

## Using the realized relationship matrix to disentangle confounding factors for the estimation of genetic variance components of complex traits

複雑な形質の遺伝分散成分の推定における交絡因子を解明する目的での実現血縁行列の使用

Sang Hong Lee<sup>1</sup>, Michael E Goddard<sup>2,3</sup>, Peter M Visscher<sup>1</sup> and Julius HJ van der Werf<sup>4</sup>

1Queensland Statistical Genetics, Queensland Institute of Medical Research, Brisbane, Australia, 2Biosciences Research Division, Department of Primary Industries, Victoria, Australia, 3Department of Agriculture and Food Systems, University of Melbourne, Melbourne, Australia and 4School of Environmental and Rural Science, University of New England, Armidale, Australia

背景: 複雑な形質を分析する上で、特に全きょうだい家系を用いる際には遺伝的効果は非遺伝的効果と交絡することがある。優性効果とエピスタシス効果は、概して相加的遺伝効果や非遺伝的効果と交絡している。このような交絡は、推定した遺伝分散成分の不正確さや偏りをもたらす可能性がある。

方法: 本研究で我々は、4つの複雑な形質を取り上げ、2200匹以下のヘテロマウス個体群における分散成分を推定するために、全ゲノムマーカーデータから遺伝共分散構造を構成し実現血縁行列を用いた。これらのマウスでは1万以上の SNP が調べられており、家族、ケージおよび遺伝的効果に起因する分散を、家系情報のみを基にしたモデル、全 SNP 情報を基にしたモデル、また特定の SNP 効果を考慮したモデルの計3種類を用いて推定した。

結果と結論: 全ゲノム上の SNP 情報を使えば、遺伝的効果と非遺伝的効果を区別することで遺伝分散を推定する際の交絡因子を解明できることを我々は証明した。実現血縁係数を用いて推定した分散成分は、家系情報のみに基づく分散成分と比較してより正確で偏りが少なかった。実現血縁行列を利用することに加えて、個々の SNP 選択を行ったモデル(特定の SNP 効果を考慮したモデル)は、優性分散が大きい形質でより有効である。