体のと畜月齢の平均からの偏差

a_1 : 各記録に対すると畜月齢の一次回帰係数

a_2 : 各記録に対すると畜月齢の二次回帰係数

e_{ijklmn} : 残差

4. GEBVの有効性の評価

1) 沖縄県黒毛和種種雄牛の推定育種価とGEBVの相関解析

正確度が高いほど、種雄牛の推定育種価が真の能力値に近づくため、枝肉重量の推定育種価における正確度が0.95以上の沖縄県種雄牛60頭を用いて、GEBVと推定育種価の相関係数を算出し、GEBVの有効性を調査した。

2) 沖縄県黒毛和種種雄牛の推定育種価に対する期待育種価およびGEBVの相関係数の比較

BLUP法により期待育種価が算出できた沖縄県種雄牛は56頭であり、その56頭の期待育種価およびGEBVについて推定育種価との相関を比較した。また、56頭の父親と母親の推定育種価における正確度の範囲は表1のとおりだった。

表1 種雄牛56頭の父親と母親の推定育種価における正確度の範囲

項目	枝肉重量	ロース芯面積	バラの厚さ	皮下脂肪の厚さ	推定歩留	脂肪交雑
父親	0.985～	0.985～	0.983～	0.986～	0.986～	0.986～
	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0
母親	0.707～	0.708～	0.704～	0.709～	0.710～	0.711～
	0.919	0.920	0.910	0.923	0.925	0.926

IV 結果および考察

1. 沖縄県黒毛和種種雄牛の推定育種価とGEBVの相関解析

枝肉6形質の推定育種価とGEBVの相関係数を算出したところ、表2のとおり0.802～0.933といずれの形質でも高い相関が認められた。また散布図は図1のとおりであり、沖縄県ではGEBVが黒毛和種種雄牛の能力を計る指標として有効だと考えられる。

表2 GEBVと推定育種価の相関係数

項目	枝肉重量	ロース芯面積	バラの厚さ	皮下脂肪の厚さ	推定歩留	脂肪交雑
相関係数	0.891	0.826	0.856	0.802	0.827	0.933

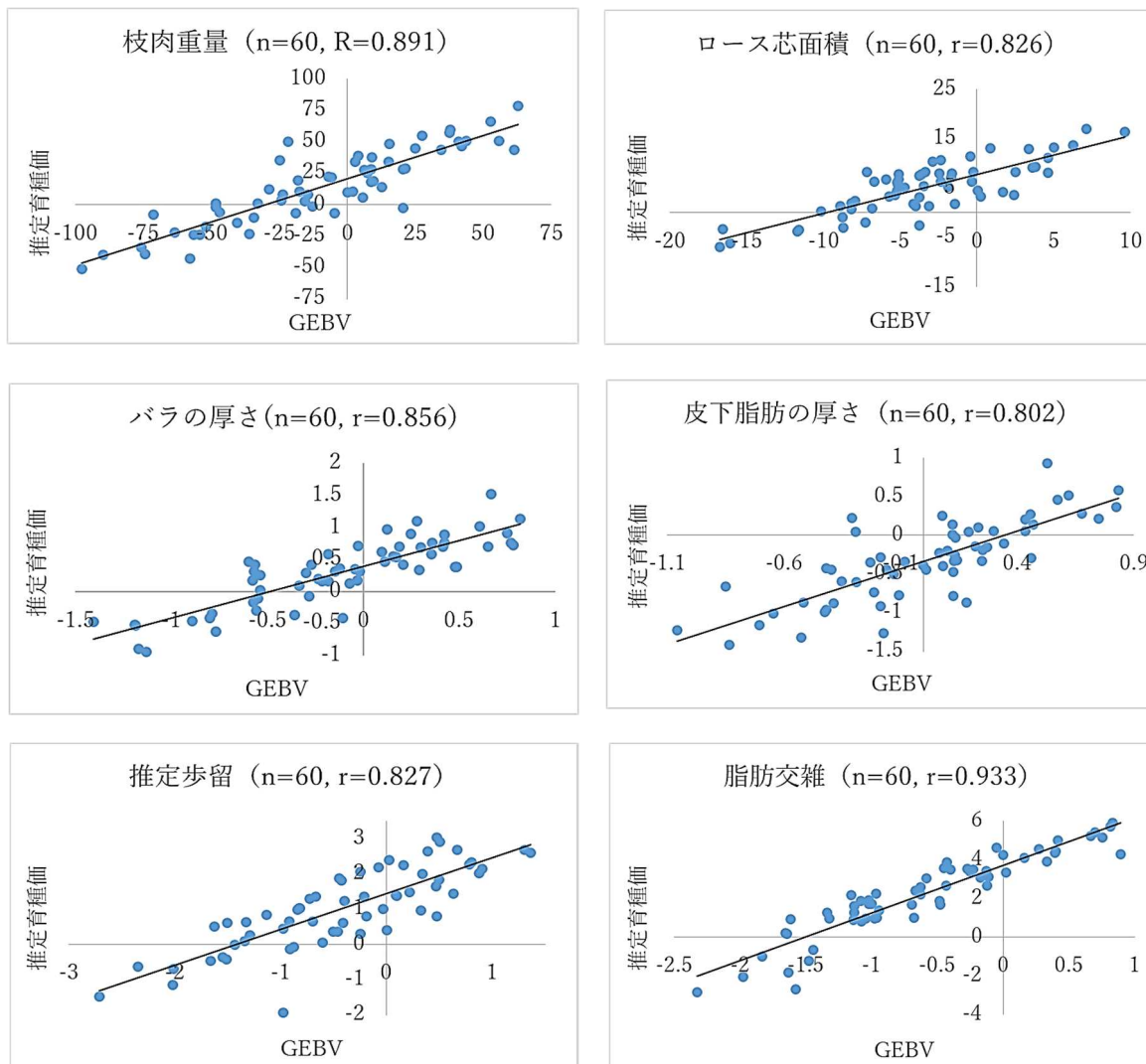


図1 GEBVと推定育種価の散布図

2. 沖縄県黒毛和種種雄牛の推定育種価に対する期待育種価およびGEBVの相関係数の比較

推定育種価に対する期待育種価およびGEBVの相関係数は表3、散布図は図2に示した。推定育種価に対する期待育種価の相関係数の中で、皮下脂肪の厚さは0.568となり、他の形質と比較して低い傾向にあった。今回、これら期待育種価を算出できた種雄牛のGEBVは、いずれの形質においても、現行の期待育種価に比べ推定育種価との間により高い相関が認められた。

表3 推定育種価に対する期待育種価およびGEBVの相関係数

項目	枝肉重量	ロース芯面積	バラの厚さ	皮下脂肪の厚さ	推定歩留	脂肪交雑
期待育種価	0.806	0.669	0.677	0.568	0.622	0.830
GEBV	0.868	0.825	0.775	0.757	0.807	0.907

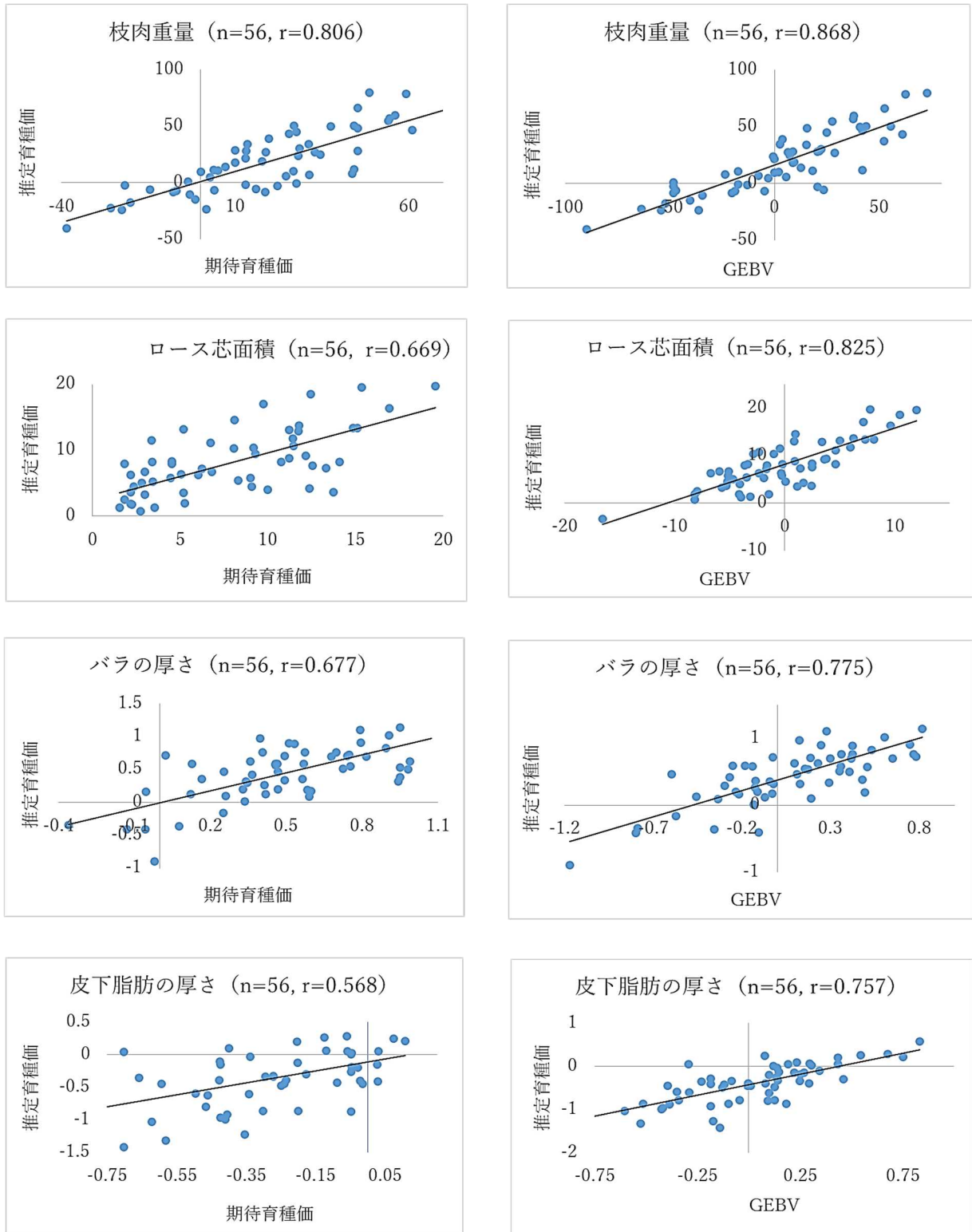


図2-1 推定育種価に対する期待育種価およびGEBVの散布図

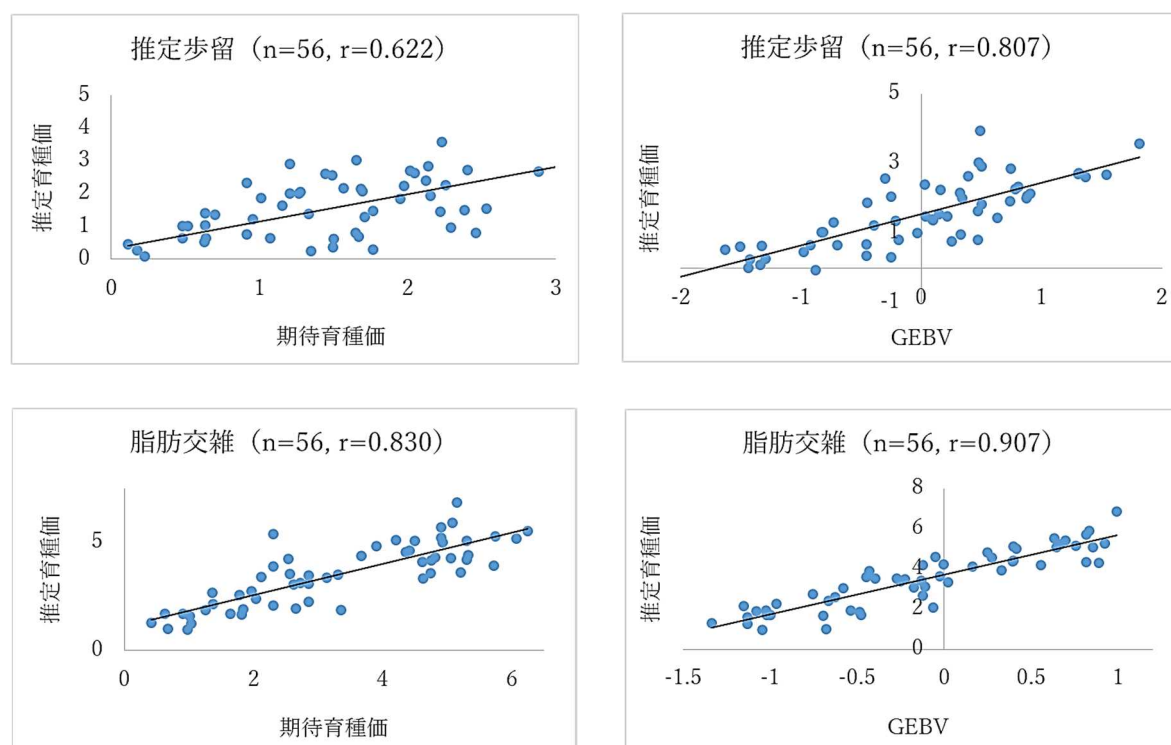


図2-2 推定育種価に対する期待育種価およびGEBVの散布図

GEBVは現行のBLUP法による期待育種価よりも推定育種価との間に高い相関が認められたことや、全きょうだいを区別することができるといった点から、現場後代検定牛選抜の指標として有効であると考えられる。

また、前報では沖縄県種雄牛12頭を用いての解析であったが、本報では56頭の沖縄県種雄牛を用いた解析であり、よりGEBVの信頼性が高まったと考える。

謝 辞

本研究の実施にあたりご指導頂いた、独立行政法人家畜改良センターの職員の皆様、一般社団法人家畜改良事業団の渡邊敏夫様、また、共同研究グループである和牛ゲノミック評価コンソーシアムの皆様に心から感謝申し上げます。なお、本研究は、公益社団法人畜産技術協会「和牛の地域特性活用ゲノム選抜手法普及事業」の一環として実施しました。

V 引用文献

- 1)Henderson CR. (1963)Selection index and expected genetic advance, *National Academy of Science*, 141-163
- 2)Henderson CR. (1973)Sire evaluation and genetic trends, *American Society of Animal Science*, 10-14
- 3)VanRaden PM. (2008)Efficient methods to compute genomic prediction, *Journal of Dairy Science*, **91**, 4414-4423
- 4)Adriana Garcia-Ruiz., John B. Cole., Paul M. VanRanden., George R. Wiggans., Felipe J. Ruiz-López. (2016) Changes in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, **113**, 28
- 5)渡邊敏夫 (2017) 地域特性を生かした牛ゲノム選抜手法確立(1) 畜産技術, **9**, 22-27

-
- 6) 末澤遼平・本田祥嵩・小山秀美・井上慶一・笹子奈々恵・竹田将悠規・小島孝敏・荷川取秀樹
(2020) 黒毛和種における1塩基多型(SNP)情報解析(1) 沖縄畜研セ研報, **58**, 12-16
- 7) Misztal I, Tsuruta S, Strabel T, Auvray B, Druet T, Lee D(2002) BLUPF90 and related programs(BGF90), Proceedings of the 7th World congress on genetics applied to livestock production, Montpellier, France, Communication No. **28-07**
- 8) Misztal I, Gianola D(1987) Indirect solution of mixed equations, *Journal of Dairy Science*, **70**, 716-723