

黒毛和種枝肉横断面の画像解析形質と発育性ならびに 飼料利用性間の遺伝的関連性

大澤剛史¹・日高 智²・加藤浩二³・口田圭吾²

¹岩手大学大学院連合農学研究科, 盛岡市 020-8550

²帯広畜産大学, 帯広市 080-8555

³家畜改良事業団, 北海道幕別町 089-0625

(2007. 11. 27 受付, 2008. 2. 28 受理)

要 約 黒毛和種の発育形質, 飼料利用形質, 枝肉格付形質およびロース芯の画像解析形質間の遺伝的関連性について分析した. 分析には間接検定材料牛 1,492 頭を用いた. 発育形質は, 肥育開始時の体重や体高など 6 形質, 飼料利用形質は, 濃厚飼料摂取量や要求率など 4 形質, 枝肉格付形質は, BMS ナンバーなど 6 形質, 画像解析形質は, “全体の粒子のあらさ” や “細かさ指数” など 6 形質を用いた. BMS ナンバーと各発育形質および各飼料利用形質間で, 低いあるいは無の遺伝相関 (-0.13~0.16) が推定されたが, “全体の粒子のあらさ” および “細かさ指数” と各発育形質間の遺伝相関は, それぞれ 0.17~0.37 および -0.29~0.06 が推定された. “全体の粒子のあらさ” および “細かさ指数” と濃厚飼料摂取量間の遺伝相関は, それぞれ 0.41 および -0.23 が推定され, それらと要求率間においては, それぞれ -0.16~ -0.07 および 0.19~0.25 が推定された. したがって, 発育性や飼料効率が良い個体は, あるいは脂肪交雑粒子が増加し, 細かい脂肪交雑粒子が減少する遺伝的関連性が示唆された.

日本畜産学会報 79 (2), 193-201, 2008

わが国における黒毛和種雄牛の産肉能力検定は, 直接検定ならびに間接検定といった 2 段階の検定が行われている. 直接検定は, 候補種雄牛の増体量や飼料効率を調査して, その候補種雄牛の産肉能力のうち発育性や飼料利用性を評価し選抜を行う. 間接検定は, 直接検定により選抜された候補種雄牛の後代牛を一定期間肥育し, その後代牛の枝肉成績により候補種雄牛の産肉能力のうち特に枝肉成績を評価し選抜を行う.

1991 年の牛肉輸入自由化に伴い, 黒毛和種の育種改良は, 輸入牛肉に対抗するために以前にも増して脂肪交雑を重視した改良が行われるようになった. また, 脂肪交雑は, 枝肉単価を決定する重要な要因でもある. しかしながら, 近年, 原油価格の上昇やバイオエタノールの需要増などが原因で, 家畜の主要なエサの一つであるとうもろこしなどの穀物飼料の価格が高騰している. 牛肉生産者にとって飼料価格の高騰は, 収益に直接影響してくるので, より低コストな飼養を可能とするための発育性や飼料利用性の改善は, 脂肪交雑と同様に重要な要因である.

これまでに, 和牛の発育性や飼料利用性と枝肉成績間の遺伝的パラメータの推定は, いくつか報告されている. Mukai ら (1995) や Aziz ら (2005) は, 黒毛和種の発育性

と枝肉成績間の遺伝的関連性について報告し, Hirooka ら (1996) や Kahi ら (2007) は, 褐毛和種の発育性と枝肉成績の遺伝的パラメータの推定を行った. また, Shojo ら (2005) は, 複数の検定場における産肉能力検定の記録を用い黒毛和種の発育性と飼料利用性間の遺伝的関連性について報告した. また, 発育性, 飼料利用性および枝肉成績間の報告は, 岡山県や宮城県で実施された直接検定ならびに間接検定の記録を用いた Oikawa ら (2000) や Uchida ら (2001) により報告されている. しかしながら, これら報告の多くは, 直接検定をうけた候補種雄牛と, 直接検定で選抜された候補種雄牛の後代を肥育した間接検定や枝肉市場の記録を用いた分析であり, 同一個体の飼養期間中における発育性や飼料利用性と枝肉成績間の遺伝的関連性については, あまり分析が行われていない. また, 従来の牛枝肉格付で利用される脂肪交雑に関する評価値 (BMS ナンバー) は, ロース芯内の脂肪交雑の総合的な指数であり, 脂肪交雑の詳細な特徴 (例えば, 脂肪交雑粒子のあらさや細かさなど) は反映されておらず, 発育性や飼料利用性とロース芯内の脂肪交雑粒子がどのような遺伝的関連性にあるか明らかにはなっていない.

そこで, 本研究では, (社)家畜改良事業団の間接検定

連絡者: 口田圭吾 (fax: 0155-49-5462, e-mail: kuchida@obihiro.ac.jp)

をうけた黒毛和種去勢牛を用い、枝肉横断面の画像解析より得られたロース芯における詳細な画像解析形質ならびに枝肉格付形質と、発育性ならびに飼料利用性間の遺伝的関連性を総合的に比較することを目的とした。

材料および方法

本研究で用いた材料牛は、2004年度から2007年度にかけて(社)家畜改良事業団の肉用牛産肉能力平準化促進事業による間接検定をうけた黒毛和種去勢材料牛1,492頭である。なお、2004年度は北海道産肉能力検定場の記録のみを用い、2005年度以降は、北海道産肉能力検定場および広島産肉能力検定場の2検定場の記録を用いた。これら個体の平均肥育開始時日齢は、275.8 ± 7.3日齢であり、すべての個体の肥育期間は、364日であった。したがって、平均と畜月齢は、約21ヵ月齢となる。

本研究において、分析対象とした形質は、間接検定材料牛の肥育期間内における発育性を表す発育形質、摂取飼料の利用性や効率性を表す飼料利用形質およびと畜時の枝肉成績を表す枝肉格付形質ならびに枝肉横断面の画像解析により得られるロース芯の画像解析形質である。発育形質としては、肥育開始時体重(BWS)、肥育終了時体重(BWF)、364日肥育期間の一日当たり増体重(ADG、(肥育終了時体重-肥育開始時体重)÷364日)、肥育開始時体高(WHS)、肥育終了時体高(WHF)および364日肥育期間の一日当たり成長量(DWH、(肥育終了時体高-肥育開始時体高)÷364日)の計6形質を用い、飼料利用形質としては、364日肥育期間における濃厚飼料摂取量(CONINT)、濃厚飼料要求率(CONRA)、DCP要求率(DCPRA)およびTDN要求率(TDNRA)の計4形質を用いた。要求率とは、体重1kg増加するのに必要とする飼料の量のことであり、値が小さいほど飼料効率が良いこととなる。なお、DCP要求率およびTDN要求率は、濃厚飼料摂取量、粗飼料摂取量、肥育開始時体重および肥育終了時体重を用いた重回帰式で簡易的に計算された値を用いた[DCP要求率=(濃厚飼料摂取量×0.103+粗飼料摂取量×0.05)÷(肥育終了時体重-肥育開始時体重)]; TDN要求率=(濃厚飼料摂取量×0.733+粗飼料摂取量×0.54)÷(肥育終了時体重-肥育開始時体重)。また、粗飼料摂取量については、群ごとの測定値であったため、分析には含めなかった。枝肉格付形質としては枝肉重量(CW)、ロース芯面積(REA)、ばらの厚さ(RT)、皮下脂肪厚(SFT)、筋間脂肪厚(IFT)およびBMSナンバー(BMS)の計6形質を分析に用い、画像解析形質としては口田ら(2006)が開発したBeefAnalyzer II(早坂理工株式会社、札幌)を用いて計算される形質のうち、ロース芯内の脂肪交雑の特徴を示す形質として脂肪面積割合(FAR)、全体の粒子のあらさ(OCM)、最大粒子のあらさ(CMM)および細かさ指数(FIM)を用い、ロース形状の特徴を示す形質として慣性主軸短径・長径比(MMR)お

よび形状の複雑さ(COM)の計6形質を用いた。画像解析形質についての詳細な説明は以下に示す。また、各発育形質、飼料利用形質、枝肉格付形質および画像解析形質の基礎統計量を表1に示した。

2004年度および2005年度において箱型牛枝肉横断面撮影装置(口田ら2005)を用い、2006年度および2007年度においては、ミラー型牛枝肉横断面撮影装置(HK-333;早坂理工株式会社)の2種類の撮影装置を用いて枝肉左半丸の第6~7肋骨間で切開された枝肉横断面の撮影を行った。両撮影装置ともに同じデジタルカメラ(Kodak DCS Pro 14n;コダック株式会社、東京)が使用されており、1cm当たり約100画素とほぼ同画質の枝肉横断面画像が撮影可能である。また、枝肉横断面を密着させて撮影を行うため外部からの光の影響を受けず、常に一定距離からの撮影が可能である。両撮影装置により撮影された枝肉横断面画像をBeefAnalyzer IIを用いて上述した6つの画像解析形質を計算した。

脂肪面積割合は、ロース芯内にある脂肪交雑粒子の面積割合を示し、全体の粒子のあらさおよび最大粒子のあらさは、口田ら(2002)の方法における10回細線化処理の“あらさ指数2(10)”および“あらさ指数4(10)”に相当するものである。全体の粒子のあらさは、ロース芯内の脂肪交雑粒子の全体的なあらさを示す指標であり、値が高いほど筋肉内にあらい脂肪交雑粒子が多く存在する。最大粒子のあらさは、極端に大きな脂肪交雑粒子の存在を示す指標であり、値が高いほど大きな望ましくない脂肪交雑粒子が存在する。細かさ指数は、口田ら(2006)の方法にしたがって、ロース芯内に含まれる脂肪交雑のうち、面積が0.01~0.5cm²の範囲内にあるものを小ザシとし、小ザシの個数をロース芯面積で割ることで計算された。すなわち、値が大きいほど単位面積当たりの細かい脂肪交雑粒子の数が多し、慣性主軸短径・長径比は、ロース芯の慣性主軸の第1あるいは第2主軸のうちの短軸長および長軸長を用い、短軸長を長軸長で割ることで計算された(口田ら2006)。値が1に近づくほどロース芯の形状は円に近く、値が小さいほどロース芯形状が扁平を呈する。形状の複雑さは、ロース芯の周囲長を凸包周囲長で割ることで計算され(口田ら2006)、値が大きいほどロース芯の形状が複雑であることを示し、例えば、値が極端に大きいとロース芯上部が大きく凹んだ、いわゆるハート芯のような形状を呈する可能性がある。

各形質に対する遺伝的パラメータの推定に用いた要因は、母数効果として検定場・回・期の効果(56水準)、個体の出生地の効果(20水準)を用い、肥育開始時日齢を1次の共変量として用いた。変量効果は、相加的遺伝子効果ならびに残差の効果を用いた。遺伝的パラメータの推定は、Misztalら(2002)により開発されたAIアルゴリズムを利用したAIREMLF90プログラムを用いて行っ

Table 1 Summary statistics and heritability estimates for growth traits, feed utilization traits, carcass traits and image analysis traits in Japanese Black steer

| Traits ¹ | Mean | SD | Min | Max | h ^{2*} |
|--------------------------|---------|-------|---------|---------|-----------------|
| Growth trait | | | | | |
| BWS (kg) | 262.72 | 31.23 | 178 | 375 | 0.41 |
| BWF (kg) | 597.80 | 58.76 | 442 | 783 | 0.57 |
| ADG (kg/day) | 0.92 | 0.11 | 0.54 | 1.29 | 0.51 |
| WHS (cm) | 113.48 | 3.62 | 103 | 126 | 0.48 |
| WHF (cm) | 134.93 | 3.76 | 124 | 147 | 0.58 |
| DWH (mm/day) | 0.59 | 0.07 | 0.38 | 0.85 | 0.24 |
| Feed utilization trait | | | | | |
| CONINT (kg) | 2,555.9 | 266.2 | 1,665.7 | 3,609.1 | 0.53 |
| CONRA | 7.67 | 0.70 | 5.18 | 11.43 | 0.50 |
| DCPRA | 0.91 | 0.08 | 0.64 | 1.31 | 0.50 |
| TDNRA | 6.96 | 0.63 | 4.94 | 10.08 | 0.50 |
| Carcass trait | | | | | |
| CW (kg) | 353.6 | 37.8 | 255 | 476 | 0.60 |
| REA (cm ²) | 47.76 | 5.88 | 32 | 69 | 0.47 |
| RT (cm) | 6.46 | 0.77 | 4.1 | 9.4 | 0.59 |
| SFT (cm) | 2.05 | 0.53 | 0.7 | 4.3 | 0.61 |
| IFT (cm) | 6.20 | 0.87 | 3.2 | 9.1 | 0.63 |
| BMS (1 to 12) | 9.02 | 1.70 | 4 | 12 | 0.71 |
| Image analysis trait | | | | | |
| FAR (%) | 34.52 | 7.35 | 16.33 | 59.42 | 0.70 |
| OCM | 11.83 | 4.28 | 1.04 | 33.3 | 0.45 |
| CMM | 3.46 | 2.25 | 0.28 | 26.21 | 0.08 |
| FIM (n/cm ²) | 3.12 | 0.48 | 1.39 | 5.03 | 0.43 |
| MMR | 0.64 | 0.07 | 0.45 | 0.95 | 0.40 |
| COM | 1.09 | 0.02 | 1.06 | 1.33 | 0.20 |

* Standard errors of heritability estimates were within the range of 0.04-0.07.

¹BWS = body weight at the start of the fattening period, BWF = body weight at the finish of the fattening period, ADG = average daily gain in body weight during the fattening period, WHS = withers height at the start of the fattening period, WHF = withers height at the finish of the fattening period, DWH = average daily growth in withers height during the fattening period, CONINT = concentrate intake, CONRA = concentrate conversion ratio, DCPRA = digestible crude protein conversion ratio, TDNRA = total digestible nutrient conversion ratio, CW = carcass weight, REA = ribeye area, RT = rib thickness, SFT = subcutaneous fat thickness, IFT = intermuscular fat thickness, BMS = beef marbling standard, FAR = fat area ratio, OCM = overall coarseness of marbling particles, CMM = coarseness of maximum marbling particle, FIM = fineness index of marbling particles, MMR = minor-major axis ratio in ribeye shape with principal axis of inertia and COM = complexity of ribeye shape.

た。分散成分ならびに遺伝率は、単形質アニマルモデルにより推定し、各形質間の遺伝ならびに表型相関は2形質アニマルモデルにより推定した。血統記録は、可能な限りさかのぼった結果10,242頭となった。また、親が不明の個体には、親の性別に基づき仮想父親と仮想母親の2つの遺伝グループを設定し、個体の近交係数が血縁係

数行列に考慮された。

結果および考察

発育形質、飼料利用形質、枝肉格付形質および画像解析形質の遺伝率推定値を表1に示した。発育形質における遺伝率は、一日当たり成長量(0.24)を除き中程度から

高い遺伝率が推定された(0.41~0.58)。Oikawaら(2000)は、岡山県において実施された直接検定ならびに間接検定の開始時体重、終了時体重ならびに一日当たり増体重の遺伝率を0.20~0.38と報告し、Azizら(2005)は、宮城県農業公社で生産された黒毛和種集団において、肥育開始時体重、肥育終了時体重および一日当たり増体重の遺伝率を、それぞれ0.55、0.69および0.46と報告した。Mukaiら(1995)は、鹿児島県で実施された直接検定の検定開始時および終了時の体重ならびに体高と一日当たり増体重の遺伝率を0.19~0.36と報告し、Shojoら(2005)は、直接検定の終了時体重、終了時体高および一日当たり増体重の遺伝率を、それぞれ0.65、0.63および0.40と報告した。発育形質の遺伝率は、分析に用いる集団の違いにより差があるものの、中程度から高い遺伝性を示し、十分に改良が可能である。

飼料利用形質は全形質において高い遺伝率が推定された(0.50~0.53)。Oikawaら(2000)は、濃厚飼料摂取量およびTDN要求率の遺伝率を、それぞれ0.18および0.11と報告したが、Uchidaら(2001)およびShojoら(2005)は、濃厚飼料摂取量において本研究と同様な値(それぞれ0.43および0.53)を、濃厚飼料、DCPおよびTDNの各要求率においては、本研究より低い値(0.14~0.34)を報告した。本研究の飼料利用性の遺伝率と文献値の大きな差は、本分析で用いた間接検定材料牛の粗飼料摂取量が、群ごとに測定されていることに起因することが考えられるが、候補種雄牛の育成を行う直接検定と候補種雄牛の後代の肥育を行う間接検定の違いも影響していると推察される。

枝肉格付形質の遺伝率は、各形質において中程度から高い値が推定された(0.47~0.71)。画像解析形質の遺伝率は、脂肪交雑に関わる形質において脂肪面積割合でBMSナンバーと同様に0.70と高い値が推定され、全体の粒子のあらさ(0.45)および細かさ指数で(0.43)で中

程度な値が推定されたが、最大粒子のあらさの遺伝率は0.08と低い値が推定された。コース芯形状に関わる形質において慣性主軸短径・長径比で0.40と中程度な遺伝率が推定され、形状の複雑さでは0.20と低い値が推定された。枝肉格付形質の遺伝率はこれまでに多数報告されており、BMSナンバーは黒毛和種において一般的に高い値が報告されている(0.49~0.70; Mukaiら1995; Oikawaら2000; Uchidaら2001; 川田ら2003)。

画像解析形質に関する遺伝率の報告はあまりないが、Osawaら(2008)は、北海道内の黒毛和種集団に対して脂肪面積割合、全体の粒子のあらさおよび最大粒子のあらさにおいて、それぞれ0.59、0.47および0.20と本研究と同様な傾向を報告した。コース芯形状に関わる形質においては、大澤ら(2004)が短径・長径比ならびに形状の複雑さの遺伝率を、それぞれ0.32および0.18と報告し、本研究と同様な傾向であった。本研究で求めたようなコース芯に関する画像解析形質は、中程度から高い遺伝性を示し、遺伝的改良が可能であることが示された。

飼料利用形質と発育形質間の遺伝ならびに表型相関を表2に示した。濃厚飼料摂取量と各発育形質間の遺伝相関は、中程度から高い正の遺伝相関が推定され(0.34~0.75)、濃厚飼料要求率と各発育形質間の遺伝相関は、負の値が推定された(-0.59~-0.08)。DCP要求率ならびにTDN要求率と各発育形質間の遺伝相関は、濃厚飼料要求率と同様な傾向を示し、開始時体重、開始時体高および終了時体高において負の低いあるいは中程度な値が推定され(DCP要求率:-0.38~-0.14, TDN要求率:-0.44~-0.17)、終了時体重、一日当たり増体重および一日当たり成長量において負の高い値が推定された(DCP要求率:-0.72~-0.61, TDN要求率:-0.77~-0.66)。Uchidaら(2001)は、濃厚飼料要求率、DCP要求率ならびにTDN要求率と開始時体重、終了時体重および一日当たり増体重間において本研究と異なる傾向を

Table 2 Genetic (r_a) and phenotypic (r_p) correlation between growth traits and feed utilization traits

| Trait ¹ | Feed utilization trait | | | | | | | |
|--------------------|------------------------|-------|--------------|-------|--------------|-------|--------------|-------|
| | CONINT | | CONRA | | DCPRA | | TDNRA | |
| | $r_a \pm SE^*$ | r_p | $r_a \pm SE$ | r_p | $r_a \pm SE$ | r_p | $r_a \pm SE$ | r_p |
| Growth trait | | | | | | | | |
| BWS | 0.74 ± 0.07 | 0.41 | -0.26 ± 0.11 | -0.03 | -0.38 ± 0.11 | -0.09 | -0.44 ± 0.10 | -0.12 |
| BWF | 0.75 ± 0.05 | 0.70 | -0.48 ± 0.08 | -0.43 | -0.61 ± 0.07 | -0.54 | -0.67 ± 0.06 | -0.58 |
| ADG | 0.71 ± 0.05 | 0.71 | -0.59 ± 0.07 | -0.60 | -0.72 ± 0.05 | -0.71 | -0.77 ± 0.04 | -0.75 |
| WHS | 0.38 ± 0.09 | 0.32 | -0.08 ± 0.11 | -0.10 | -0.14 ± 0.10 | -0.15 | -0.17 ± 0.10 | -0.17 |
| WHF | 0.42 ± 0.08 | 0.40 | -0.27 ± 0.09 | -0.28 | -0.34 ± 0.09 | -0.34 | -0.36 ± 0.09 | -0.37 |
| DWH | 0.34 ± 0.12 | 0.17 | -0.59 ± 0.11 | -0.31 | -0.64 ± 0.10 | -0.33 | -0.66 ± 0.10 | -0.34 |

* SE = standard error of genetic correlation.

¹ Abbreviation of traits were defined in Table 1.

示したが(濃厚飼料要求率: $-0.13 \sim 0.67$, DCP 要求率: $-0.22 \sim 0.59$, TDN 要求率: $0.26 \sim 0.46$), 直接検定の記録を用いた Oikawa ら (2000) は, 濃厚飼料摂取量と開始時体重, 終了時体重および一日当たり増体重間で正の遺伝相関 ($0.55 \sim 0.69$), TDN 要求率において負の中程度から高い遺伝相関 (開始時体重: -0.24 , 終了時体重: -0.34 , 一日当たり増体重: -0.51) と本研究と同様な傾向を報告した. また, Shojo ら (2005) は, 濃厚飼料摂取量と一日当たり増体重間の遺伝相関で本研究と同様な正の値 (0.58) を報告し, 濃厚飼料要求率, DCP 要求率および TDN 要求率と終了時体重, 終了時体高および一日当たり増体重間においても本研究と同様な負の遺伝相関を報告した (終了時体重: $-0.29 \sim -0.23$, 終了時体高: $-0.28 \sim -0.15$, 一日当たり増体重: $-0.63 \sim -0.30$). これらのことから, 特に一日当たり増体重と各要求率間の遺伝相関は負の高い値であり, 一日当たり増体重を改良することで間接的に飼料要求率が改善可能であると考えられる. また, 黒毛和種において体重や体型が遺伝的に大きな個体は, 濃厚飼料摂取量が多いが, 体重を 1kg 増加するのに必要な飼料摂取量は, 少ないことが示唆された. いいかえれば, 一日当たり増体重が高くなる改良は, 絶対値として濃厚飼料摂取量が増加するものの, 要求率は減少する傾向にあると考えられる.

発育形質と枝肉格付形質および画像解析形質間の遺伝ならびに表型相関を表 3 に示した. 歩留に関する形質と各発育形質間において一日当たり成長量と皮下脂肪厚間を除き (-0.25), すべての組み合わせで正の値が推定された (枝肉重量: $0.43 \sim 0.98$, ロース芯面積: $0.27 \sim 0.54$, ばらの厚さ: $0.20 \sim 0.63$, 皮下脂肪厚: $0.07 \sim 0.26$, 筋間脂肪: $0.15 \sim 0.49$). 歩留に関する形質と発育形質間の遺伝相関は, これまでにいくつか報告されているが, 本研究の結果と異なる傾向を示す文献値がいくつかあり, 特に皮下脂肪厚において様々な値が報告されている. 例えば, Mukai ら (1995) は, 直接検定の開始時体重, 終了時体重および一日当たり増体重と, 一般枝肉市場から収集された皮下脂肪厚間で $-0.39 \sim -0.14$ の負の遺伝相関を報告し, Oikawa ら (2000) は, 間接検定の記録を用いた分析において, 皮下脂肪厚と開始時体重, 終了時体重および一日当たり増体重間で非常に高い正の遺伝相関を報告した ($0.74 \sim 0.97$). Aziz ら (2005) は, 皮下脂肪厚と開始時体重間で -0.49 と中程度な負の遺伝相関を報告した. 皮下脂肪厚と発育性間の遺伝相関が大きく変動している原因は, 分析に用いた黒毛和種集団の遺伝的構成や飼養環境の違いが大きいと思われる.

BMS ナンバーと各発育形質間の遺伝相関は, 無あるいは低い遺伝相関が推定された. Mukai ら (1995) や Aziz ら (2005) は, BMS ナンバーと開始時体重, 終了時体重および一日当たり増体重間で本研究と同様な無あるいは低い遺伝相関を報告した (Mukai ら: $-0.04 \sim$

-0.01 ; Aziz ら: $0.04 \sim 0.17$). 脂肪面積割合と各発育形質間の遺伝相関が, BMS ナンバーと同様に無あるいは低い値が推定されたが, 全体の粒子のあらさにおいて, BMS ナンバーや脂肪面積割合よりも高い正の値が推定された ($0.17 \sim 0.37$). また, 最大粒子のあらさにおいても開始時体高および終了時体重を除き, 正の遺伝相関が推定された ($0.17 \sim 0.38$). 細かさ指数は, 体重に関する各形質間において負の遺伝相関が推定されたが ($-0.29 \sim -0.22$), 体高に関する各形質間においては無あるいは低い負の値が推定された. したがって, 黒毛和種において体重や体高を大きくしたり一日当たり増体重を増すような種雄牛選抜を行う場合, BMS ナンバーには大きな変動は無いが, あるいは脂肪交雑粒子が増加したり, 細かい脂肪交雑粒子が減少するという一般的に好まれない方向に改良が進む可能性が示唆された.

ロース芯の形状を表す慣性主軸短径・長径比と開始時および終了時の体高間の遺伝相関は, それぞれ -0.26 および -0.18 と負の値が推定されたが, その他の形質間では無相関が推定された. また, 形状の複雑さにおいては各発育形質間と中程度な正の遺伝相関が推定されたことから ($0.20 \sim 0.54$), 体型が大きくなるような改良を行った場合, ロース芯の形状が複雑になるというあまり好ましくない遺伝的関連性が確認された.

飼料利用形質と枝肉格付形質および画像解析形質間の遺伝ならびに表型相関を表 4 に示した. 歩留に関わる枝肉重量, ロース芯面積, ばらの厚さおよび筋間脂肪厚は, 濃厚飼料摂取量間で中程度から高い正の遺伝相関が推定され (それぞれ 0.71 , 0.25 , 0.54 および 0.30), 濃厚飼料, DCP および TDN の各要求率間と中程度から高い負の遺伝相関が推定された (濃厚飼料: $-0.45 \sim -0.20$, DCP: $-0.58 \sim -0.29$, TDN: $-0.63 \sim -0.33$). しかしながら, 皮下脂肪厚は, 濃厚飼料摂取量間と中程度な正の遺伝相関 (0.42) が推定されたが, 各要求率とは無あるいは低い遺伝相関が推定された. したがって, 濃厚飼料摂取量を下げる改良を行う場合, 枝肉重量やロース芯面積などが減少するものの, 飼料要求率を向上させる改良を行う場合, これら形質が増加する遺伝的関連性が示された.

脂肪交雑に関する形質においては, BMS ナンバーと各飼料利用形質間で無の遺伝相関が推定され, BMS ナンバーと非常に関連性の強い脂肪面積割合と各飼料利用形質間においても BMS ナンバーと同様な傾向を示した. しかしながら, 全体の粒子のあらさおよび最大粒子のあらさにおいては, 濃厚飼料摂取量間で中程度な正の遺伝相関が推定され (0.41 および 0.52), 各要求率間では無あるいは低い値が推定された (全体の粒子のあらさ: $-0.16 \sim -0.07$, 最大粒子のあらさ: $-0.03 \sim 0.10$). 細かさ指数においては, 濃厚飼料摂取量ならびに各要求率間で, それぞれ -0.23 ならびに $0.19 \sim 0.25$ の遺伝相関が推定された. 本研究の結果, BMS ナンバーは飼料利用性と

Table 3 Genetic (r_a) and phenotypic (r_p) correlation of growth traits with carcass traits and image analysis traits

| Trait ¹ | Growth trait | | | | | |
|----------------------|----------------|-------|--------------|-------|--------------|-------|
| | BWS | | BWF | | ADG | |
| | $r_a \pm SE^*$ | r_p | $r_a \pm SE$ | r_p | $r_a \pm SE$ | r_p |
| Carcass trait | | | | | | |
| CW | 0.91 ± 0.03 | 0.74 | 0.98 ± 0.00 | 0.97 | 0.92 ± 0.02 | 0.85 |
| REA | 0.46 ± 0.09 | 0.32 | 0.54 ± 0.07 | 0.52 | 0.52 ± 0.08 | 0.51 |
| RT | 0.60 ± 0.07 | 0.44 | 0.63 ± 0.06 | 0.58 | 0.57 ± 0.07 | 0.51 |
| SFT | 0.22 ± 0.10 | 0.24 | 0.26 ± 0.09 | 0.24 | 0.24 ± 0.09 | 0.17 |
| IFT | 0.40 ± 0.09 | 0.26 | 0.49 ± 0.07 | 0.39 | 0.49 ± 0.08 | 0.36 |
| BMS | -0.13 ± 0.10 | 0.04 | -0.03 ± 0.09 | 0.13 | 0.04 ± 0.09 | 0.15 |
| Image analysis trait | | | | | | |
| FAR | -0.03 ± 0.10 | 0.05 | 0.07 ± 0.09 | 0.14 | 0.13 ± 0.09 | 0.17 |
| OCM | 0.27 ± 0.11 | 0.11 | 0.36 ± 0.09 | 0.22 | 0.37 ± 0.09 | 0.24 |
| CMM | 0.26 ± 0.20 | 0.05 | 0.34 ± 0.18 | 0.07 | 0.38 ± 0.19 | 0.07 |
| FIM | -0.22 ± 0.11 | 0.00 | -0.28 ± 0.10 | -0.04 | -0.29 ± 0.10 | -0.06 |
| MMR | 0.05 ± 0.12 | 0.11 | 0.02 ± 0.10 | 0.12 | -0.02 ± 0.11 | 0.09 |
| COM | 0.30 ± 0.15 | 0.07 | 0.34 ± 0.13 | 0.14 | 0.37 ± 0.13 | 0.16 |

| Trait ¹ | Growth trait | | | | | |
|----------------------|--------------|-------|--------------|-------|--------------|-------|
| | WHS | | WHF | | DWH | |
| | $r_a \pm SE$ | r_p | $r_a \pm SE$ | r_p | $r_a \pm SE$ | r_p |
| Carcass trait | | | | | | |
| CW | 0.50 ± 0.07 | 0.56 | 0.55 ± 0.06 | 0.60 | 0.43 ± 0.12 | 0.16 |
| REA | 0.27 ± 0.10 | 0.21 | 0.35 ± 0.09 | 0.29 | 0.34 ± 0.12 | 0.15 |
| RT | 0.25 ± 0.10 | 0.22 | 0.25 ± 0.09 | 0.22 | 0.20 ± 0.13 | 0.03 |
| SFT | 0.22 ± 0.10 | 0.16 | 0.07 ± 0.09 | 0.09 | -0.25 ± 0.12 | -0.08 |
| IFT | 0.15 ± 0.10 | 0.10 | 0.18 ± 0.09 | 0.07 | 0.20 ± 0.12 | -0.03 |
| BMS | 0.12 ± 0.09 | 0.09 | 0.16 ± 0.09 | 0.12 | 0.13 ± 0.12 | 0.04 |
| Image analysis trait | | | | | | |
| FAR | 0.13 ± 0.09 | 0.09 | 0.17 ± 0.09 | 0.10 | 0.16 ± 0.11 | 0.02 |
| OCM | 0.17 ± 0.11 | 0.06 | 0.22 ± 0.10 | 0.06 | 0.20 ± 0.13 | 0.01 |
| CMM | -0.33 ± 0.19 | -0.02 | -0.20 ± 0.18 | -0.03 | 0.17 ± 0.24 | -0.02 |
| FIM | 0.06 ± 0.11 | 0.06 | -0.01 ± 0.10 | 0.01 | -0.15 ± 0.13 | -0.06 |
| MMR | -0.26 ± 0.11 | 0.00 | -0.18 ± 0.10 | -0.02 | 0.01 ± 0.14 | -0.04 |
| COM | 0.20 ± 0.14 | 0.05 | 0.36 ± 0.13 | 0.06 | 0.54 ± 0.16 | 0.03 |

* SE = standard error of genetic correlation.

¹ Abbreviation of traits were defined in Table 1.

遺伝的な関連性が低いが、飼料利用性を向上する改良を行う場合、あらい脂肪交雑粒子が増加し、細かい脂肪交雑粒子が減少するという一般的に好ましくない傾向が見られた。これら遺伝的関連性は、本研究で用いたデータに増体系と肉質系の種雄牛がともに含まれていることが影響している可能性があるが、飼料利用性の改良を行う

場合、脂肪交雑の詳細な形状との関連性に注意が必要である。

コース芯の形状に関する形質においては、慣性主軸短径・長径比と各飼料利用形質間で0.11~0.19と低い正の遺伝相関が推定され、両者の関連性が低いことが示された。形状の複雑さにおいても各要求率間で無のあ

Table 4 Genetic (r_g) and phenotypic (r_p) correlation of feed utilization traits with carcass traits and image analysis traits

| Trait ¹ | Feed utilization trait | | | | | | | |
|----------------------|------------------------|-------|--------------|-------|--------------|-------|--------------|-------|
| | CONINT | | CONRA | | DCPRA | | TDNRA | |
| | $r_g \pm SE^*$ | r_p | $r_g \pm SE$ | r_p | $r_g \pm SE$ | r_p | $r_g \pm SE$ | r_p |
| Carcass trait | | | | | | | | |
| CW | 0.71 ± 0.05 | 0.71 | -0.45 ± 0.08 | -0.38 | -0.58 ± 0.07 | -0.49 | -0.63 ± 0.06 | -0.53 |
| REA | 0.25 ± 0.10 | 0.41 | -0.44 ± 0.09 | -0.25 | -0.48 ± 0.09 | -0.31 | -0.49 ± 0.08 | -0.34 |
| RT | 0.54 ± 0.07 | 0.51 | -0.20 ± 0.10 | -0.16 | -0.29 ± 0.09 | -0.24 | -0.33 ± 0.09 | -0.27 |
| SFT | 0.42 ± 0.08 | 0.25 | 0.13 ± 0.10 | 0.04 | 0.08 ± 0.10 | 0.01 | 0.06 ± 0.10 | -0.01 |
| IFT | 0.30 ± 0.08 | 0.37 | -0.43 ± 0.09 | -0.10 | -0.47 ± 0.09 | -0.16 | -0.48 ± 0.09 | -0.18 |
| BMS | 0.03 ± 0.09 | 0.16 | -0.01 ± 0.09 | -0.04 | 0.00 ± 0.09 | -0.06 | 0.00 ± 0.09 | -0.07 |
| Image analysis trait | | | | | | | | |
| FAR | 0.13 ± 0.09 | 0.18 | -0.02 ± 0.09 | -0.03 | -0.04 ± 0.09 | -0.06 | -0.04 ± 0.09 | -0.07 |
| OCM | 0.41 ± 0.09 | 0.28 | -0.07 ± 0.11 | -0.02 | -0.14 ± 0.10 | -0.07 | -0.16 ± 0.10 | -0.08 |
| CMM | 0.52 ± 0.17 | 0.11 | 0.10 ± 0.19 | 0.04 | 0.01 ± 0.19 | 0.02 | -0.03 ± 0.19 | 0.02 |
| FIM | -0.23 ± 0.10 | -0.08 | 0.19 ± 0.11 | 0.00 | 0.23 ± 0.11 | 0.01 | 0.25 ± 0.11 | 0.02 |
| MMR | 0.11 ± 0.11 | 0.13 | 0.19 ± 0.11 | 0.02 | 0.15 ± 0.11 | -0.01 | 0.13 ± 0.11 | -0.02 |
| COM | 0.46 ± 0.12 | 0.16 | 0.00 ± 0.14 | -0.04 | -0.11 ± 0.14 | -0.07 | -0.16 ± 0.14 | -0.08 |

* SE = standard error of genetic correlation.

¹ Abbreviation of traits were defined in Table 1.

は低い負の遺伝相関が推定されたが、濃厚飼料摂取量との間で中程度の正の遺伝相関が推定された(0.46)。したがって、濃厚飼料摂取量が多い個体は、ロース芯形状が複雑になる遺伝的傾向にあることが示唆された。

本研究の結果、発育性、飼料利用性ならびに枝肉成績間は、次のような遺伝的関連性があることが示された。体重や体型が大きな個体は濃厚飼料摂取量が多いが、飼料要求率は改善する傾向にあった。発育性および飼料利用性とBMSナンバー間では遺伝的関連性がみられなかったが、体重や体型が大きな個体や濃厚飼料摂取量が多い個体は、脂肪交雑粒子がなくなり、細かい脂肪交雑粒子が減少する望ましくない遺伝的関連性があった。したがって、発育性や飼料利用性の改良を行う場合、従来の格付項目であるBMSナンバーのみでは、あらい脂肪交雑粒子が多い種雄牛や、細かい脂肪交雑粒子が少ない種雄牛が選抜される危険性が示唆された。本研究で用いた画像解析手法を利用することで、格付項目のみでは把握しきれない肉質の特徴が測定可能となり、これら肉質を産肉能力検定などに利用することで、より効率的な種雄牛選抜が可能となるであろう。

本研究で用いた個体との畜月齢は、約21ヵ月齢と若齢である。ウシの筋肉内脂肪交雑形成能力のピークは、24ヵ月齢位であるといわれており(岡田1991)、本研究で用いた個体の脂肪交雑は、まだ発達中であると推察される。したがって、本研究のような若齢牛の結果と、一般的な枝肉市場に出荷される月齢(27~32ヵ月齢)ま

で肥育した結果とでは、脂肪交雑と発育性や飼料利用性間の遺伝的関連性が異なるかもしれない。さらには、黒毛和種集団の血縁構成(たとえば、肉質系や増体系など)によっても遺伝的関連性が異なる可能性が考えられる。今後、現場後代検定や一般肥育された個体の記録などを用いて様々な黒毛和種集団に対する分析を行うことも必要であろう。

謝 辞

枝肉横断面の撮影に協力していただいたホクレン農業協同組合連合会、北海道畜産公社十勝事業所の関係各位に深謝する。本研究は、岩手大学21世紀COEプログラムの支援を得て行われたものであり、ここに感謝の意を表する。

文 献

- Aziz AM, Nishida S, Suzuki K, Nishida A. 2005. Estimation of direct and maternal genetic parameters for growth and carcass traits in a herd of Japanese Black cattle in Miyagi prefecture, using a multitrait animal model. *Animal Science Journal* **76**, 187-193.
- Hirooka H, Groen AF, Matsumoto M. 1996. Genetic parameters for growth and carcass traits in Japanese Brown cattle estimated from field records. *Journal of Animal Science* **74**, 2112-2116.
- Kahi AK, Oguni T, Sumio Y, Hirooka H. 2007. Genetic relationships between growth and carcass traits and profitability in Japanese Brown cattle. *Journal of Animal Science* **85**, 348-

- 355.
- 川田啓介, 兼松重任, 黒澤弥悦, 揖斐隆之, 佐々木義之. 2003. 岩手県南地方における黒毛和種集団の産肉性形質に関する統計遺伝学的解析. 日本畜産学会報 **74**, 187-193.
- 口田圭吾, 大澤剛史, 堀 武司, 小高仁重, 丸山 新. 2006. 画像解析による牛枝肉横断面の評価とその遺伝. 動物遺伝育種研究 **34**, 45-52.
- 口田圭吾, 鈴木三義, 三好俊三. 2002. 画像解析による牛胸最長筋内脂肪交雑粒子のあらさに関する評価法の検討. 日本畜産学会報 **73**, 9-17.
- 口田圭吾, 高橋健一郎, 長谷川未央, 堀 武司, 本間稔規, 波通隆, 小高仁重. 2005. 高解像度デジタルカメラを利用した新しい牛枝肉横断面撮影装置の開発. 肉用牛研究会報 **80**, 56-62.
- Misztal I, Tsuruta S, Strabel T, Auvray B, Druet T, Lee D. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). *Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Montpellier, France, CD-ROM Communication, 28, 7.
- Mukai F, Oyama K, Kohno S. 1995. Genetic relationships between performance test traits and field carcass traits in Japanese Black cattle. *Livestock Production Science* **44**, 199-205.
- Oikawa T, Sanehira T, Sato K, Mizoguchi Y, Yamamoto H, Baba M. 2000. Genetic parameters for growth and carcass traits of Japanese Black (Wagyu) cattle. *Animal Science* **71**, 59-64.
- 岡田光男. 1991. 肥育のすすめ. 初版. pp. 43-47. チクサン出版社. 東京.
- Osawa T, Kuchida K, Hidaka S, Kato T. 2008. Genetic parameters for image analysis traits on *M. longissimus thoracis* and *M. trapezius* of carcass cross section in Japanese Black steers. *Journal of Animal Science* **86**, 40-46.
- 大澤剛史, 口田圭吾, 加藤貴之, 鈴木三義, 三好俊三. 2004. 黒毛和種枝肉横断面の画像解析形質ならびに枝肉形質に関する遺伝的パラメータの推定. 日本畜産学会報 **75**, 11-16.
- Shojo M, Yong J, Anada K, Oyama K, Mukai F. 2005. Estimation of genetic parameters for growth and feed utilization traits in Japanese Black cattle. *Animal Science Journal* **76**, 115-119.
- Uchida H, Oikawa T, Suzuki K, Yamagishi T. 2001. Estimation of genetic parameters using an animal model for traits in performance and progeny testing for meat production of Japanese Black cattle herd in Miyagi prefecture. *Animal Science Journal* **72**, 89-96.

Genetic relationships of growth and feed utilization traits with carcass and image analysis traits for Japanese Black steers in progeny test

Takefumi OSAWA¹, Satoshi HIDAKA², Koji KATO³ and Keigo KUCHIDA²

¹ The United Graduate School of Agricultural Sciences, Iwate University, Morioka 020-8550, Japan

² Obihiro University of Agriculture and Veterinary Medicine, Obihiro 080-8555, Japan

³ Livestock Improvement Association of Japan, Makubetsu, Hokkaido 089-0625, Japan

Corresponding : Keigo KUCHIDA (fax : +81 (0) 155-49-5462, e-mail : kuchida@obihiro.ac.jp)

The purpose of this study was to investigate the genetic relationships among growth traits, feed utilization traits, carcass grading traits and image analysis traits in the ribeye of Japanese Black steers. In this analysis, 1,492 Japanese Black steers in progeny testing were used. The growth traits consisted of 6 traits including body weight at the start of the fattening period (BWS), withers height at the start of the fattening period (WHS) and average daily gain in body weight during the fattening period (ADG). The feed utilization traits consisted of concentrate intake (CONINT), concentrate conversion ratio (CONRA), digestible crude protein conversion ratio (DCPRA), and total digestible nutrient conversion ratio (TDNRA). Carcass grading traits consisted of 6 traits such as beef marbling standard (BMS). Digital images of the carcass cross section were taken between the 6-7th rib with photography equipment. Six traits such as fat area ratio (FAR), overall coarseness of marbling (OCM) and fineness index of marbling particles (FIM) were calculated as image analysis traits in the ribeye. Genetic parameters for these traits were estimated using the AIREMLF90 program. Effects included in the model were station-year-season and birthplace as fixed effects, age at the beginning of the fattening period as a covariate and additive genetic and residual effects as random effects. Heritability estimates and genetic correlations were estimated using a single-trait animal model and a two-trait animal model, respectively. Heritability estimates for growth traits, feed utilization traits, and image analysis traits were 0.24~0.58, 0.50~0.53 and 0.08~0.70, respectively. Genetic correlations (\pm SE) of BMS and FAR with growth traits and feed utilization traits were from -0.13 ± 0.10 to 0.16 ± 0.09 and from -0.04 ± 0.09 to 0.17 ± 0.09 , respectively. However, genetic correlations (\pm SE) of OCM and FIM with growth traits were from 0.17 ± 0.11 to 0.37 ± 0.09 and from -0.29 ± 0.10 to 0.06 ± 0.11 , respectively. Genetic correlations (\pm SE) of OCM with feed utilization traits were 0.41 ± 0.09 , -0.07 ± 0.11 , -0.14 ± 0.10 and -0.16 ± 0.10 for CONINT, CONRA, DCPRA and TDNRA, respectively. Genetic correlations (\pm SE) of FIM with feed utilization traits were -0.23 ± 0.10 , 0.19 ± 0.11 , 0.23 ± 0.11 and 0.25 ± 0.11 for the same traits. Therefore, it was suggested that animals with genetically large body size or good feed efficiencies tended to increase rough marbling particles and to decrease fine marbling particles in ribeye.

Nihon Chikusan Gakkaiho 79 (2), 193-201, 2008

Key words : carcass traits, feed utilization traits, growth traits, image analysis traits, Japanese Black.