

Title	Studies on genomic prediction for carcass traits in Japanese Black cattle(Abstract_要旨)
Author(s)	Ogawa, Shinichiro
Citation	Kyoto University (京都大学)
Issue Date	2017-03-23
URL	https://doi.org/10.14989/doctor.k20427
Right	
Type	Thesis or Dissertation
Textversion	ETD

(続紙 1)

京都大学	博士 (農 学)	氏名	小川 伸一郎
論文題目	Studies on genomic prediction for carcass traits in Japanese Black cattle (黒毛和種の枝肉形質を対象としたゲノミック予測に関する研究)		
(論文内容の要旨)			
<p>黒毛和種は、在来大家畜である和牛の代表的な品種（肉用種）であり、その経済的に重要な枝肉形質について、肥育牛の形質記録および血統情報を用いた個体の遺伝的能力（育種価）予測と予測された能力値に基づく選抜育種が実施されている。一方、2008年以降はウシを含む複数の家畜種において、一塩基多型（SNP）チップの利用により、ゲノムの全域にわたる大量のSNPのジェノタイプ情報を用いた育種価予測、すなわちゲノミック予測（GP）に関する検討が可能となっている。GPが有効に実施されれば、個体の生涯の早期の段階において高い正確度での育種価予測が可能となり、遺伝的改良の更なる推進が期待できる。しかるに、現在までのところ、黒毛和種におけるGPの有効性に関する研究はほとんど実施されていない。本研究では、黒毛和種を対象として、低密度のSNPチップによって得られたSNPジェノタイプ情報の補完の利用可能性について調べるとともに、代表的な枝肉形質である枝肉重量と脂肪交雑を取り上げ、GPの有効性と実用化の可能性について検討を加えた。</p> <p>第1章では、本研究の背景と目的について述べている。</p> <p>第2章では、黒毛和種の去勢肥育牛を対象とし、イルミナ社ウシ50Kチップにより評価された約4万箇所の SNPのジェノタイプ情報を取り上げて、それら全てのSNPのジェノタイプ情報のデータセットおよびゲノム上の位置が等間隔となるように抽出したSNPのジェノタイプ情報のサブデータセットを複数、設けた。それらのデータセットのジェノタイプ情報を個々に用いて、隣接するSNP間での連鎖不平衡およびゲノム関係行列（G行列）の様相を評価した。また、枝肉重量および脂肪交雑について、G行列を利用した分散成分の推定などを行った。その結果、黒毛和種における連鎖不平衡のレベルは国外起源の主な肉用種に比べて相対的に高く、この種の大量のSNPマーカーにより、両形質の相加的遺伝分散の大半が説明され得ることが示された。また、4千箇所以上の等間隔配置のSNPマーカーの利用により、有効なGPを実施できる高い可能性が示された。</p> <p>第3章では、黒毛和種集団について、低密度SNPのジェノタイプ情報からのジェノタイプの補完の性能について検討を加えた。連鎖相の推定のため、第2章の場合と同様の約4万箇所のSNPのジェノタイプ情報を備えた新たな個体群を用意し、等間隔配置の低密度SNPのジェノタイプ情報をもとにしたジェノタイプの補完に関する検討を実施した。SNPごとのジェノタイプ補完の性能の点では、SNPのマイナーアレル頻度および染色体上の位置に応じてジェノタイプの一貫率が変動するケースも見受けられた。しかし、概して3千箇所以上の等間隔配置のSNPを用いた場合には、ジェノタイプ補完の正確度が90%以上にのぼり、黒毛和種においては低密度のSNPのジェノタイプ情報からの実用的な補完が可能であることが示された。</p> <p>第4章では、枝肉重量および脂肪交雑を対象に、第3章における検討によって補完されたジェノタイプ情報から算出されたG行列を用いた分析を実施し、ジェノタイプ補</p>			

完を行わない場合における結果と比較した。両形質において、補完されたジェノタイプ情報を用いた場合での推定遺伝率は、補完を行わない場合における値をある程度上回った。また、概して3千箇所以上の等間隔配置のSNPのジェノタイプ情報から補完されたジェノタイプの情報を用いたときには、利用可能な約4万箇所のSNPのジェノタイプ情報を用いた場合と同程度のGPの結果が得られた。よって、低密度のSNPのジェノタイプ情報から補完されたジェノタイプ情報を用いたGPは、黒毛和種の遺伝的能力評価において有効であることが示唆された。

第5章では、GPの正確度の検証のための新たな個体群を設定し、枝肉重量および脂肪交雑を対象としたGPによるゲノミック育種価予測の正確度を評価した。ここでは、イルミナ社ウシHDチップによる約60万箇所のSNPを取り上げるとともに、より低密度の50KチップおよびLDチップ相当のそれぞれ約3万箇所および約6千箇所のSNPを抽出し、計3種のSNPセットを設けた。また、HDチップによる約60万のSNPから等間隔配置のSNPを規模を変えて抽出し、SNPジェノタイプ情報の複数のサブセットも設けた。ゲノミック育種価の予測は、G行列を用いたゲノミック最良線形不偏予測法により実施した。3種のSNPセットのジェノタイプ情報を用いた場合のGPにおける予測の正確度は、枝肉重量および脂肪交雑でそれぞれ概して0.8および0.6の前後の値であった。HDチップによるジェノタイプ情報から作成された種々のSNPサブセットを用いた検討では、利用可能な約60万の千分の1の密度のSNPの情報を用いたときに、すべてのSNPを用いたときの予測正確度の80%程度が両形質において達成された。

第6章では、総合考察および全体の要約を行っている。

以上のように、本論文では、ゲノムの全域にわたる相対的に低密度のSNPのジェノタイプ情報からの補完の正確度を示すとともに、補完されたジェノタイプ情報を利用したGPは、コスト面で効率的で有効な遺伝的能力評価法であり、黒毛和種の種牛のと肉性の予備選抜において実用的な手段となり得ることを明らかにした。

注) 論文内容の要旨と論文審査の結果の要旨は1頁を38字×36行で作成し、合わせて、3,000字を標準とすること。

論文内容の要旨を英語で記入する場合は、400～1,100 wordsで作成し
審査結果の要旨は日本語500～2,000字程度で作成すること。

(続紙 2)

(論文審査の結果の要旨)

ここ十年の間に、ウシをはじめとする複数の家畜種において、ゲノムの全域にわたる高密度SNPマーカーの情報を利用したGPの実用化に関する研究が世界的に進展しつつある。しかし、和牛の代表的品種である黒毛和種を対象としたGPに関する研究は、現時点ではほぼ皆無である。また、通常では、SNPチップによるジェノタイピングのコスト抑制を図るためにジェノタイプの補完が実施されるが、黒毛和種におけるその有用性は未だ明らかではない。本論文では、黒毛和種集団における低密度SNPの情報からのジェノタイプの補完性能を明らかにするとともに、主要な枝肉形質である枝肉重量および脂肪交雑を取り上げ、GPにおける予測正確度などについて検討を加えた。評価すべき点は以下のとおりである。

1. 黒毛和種におけるSNPマーカー間の連鎖不平衡の様相を明らかにし、有効な集団の大きさが相対的に小さい本品種では、国外起源の品種に比べて連鎖不平衡のレベルが相対的に高いことを示した。
2. 商業用SNPチップによるSNPマーカー情報の使用によって、黒毛和種の枝肉重量および脂肪交雑における相加的遺伝分散の大部分が説明され得ることを示し、両形質における“失われた遺伝率 (missing heritability) の問題”の程度が相対的に大きくないことを示唆した。
3. 血統情報を用いないアプローチによるSNPジェノタイプの補完の実施、および補完されたジェノタイプの情報を用いた遺伝的能力評価から、黒毛和種においても、比較的低密度のSNPの情報からのジェノタイプ補完が高密度のSNPの情報を利用する上で有用であることを示した。
4. 比較的低密度のSNPのジェノタイプ補完を利用したゲノミック予測の正確度を評価し、種牛のと肉性の予備選抜におけるこの種のゲノミック予測の導入は有用であることを明らかにした。

以上のように、本論文は、わが国の在来大家畜である和牛の代表的品種である黒毛和種について、ゲノムの全域にわたるSNPマーカーを用いた遺伝的能力評価の有効性に関する重要な知見を与えるものであり、動物遺伝育種学、ゲノム科学および生物情報学の発展に寄与するところが大きい。

よって、本論文は博士（農学）の学位論文として価値あるものと認める。

なお、平成29年2月16日、論文並びにそれに関連した分野にわたり試問した結果、博士（農学）の学位を授与される学力が十分あるものと認めた。

注) 論文内容の要旨、審査の結果の要旨及び学位論文は、本学学術情報リポジトリに掲載し、公表とする。

ただし、特許申請、雑誌掲載等の関係により、要旨を学位授与後即日公表することに支障がある場合は、以下に公表可能とする日付を記入すること。

要旨公開可能日： 年 月 日以降 (学位授与日から3ヶ月以内)