

Accuracy of genomic selection in simulated populations mimicking the extent of linkage disequilibrium in beef cattle

肉用牛での連鎖不平衡の程度を模倣しているシミュレート集団におけるゲノミック選抜の正確度

Fernanda V Brito^{1,2*}, José Braccini Neto², Mehdi Sargolzaei^{1,3}, Jaime A Cobuci², Flavio S Schenkel¹

¹Centre for Genetic Improvement of Livestock, University of Guelph, Guelph, ON, Canada, N1G2W1. ²Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Caixa Postal 15100, Porto Alegre, RS, Brasil, 91540-000. ³L'Alliance Boviteq, Saint-Hyacinthe, QC, Canada, J2T5H1.

[要約]

背景:ゲノミック選抜の成功は、主にマーカーと量的形質遺伝子座(QTL)との連鎖不平衡(LD)の程度、学習群(TS)における個体数および形質の遺伝率(h^2)に依存する。LDの程度は、集団の遺伝的構造およびマーカー密度に依存する。本研究の目的は、肉用牛について既報であるLDの程度とパターンを模倣して作成したシミュレート集団において、それぞれ異なるマーカー密度、遺伝率およびTSのサイズの場合について、最良線形不偏ゲノミック予測(GBLUP)法を用いて求められた直接ゲノム推定育種価(DGEBV)の正確度を計算することである。

結果:DGEBVの正確度は、TSにおける未去勢牛頭数(480、960または1920)、形質の遺伝率 h^2 (0.10、0.25または0.40)およびマーカー密度(40kまたは800k)の増加に伴い、有意に上昇した($p < 0.05$)。表現型値をマーカー効果推定に用いた場合、いずれのマーカー密度においても h^2 が0.40を下回る場合には、TSにおける個体数を4倍にまで増加させても、DGEBVの正確度上昇には十分でなかった。両親平均(PA)の期待正確度と比較すると、40kマーカーおよび1920頭の未去勢牛を含むTSを用いることを考えた場合には、形質の h^2 が0.10、0.25および0.40に等しいときにDGEBVを用いて得られる上昇量はそれぞれ27%、13%および10%であろう。

結論:乳牛における報告のように、TSのサイズおよびLDの程度はDGEBVの正確度に大きく影響を与える。このシミュレーション研究の発見から、肉用牛におけるゲノミック選抜の効果的な実施には、マーカーとQTLとのLDレベルの上昇を狙いとした高密度マーカーパネルとともに、大規模サイズのTSが必要と考えられた。