みつやすはな

# 光安花

大分県系統雌牛：やすはな系



黒原6354(85.4)
生年月日:平成31年1月24日
繁殖者:佐伯市　河野弘光氏
個体識別番号:16008-2202-3
遺伝病:10形質フリー
骨格粗大症(SD):保因なし
直接検定DG:1.34kg

| | | | |
|---|---|---|---|
| 湯布安平<br>黒原5003(82.2)<br>(大分・由布) | 安平<br>黒原2208(84.0)<br>(宮崎・宮崎) | 安福(宮崎) | 田安土井 |
| | | きよふく | 安福(岐阜) |
| | かずこ<br>黒1947439(79.6)<br>(岐阜・高山) | 安福(岐阜) | 安谷土井 |
| | | ふくすぎ | 招福 |
| ひさおほたか<br>黒原1553860(80.1)<br>(大分・佐伯) | 安福久<br>黒原4416(85.5)<br>(栃木・那須) | 安福165の9 | 安福(岐阜) |
| | | もとじろう | 紋次郎 |
| | やすふく<br>黒原1477612(81.3)<br>(大分・佐伯) | 寿恵福 | 糸福(大分) |
| | | やすしげ | 平茂勝 |

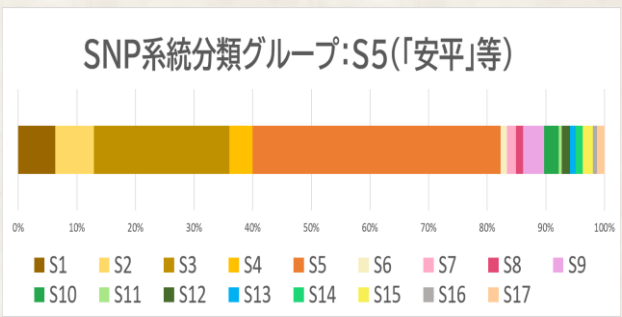
近交係数　5.64%

## ■現場後代検定成績

| 性別 | 調査牛頭数 | 出荷月齢 | 枝肉重量 | ロース芯面積 | バラ厚 | 皮下脂肪厚 | 推定歩留 | BMS No. | MUFA |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 去 | 13 | 28.4 | 497.1 | 68.4 | 8.0 | 2.7 | 75.0 | 9.1 | 56.8 |
| 雌 | 5 | 29.6 | 472.6 | 66.2 | 8.1 | 3.7 | 74.2 | 7.8 | 63.6 |
| 総計 | 18 | 28.7 | 490.3 | 67.8 | 8.0 | 3.0 | 74.8 | 8.7 | 58.6 |

## ■枝肉6形質　推定育種価(R8.4月評価時点)

| 枝肉重量 | B | ロース芯面積 | H | バラ厚 | D |
|---|---|---|---|---|---|
| 育種価 | 正確度 | 育種価 | 正確度 | 育種価 | 正確度 |
| 64.475 | 0.948 | 26.44 | 0.955 | 0.533 | 0.942 |
| 皮下脂肪厚 | D | 歩留基準値 | B | BMS No. | B |
| 育種価 | 正確度 | 育種価 | 正確度 | 育種価 | 正確度 |
| -0.299 | 0.96 | 3.336 | 0.962 | 2.764 | 0.961 |



# 用語解説

- **遺伝的不良形質**
  現在、黒毛和種で遺伝子診断が可能な遺伝的不良形質には次のものがあります。 本パンフレットでは1～10の遺伝病および骨格粗大症(SD)の保因状況を明記しています。

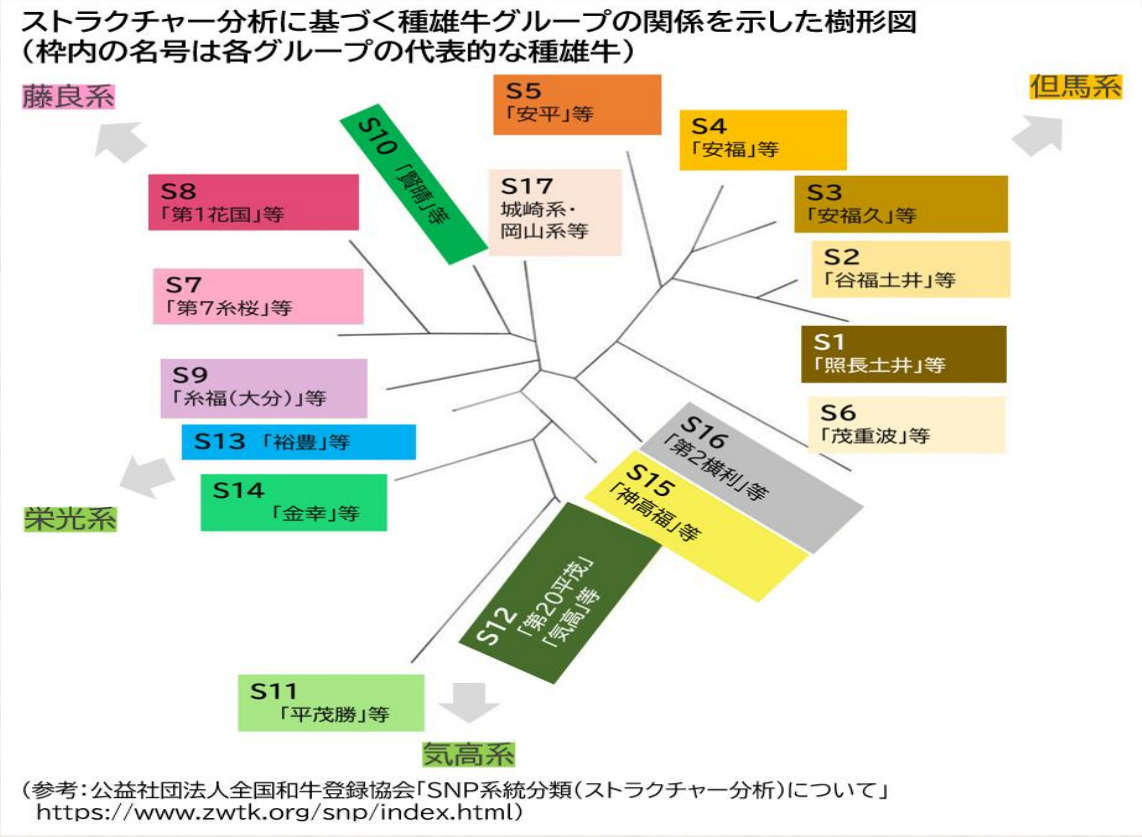
1. バンド3欠損症(B3)
2. クローディン16欠損症(CL16)
3. IARS異常症(IARS)
4. 前肢帯筋異常症(FMA)
5. 眼球形成異常症(MOD)
6. 血液凝固第13因子欠損症(F13)
7. モリブデン補酵素欠損症(MCSU)
8. チェディアック・ヒガシ症候群(CHS)
9. メラニン細胞刺激ホルモン受容体(MSHR)
10. バーター症候群1型(BAS1)
11. 骨格粗大症(SD)

※上記の遺伝的不良形質は単純劣勢遺伝様式をとります。保因種雄牛を交配する際は、同病の保因が疑われる雌牛を避けることで、発症を防ぐことができます。

- **直接検定DG**
  直接検定期間112日間の1日あたり増体量を表示しています。

- **育種価評価(BV)**
  子牛が生まれつき親から授かった遺伝的能力のことで、下表に示す平均値から、どの程度優れているか(劣っているか)を数値で表したものです。
  通常、後代の成績と血統情報から統計遺伝学的に算出して**「推定育種価」**として表記しますが、算出出来ない場合は、両親の育種価から計算した**「期待育種価」**や祖父母の育種価から計算した**「期待の期待育種価」**などで表されることもあります。
  大分県では、(公社)全国和牛登録協会の計算した育種価を採用しており、本パンフレットには、枝肉の6形質(枝肉重量、ロース芯面積、バラ厚、皮下脂肪厚、歩留基準値、脂肪交雑基準値)の育種価を掲載しています。

- **SNP系統分類(ストラクチャー分析)**
  種雄牛のSNP型情報を用いた分析結果に基づき、ゲノム構成の似通いに応じて分類したもので、従来の血統情報ではわからなかったDNAレベルでの特徴や似通いを考慮した系統分類です。
  集団をS1～S17の17集団(系統)と仮定し、最大のゲノム構成割合に基づきS1～S17のグループに分類されます(最大のゲノム構成割合が30%未満の場合は、S00(未分類)として表示)
  下図は、17グループの関係を遺伝的距離に置き換えて表したもので、グループ同士をつなぐ線はグループ間の個体の平均的な遺伝的距離を示しています。



(参考:公益社団法人全国和牛登録協会「SNP系統分類(ストラクチャー分析)について」
https://www.zwtk.org/snp/index.html)