

フィールド記録を用いた BLUP 法による肉用種 種雄牛評価のためのモデルの検討

佐々木義之・佐々江洋太郎*

京都大学農学部, 京都市 606

*大分県庁, 大分市 870

(1987. 6. 15 受付)

要約 フィールド記録を用いて種牛評価を行なう場合、当該集団の構造に適合したモデルを選択することが重要である。そこで、昭和 55 年から 58 年にかけて大分県から出荷された黒毛和種去勢肥育牛 2,208 頭の枝肉市場記録を用いて、モデルの当てはまりおよび予測誤差分散の観点からモデルの検討を行なった。その結果、黒毛和種の現状では遺伝的グループを取り込む必要はないが、種雄牛の交配にランダム交配からのズレが認められ、モデルに母方祖父牛を考慮すべきであることが分かった。また、肥育農家としては中程度以上の規模の農家を取り込み、年度-肥育農家としないで、年度と肥育農家とを別々の主効果として取り上げる方が妥当であることが示唆される。日畜会報, 59 (1): 23-30, 1988

大家畜育種の本義は特定の優秀な個体を作出するのではなく集団全体のレベルアップを図ることである。そのためには集団の現状を把握し、育種計画を立案して行くのにフィールド記録を収集・利用することが不可欠である。種雄牛の後代検定においても現今のわが国においては検定場方式が中心となっているが、検定場方式の後代検定の真価を發揮させる上でも今後フィールド記録を利用した現場後代検定を取り込んでいく必要がある。

その際、フィールド記録には多くの環境要因が関与している。また、改良体制が整えば整うほど、改良の成果である遺伝的趨勢が生じる。さらに、優秀な雄牛はより多く供用され、より多くの後代記録が得られ、各雄牛当たりの後代牛数にアンバランスが生じる。さらに、優秀な雄牛は優秀な雌牛と交配されることになり、後代検定のための息牛生産の前提であるランダム交配が成り立たなくなる。

これらフィールド記録に伴う種々の問題点を克服して、より正確な種雄牛評価を行なうために BLUP 法^{2,3)}が適していることは多くの認めるところである⁴⁻⁸⁾。BLUP 法では環境要因、遺伝的グループなどの母数効果は混合モデル方程式を解くことにより、種雄牛の効果の最良線形不偏予測量 (BLUP) とともに最良線形不偏推定値 (BLUE) として得られる。すなわち、取り上げた環境要因の影響を除いた種雄牛評価が行なえるということである。また、後代牛生産のためのランダム交配からの偏

りの影響を除くには母方祖父牛を考慮したモデルの BLUP 法が用いられている^{9,10)}。

しかしながら、母数効果に取り上げるべき要因は何か、その中に遺伝的グループを含めるべきか否か、母方祖父牛を考慮すべきか否か、などについては対象とする集団、収集されたデータの構造などにより異なる。そこで、黒毛和種における枝肉市場記録にもとづく種雄牛評価に適したモデルについて検討した。また、乳牛などの後代検定において通常「牛群」が重要な因子として取り上げられる。肉用牛の場合、繁殖農家がこれに相当するが、産肉能力を問題にする場合、これに代わって肥育農家が重要な因子となる。この因子の取り扱いについても検討した。

材料および方法

昭和 55 年から 58 年にかけて大分県から出荷された黒毛和種去勢肥育牛 3,899 頭のうち、大阪松原卸売市場に出荷された 2,208 頭のデータを用いて以下の検討を行なった。

分析 1: これらの肥育牛の 1 農家当りの出荷頭数別分布は表 1 に示すとおりであった。そこで、1 農家当りの出荷頭数が 3 頭以上、10 頭以上および 30 頭以上である農家から出荷された肥育牛のデータセットについて、それぞれ 1 日当り増体量 (以下 DG と略す)、枝肉重量および脂肪交雑について分散分析を行なった。このとき、各データセットごとに 1 種雄牛当たりの後代牛数が 5 頭以

Table 1. Number of fattening farms and fattened steers classified by the farm scale

Farm scale ^{a)}	Number of fattening farms	Number of fattened steers
More than 100	3	544
50~99	13	832
30~49	12	497
10~29	14	257
3~ 9	9	48
1~ 2	21	30
total	72	2,208

^{a)} Number of the fattened steers which were shipped from the farm to the MATSUBARA carcass market during 1980 to 1983.

上の種雄牛に限定した。

分析 2: 種雄牛を出生年次により 3 つの遺伝的グループに分類した。すなわち、黒毛和種の改良過程を昭和 44 年以前の役肉用牛時代、昭和 45 年から 49 年までの増体能力をねらった時代、それ以後の肉質をねらった時代の 3 つに区分し、これらをそれぞれ遺伝的グループ I, II, III とした。これら遺伝的グループの効果を含んだ数学モデルにより分散分析を行なった。このとき、種雄牛および肥育牛の遺伝的グループ別頭数分布は表 2 に示すとおりであった。なお、1 肥育農家当りの出荷牛頭数が 10 頭以上の農家データで、1 種雄牛当りの後代牛数が 5 頭以上となるデータのみを取り上げた。

分析 3: 遺伝的グループおよび母方祖父牛を考慮することが BLUP 法による評価の予測誤差分散 Predicted Error Variance (以下 PEV と略す) におよぼす影響をみるために前述の遺伝的グループをモデルに取り込んだ場合と取り込まなかった場合の両方について母方祖父牛を考慮しない通常の後代検定モデルの BLUP 法 (以下 S-BLUP と略す) および母方祖父牛を考慮した後代検定モデルの BLUP 法 (以下 MGS-BLUP と略す) により種雄牛評価を行なった。考慮した母方祖父牛の頭数は 1, 4, 13, 27 および 93 頭で、これらは母方祖父牛 1 頭当りの孫 (肥育牛) の数がそれぞれ 200 頭以上, 100 頭以上, 50 頭以上, 20 頭以上および 2 頭以上に相当する。

分析 4: 1 農家から出荷された肥育牛の数が 10 頭以上である基本データセットおよび、その数が 3 頭以上のデータと 30 頭以上のデータの 3 つのデータセットについて、出荷年度と肥育農家とをそれぞれ主効果として取り上げ、S-BLUP および MGS-BLUP の両方により種雄牛評価を行なった。

一方、年度-肥育農家の組合せ効果を主効果として取

り上げ、S-BLUP および MGS-BLUP により種雄牛評価を行なった。これと年度と肥育農家とを別々の主効果として取り上げた場合とを比較するために両者の肥育牛総数がほぼ等しくなるように年度-農家の組合せ効果当りの肥育牛数をそれぞれ 3 頭以上, 2 頭以上および 8 頭以上とした。

分析 5: 最後に遺伝的グループを取り上げない MGS-BLUP において全ての種雄牛の後代牛に関する記録を用いた場合と 1 種雄牛当りの後代牛数が 5 頭以上および 10 頭以上に制限した場合との間で PEV の大きさを比較した。

最小自乗分散分析は HENDERSON の方法 III¹¹⁾ により HARVEY の最小自乗分散分析用コンピュータプログラム LSMLMW¹²⁾ を用いて行なった。

種雄牛の評価は最良線形不偏予測量の混合モデル方程式による解法いわゆる BLUP 法^{2,3)} により行なった。母方祖父牛を考慮した後代検定モデルの BLUP 法 (MGS-BLUP) は EVERETT ら⁹⁾ および QUAAAS ら¹⁰⁾ により述べられているが、ここでは以下に述べる算法で計算した。

評価個体である種雄牛、その交配相手の父すなわち母方祖父牛およびそれらの祖先牛の育種価のベクトルを a で表すと各後代牛の記録は式 (1) のごとく表される。

Table 2. Number of sires and fattened steers separated into genetic groups by the birth year of the sires

Genetic group	Sires	Fattened steers
I	11	156
II	26	1,505
III	22	547

I : Before 1970, II : From 1970 to 1974, III : After 1974.

$$Y = X_{\beta}\beta + X_G G + Z_R a + \varepsilon \dots\dots\dots(1)$$

ただし、 Y ：後代牛のある形質の記録のベクトル、 β ：未知である母数効果のベクトル、 X_{β} ：個々の記録が母数効果 β のどの水準に属するかを示す既知の計画行列（デザインマトリックスともいう）、 G ：未知である遺伝的グループの効果、 X_G ：各後代牛の父あるいは母方祖父牛がどの遺伝的グループに属するかを示す既知の計画行列で、各行は父に相当する要素が 0.5、母方祖父牛のそれが 0.25、もし両者が同一である場合は 0.75、それ以外が 0 からなり、 a ：評価個体の育種価のベクトル、 Z_R ：個々の記録の得られた後代牛がどの父の後代であるか（相当する要素が 0.5）さらにどの母方祖父牛の孫であるか（相当する要素が 0.25）を示す既知の計画行列、 ε ：残差である。ここで、 a および ε が変量効果で、それらの期待値は 0、 $\text{Var}(a) = G = A\sigma_a^2$ 、 $\text{Var}(\varepsilon) = R_R = I\sigma_e^2 + R_a\sigma_a^2$ 、 $\text{Cov}(a, \varepsilon) = 0$ で、 A は a に含まれる全ての個体の分子血縁係数行列で、 R_a は $\{1 - 0.25(a_{ss} + 0.25a_{mm})\}$ を対角要素とする対角行列で、 a_{ss} および a_{mm} はそれぞれ種雄牛および母方祖父牛の分子血縁係数行列 A の対角要素である。なお、 σ_a^2 および σ_e^2 はそれぞれ当該形質の相加的遺伝分散および環境分散である。

このようにモデルを定義すると、混合モデル方程式が式(2)のごとくたてられる。

$$\begin{bmatrix} X_{\beta}' R_R^{-1} X_{\beta} & X_{\beta}' R_R^{-1} X_G & X_{\beta}' R_R^{-1} Z \\ X_G' R_R^{-1} X_{\beta} & X_G' R_R^{-1} X_G & X_G' R_R^{-1} Z \\ Z' R_R^{-1} X_{\beta} & Z' R_R^{-1} X_G & Z' R_R^{-1} Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta \\ G \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_{\beta}' R_R^{-1} Y \\ X_G' R_R^{-1} Y \\ Z' R_R^{-1} Y \end{bmatrix} \dots\dots\dots(2)$$

この式(2)の解 β° 、 G° および \hat{a} より、 a の BLUP および β と G の BLUE が得られる。そこで、種雄牛および母方祖父牛の育種価は

$$\hat{g} = k'G^{\circ} + \hat{a} \dots\dots\dots(3)$$

により予測される。ここで、 k' は各評価個体がどの遺伝的グループに属するかを示す行列である。従って、種雄牛および母方祖父牛の期待後代差 Expected Progeny Difference（以下、EPD と略す）は式(3)で得られた \hat{g} を 1/2 倍することにより得られる。

期待後代差の PEV は遺伝的グループを含まないモデルでは式(2)の係数行列の逆行列における種雄牛に相当する対角要素の 1/4 倍である。遺伝的グループを含むモデルでは係数行列の逆行列 C から PEV を次式により算出した。

$$PEV = (C^{ee} + C^{oo} + 2C^{eo}) \times 0.25 \dots(4)$$

ただし、 C^{ee} は係数行列の逆行列 C における当該遺伝的グループに相当する対角要素、 C^{oo} は種雄牛に相当する対角要素で、 C^{eo} はそれらの非対角要素である。

前述の算法は父と母方祖父牛とによる縮約化個体モデル^{13,14)} の BLUP 法の特種な場合とみることが出来る。

即ち、検定息牛は記録を持っていて後代を持たない個体に相当するが、後代検定においては決してこれらが評価個体に加えられることはない。一方、評価対象となる検定息牛の父、母方祖父牛あるいはそれらの祖先牛はそれら自身通常記録を持たない。言い換えれば、記録情報を提供する個体と評価個体とが完全に分離しているので、通常の後代検定モデルの BLUP 法と比較して評価個体数の減少にはつながらないが、母方祖父牛を取り込む場合でもまたそうでない場合でも同一の算法を取ることが出来るメリットがある。この算法により種雄牛評価のためのコンピュータプログラム SIREEV を作製した。また、分子血縁係数行列の逆行列 A^{-1} は HENDERSON の直接法¹⁵⁾ により、血統処理用コンピュータプログラム ODRAINV を用いて算出した。その際、血統情報として父および母方祖父牛を用いた。

分散分析および種雄牛評価のための数学モデルには母数効果として脂肪交雑の場合、出荷年度、肥育農家、種雄牛および出荷時日齢への 1 次回帰を、また DG と枝肉重量の場合、出荷年度、肥育農家、種雄牛、肥育開始時日齢への 1 次回帰および出荷次日齢への 1 次並びに 2 次回帰を取り上げた。また、対象とした形質すなわち DG、枝肉重量および脂肪交雑は肉牛産業上重要な形質

であると同時にそれぞれ、フィールド記録にもとづき推定された遺伝率の低い形質、中程度の形質および高い形質の代表として取り上げた¹⁾。

モデルとしての妥当性を比較するのに分散分析の場合、残差分散の大きさを、種雄牛評価の場合、PEV の大きさを用いた。後者の場合比較されるデータセットあるいはモデルにおいて共通に存在する種雄牛 23 頭（基本データセットにおいて 1 種雄牛当りの後代牛数が 10 頭以上であるもの）の PEV についてそれらの平方根をとり対応がある場合の差の t 検定を行なった。

結果および考察

BLUP 法は種々の変容が可能であるところにその特徴がある^{2,3)}。逆に言えば、BLUP 法を適用しようとする場合、その評価を行なおうとしている集団構造に適合したモデルを選択する必要があるということである。一般に種々の要因が関与している場合に最適化を図るにはすべての要因を同時に考慮する要因実験が望ましいとさ

れている。しかしながら、本研究に用いたデータのようにフィールド記録の場合はアンバランスデータであるために同時に種々の要因を考慮することが難しい。そこで、ある程度試行錯誤を繰り返しながら、より基本的な事項から順次検討し、その結論を踏まえて次の事項へと検討を進めるトーナメント方式をとった。

まず、もっとも重要な母数効果であると考えられる肥育農家について1農家当りの肥育牛出荷頭数の下限値について検討した。出荷頭数の下限を3段階とし、3つのデータセットについて分散分析を行ない、それらの間の残差分散の大きさを比較してみた(分析1)。その結果は表3に示すごとく、脂肪交雑の場合出荷頭数の少ない農家を含めるほど残差分散は大きかったが、枝肉重量およびDGの場合は1肥育農家当りの出荷頭数を10頭以上に限定したとき残差分散は最小で、それより多い農家に限定しても逆に少ない農家に限定しても残差分散が大きくなる傾向が認められた。

BLUP法による種雄牛評価モデルに遺伝的グループ

の効果を含めるべきか否かについては議論の分かれるところである^{5,16-21)}。はっきり言えることは種雄牛の遺伝的グループ間に大きな差異が存在する場合にはグループを取り込むべきであるが、余り大きくない場合は取り込まない方がよいということである^{5,20)}。そこで、遺伝的グループの要因を取り込んだ数学モデルにより分散分析を行なってみた(分析2)。その結果は表4のとおりで、何れの形質についても遺伝的グループ間の変動に有意性は認められなかった。

さらに、遺伝的グループを含んだモデルと含まないモデルについてBLUP法により種雄牛評価を行ない、PEVの大きさを比較してみた(分析3)。その結果は表5に示すごとく、遺伝的グループを含んだモデルではそれを含まなかった場合に比べてPEVが著しく大きかった。ここで、評価の正確度は

$$r_{gg} = \sqrt{1 - \frac{PEV}{a_{gg} \sigma_a^2}}$$

Table 3. Effect of farm scales grouped by the least number of fattened cattle for analysis of variance on the residual variance

Farm scale (Least heads/farm)	Residual variance		
	Marbling score	Carcass weight (kg ²)	Daily gain (kg/day) ²
3	4.918	863.62	0.00501
10	4.902	852.31	0.00499
30	4.742	852.60	0.00504

Table 4. Analysis of variance for daily gain and marbling score with the model in which the genetic groups are included

Source of variance	Mean square		
	Marbling score	Carcass weight	Daily gain
Genetic group	2.80	1463.7	0.0171
Sire within genetic group	24.12**	3950.1**	0.0131**
Year	17.09*	2732.1*	0.0575**
Farm	35.46**	8030.2**	0.0541**
Linear regression on initial age	—	20107.1**	0.0796**
Regression on final age			
Linear	38.35**	4151.5*	0.1176**
Quadratic	—	4904.0*	0.0777**
Residual	4.64	788.0	0.0045

*, $p < .05$, **; $p < .01$.

肉用種雄牛評価用 BLUP モデル

のごとく表されるから、PEV が大きくなるということは正確度が低下することを意味する。ただし、 a_{00} および σ_e^2 は式(1)の説明で述べたとおりである。

従って、分析2および分析3の結果から現状では種雄牛の遺伝的グループを含んだモデルを採用する必要はないものと推察される。

一方、母方祖父牛を考慮することにより PEV は有意に低下した(表5)。PEV の減少率は遺伝的グループを含まないモデルの場合 DG で 6.2%、脂肪交雑で 11.8% であった。遺伝的グループを含んだモデルの場合になるとその減少率は実に DG で 15.7%、脂肪交雑で 32.9% にものぼった。乳牛においても母方祖父牛を考慮することにより正確度が上昇することが認められている²²⁾。しかしながら、表5に示すごとく取り上げる母方祖父牛の数が増加するとかえって PEV が大きくなる傾向が認められた。さらに、取り上げる母方祖父牛の数を増やすことにより当然のことながら評価個体数も増加し、解くべき方程式の数が多くなる。

先に伊藤と佐々木²³⁾も鹿児島県における枝肉市場データを用いて、母方祖父牛を考慮することにより PEV が 1 割程度減少することを報告した。その際、母方祖父牛を考慮するとプログラムが複雑になることに触れたが、本研究で採用した算法では両者間にほとんど差はない。

従って、PEV の大きさから考えると必要最小限の母方祖父牛を取り込むべきだし、種雄牛評価値の雌牛評価への利用を考えるとなるべく多くの母方祖父牛について評価値のある方が望ましい。これら両者を考慮し本データの場合 50 頭以上の孫のデータを有する母方祖父牛 13 頭を取り上げるのが妥当であると判断された。

次に、遺伝的グループを含まないモデルで、母方祖父牛を考慮する場合は孫の数が 50 頭以上のもののみを考慮するものとして、肥育農家当りの出荷頭数の下限値を何頭にするかおよび肥育農家の要因を主効果として取り上げるか、出荷年との組合せ効果として取り上げるかについて検討した(分析4)。その結果は表6に示すごとく、すべての場合において MGS-BLUP による評価値の PEV の方が有意に小さかった。また、1 肥育農家当りの出荷牛頭数の少ない農家も含め、全記録数を増やせば PEV は有意に小さくなることが分かった。これは記録数の増加により各種雄牛当りの後代牛数が増加し、それによる PEV の減少が生じたものと推察される。

従って、PEV だけを見ると出荷頭数の少ない農家も含めた方がよいように見受けられるが、分析1における残差分散に対するほぼ影響を考慮し、1 肥育農家当りの出荷頭数が 10 頭以上の農家を取り上げるのが妥当であると推察される。

一方、肥育農家を出荷年次と別々に主効果として取り上げた方が、年次との組合せ効果として取り上げた場合よりも微小ではあるが PEV は常に小さかった。さらに、年次と農家とを組み合わせるとその水準数が 3 倍以上となった。従って、年次と農家との間の交互作用の効果が無視できるならばそれぞれを別の主効果として取り上げた方がよい。

そこで、出荷年次と肥育農家との間の交互作用について検討したが、肥育農家当りの出荷牛頭数が 50 頭以上と多いデータについて分散分析を行なおうとしても両要因間に従属関係が生じ、交互作用の効果の有無を明らかにすることはできなかった。

Table 5. Effect of inclusion of the genetic groups and (or) maternal grandsires into BLUP model on the predicted error variance

Model	Number of maternal grandsire	Number of animals evaluated	Square root of predicted error variance			
			Marbling score		Daily gain	
			No genetic group	Genetic group	No genetic group	Genetic group
S-BLUP ^{a)}	0	118	0.311	0.443	0.00792	0.01198
MGS-BLUP ^{b)}	1	118	0.292	0.363	0.00767	0.01100
	4	121	0.292	0.371	0.00767	0.01132
	13	129	0.293	0.381	0.00768	0.01198
	27	143	0.294	0.420	0.00768	0.01310
	93	226	0.294	0.747	0.00769	0.02500

a) S-BLUP model includes sires only.

b) MGS-BLUP model includes sires and maternal grandsires.

Table 6. Effect of farm code and the least number of fattened cattle per farm included into the data for sire evaluation on the predicted error variance

Model	Farm code	Least number fattened (Heads/class)	Number of classes	Total number of records	Number of animals evaluated	Square root of predicted error variance	
						Marbling score	Daily gain
S-BLUP ^{a)}	Farm itself	30	28	1873	111	0.322	0.0081
		10	42	2130	118	0.311	0.0079
		3	51	2178	118	0.308	0.0079
	Year-farm	8	96	1872	113	0.326	0.0082
		3	152	2141	118	0.316	0.0080
		2	171	2179	118	0.315	0.0080
MGS-BLUP ^{b)}	Farm itself	30	28	1873	123	0.304	0.0079
		10	42	2130	129	0.293	0.0077
		3	51	2178	129	0.291	0.0076
	Year-farm	8	96	1872	124	0.308	0.0079
		3	152	2141	129	0.298	0.0078
		2	171	2179	129	0.297	0.0078

a) S-BLUP model includes sires only.

b) MGS-BLUP model includes sires and maternal grandsires.

Table 7. Effect of sire class grouped by the least number of progeny for sire evaluation on the predicted error variance

Sire class (Least number of progeny/sire)	Square root of predicted error variance	
	Marbling score	Daily gain
1	0.293	0.00768
5	0.296	0.00771
10	0.298	0.00775

最後に1種雄牛当りの後代牛数が1頭だけのものから358頭にのぼるものまであるので、少ない後代牛数しか持たない種雄牛の記録を含めるべきか否かについて検討した(分析5)。その結果は表7に示すごとく、1種雄牛当りの後代牛数の下限値を小さくするほど評価対象個体のPEVは小さくなっている($P < .01$)。一般に後代牛数の少ない種雄牛のPEVは後代牛数の多い種雄牛のそれよりも大きい。しかし、後代牛数の少ない種雄牛の後代牛の記録を加えることにより血縁を通じて他の種雄牛の評価に情報が追加されることになり、その分PEVが小さくなるものと考えられる。このことは1種雄牛当りの後代牛数については制限を加えないですべての記録を用いた方がよいことを示唆している。

以上、枝肉市場記録を用いて肉用種の種雄牛評価を行なう場合のモデルについて検討してきたが、これは大分県でこれまで飼育されてきた黒毛和種についての結果であり、これらの結果がそのまま他の集団あるいは品種に当てはまるとは限らない。しかしながら、各品種各集団において種雄牛評価モデルを検討する際の指針とはなるであろう。また、BLUP法を適用する場合に種々の変容が可能であるからといってモデルを複雑にすればよいというものでないことも明らかとなった。

本稿を終るに臨み、血統処理用コンピュータプログラムの作製についてご協力いただいた京都産業大学野村哲郎講師に深謝の意を表す。なお、本研究は文部省科学

研究費補助金 (No. 61304029) により行なった研究の一部であることを記し、関係者に謝意を表する。

文 献

- 1) 佐々木義之・佐々江洋太郎・内山昭二・林田雅夫・祝前博明・伊藤要二・元日田融・伊藤雅之・高崎 充, 肉研会報, **41**: 21-27. 1986.
- 2) HENDERSON, C.R., In Proc. of the Anim. Breeding and Genetics Sym. in Honor of Dr. J.L. LUSH. 10-41. A.S.A.S. and A.D.S.A. Champaign. Illinois. 1973.
- 3) HENDERSON, C.R., In Proc. Intl. Conf. Quant. Genetics (POLLAK, E., O. KEMPTHORNE and T.B. BAILEY, eds.) 615-638. ISU Press. Iowa. 1977.
- 4) DEMPFFLE, L., Livest. Prod. Sci., **4**: 129-139. 1977.
- 5) DEMPFFLE, L. and Ch. HAGGER, Z. Tierzucht. Zuchtgsbiol., **100**: 196-208. 1983.
- 6) HAGGER, Ch. and L.DEMPFFLE, Z. Tierzucht. Zuchtgsbiol., **100**: 266-270. 1983.
- 7) ITOH, Y. and Y. SASAKI, Proc. 5th World Conf. Anim. Prod., **45-46**. Tokyo. 1983.
- 8) 佐々木義之・伊藤要二・高崎 充, 日畜会報, **57**: 120-125, 1986.
- 9) EVERETT, R.W., R.L. QUAAS and A.E. McCLINTOCK, J. Dairy Sci., **62**: 1304-1313. 1979.
- 10) QUAAS, R.L., R.W. EVERETT and A.E. McCLINTOCK, J. Dairy Sci., **62**: 1648-1654. 1979.
- 11) HENDERSON, C.R., Biometrics, **9**: 226-252. 1953.
- 12) HARVEY, W.R., User's Guide for LSMLMW, Ohio State Univ. Columbus. 1985.
- 13) SASAKI, Y. and C.R. HENDERSON, J. Anim. Sci., **63**: 1384-1388. 1986.
- 14) 佐々木義之・山田和人・野村哲郎, 日畜会報, **58**: 293-300. 1987.
- 15) HENDERSON, C.R., Biometrics, **32**: 69-83. 1976.
- 16) KENNEDY, B.W. and J.E. MOXLEY, J. Dairy Sci., **58**: 1507-1514. 1975.
- 17) HENDERSON, C.R., J. Dairy Sci., **58**: 1731-1738. 1975.
- 18) POLLAK, E.J., G.R. UFFORD and S.J. GROSS, J. Anim. Sci., **45**: 1010-1014. 1977.
- 19) JENSEN, E.L., J. Dairy Sci., **63**: 2111-2120. 1980.
- 20) KENNEDY, B.W., J. Dairy Sci., **64**: 689-697. 1981.
- 21) SWALVE, H. and E. BRUNS, Livest. Prod. Sci., **14**: 123-138. 1986.
- 22) EVERETT, R.W. and J.F. KEOWN, J. Anim. Sci., **59**: 529-541. 1984.
- 23) 伊藤要二・佐々木義之, 日畜会報, **56**: 619-623. 1985.

The Choice of an Appropriate Model for Evaluating Beef Sires by Best Linear Unbiased Prediction Using Field Data

Yoshiyuki SASAKI and Yotaro SASAE

Kyoto University, Kyoto-shi 606

To find the most appropriate model for sire evaluation by the best linear unbiased prediction (BLUP), an investigation was done using the 2,208 records of fattened Japanese Black steers which were shipped from Oita prefecture to MATSUBARA Carcass Market during 1980 to 1983. The least squares analysis of variance was done by the program LSMLMW written by HARVEY (1985). Twenty three sires which had more than 10 progeny were evaluated by the BLUP of a semi-reduced animal model in which the evaluated animal and the recorded animal were completely separated. In terms of residual variance and predicted error variance (PEV), an appropriate model was chosen. A model including maternal grandsire without grouping of sires appeared to be superior to models which include grouping of sires. Fattening farms on a small scale had better be excluded, while all sires should be included even if they had one progeny.

Jpn. J. Zootech. Sci., 59 (1) : 23-30, 1988

Key words : model, sire evaluation, BLUP, field data, beef