



PRESS RELEASE

大学記者クラブ加盟各社 御中

平成21年 3月17日
岡山大学

遺伝的同一個体を含む集団に対する

遺伝的分析法の開発

概要：

現在の家畜の育種では、育種価と呼ばれる遺伝的評価値を利用することによって、これまでになく高い改良量を実現できるようになりました。育種価の推定には混合モデルが使われていますが、これまで遺伝的同一個体を含む集団を対象とした正確な推定方法はありませんでした。そこで、この点を解決するため、新たな分析方法の開発を行いました。

- ・ われわれの家畜育種学研究ユニットでは、これまで肉用牛や豚の育種研究を行ってきました。今回さまざまな遺伝的同一性をもつ集団に対応可能な育種価推定法を開発したので報告いたします。遺伝的同一個体とは一卵性双子、さまざまな手法でつくられたクローン動物を指します。
- ・ 育種価推定法の定法は、遺伝的同一個体を含む集団には対応していませんでしたし、また既存の遺伝的同一個体に対応する方法は完全に同一な場合だけにしか対応できないという難点がありました。しかし、最近の分子遺伝学的研究成果により、遺伝的同一性をみだす要因がいろいろと明らかになってきました。そこで、私は約3年前に当時修士課程の大学院生であった安田和央（やすだ かずひろ）君と一っしょに不完全な同一性を考慮した分析方法の開発を始めました。今回の研究成果から、実用面では現在700頭前後いるクローン牛の生産記録を育種価評価システムに含めることが可能になる利点が得られますし、研究面ではクローン動物間の遺伝的同一性に関する基礎的研究が可能になると考えられます。なおこの研究内容は、フランスの学術雑誌 *Genetics Selection Evolution* に3月3日に掲載が決定しました。また、同日よりこの雑誌のインターネットサイトにて公表されています。

<お問い合わせ>

岡山大院自然科学・及川卓郎

(電話番号) 086-251-8334

(FAX番号) 086-251-8401



PRESS RELEASE

混合モデルでは、測定値の成り立ちは、下記のように仮定されます。

$$y = Xb + Zu + e$$

ここで、 y は測定値のベクトル、 b は環境効果を表す母数効果ベクトル、 u は育種価を表す変量効果ベクトル、 e は残差ベクトルとする。また、 X と Z はそれぞれ b と u を関係づける係数行列です。

上のモデルで重要なことは、観測値は環境効果と育種価の一次式で表されていることです。

このモデルの b と u は未知の変数なので、これらを推定（予測）しなければなりません。推定に使う方程式は以下ようになります。

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\sigma_A^2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

この方程式の A^{-1} の作り方を下記のように工夫しました。ここで K 行列という行列を開発し、これを(1)式に挿入することにより、不完全な遺伝的同一個体を考慮できるように改善しました。

$$A = \left(I - \frac{1}{2}P \right)^{-1} D \left(I - \frac{1}{2}P' \right)^{-1}, \quad A^{-1} = \left(I - \frac{1}{2}P' \right) D^{-1} \left(I - \frac{1}{2}P \right) \dots\dots(1)$$

$$A = \left(I - \frac{1}{2}P \right)^{-1} DK \left(I - \frac{1}{2}P' \right)^{-1}, \quad A^{-1} = \left(I - \frac{1}{2}P' \right) K^{-1} D^{-1} \left(I - \frac{1}{2}P \right) \dots\dots(2)$$

A = 分子血縁行列

I = 単位行列

P = 親子関係を表す下三角行列

D = 近交係数より計算される対角行列

K = 同一の遺伝子を持つ個体を考慮するための行列

なお、 K^{-1} 行列の要素は下記のように計算されます。

$$0 < x \leq 2$$

$$K^{-1} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & \dots & & & & & & \\ 0 & 1 & & & & & & & \\ \vdots & & \ddots & & & & & & \\ & & & 1 & \dots & 1-x & & & \\ & & & \vdots & \ddots & \vdots & & & \\ & & & 1-x & \dots & 1 & & & \\ & & & & & & \ddots & \vdots & \\ \dots & & & & & & \dots & 1 & \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & \dots & & & & & & \\ 0 & 1 & & & & & & & \\ \vdots & & \ddots & & & & & & \\ & & & l_n & \dots & m_n & & & \\ & & & \vdots & \ddots & \vdots & & & \\ & & & m_n & \dots & l_n & & & \\ & & & & & & \ddots & \vdots & \\ \dots & & & & & & \dots & 1 & \end{bmatrix}$$

n 頭の同一の遺伝子を持つ個体が存在する場合、

$$l_n = \frac{1+(n-2)(1-x)}{x\{1+(n-1)(1-x)\}}, \quad m_n = -\frac{1-x}{x\{1+(n-1)(1-x)\}}$$