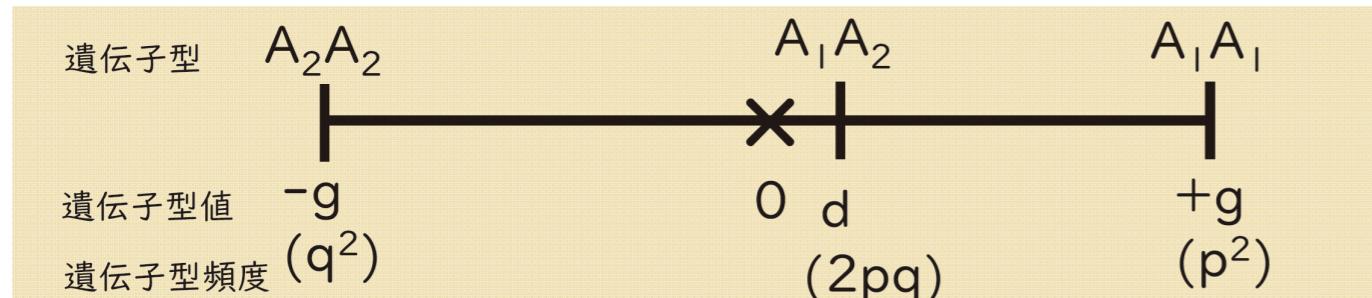


## SNP情報を用いた遺伝子の平均効果の算出



頻度（%）と値をかけたものの総和で平均値（期待値）は算出されるので、上の図の集団平均（M）は以下の式で算出されます。

$$\begin{aligned} M &= p^2 g - q^2 g + 2pqd \\ &= (p+q)(p-q)g + 2pqd \quad \because \text{遺伝子頻度の和 } p+q=1 \\ &= (p-q)g + 2pqd \end{aligned}$$

ある遺伝子の平均効果とは「ある遺伝子をもつ多数の配偶子を、集団中から無作為に抽出した配偶子と結合させてできる遺伝子型の平均値から集団平均（M）を差し引いた値」で表されるので、A<sub>1</sub>遺伝子とA<sub>2</sub>遺伝子のそれぞれの平均効果 $\alpha_1$ と $\alpha_2$ は以下のように計算できます。

$$\begin{aligned} \alpha_1 &= pg + qd - M \\ A_1A_1 A_1A_2 &= pg + qd - (p-q)g - 2pqd \quad (q \text{で整理}) \\ = q\{g+d(1-2p)\} &\because 1=p+q \\ = q\{g+d(q-p)\} & \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \alpha_2 &= -qg + pd - M \\ A_2A_2 A_1A_2 &= -qg + pd - (p-q)g - 2pqd \quad (p \text{で整理}) \\ = p\{-g+d(1-2q)\} &\because 1=p+q \\ = -p\{g+d(q-p)\} & \end{aligned}$$

ここで、 $\{g+d(q-p)\}$ を $\alpha$ とおくと、それぞれの遺伝子の平均効果は

**A1遺伝子の平均効果:  $q\alpha$ 、A2遺伝子の平均効果:  $-p\alpha$** と表されます。

これより、A2遺伝子からA1遺伝子へ置換した場合の平均効果は、

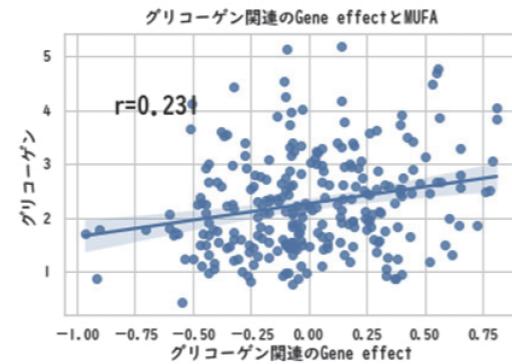
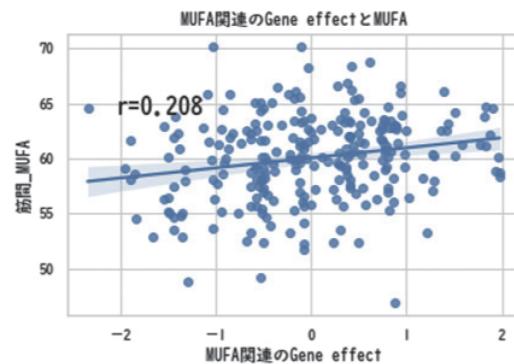
$q\alpha - (-p\alpha) = (p+q)\alpha = \alpha$  となることから、

$\alpha$ は遺伝子置換の平均効果と定義され、

よって、**遺伝子置換の平均効果は  $\{g+d(q-p)\}$  にて計算できます。**

なお、遺伝子の平均効果は相加的遺伝子効果とも言い、相加的遺伝子効果の和が**育種価**です。

## 本事業で推定したSNPの平均効果の和と理化学分析値との関係



他の遺伝子の平均効果は本事業の報告書をご覧ください。

【監修】公益社団法人全国和牛登録協会 勝田智博  
一般社団法人全国肉用牛振興基金協会

「和牛肉の新価値観構築事業に関する報告書」の問合せは  
一般社団法人全国肉用牛振興基金協会事業部へ

## 主成分分析とは

多変量解析手法の一つで、多くの変数を持つデータから、相関の高い変数を統合して、新たな合成変数である「**主成分**」に集約する手法です。

主成分は、n個の変数に対して、第1主成分から第n主成分まで作成されますが、多次元から低次元に集約することを目的とするため、通常、**寄与率**を参考に、少数の主成分に集約し、少数の主成分によってデータを説明することを目指します。

寄与率とは、各主成分の基のデータに対する説明できる度合いの指標となる**固有値**の全固有値の総和に対する比で計算され、第1主成分からの**累積寄与率**が70~80%を超える点までの主成分を選択することで、十分に説明できるデータ集約を果たすことができるとされています。

なお、主成分に対する解釈は各主成分に各変数がどれだけ寄与しているかを示す**主成分負荷量**や主成分に対する座標値である**主成分得点**を基に解釈していくことになります。

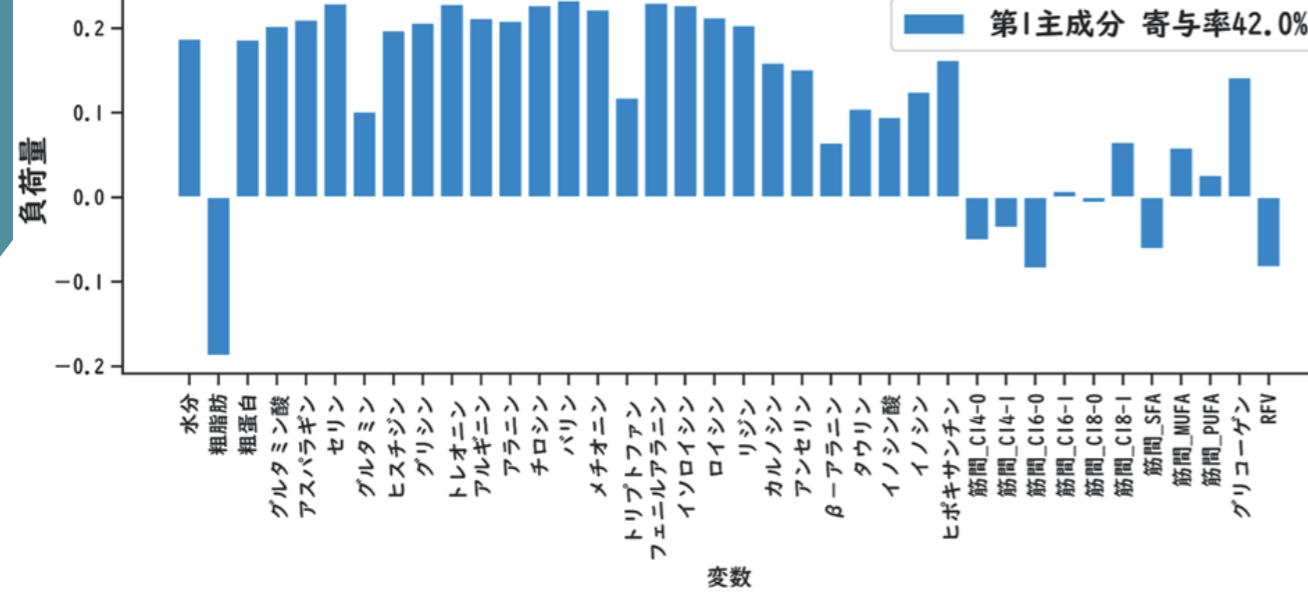
## 本事業で行った主成分分析

一般成分、アミノ酸、核酸関連物質等の38個の理化学分析値等を持つ259頭のデータセットに対して主成分分析を行いました。

累積寄与率が80%を超えたのは第7主成分までで、第1主成分の寄与率は42%でした。

第1～2主成分に対する主成分負荷量は以下の図の通りでした。

主成分分析結果の詳細は本事業の報告書をご覧ください。



## クラスター分析とは

異なる性質のものが混ざり合ったデータセットから、互いに似たものを集めて集落（クラスター）を作り、分類する多変量解析手法です。

## 本事業で行ったクラスター分析

本事業では主成分分析にて第7主成分までに要約したデータセットに対して、データ間の似通いの度合いを距離とし、ward法という手法にて、階層型のクラスターを形成し、以下の通り4つのグループに分類し、グループの特徴を把握しました。

クラスター分析結果の詳細は本事業の報告書をご覧ください。

