

15. ゲノム育種価と親情報を用いた和牛枝肉形質の関連性検証

大分県農林水産研究指導センター畜産研究部
○鶴岡克彦・内村誠

【背景】

早期に能力を推定できるゲノム育種価(GEBV)の活用が進んでいる。当研究部は、2017年から(独)家畜改良センターを代表機関とする共同研究に参画し、特に種雄牛造成への活用が進んでいる。GEBVと(公社)全国和牛登録協会が2025年4月に評価した枝肉重量推定育種価の正確度0.95以上の県有種雄牛55頭の推定育種価との相関係数は0.87~0.93と高く、種雄牛造成において有用であることが示されている(図1)。現在、GEBVと肥育成績との関連を検証するとともに、SNP情報の活用を検討しているので、その内容を報告する。

【材料および方法】

GEBVは、2025年5月の(独)家畜改良センター評価値を用いた。これまでGEBVを算出した個体のうち、枝肉成績が判明している249頭について、各形質データを目的変数、本牛のGEBVを説明変数とした単回帰分析および性別、と畜年、と畜場、と畜月齢に対する1、2次回帰を固定効果、種雄牛、肥育農場をランダム効果とする混合モデルにより精度を検証した(図2)。249頭のうち、当研究部で肥育、県内でと畜され

背景および目的

- 早期に能力を推定できる技術として、ゲノム育種価(GEBV)の活用が進んでいる。当研究部はH29から共同研究に参画し、種雄牛造成を中心に活用が進められており、高能力種雄牛が造成されている。
- 生産現場でのGEBVの活用が進んでおり、研究部でも肥育牛等についてのGEBV、SNPデータおよび肥育牛の形質データの蓄積が進んでいる。そこで、GEBVと枝肉形質データとの関連を検証するとともに、SNPデータの活用についても検討した。

表 県有種雄牛の推定育種価(正確度0.95以上)とGEBVの相関係数

	枝肉重量	ロース芯面積	バラ厚	皮下脂肪厚	歩留基準値	BMS
R1	0.83	0.83	0.81	0.88	0.88	0.87
R7	0.89	0.88	0.87	0.93	0.93	0.92

図1 推定育種価とGEBVの相関係数

方法 枝肉形質データとGEBVの関連性検証

- ✓使用データ
249頭のGEBVおよび枝肉6形質データ
- ✓単回帰分析および混合モデルにより形質データとGEBVの関連を検証
 - 単回帰分析
 $y = \alpha + \beta \cdot \text{GEBV} + e$
y: 形質データ, α : 切片, β : 傾き, e: 残差
 - 混合モデル
 $y = \mu + \beta \cdot \text{GEBV} + \text{固定効果} + \text{ランダム効果} + e$
固定効果: 性別、と畜年、と畜場、と畜月齢に対する1次、2次偏回帰係数
ランダム効果: 種雄牛、肥育農場
 μ : 全体平均, β : 傾き, e: 残差
- 解析 統計解析ソフトR (Ver4.4.3)

図2 方法1

父母のGEBVが判明している去勢牛68頭について、本牛のGEBVおよび父母のゲノム育種価から算出した期待GEBV(PA)と各形質データについて、単回帰分析により精度を比較検証した(図3)。共同研究で蓄積されたGEBVを算出するためのデータベースにある85316頭のGEBV上位10%、25%、50%、50%未満をそれぞれH、A、B、Cとランク付けし、各ランクに該当するPAの形質データの平均値をランク間で多重比較によりその差を検証した。Hが2頭以下の形質はAに含めた(図4)。研究部が有する3053頭

方法 本牛のGEBVと期待GEBV(PA)の比較

- ✓使用データ
 - 68検体の本牛及び両親のGEBV
 - 本牛の枝肉6形質データ
 - 本牛及び両親のGEBVを評価済
 - 畜産研究部で肥育され、県内でと畜された去勢牛
 - 本牛及び両親のSNPに親子矛盾がないことが確認された個体
- ✓単回帰分析により形質データとGEBVおよびPA（両親のGEBVの和/2）の相関を比較

図3 方法2

方法 ランクごとのPAにおける平均値の差の比較

- GEBVを算出するためのデータベースにある各形質のGEBVを以下のとおりランク付けし、各形質を目的変数、と畜月齢（二次多項式項を含む）を共変量、ランク（C, B, A, H）を固定効果として一般線形モデルを構築し、PAが各ランクに該当する個体の平均値の差をTukey法で比較
 - 上位10%以上 : H（3頭未満の場合はAランクに含む）
 - 10%未満25%以上 : A
 - 25%未満50%以上 : B
 - 50%未満 : C

図4 方法3

の SNP データを主成分分析した。68 頭について、主成分分析の第 1 から第 5 主成分の主成分得点及び G 行列から計算した両親の距離、SNP データを基に PLINK（Ver1.9）を用いて評価した両親の Identity by Descent (IBD) の推定値 (PI_HAT) を、各形質データを目的変数、PA を説明変数とする混合モデルにそれぞれ固定効果として組み込み、その効果を検証した (図 5)。統計処理および多変量解析には R (Ver4.4.3) を用いた。

方法 SNP情報の活用 両親の遺伝的距離

- ✓使用データ
 - 68検体の本牛及び両親のGEBV
 - 本牛の枝肉6形質データ
 - 3053個体のSNP
- ✓混合モデル

$y = \mu + \beta * GEBV + \text{固定効果} + \text{ランダム効果} + e$

固定効果：と畜月齢に対する1次・2次偏回帰係数、遺伝的距離または血縁度
ランダム効果：種雄牛
- ✓遺伝的距離または血縁度
 - PCA距離 PCAの第1から第5主成分の主成分得点からユークリッド距離を算出
 - G行列距離 G行列(個体間の遺伝的類似度を行列化したもの)を距離に変換
 - PL_HAT SNPに基づくIBD割合から算出した、父母間の実測血縁度
IBD(2個体が共通祖先から受け継いだ同一遺伝子)

図5 方法4

【結果および考察】

混合モデルによる精度の検証の結果、単回帰分析と混合モデルによる形質データとGEBVの相関係数に差はなく、単回帰分析による相関は0.54~0.62で、既往の結果と同程度であった。いずれも中程度の相関があり、GEBVは枝肉成績の予測に有効であることが示唆された(図6)。本牛のGEBVおよびPAと枝肉成績との相関を比較すると、ロース芯面積はそれぞれ、0.57、0.56、皮下脂肪厚はそれぞれ、0.59、0.56、歩留基準値はそれぞれ、0.66、0.62、BMS No.はそれぞれ、0.56、0.50と差は小さく、枝肉重量はそれぞれ、0.69、0.31、バラ厚は0.48、0.24と差が大きく、形質ごとに差が認められた(図7)。図4に示す方法によりランク分けをして、その平均値の差を比較した結果、BMS No.はH、A、BランクいずれもCランクより有意に高く(P<0.01)、皮下脂肪厚はA、BランクいずれもCランクより有意に低く(P<0.01)、歩留基準値はH、A、BランクいずれもCランクより有意に高く(H、A:P<0.01、B:P<0.05)、HランクはBランクより有意に高かった(P<0.05)(図8)。ロース芯面積は、H、AランクがB、Cランクより有意に高く(P<0.01)、枝肉重量はHランクがCランクより有意に高かった(P<0.05)。バラ厚は、有意な差は認められなかった(図9)。以上の結果から、中程度

結果 形質データとGEBVの関連性検証

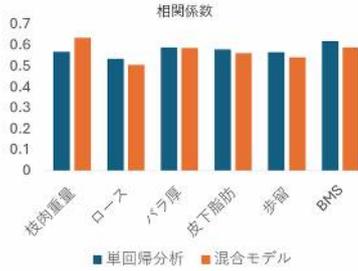


図6 混合モデルによる精度の検証結果

結果 GEBVと期待GEBV(PA)の比較

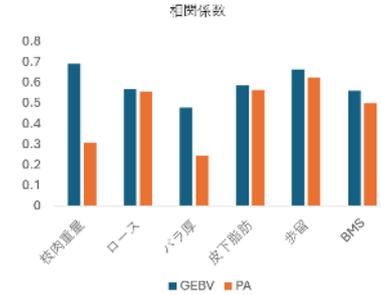


図7 GEBVと期待GEBV(PA)の比較検証結果

結果 ランクごとのPAにおける平均値の差の比較

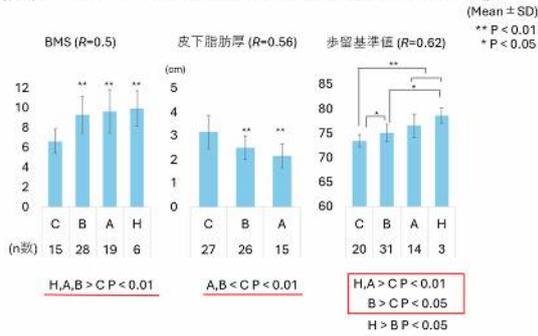


図8 ランクごとのPAにおける平均値の差

結果 ランクごとのPAにおける平均値の差の比較

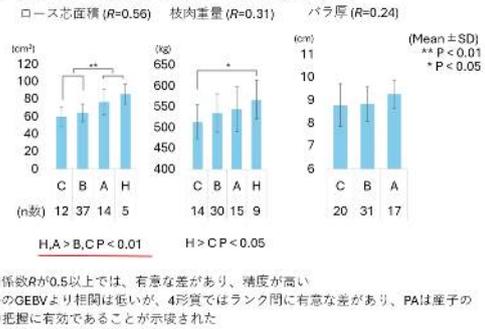


図9 ランクごとのPAにおける平均値の差

の相関がある形質については、より高い精度でPAを産子の能力把握に活用できることが示唆された。

牛においては、SNPについての主成分分析により、品種の推定や和牛の血統の分類が可能であることが報告されている。また、SNPを活用することで、正確に遺伝的多様性と近交度をゲノムレベルで評価できることが報告されている。3046検体のSNP情報について主成分分析を行い、第一主成分軸および第二主成分軸に大分県有種雄牛をプロットし、クラスター解析を行うと、おおよそ、3つのグループに分類された(図10)。図5の方法により、各種遺伝的距離を混合モデルの固定効果とした結果、PI_HATを固

SNP情報の活用 主成分分析およびクラスター解析

✓主成分分析(PCA) 個体数3053 ✓クラスター解析 個体数106(候補含む種雄牛)

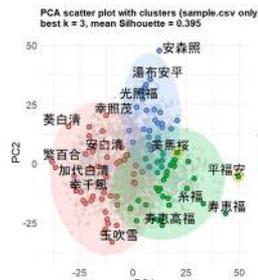


図10 主成分分析による種雄牛の分類

結果 SNP情報の活用 両親の遺伝的距離



図11 両親の遺伝的距離の効果の検証

定効果としたときに、有意にモデルの説明力は向上した(図11)。PI_HATがロース芯面積および歩留基準値において有意に影響し、血縁の遠さが形質に正に影響すること

が示唆された。しかし、サンプル数が 68 検体であり、データを増やして検証をしていく必要がある。

以上の結果から、PA の活用は産子の能力把握に有効であり、早期に雌牛の GEBV を把握し、保留、交配に活用していくことが、産子の平均的な能力向上につながると考えられた。

【参考文献】

1. 村瀬華梨, 松田洋和, 高原伸一, 清水雅範 肥育牛におけるゲノム育種価の活用について 岐阜県畜産研究所研究報告第 23 号, 6-8, 2024
2. 秋山敬孝, 小浜菜美子, 坂瀬充洋, 岡章生, 福島護之 血統情報と SNP 情報を用いた但馬牛の血統分類の比較 兵庫農技総セ研報 (畜産), 51, 27-32, 2015
3. Nishimura S., Watanabe T., Ogino A., Shimizu K., Morita M., Sugimoto Y., Takasuga A. Application of highly differentiated SNPs between Japanese Black and Holstein to a breed assignment test between Japanese Black and F1(Japanese black × Holstein) and Holstein, 84(2), 1-7, 2013
4. 末澤遼平 佐々木慎二 具志尚子 平安山英登 黒毛和種における塩基多型 (SNP) 情報解析 (2) 沖縄県黒毛和種雌牛の遺伝的多様性と近交度のゲノムレベルでの評価, 59, 1-4, 2021