

## 第 16 回 AAAP 大会参加報告

京都大学大学院 農学研究科 応用生物科学専攻

小川 伸一郎

2014 年 11 月 10 日から 14 日までの 5 日間にわたり、ガジャ・マダ大学（ジョグジャカルタ・インドネシア）にて第 16 回 AAAP 大会が開催されました。私は、『Accuracy of Genomic Prediction Using Cross-Validation Scheme for Carcass Traits in Japanese Black Cattle』というタイトルでポスター発表しましたので、その模様についてご報告いたします。

### 《発表の概要》

「ゲノミック予測」とは、ゲノム全体にわたり高密度に存在する一塩基多型（SNP）を DNA マーカーとして扱い、個体の遺伝的能力を予測することを指します。血統情報および後代個体を必要とする従来法に比べると、大幅なコスト削減が可能と期待されるものの、黒毛和種を対象とした本予測に関する研究例は現時点では僅かであり、実データを用いた各種の検討が望まれます。本予測では、予測式構築用ならびに能力予測用の異なる 2 群が存在し、両群間の遺伝的な近縁性は、予測の正確度に影響を及ぼすと考えられます。また、予測正確度の調査の際にしばしば採用される交差検証においては、データの様々な分割方法が利用可能です。そこで今回、枝肉 6 形質を対象に、分割方法として一般的な「無作為抽出」だけでなく、遺伝的な近縁性のより低いサブ集団形成を目指し、クラスタリング手法の一つである「K 平均法」の結果に基づく 3 分割交差検証によるゲノミック予測を実施しました。無作為抽出による場合、数～10 頭程度の後代数による後代検定に相当する予測正確度が複数の形質について得られ、黒毛和種枝肉形質に関する予備選抜の場面における本手法の有用性が示唆されました。一方、全ての SNP 情報を用いた K 平均法の結果を用いた場合、無作為抽出の場合と比べて、予測正確度の実質的な減少はほぼみられず、原因として、対象形質の違いなど複数の要因が挙げられると考えられました。

### 《発表の状況》

当初、内容だけでなくデザインも素晴らしいポスターが数多く貼られている中で、どれだけ私のポスターに関心を持って下さる方がいらっしゃるのかと不安に思う部分もありました。しかし実際は、予想に反して嬉しいことに、国籍の異なる複数の方々とディスカッションを行うことができました。用いたデータに関するコメントが非常に多く、「黒毛和種と Wagyu は違うのか」という質問からも、Wagyu に対する世界的な注目度の高さが垣間見えるような体験となりました。また、意外なところで「なぜ」と問われることもあり、その回答を上手く伝えるように考えながら英語で言葉を交わした時間は、非常に良い経験になったと信じています。

### 《大会の感想》

本大会は、私にとって初の国際学会であったうえに、大会以外でもインドネシアの文化にも触れることができ、たくさんの貴重な体験をすることができました。また、ポスター発表などを通して、自らの英語力の乏しさを認識し、英語でのコミュニケーション能力を高めることの重要性を痛感いたしました。英語力を磨き、自信をつけることで、次回の国際学会参加の折には、より質の高い議論を行いたいと心から思いました。

最後となりましたが、本大会への参加にあたり JSAS 第 16 回 AAAP 大会プレゼンテーションアワードを授与くださった日本畜産学会、ならびに大会参加にあたりお世話になった全ての皆様に対して深く御礼申し上げます。

