

# 多変量解析による黒毛和種集団の遺伝的分化に関する研究

野村哲郎・佐々木義之\*

京都産業大学国土利用開発研究所, 京都市 603

\* 京都大学農学部, 京都市 606

(1988. 6. 1 受付)

**要約** 黒毛和種における各集団間の遺伝的関連性に対して多変量解析を施すことにより、品種全体の遺伝的分化を客観的に把握することを試みた。4道県（北海道、山形、栃木および沖縄）内の20の地域集団とそれら以外の21県を合わせた41集団を分析に取り上げた。材料としては各集団における1980年度の登録雌牛から無作為抽出によって得られた標本を用いた。まず、集団間の平均血縁係数を要素に持つ血縁行列（R行列）に対して主成分分析およびクラスター分析を施した。一方、標本の血統をさかのぼって、追跡が不可能になった時点における祖先牛の生産県を基準県集団とし、これら基準県集団の各集団への寄与率をWIENERの方法に準じて求めた。つぎに、これらの寄与率に対して、CAVALLI-SFORZA and EDWARDSの方法を適用して集団間の遺伝距離を計算し、これらの遺伝距離を要素に持つ距離行列（D行列）に対して、クラスター分析を施した。得られた結果の概要は以下のとおりである。1. R行列に主成分分析を施して抽出された第1から第5主成分までの累積寄与率は、17.1%と低い値であったが、各集団への因子負荷量を平面上にプロットすると、種牛供給県との間の血縁関係によって各集団の相対的位置を把握することができた。2. R行列およびD行列のそれぞれにクラスター分析を施した結果は類似していた。分離された主要なクラスターは、兵庫県と高い遺伝的関連性を持つグループ、兵庫県と高い遺伝的関連性を持ちながらも古い広島県の影響を比較的強く受けているグループおよび鳥取県と相対的に高い遺伝的関連性を持つグループであった。3. 同じグループに属した増殖県は、地理的なまとまりを持つ傾向が認められた。

以上のごとく、各増殖県あるいはそれらの地域集団を種牛供給県を核に持つ数個のグループに分けることができ、黒毛和種集団の遺伝的分化の状態が明らかとなった。

日畜会報, 59 (11) : 952-960, 1988

黒毛和種集団における種牛供給地は、各県内で改良が進められてきたことにより、県を単位とした著しい分化構造を呈している<sup>1)</sup>。一方、増殖地においても県を単位として改良が進められてきたが、前報<sup>2)</sup>において著者らは、増殖県と過去および現在の種牛供給県との間の遺伝的関連性について分析をした結果、いくつかの増殖県ごとに特有のパターンが存在することを明らかにした。このような遺伝的関連性に認められたパターンは、増殖県の遺伝的構造に反映し、各増殖県の遺伝的構造にも似通いが生じ、いくつかのグループに分けることができるものと推察された。このように品種内に存在する多数の小集団をグループ化することは、品種内の遺伝資源を有効に利用した育種計画を立案する際に、有益な情報を提供するものと考えられる。

上記の目的を達成するためには、相互に遺伝的関連性を持つ各集団の相対的位置の把握およびグループ化を客観的に行なえる手法として多変量解析を用いる必要がある。その際、集団間の遺伝的関連性をどのような尺度で表現するかが重要な問題となる。まず、前2報<sup>1,2)</sup>で推定した集団間の平均血縁係数を遺伝的関連性の尺度として用いる方法が考えられる。一方、黒毛和種における基準集団（血統の追跡が不可能になった時点での祖先牛で構成される集団）は、ほとんどすべてが種牛供給県で生産された祖先牛で構成されていること、すなわち黒毛和種集団を構成するほとんどすべての遺伝子が、基準年次である1925年前後に、中国地方5県で生産された祖先牛に由来することが明かにされている<sup>3)</sup>。さらに、これらの県は、基準年次以前の改良過程においても、互いに

## 黒毛和種集団の遺伝的分化

積極的な種牛の交流が行なわれたという記録はなく、基準集団自体も互いに独立性の強い複数の県集団から構成されていたものと考えられる。そこで、基準集団を構成する県集団（以下、基準県集団と呼ぶ）の各集団への寄与率を求め、集団間での寄与率の差異を遺伝距離として表現して、それを遺伝的関連性の尺度として用いる方法も考えられる。

本研究では、このような2つの尺度で表現された黒毛和種の主要な産地間の遺伝的関連性に対して多変量解析を適用し両者の比較を行なうとともに、品種全体の遺伝的分化を明らかにした。

### 材料および方法

前2報<sup>1,2)</sup>で取り上げた計25県の1980年度における黒毛和種登録雌牛を材料とした。ただし、前報<sup>2)</sup>の分析で1980年度の集団分化指数が1.5以上を示した道県のうち、登録雌牛総数が1,000頭以上である4道県（北海道、山形県、栃木県および沖縄県）については、県全体

を単一の集団として扱うのではなく、表1に示すように、年間の登録雌牛数が100頭以上の道県内地域集団を分析の対象とした。この場合、前報<sup>2)</sup>で用いた1県当り200頭の標本集団を地域集団に分割して分析に供した。その際、標本の大きさが50頭に満たない地域集団については、新たに標本を追加して、すべての地域集団の標本数が50以上になるようにした。なお、北海道の地域集団については、まず支庁単位に分割して集団分化指数が1.5以上を示した場合に、さらに市町村単位に分割した。

上記の4県以外の21県については、それぞれの県を単一の集団として取り上げた。その際、標本の大きさはすべて100頭とした。これら21県と表1に示した20の地域集団を合わせた計41の標本集団間で総当たりで遺伝的関連性を2つの尺度により推定し、それらに多変量解析法を適用した。

1. 集団間の平均血縁係数に基づく遺伝的関連性に関する分析

Table 1. Total numbers of heifers registered in 1980, numbers of sample heifers and the indices of subdivision in the populations of local districts within four prefectures (Hokkaido, Yamagata, Tochigi and Okinawa)

Prefecture	Local district	Total number of registered heifers	Number of sample heifers	Index of subdivision
Hokkaido	Abuta	271	50	2.22
	Shiraoi	145	50	1.26
	Iburi	167	50	1.29
	Sorachi	158	50	1.04
	Kamikawa	109	50	1.45
	Tokachi	182	50	0.77
	H. A. D. P. C. <sup>a)</sup>	538	53	1.46
Yamagata	Higashitagawa	106	50	1.32
	Akumi	149	50	1.59
	Mogami	343	59	0.99
	Higashiokitama	229	50	0.91
	Nishiokitama	213	50	2.32
	Shinjyou	133	50	1.31
Tochigi	Shioya	194	50	1.61
	Yaita	102	50	1.47
	Nasu	547	93	1.38
Okinawa	Kunigami	415	50	1.35
	Shimajiri	242	50	2.41
	Miyako	353	53	1.43
	Yaeyama	272	50	1.93

<sup>a)</sup> Hokkaido Agricultural Developing Public Cooperation

この分析においては、2つの標本集団間の平均血縁係数をそれらの間の遺伝的関連性の尺度とし、対角要素には1.0、非対角要素には対応する集団間の平均血縁係数を持つ41×41の実対称行列（以下、R行列と呼ぶ）を作成した。平均血縁係数は、前2報<sup>1,2)</sup>で推定値の得られている集団間の組合せについてはそれらの値を用い、新たに推定が必要な組合せについては、前報<sup>2)</sup>に示した方法によって推定した。

集団間の平均血縁係数は、それぞれの集団から無作為に抽出した2個体の育種価間の相関係数の期待値と考えることができる。そこで、R行列を相関行列とみなして主成分分析を施し、導出された因子負荷量を平面上にプロットして各集団の相対的位置を把握した。

つぎに、各集団がどのような過程を経てグループを形成するのかをみるために、平均血縁係数を集団間の類似度の尺度としてUPGMA法<sup>4)</sup>によるクラスター分析を実施し、樹形図を作成した。

## 2. 基準県集団の標本集団への寄与率に基づく遺伝的関連性に関する分析

基準県集団の各集団への寄与率を、各集団の遺伝的構造を反映したパラメータと考えた。各集団ごとに推定された寄与率を用いて、各集団間の遺伝的構造の差異を遺伝距離として表現し、それを集団間の遺伝的関連性の尺度として用いた。

集団間の遺伝距離の計算法はつぎのとおりである。まず、基準県集団の標本集団への寄与率はつぎのようにして計算した。標本雌牛の血統をさかのぼり、血統の追跡が不可能になった時点での世代数および祖先牛の産地県（基準県集団）を調べ、記録する。この操作を全標本雌牛について実施し、最終的に世代別基準県集団別に出現回数を合計する。そうすると、1番目の基準県集団の標本集団への寄与率 ( $P_1$ ) は、WIENERの方法<sup>5)</sup>に準じれば、

$$P_1 = \sum_n (1/2)^n f_n / N \quad (1)$$

として求めることができる。ここで、 $n$ は世代数、 $f_n$ は第 $n$ 世代における当該基準県集団の出現回数の合計値、 $N$ は標本雌牛数である。また、 $P_i$ の全基準県集団にわたる合計値 ( $\sum P_i$ ) は、

$$\sum P_i = 1 \quad (2)$$

なる関係にある。

つぎに、これらの寄与率をもとにして、CAVALLI-SFORZA and EDWARDSの方法<sup>6)</sup>を応用して標本集団間の遺伝距離を計算した。基準県集団が2つだけの場合について考えると、標本集団Xと標本集団Yとの間の

遺伝距離は、以下のようにして求めることができる。

まず、記号をつぎのように定義する。

$P_{x1}$ : 1番目の基準県集団の標本集団Xへの寄与率

$P_{x2}$ : 2番目の基準県集団の標本集団Xへの寄与率

$P_{y1}$ : 1番目の基準県集団の標本集団Yへの寄与率

$P_{y2}$ : 2番目の基準県集団の標本集団Yへの寄与率

式(2)より、 $P_{x1} + P_{x2} = P_{y1} + P_{y2} = 1$ なる関係にあるので、図1に示すように2つの標本集団XおよびYは、半径1の円周上の2点 ( $\sqrt{P_{x1}}$ ,  $\sqrt{P_{x2}}$ ) および ( $\sqrt{P_{y1}}$ ,  $\sqrt{P_{y2}}$ ) として表すことができる。このようにして表される2点の角度  $\theta$  は、幾何学の定理より次式で与えられる。

$$\begin{aligned} \cos \theta &= \cos(\theta_x - \theta_y) \\ &= \cos \theta_x \cdot \cos \theta_y + \sin \theta_x \cdot \sin \theta_y \\ &= \sqrt{P_{x1}} \cdot \sqrt{P_{y1}} + \sqrt{P_{x2}} \cdot \sqrt{P_{y2}} \end{aligned}$$

したがって、標本集団XとYとの間の遺伝距離 ( $d$ ) は、

$$d = (2/\pi) \left\{ \arccos \left( \sqrt{P_{x1}} \cdot \sqrt{P_{y1}} + \sqrt{P_{x2}} \cdot \sqrt{P_{y2}} \right) \right\} \quad (3)$$

として求めることができる。ここで、上式(3)の右辺に  $2/\pi$  を乗じている理由は、遺伝距離  $d$  が0から1の値

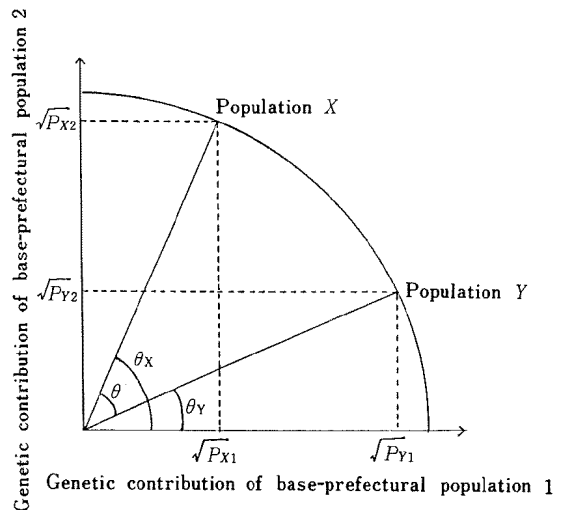


Fig. 1. Geometrical explanation of the genetic distance between population X and Y.  $P_{xi}$  is genetic contribution of  $i$ -th base-prefertural population to population X, and  $P_{yj}$  is genetic contribution of  $j$ -th base-prefertural population to population Y.

黒毛和種集団の遺伝的分化

をとるようにするためである。

一般に、基準県集団が  $m$  個からなる場合は、式(3)は

$$d = (2/\pi) \left\{ \arccos \left( \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m \sqrt{P_{xi} \cdot P_{yi}} \right) \right\}$$

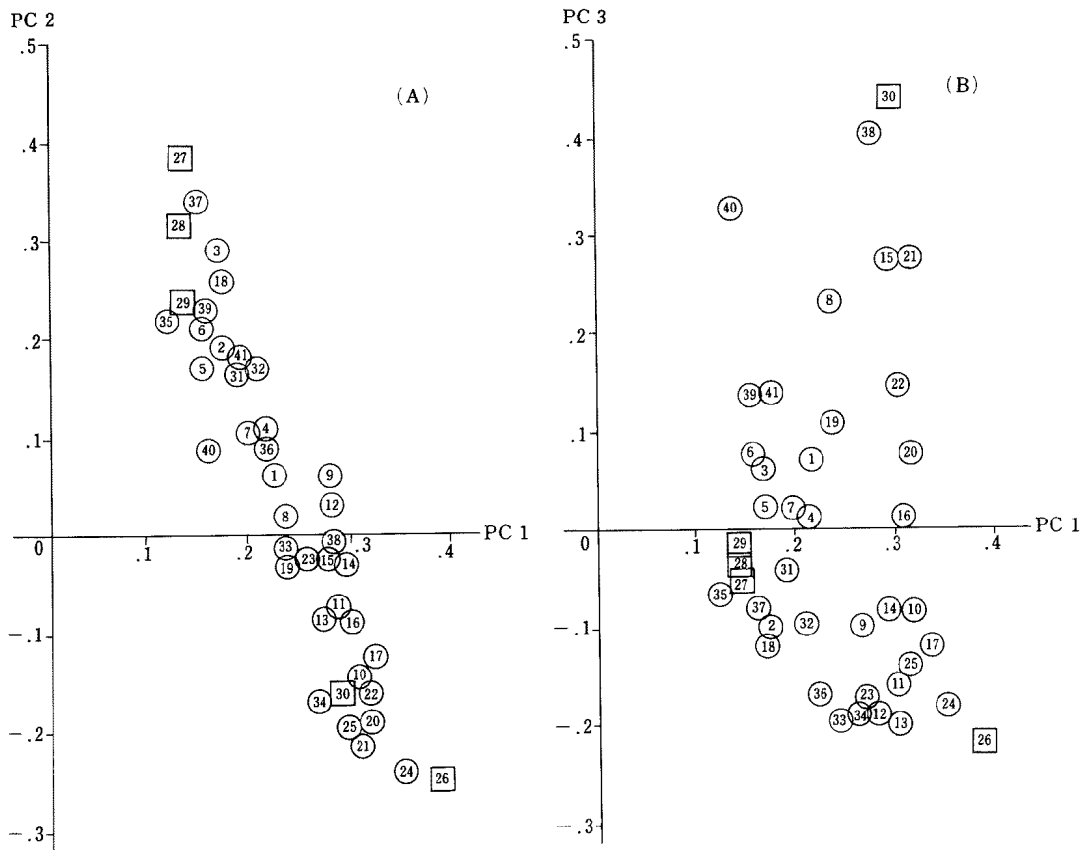
と書ける。

以上の方法により、41個の標本集団について総当たりで遺伝距離を計算し、対角要素には0、非対角要素には対応する集団間の遺伝距離  $d$  を持つ距離行列（以下、

D行列と呼ぶ）を作成した。このD行列に対してWARD法<sup>4)</sup>によるクラスター分析を実施し、樹形図を作成した。

結 果

集団分化指数が1.5以上を示した4道県について21の地域集団に分けた標本集団から推定された集団分化指数は表1に示すとおりである。各地域集団の集団分化指数は、県全体に関する推定値<sup>2)</sup>に比べて低く、単一の集



1. Abuta, 2. Shiraoi, 3. Iburi, 4. Sorachi, 5. Kamikawa, 6. Tokachi, 7. H.A.D.P.C.<sup>a)</sup>, 8. Aomori, 9. Iwate, 10. Miyagi, 11. Akita, 12. Higashitagawa, 13. Akumi, 14. Mogami, 15. Higashiokitama, 16. Nishiokitama, 17. Shinjyou, 18. Fukushima, 19. Ibaraki, 20. Shioya, 21. Yaita, 22. Nasu, 23. Niigata, 24. Nagano, 25. Gifu, 26. Hyogo, 27. Tottori, 28. Shimane, 29. Okayama, 30. Hiroshima, 31. Yamaguchi, 32. Saga, 33. Nagasaki, 34. Kumamoto, 35. Ohita, 36. Miyazaki, 37. Kagoshima, 38. Kunigami, 39. Shimajiri, 40. Miyako, 41. Yaeyama

□ Breeders' prefecture ○ Multipliers' prefecture

Fig. 2. Factor loadings of 41 sub-populations plotted on the first and second (A) and the first and third (B) principal components in Japanese Black Cattle in 1980. The principal components were extracted from the matrix of average coefficients of relationship among 41 sub-populations.

<sup>a)</sup> Hokkaido Agricultural Developing Public Cooperation.

団として扱っても問題は無いと考えられるものが多かった。蛇田町（北海道）、飽海（山形）、西置賜（山形）、塩谷（栃木）、島尻（沖縄）および八重山（沖縄）では、なおも1.5以上の集団分化指数が認められたが、登録簿の記載事項からはこれ以上の細分化は不可能であったので、これらの地域集団も単一の集団とみなして以後の分析に供した。

R 行列に対して主成分分析法を適用し、第5主成分までを導出した。第5主成分までの異積寄与率は17.1%で、体測定値などに適用された場合の異積寄与率<sup>7,8)</sup>に比べて著しく低い値であった。これは、R 行列の構成要素である集団間の平均血縁係数が相対的に低かったためである。

しかしながら、導出された主成分と各集団との関連の程度を示す因子負荷量を平面上にプロットして決定される各集団の相対的位置は、前報<sup>1,2)</sup>において種牛供給県相互間および種牛供給県と増殖県との間の平均血縁係数に認められたパターンを明瞭に反映していた。まず、図2(A)は第1および第2主成分への因子負荷量をプロットしたものである。兵庫県と鳥取県が両極を構成した。その他の種牛供給県の位置についてみると、兵庫県との間に5%以上の平均血縁係数を示した広島県は種牛供給県中最も兵庫県の近くに位置した。一方、兵庫県との間の平均血縁係数が低かった島根県および岡山県は、兵庫県から離れた所に位置した。増殖県およびそれらの地域集団についても、兵庫県と高い血縁関係を示した集団は兵庫県の近くに位置し、兵庫県との間に相対的に低い血縁関係を示した福島県および九州地方の増殖県は兵庫県から離れた所に位置した。すなわち、各集団の位置は兵庫県との間の血縁関係の大きさによって決定されていると言える。

図2(B)は第1および第3主成分への因子負荷量をプロットしたものである。第3主成分への因子負荷量は広島県が最大値を、兵庫県が最小値を示した。前報<sup>2)</sup>で1960年の広島県との間に比較的高い血縁関係が認められた増殖県あるいはそれら内部の地域集団の第3主成分への因子負荷量は、いずれも正の符号を示していた。逆に、広島県との間の血縁関係のほとんどが兵庫県産の種雄牛によって生じていると考えられた増殖県の第3主成分への因子負荷量には、いずれも負の符号が認められた。すなわち、第3主成分は、兵庫県産の種雄牛の影響を受ける以前の古い広島県との間の血縁関係により決定される因子であると言える。

図には示さなかったが、第1および第4主成分の各集団への因子負荷量をプロットすると、岡山県と鳥取県が

両極を構成した。そして前報<sup>2)</sup>において鳥取県との間に比較的高い血縁関係が認められた九州地方の各県および福島県は相対的に鳥取県の近くに位置し、島根県と北海道の地域集団が岡山県の近くに位置した。さらに、第1および第5主成分の各集団への因子負荷量をプロットすると、岡山県と島根県が両極を構成し、北海道の道北および道南の地域集団がそれぞれ両極に分離する傾向が認められた。

つぎに、各集団がどのようなプロセスを経てグループを構成するかを明らかにするためにR 行列にクラスター分析を施した。その結果は、樹形図として図3に示す

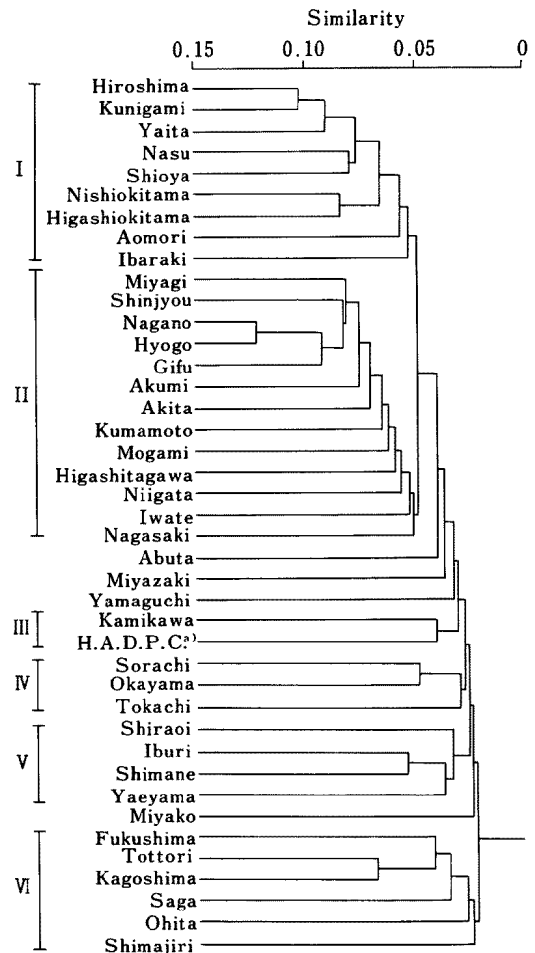


Fig. 3. Diagrammatic representation of clustering on the basis of average coefficients of relationship among 41 sub-populations of Japanese Black Cattle in 1980. <sup>a)</sup> Hokkaido Agricultural Developing Public Cooperation.

黒毛和種集団の遺伝的分化

とおりである。大きいクラスターは類似度 0.05 前後で分離する I および II クラスターであり、それぞれ 9 集団および 13 集団が属した。II クラスターには、兵庫県とともに兵庫県と相対的に高い血縁関係を示した集団が含まれた。一方、I クラスターには、図 2 (B) において第 3 主成分への因子負荷量が正の符号を示した広島県をはじめとする集団が属した。すなわち、I クラスターは、兵庫県産の種雄牛が導入される以前の古い広島県の影響も比較的大きく受けている集団で構成されていた。類似度 0.025~0.03 では、III~VI クラスターが分離し、IV、V および VI クラスターにはそれぞれ岡山県、島根県および鳥取県が属した。北海道の地域集団のほとんどは、III、IV および V クラスターに属し、岡山県および島根県とともに他の増殖県とは別のクラスターを構成する傾向が認められた。また、VI クラスターは、鳥取県および鳥取県と比較的高い血縁関係を示した 5 つの集団で構成された。

以上のように、R 行列に対してクラスター分析を施すことにより、黒毛和種の県集団あるいはそれらの地域集団の多くを数個のクラスターにグループ化することができた。しかしながら、とくに III~VI クラスターはいずれも低い類似度で形成され、これらの層別化は必ずしも明瞭なものではなかった。

つぎに各基準県集団の寄与率に基づく遺伝的関連性を用いて D 行列を作成し、クラスター分析を施した。その結果は、樹形図として図 4 に示すとおりである。距離 0.5 までに 5 個のクラスターが形成され、種牛供給県はそれぞれ異なるクラスターに属した。R 行列にクラスター分析を施して得られた結果 (図 3) と比較すると、層別化はかなり明瞭なものになっていた。とくに、図 3 において層別化が不明瞭であった鳥取県、島根県、岡山県、九州地方の一部の県、北海道の地域集団などは、図 4 においては、いずれも明瞭に層別化されていた。しかも、各クラスターを構成する集団については、図 3 との間に高い類似性が認められた。

以上の結果から、北海道を除く増殖県あるいはそれらの地域集団は、兵庫県と高い遺伝的関連性を持つグループ、兵庫県と高い遺伝的関連性を持ちながらも古い広島県集団の影響も比較的大きく受けているグループおよび鳥取県と相対的に高い遺伝的関連性を持つグループに大別できる。また、北海道の地域集団は、岡山県および島根県とともに他の増殖県とは別のグループを構成する傾向が認められる。

図 5 は、D 行列にクラスター分析を施して得られた 5 つのクラスターを構成する集団の地理的位置を地図上に示したものである。なお、各集団における 1980 年度

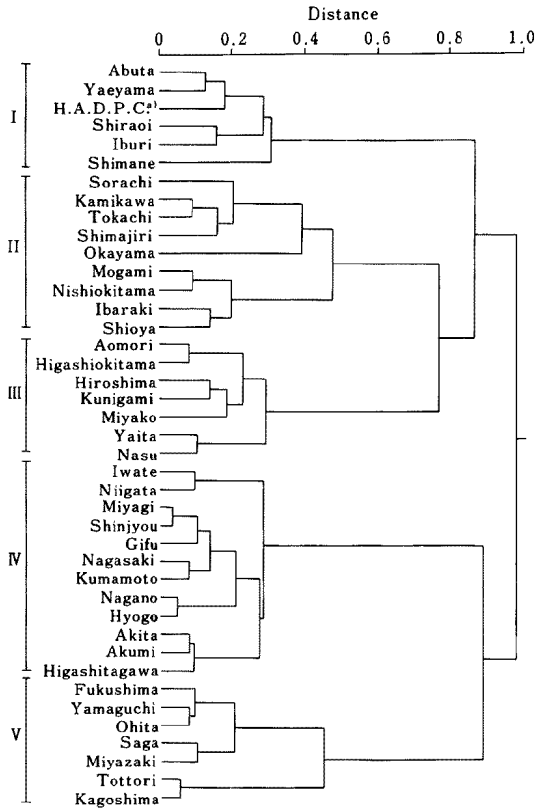


Fig. 4. Diagrammatic representation of clustering on the basis of genetic distances among 41 sub-populations of Japanese Black Cattle in 1980. <sup>a)</sup> Hokkaido Agricultural Developing Public Cooperation.

の登録牛数に応じて円の大きさを変えて示してある。この図から頭数的に品種の過半を占める IV および V クラスターを構成する増殖県は、それぞれある程度地理的なまとまりを持っていることがわかる。すなわち、IV クラスターに属する増殖県の分布は、長崎県および熊本県を除けば、東北・中部地方に集中し、V クラスターに属する増殖県の分布は、福島県を除けば、九州地方に集中する傾向が認められる。これは、各増殖県の成立が、ある程度地域的にまとまったものであったことによるものと考えられる。すなわち、前報<sup>2)</sup>で示したように、集団の成立時期が古く、鳥取県との間に比較的高い遺伝的関連性を保っている集団は九州地方に多く、一方、集団の成立時期が新しく、兵庫県あるいは広島県と高い遺伝的関連性を持つ集団は東北・中部地方に多いことによるものと考えられる。

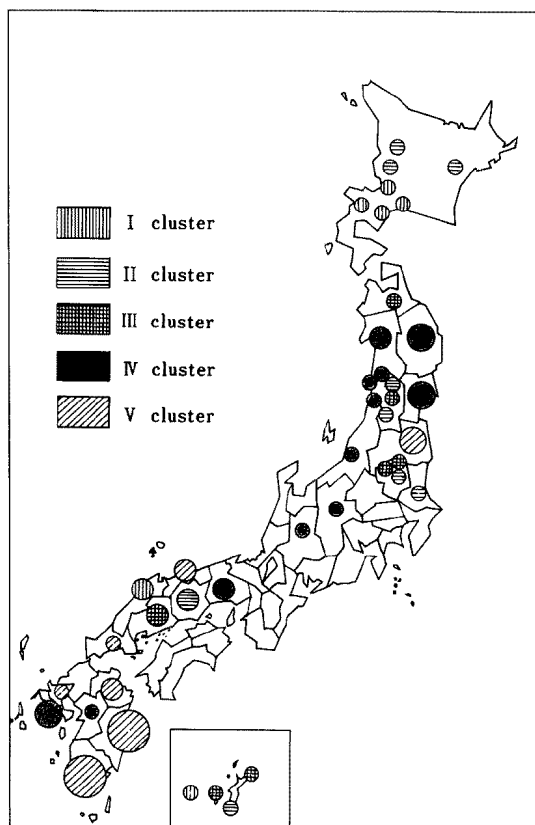


Fig. 5. Geographical distribution of sub-populations in I~V clusters. The clusters were obtained by cluster analysis on the basis of the genetic distances among 41 sub-populations. Diameter of a circle represents total number of Japanese Black Cattle registered in the sub-population in 1980 (N) as follows:

○  $N < 1,000$    ○  $1,000 \leq N < 3,000$   
 ○  $3,000 \leq N < 10,000$    ○  $N \geq 10,000$

## 考 察

本研究で用いた2つの遺伝的関連性に関する尺度のうち、集団間の平均血縁係数の計算においては、基準集団を構成する祖先牛は互いに血縁関係がないものとみなし、それらの祖先牛が属する世代と標本個体が属する世代との間で共通祖先を持つ組合せだけが平均血縁係数に寄与する。ところが、黒毛和種においては、既述のように、基準集団自体が内部で血縁の高められた複数の集団（基準県集団）から構成されているものと考えられ、平均血縁係数は集団間の遺伝的関連性を過小に評価している可能性がある。

一方、基準県集団の寄与率に基づき遺伝距離を求める方法においては、基準県集団を互いに全く遺伝的関連性を持たない集団、すなわち基準県集団間の遺伝距離を1.0とみなしている。この点に関して黒毛和種の場合、品種成立までの歴史的過程から考えると、基準県集団間に存在した遺伝的関連性は、現存集団間の遺伝的関連性に比べると相対的に無視し得る程度のものであったと推察される。

ところが、この方法の場合、現実には系統的に細分化されていたと考えられる各基準県集団を、遺伝的に均質な単一の集団とみなしている。このような取り扱い、もし、同一の集団内の異なる系統から導入を行ってきた2つの集団が存在すれば、それらの間の遺伝的関連性を過大に推定してしまう可能性がある。

これらの点から、真の遺伝的関連性は、両方法から得られた遺伝的関連性の間に存在するものと考えられるが、図4における層別化の傾向と平均血縁係数に基づく層別化の傾向（図3）は良く一致していた。これは、多くの増殖県において、種牛供給県からの導入が特定の種雄牛の後代牛に集中していたという前報<sup>2)</sup>の結果からもうかがえるように、導入はそれぞれの時期において、ある程度、特定の系統に集中する傾向があったものと推察されること、また、たとえ、同一の集団内の異なった系統から導入が行なわれたとしても、その時点において、それらの系統間には、すでにかんがりの血縁があったと考えられることなどを理由として挙げることができる。

以上のごとく、今後、黒毛和種のような集団に対して同様の研究を行なうに際しては、分類感度が高く、グループ化が明瞭に行なえる基準県集団の寄与率に基づく方法が有効であろう。ただし、この方法は、血統の追跡および基準県集団の調査に多くの労力を要する。この点に関しては、WRIGHT and McPHEE<sup>9)</sup> および ROBERTSON and ASKER<sup>10)</sup> によって提唱されている血統中を酔歩 (random walk) することによりランダムラインを抽出する方法を採用することによって改善を期待することができる。

つぎに、集団構造という観点から今後の改良方針について考える場合、まず種牛供給地の集団構造は、県を単位とした改良が進められてきたことを反映して、著しい分化構造を呈している<sup>1)</sup> 点に注目する必要がある。この分化構造は、過去において黒毛和種が品種内の遺伝資源だけで比較的短期間内に役用牛から肉専用種へ転換し得たことに貢献したものと考えられる。すなわち、種牛供給地の分化構造によって種々の情勢の変化に対応できる多様性が維持されてきたものと考えられる。今後も品種

## 黒毛和種集団の遺伝的分化

内の遺伝資源だけで改良を進めようとするならば、このような多様性は何らかの方法で維持されるべきであろう。一方、これら種牛供給県から導入した遺伝子を増殖して成立した各増殖県は、外部に対して開いた集団ではあるが、それらはいずれも種牛供給県に対してのみ開いているのであって、増殖県間には種牛供給県を介した間接的な結びつきがあるに過ぎない<sup>2)</sup>。頭数的に品種を代表し得るようになった増殖地がこのように細化された状態は、育種計画の実施範囲を限定して各地域における育種計画の統一性を欠くものにし、また、しばしば問題にされてきた諸形質の斉一性の向上を困難にしているものと推察される。このような問題を解決する1つの方法として、遺伝的構造が似通い、しかも地域的なまとまりを持ついくつかの増殖県は相互に繁殖圏を拡大し、その内部では、ある程度一貫した育種計画を実施できる広域の育種圏を形成すべきではないかと考える。この点に関して、増殖県の遺伝的構造が地域的なまとまりを持つという本研究で明らかにされた集団構造上の特徴は、いくつかの育種圏が形成できることを示唆している。

本稿を終るに臨み本研究が文部省科学研究費補助金(No. 60304037)により行なった研究であることを記し、

関係者に謝意を表す。

## 文 献

- 1) 野村哲郎・林 浩・佐々木義之, 日畜会報, **58**: 21-27. 1987.
- 2) 野村哲郎・佐々木義之, 日畜会報 **59**: 880-889. 1988.
- 3) 野村哲郎, 京都大学農学部学位論文, 1988.
- 4) SNEATH, P.H.A. and R.R. SOKOL, Numerical Taxonomy. 188-308. W.H. Freeman and Page. Company, San Francisco. 1973.
- 5) WIENER, G., J. Agric. Sci., **43**: 123-130. 1953.
- 6) CAVALLI-SFORZA, L.L. and A.W. EDWARDS, Amer. J. Hum. Genet., **19**: 233-257. 1967.
- 7) CARPENTER, J.A., Jr., H.A. FITZHUGH, T.C. CARTWRIGHT, R.C. THOMAS and A.A. MELTON, J. Anim. Sci., **46**: 370-375. 1978.
- 8) 向井文雄・野村英明・福島豊一, 神大農研報, **15**: 169-176. 1982.
- 9) WRIGHT, S. and H.C. MCPHEE, J. Agric. Res., **31**: 377-383. 1925.
- 10) ROBERTSON, A. and A.A. ASKER, Emp. J. Exp. Agric., **19**: 113-130. 1951.



## Studies on Genetic Differentiation of Japanese Black Cattle by Means of Multivariate Analysis

Tetsuro NOMURA and Yoshiyuki SASAKI\*

Institute for National Land Utilization and Development,  
Kyoto Sangyo University, Kyoto-shi 603

\* College of Agriculture, Kyoto University  
Kyoto-shi 606

In order to study genetic differentiation of Japanese Black Cattle, multivariate analysis was applied to the genetic relationships among the sub-populations. The sub-populations analyzed in this study were 21 prefectural populations and 20 populations of local districts within 4 prefectures (Hokkaido, Yamagata, Tochigi and Okinawa). The pedigree data were obtained from randomly selected heifers registered in 1980 in each of 41 sub-populations. Firstly, the principal component analysis and the cluster analysis were applied to the matrix of the average coefficients of relationship among the sub-populations (R-matrix). Secondly, genetic contributions of birth-prefectures of ancestors with unknown parents to each sub-population were calculated by WIENER's method, and genetic distances among sub-populations, *i.e.*, D-matrix, were computed by applying CAVALLI-SFORZA and EDWARDS's method to the genetic contributions. Cluster analysis was carried out on the D-matrix. The results are summarized as follows: 1. Five principal components were extracted from R-matrix. Although five principal components explained only 17.1% of the total variance, the scattergrams of factor loading of each sub-population represented clear patterns according to the relationship with other sub-populations. 2. The grouping patterns of cluster analysis showed a high similarity between R-matrix and D-matrix, and most of the Multipliers' Prefectures and the local districts within the prefectures were divided into three groups; the first group was composed of the sub-populations which were highly related with Hyogo, the second and third groups were composed of the sub-populations which were considerably closely related with Hiroshima and Tottori, respectively. 3. Sub-populations in the same group tend to distribute in the same district. From these results, it is proposed that Multipliers' Region should be divided into a few breeding units, in each of which the same breeding system would be practiced.

*Jpn. J. Zootech. Sci.*, 59 (11) : 952-960, 1988

**Key words** : Japanese Black Cattle, sub-populations, genetic relationship, multivariate analysis