

# 肥育牛を訓練集団とした 黒毛和種種雄牛の枝肉形質ゲノム育種価評価



○石黒 早百合<sup>1</sup> 岡本 雄太<sup>1</sup> 片岡 博行<sup>1</sup> 杉本 喜憲<sup>2</sup> 渡邊 敏夫<sup>3</sup>

<sup>1</sup> 岡山県農林水産総合センター畜産研究所

<sup>2</sup> (公社) 畜産技術協会附属動物遺伝研究所 <sup>3</sup> (一社) 家畜改良事業団

## 目的

黒毛和種種雄牛の選抜にゲノム育種価を活用できるか、枝肉形質のゲノム育種価を算出し、以下の検討を行った。

1. ゲノム育種価と従来育種価との相関
2. 全きょうだいのゲノム育種価比較と能力シミュレーション

## 結果

1. ゲノム育種価は従来育種価と高い相関
2. ゲノム育種価により全きょうだいの能力を比較でき、両親による期待分布とも比較可能

ゲノム育種価は従来育種価と高い相関で利用でき、全きょうだいなど従来行えなかった個体の評価にも利用可能。

## 1. ゲノム育種価と従来育種価との相関

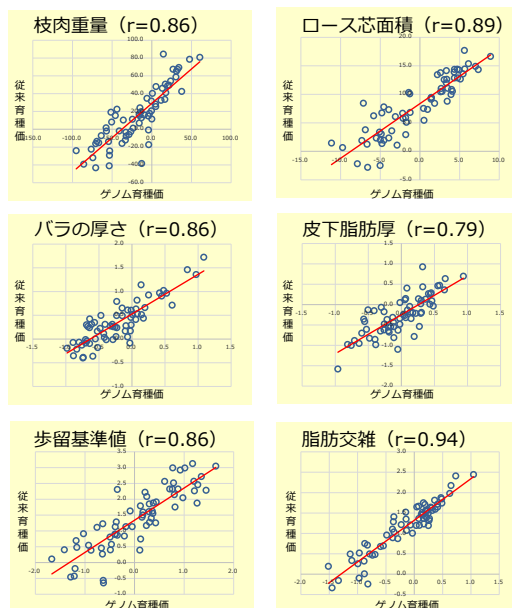
### 材料と方法

訓練群：黒毛和種肥育個体6,974頭（去勢）または10,869頭（去勢10,419、雌450）  
 対象形質：枝肉重量、ロース芯面積、バラの厚さ、皮下脂肪厚、歩留基準値、脂肪交雑  
 母数効果：市場（11または12）、年次（2000 - 2015）、月齢（1次、2次）、性  
 SNP選択：SNPコールレート：0.95以上  
 マイナーアレル頻度：0.01以上  
 Hardy-Weinberg平衡検定P値：10<sup>-4</sup>以上  
 常染色体上  
 使用SNP数：34,161または32,172  
 SNP効果推定法：G-BLUP法（AI-REMLにより分散成分推定）  
 従来育種価：岡山県内36,575頭の肥育牛及びその祖先を含め算出  
 検討種雄牛：66頭（従来育種価正確度平均0.95以上）

### ゲノム育種価と従来育種価との相関係数

訓練群	枝肉重量	ロース芯面積	バラの厚さ	皮下脂肪厚	歩留基準値	脂肪交雑
10,869頭	0.86	0.89	0.86	0.79	0.86	0.94
6,974頭	0.85	0.86	0.84	0.77	0.89	0.89
1,800頭*	0.78	0.68	0.84	0.55	0.63	0.82

\*第119回大会報告（検討種雄牛は24頭）



## 2. 全きょうだい比較、能力シミュレーション

### 材料と方法

訓練群：黒毛和種肥育個体10,869頭（去勢10,419、雌450）  
 母数効果：市場（12）、年次（2000 - 2015）、月齢（1次、2次）、性  
 使用SNP数：32,172  
 ※他は1. と同様  
 検討牛：全きょうだい雄子牛3頭

### 能力シミュレーション

- ①両親のディプロタイプを推定
- ②SNP間の距離に応じた確率で組み換えを起こさせ、ハプロタイプを子どもに渡す
- ③5000回繰り返す
- ④ゲノム育種価を算出し、確率密度を推定

### 全きょうだい及び両親のゲノム育種価

	枝肉重量	ロース芯面積	バラの厚さ	皮下脂肪厚	歩留基準値	脂肪交雑
産子A	23.98	1.59	0.15	0.12	-0.12	0.21
産子B	34.12	3.85	0.40	0.12	0.31	0.52
産子C	10.58	2.28	-0.34	0.01	-0.07	0.21
両親平均	39.95	2.47	0.22	0.19	-0.19	0.53
父	60.30	6.49	0.28	-0.06	0.32	0.79
母	19.60	-1.55	0.16	0.43	-0.71	0.26
両親差 (σ) *	1.16	1.69	0.26	1.44	1.38	1.10

\*訓練群10,869頭における値

