

琉球大学学術リポジトリ

黒毛和種産肉能力検定直接法成績を用いた種雄牛評価のための遺伝的グループの比較(畜産学科)

メタデータ	言語: 出版者: 琉球大学農学部 公開日: 2008-02-14 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 及川, 卓郎, 新城, 明久, Oikawa, Takuro, Shinjo, Akihisa メールアドレス: 所属:
URL	http://hdl.handle.net/20.500.12000/3969

黒毛和種産肉能力検定直接法成績を用いた種雄牛 評価のための遺伝的グループの比較

及川卓郎 *・新城明久 *

Takuro OIKAWA and Akihisa SHINJO: Comparison of alternative genetic group for sire evaluation on records of performance test in Japanese Black cattle

Summary

Three mixed models with and without sires' genetic groups defined by two criteria were compared with and without numerator relationship matrix (A^{-1}) to determine the best mixed model for sire evaluation using average daily gain records of performance test of Japanese Black Cattle. First criterion was determined by region where sires' ancestor had come. The reason this criterion was taken is from the characteristic formation of the breed, where each sub-population of five original prefectures has its own genetic background. Second criterion was determined by sires' birth year as usual. The mixed models with A^{-1} generally had less PEV (Prediction Error Variance), and the models with regional genetic group and without genetic group had least PEV values. Comparing these two models, bias due to excluding regional genetic group was large, so the model with both the regional genetic group and A^{-1} was concluded to be the best model for sire evaluation using performance test of Japanese Black Cattle.

緒 言

Henderson の BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) 法¹⁾を用いて種雄牛の遺伝的評価を行う場合、外国種を用いた報告では種雄牛の遺伝的グループ (Genetic Group) を種雄牛の生年次、供用開始年次、所属AI組合など様々な基準により分類され、明確な分類法は確立していない。一方、わが国の黒毛和種の遺伝的評価の場合には、種雄牛の家系に基づく遺伝的グループを含むモデル⁵⁾と遺伝的グループを含まないモデル⁷⁾が用いられているが、その根拠については明らかにされていない。

本研究では分子血縁係数行列 (Numerator Relationship Matrix) を混合モデルに含めた場合と含めなかった場合について、種雄牛の生年次、産地をもとに遺伝的グループを形成したモデルおよび遺伝的グループを含まないモデルについて比較し、黒毛和種産肉能力検定直接法成績を用いて種雄牛評価を行う際、いずれの混合モデルが最適であるかについて精度と偏りの面から検討した。

* 琉球大学農学部畜産学科

琉球大学農学部学術報告 31 : 91 ~ 95 (1984)

実験材料及び方法

1976年から1981年までの黒毛和種産肉能力検定直接法成績⁸⁾のうち10検定場における1,122頭の検定雄牛の1日平均増体量成績を用いた。176頭の種雄牛のうち2代祖牛に血縁関係の持たない牛は35頭で全体の19.9%であった。

種雄牛の遺伝的評価のための数学モデルは下記に述べる全部で6つであるが、基本となるのは次のモデルである。

ここで、

Y_{ijklmn} = 各検定雄牛の 1 日平均増体量 (kg) ,

G_i = i 番目の遺伝的グループに共通な母数効果,

s_{ij} = i 番目の遺伝的グループ内の j 番目の種雄牛に共通な変量効果,

HYS_k= k 番目の検定場, 年次, 季節に共通な母数効果,

D₁ = 1番目の母牛の年齢カテゴリーに共通な母数効果,

C_m =m番目の検定雄牛の年齢カテゴリーに共通な母数効果,

e_{ijklmn} = 各個体記録に関連した変量残差。

変量効果の平均値は0で、種雄牛の効果に対する分散共分散行列は $A^{-1}\sigma_s^2$ (分子血縁係数行列を用いた時)または $I\sigma_s^2$ 、残差に対しては $I\sigma_e^2$ と仮定した。

6つの混合モデルのうちモデル1から3は分子血縁係数行列(A^{-1} 行列と略称する)を含み、モデル1'から3'は A^{-1} 行列を含まない。モデル1と1'は遺伝的グループを種雄牛の産地により形成したもの、モデル2と2'は遺伝的グループを種雄牛の生年次により形成したもの、モデル3と3'は遺伝的グループを含まないモデルで(1)の数学モデルから遺伝的グループの要因を除いたものである。遺伝的グループのうち種雄牛の産地による分類は、種雄牛の父牛の産地(兵庫、岡山、広島、鳥取、島根の5県)の組み合せから15通りの組み合せを作り、この中で該当するグループのない3つを除き12グループとした。種雄牛の生年次による遺伝的グループは、1954年から1978年まで(この期間のうちデータ数の少ない7年については、1954, 1958および1959年, 1960および1961年, 1962および1963年の3グループにまとめた)年次ごとに18のグループに分類した。他の母数効果のうち季節の効果は2季節(4~8月, 9~3月)に分類し、母牛の年齢の効果は2~3才, 3~4才, 4~5才, 5~10才, 10才以上の5カテゴリーに分類した。検定開始時の雄牛の日齢は195日齢から265日齢までを5日ごとに区切り、14に分類した。

以上の数学モデルのBLUP法¹⁾に従いコンピュータープログラムを作製し、種雄牛のEPD(Expec-ted Progeny Difference)を算出すると共にHendersonの方法²⁾によりPEV(Prediction Error Variance)およびMSE(Mean Square Error)を計算した。なお1日平均増体量の遺伝率を0.15, 残差分散成分を 0.778×10^{-3} と仮定した。

実験結果及び考察

表1はモデル1～3, 1'～3'を使って種雄牛のEPDを予測した時の平均PEV値である。 A^{-1} 行列を混合モデル式に含めたモデル(M1～M3)は含めないモデル(M1'～M3')に比較し, PEVが低い結果であった。これは外国種を用いた報告^{3,4)}およびわが国での黒毛和種の研究結果⁷⁾と一致していた。次に A^{-1} 行列を含むモデル間で比較すると、遺伝的グループを含まないM3のPEVが最も低く、M2で高い値となっている。M1はこの中間であるが、M3のPEV値に近い値であった。従ってM1とM3による評価値は誤差分散が少なく精度の面で優れているものと思われる。

Table 1. Mean error variance of prediction in six models.

Model	$PEV \times 10^{-4}$	A/B
M 1 (A)	0.2570	
M 1' (B)	0.2659	96.7%
M 2 (A)	0.2603	
M 2' (B)	0.2637	98.7%
M 3 (A)	0.2563	
M 3' (B)	0.2656	96.5%

- a) M 1 with sires' genetic group by regional genetic background; M 2 with sires' genetic group by year of birth; M 3 without genetic group.
 b) The prime refers to the model without numerator relationship matrix.

Table 2. Comparison of mean values of mean square error between models with and without sires' genetic group

Model	$MSE \times 10^{-4}$	
	With genetic group	Without genetic group
M 1	0.2570	0.5781
M 1'	0.2659	0.3896
M 2	0.2603	0.4236
M 2'	0.2637	0.4341

- a) M 1 with sires' genetic group by regional genetic background; M 2 with sires' genetic group by year of birth.
 b) The prime refers to the model without numerator relationship matrix.

告と異なる結果であった。この差異の原因にはまずデータ構造の違いが考えられる。またPollak et al.の遺伝的グループは種雄牛の生年次と導入先を基準に形成されており、ここでの分類法とは異なる。本研究の結果でも種雄牛の生年次で遺伝的グループを形成した場合には、遺伝的グループを除いたモデルによる評価の偏りは比較的少なかった。一方、 A^{-1} 行列を含まないM1'では遺伝的グループを除いても偏りがそれほど大きくなく、遺伝的グループの効果は小さい。 A^{-1} 行列に含まれる血縁関係の情報は数世代に限られるから、種雄牛の血縁を考慮する場合には、 A^{-1} 行列に加えて、家系の遺伝的背景を示すと思われる産地による遺伝的グループを混合モデルに含めることにより完全なものになるのではないかと考えられる。

表3には種雄牛のEPDに対する順位相関係数(Spearman)が示してある。同じ遺伝的グループを含むモデルについて、 A^{-1} 行列を含むモデルと含まないモデルを比較すると一般的に相関は高いものであった。この中でM1とM1'の相関は非常に高い値であった。M1を真のモデルに最も近いものとするとき、M1'を用いた種雄牛評価でも種雄牛の順位には大差ないものと思われる。M1'を用いた場合には

次の表2にはMSEの平均値が示してある。M1, 2, 1', 2'のMSE値(表2の第1列目)は理論上、PEV値と同一である。表2の第2列目に示されている値は、それぞれのモデルから遺伝的グループの要因を除いた時のMSEを示してある。MSEは、真のモデルに含まれている母数効果を除いた時の偏りの2乗とPEVの和であらわされ、母数効果を除いたことによる偏りが大きくなれば、MSEの値も大きくなる。M1について遺伝的グループを含めた場合と除いた場合のMSE値を比較すると、遺伝的グループを含めた場合に比較し、含まない場合のMSE値が大きく、産地による遺伝的グループを除外した時の偏りが大きいことを示している。従ってM1とM3を比較した時、遺伝的グループを除いたM3を用いた評価値は偏りが大きく、産地による遺伝的グループを含むM1の正確度が高いことが明らかとなった。これは遺伝的グループを含めてもその効果は小さいとするPollak et al.⁶⁾の報告

Table 3. Rank correlation (Spearman) of sires' EPDs among 6 models.

Model	M 1'	M 2	M 2'	M 3	M 3'
M 1	0.97*	0.28*	0.21*	0.74*	0.53*
M 1'		0.29*	0.25*	0.70*	0.59*
M 2			0.98*	0.40*	0.49*
M 2'				0.34*	0.51*
M 3					0.75*

a) * : $P < 0.01$

b) M 1 with sires' genetic group by regional genetic background; M 2 with sires' genetic group by year of birth; M 3 without genetic group.

c) The prime refers to the model without numerator relationship matrix.

M 1 に比較し、65%の演算時間 (CPU time) で行なえることから、要因の数が多い場合の有利性は大きい。次に M 2, M 2' と他のモデルを比較するといずれも低い相関であった。従って種雄牛の生年次による遺伝的グループを含めたモデル (M 2, M 2') による種雄牛の評価値は他のモデルによる評価値に比べ大部異なるものと思われ、遺伝的すう勢 (Genetic Trend) の推定などの目的以外には不適当であると考えられる。

以上の結果、分子血縁係数行列を混合モデルに含めることは PEV を減少させるのに有效であることが明らかとなった。また各モデルについて比較した結果、 A^{-1} 行列を含み、種雄牛の産地による遺伝的グループを含むモデルが精度、正確度の面で種雄牛の遺伝的評価に最も適していることが明らかとなった。

摘要

黒毛和種産肉能力検定直接法成績の1日平均増体量について種雄牛の遺伝的評価を行う場合に最も適した遺伝的グループを得るために、分子血縁係数行列を含むモデルと含まないモデルについて種雄牛評価値の精度、不偏性を検討した。比較したBLUP モデルは、分子血縁係数行列を含む場合と含まない場合のそれぞれについて種雄牛の産地、生年次による遺伝的グループを含むモデルおよび遺伝的グループを含まないモデルの6モデルである。種雄牛評価値のPEV 平均値について比較すると分子血縁係数行列を含むモデルの方がPEV 値が低く、この中で種雄牛の産地による遺伝的グループを含むモデルと遺伝的グループを含まないモデルを用いた場合のPEV が低い値であった。さらに MSEについて遺伝的グループを除いた場合の偏りについて検討すると、種雄牛の産地による遺伝的グループを含むモデルから遺伝的グループを除いた場合の偏りは大きく、以上のことから分子血縁係数行列を含み、種雄牛の産地による遺伝的グループを含むモデルが最適であると思われる。

引用文献

- Henderson, C. R. 1973 Sire evaluation and genetic trends, Proc. Anim. Breeding and Genetics Symp. in honor of Dr. Jay L. Lush, ASAS and ASDA, Champaign, IL p 10 ~ 41
- Henderson, C. R. 1975 Comparison of alternative sire evaluation methods, J. Anim. Sci., 41 : 760 ~ 770
- Jensen, E. L. 1980 Bull groups and relationships among sires in best linear unbiased prediction sire evaluation models, J. Dairy Sci., 63 : 2111 ~ 2120
- Kennedy, B. W. and Moxley, J. E. 1975 Comparison of genetic group and relationship method for mixed model sire evaluation, J. Dairy Sci., 58 : 1507 ~ 1514

及川・新城：直接検定のための遺伝的グループ

- 5) 熊崎一雄, 芝田猛 1983 九州地域における兵庫県産種雄牛の産肉形質に関する遺伝的評価, 日畜会報, 54 : 463~469
- 6) Pollak, E. J., Ufford, G. R. and Gross, S. J. 1977 Comparison of alternative models for within-herd genetic evaluation of beef cattle, J. Anim. Sci., 45:1010~1014
- 7) 佐々木義之, 祝前博明 1980 BLUP法による増体率および飼料利用性に関する黒毛和種雄牛の育種価推定, 日畜会報, 51 : 93~99
- 8) 全国和牛登録協会 1976, 1977, 1978, 1979, 1980, 1981 和牛種雄牛産肉能力検定成績