

乳牛集団の遺伝的改良に及ぼす育種システムの検討*

赤堀 誠・光本孝次

(帯広畜産大学家畜育種学教室)

1977年5月16日受理

Approaches to Breeding Systems Affecting Genetic Improvement
in Dairy Cattle Population*

Makoto AKAHORI** and Takatsugu MITSUMOTO**

序 論

わが国における乳牛の遺伝的改良は、先進諸外国の高い水準の乳牛改良組織を利用する、導入育種法で行われてきた。その結果として、乳牛改良事業の組織化への動向は、ほとんど見られなかった。それに対し、人工授精組織は、種雄牛飼養の経済的負担の軽減や繁殖関係の伝染病防除の見地から急速に発展した。反面、乳牛改良事業と関連の薄い人工授精の広範囲な普及は、低能力種雄牛の精液（遺伝子）を拡散する危険性を含んでいる。しかし、昭和49年から乳牛改良事業が開始され、今後、乳牛改良事業の組織化が進展するものと期待されている。乳牛集団の遺伝的資源を効率的に利用するために、後代検定計画における育種システムの最適構造に関する研究が、多くの研究者によって報告されつつある。各々の乳牛集団における育種システムの最適構造に関するモデル実験 (SKJERVOLD 1963, SKJERVOLD *et al.* 1964, HUNT *et al.* 1972, 1974) やモデル実験に育種計画の経費を加えた育種システムの最適構造についての報告がある (VAN VLECK 1964, LINDHÉ 1968, HINKS 1974, OLLIVIER 1974, OLTENACU 1974)。導入種雄牛の凍結精液による人工授精に加えて、一定地域内の乳牛頭数の増加と一戸当たり飼養頭数の増加、そして乳牛検定組織の発展の条件は、フィールド方式による乳牛の育種システムの直接的にも間接的にも、その有効性を著しく増大させる。

そこで、本報告は、北海道の乳牛集団を対象としたモデル実験を通して、遺伝的改良に対する育種仮説値の影響を評価し、乳生産量の遺伝的改良速度に関連する育種システムについて検討したものである。

※ 家畜育種学教室からの寄稿 No. 27

** Laboratory of Animal Breeding, Obihiro University of Agriculture and Veterinary Medicine, Obihiro, Hokkaido, Japan.

分析 方 法

1) 後代検定計画における交配システム

この研究に用いられた仮説乳牛集団の構造を Fig. 1 に示した。能力検定牛群から優秀雌牛が、候補種雄牛母牛として選抜される。それらの雌牛は、後代検定済の優良種雄牛と交配され、候補種雄牛を生産する。候補種雄牛は、能力検定牛群内の雌牛と交配され、それらの娘牛を生産する。娘牛の能力検定の結果に基づいて、候補種雄牛は選抜され、更新種雄牛として種畜場に取り入れられ、人工授精に供用される。このサイクルで後代検定計画が実施されるとする。

2) 年間遺伝的改良量の推定

ΔG_Y (年間遺伝的改良量) は、次式で推定される (LERNER 1958)。

$$\Delta G_Y = r_{iG} i \sigma_G / L$$

r_{iG} : 検定の正確度 i : 選抜強度

σ_G : 遺伝的標準偏差 L : 世代間隔

世代から世代への遺伝的改良は、遺伝子が伝達される次の4つの経路においてなされる。

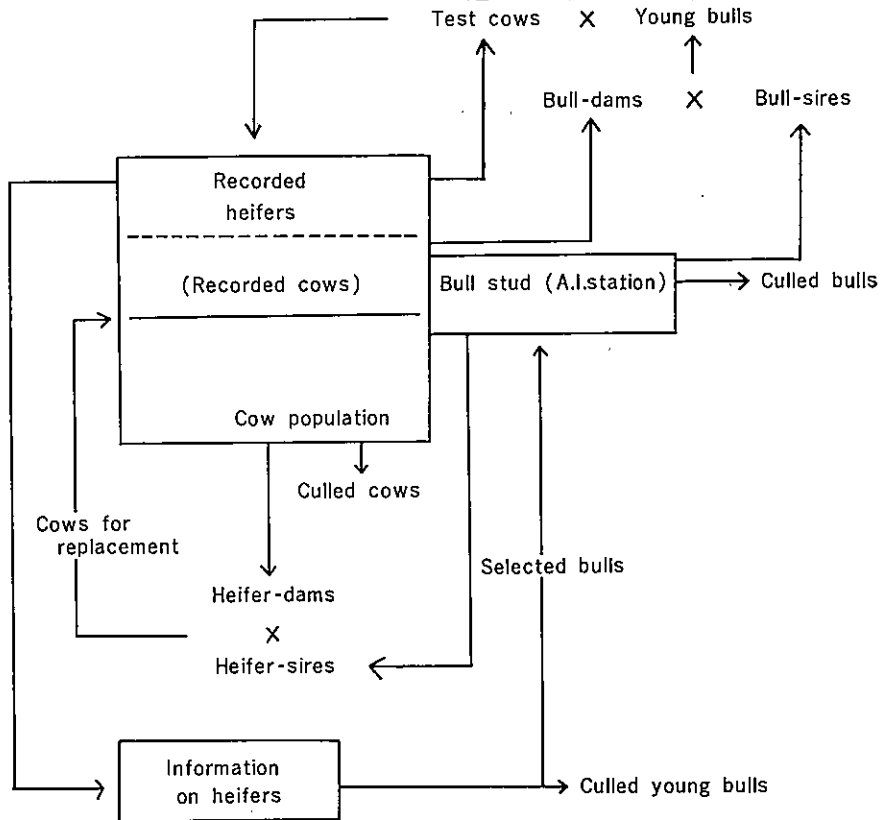


Fig. 1 Progeny testing scheme

Table 1 Formula used in estimation of annual genetic gain in different paths of pedigree

Path of transmission	Population selected	Selection intensity(i)	r_{IG}	σ_G	ΔG	L
Sire-son	$\frac{g}{abc}$	Table Value*	$\sqrt{\frac{d \cdot 0.25 h}{1+(d-1) \cdot 0.25 h}}$	9	$i r_{IG} \sigma_G$	7.50
Sire-daughter	$\frac{1}{c}$	Table Value*	$\sqrt{\frac{d \cdot 0.25 h}{1+(d-1) \cdot 0.25 h}}$	9	$i r_{IG} \sigma_G$	$\frac{YI \cdot 2.50}{(1-YI)} \cdot 7.50$
Dam-son	$\frac{abc4}{PSe-(PSe-abcd)f}$	Table Value*	\sqrt{h}	9	$i r_{IG} \sigma_G$	6.50
Dam-daughter	$\frac{(PSe-abcd)f4}{PSe-(PSe-abcd)f}$	Table Value*	\sqrt{h}	9	$i r_{IG} \sigma_G$	4.70
					$\Sigma \Delta G$	ΣL

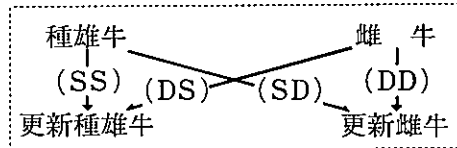
$$F_Y = \frac{3.125}{g} + \frac{4.6875(1-YI)}{a} + \frac{4.6875 YI}{abc}$$

$$\Delta G = \frac{\Sigma \Delta G}{\Sigma L} - F_Y$$

PS: Cow population size

YI: Percentage of milk-recorded population bred to young bulls

*: BECKER, W. A. (1968)



それゆえ、 ΔG_Y は次式から推定される (RENDEL *et al.* 1950)。

$$\Delta G_Y = (\Delta G_{SS} + \Delta G_{SD} + \Delta G_{DS} + \Delta G_{DD}) / (L_{SS} + L_{SD} + L_{DS} + L_{DD})$$

さらに、選抜によって生ずる乳牛集団の近交退化率を考慮する時、 ΔG_Y は次式で推定される。(SKJERVOLD 1964)。

$$\Delta G_Y = r_{IG} i \sigma_G / L - F_Y$$

F_Y : 年間近交退化率

3) 育種仮説値

ΔG_Y は、次の7つの育種仮説値を用いて、Computer simulation method によって推定された。

- 種雄牛頭数 : 23, 34, 68, 136
- 種雄牛年間更新率 (%) : 20, 25, 30
- 更新種雄牛当たりの候補種雄牛頭数 (候補種雄牛頭数) : 10, 20, 30, 40
- 候補種雄牛当たりの娘牛頭数 (娘牛頭数) : 20, 30, 40
- 雌牛集団内の能力検定比率 (検定率) (%) : 10, 20
- 雌牛集団の年間更新率 (%) : 10, 20, 25, 30

g) 候補種雄牛を生産する種雄牛頭数 (候補種雄牛父牛頭数) : 4, 8, 12, 16

$4G_Y$ の推定モデルの詳細は, Table 1 に示した。

4) 乳牛集団の繁殖構造

乳牛集団の遺伝的改良量は, 乳牛集団の繁殖構造によって影響される。それゆえ, 乳牛集団の繁殖構造を明確にする必要がある。本報告においては, 次のような仮定がなされた。

a) 雌牛集団の大きさは, 400,000 頭である。

b) 雌牛集団は, 完全に人工授精で管理され, 種雄牛は, 能力検定群と非能力検定群で等しく用いられる。

c) 候補種雄牛は, 能力検定群内の雌牛によって生産され, 1 頭の候補種雄牛の生産に 4 頭の雌牛が供用される。

d) 候補種雄牛の娘牛は, 能力検定群内の雌牛によって生産され, 1 頭の娘牛の生産に 4 頭の雌牛が供用される。

e) 後代検定の開始された候補種雄牛は, 後代検定完了時まで保持される。

f) 種雄牛は人工授精供用期間中に淘汰されない。

g) 乳量の遺伝率は, 0.25 である。

h) 乳量の表型変動係数は, 18% である。

i) 乳量の遺伝的標準偏差は, 9% である。

j) 乳量の近交退化率は, 近交係数増加単位当たり 1% である。

Table 2 Hypothetical values in the reproductive structure

Between sires and their sons (L_{ss})	
From birth to age of supplying semen for service	1.70
Gestation length	0.80
From birth to first calving of heifer	2.50
From calving to completion of lactation and obtaining record	1.00
From entering stud to birth of their sons	1.50
	Total=7.50
Between sires and their daughters (L_{sd})	
Between young bulls and their daughters	2.50
Between sires and their daughters	7.50
$L=(\% \text{ of population by young bulls}) (2.50)+(\% \text{ of population by sires}) (7.50)$	
Between dams and their sons (L_{ds})	
From birth to first calving	2.50
From first calving to birth of their sons	4.00
	Total=6.50
Between dams and their daughters (L_{dd})	
From birth to calving	2.50
From first calving to birth of their daughters	2.20
	Total=4.70

k) 世代間隔

種雄牛から更新種雄牛まで7.50年、雌牛から更新種雄牛まで6.50年、雌牛から更新雌牛まで4.70年である。種雄牛から更新雌牛までは、雌牛集団が世代間隔の異なる種雄牛と候補種雄牛によって交配されることから、次式から計算される。

$$(\text{候補種雄牛によって交配される雌牛集団の比率}) \times 2.50 + (\text{種雄牛によって交配される雌牛集団の比率}) \times 7.50$$

各世代間隔の詳細は、Table 2 に示した。

この計算には、帯広畜産大学計算センターの FACOM 270-20 を使用した。

結果および考察

検定率が10%の時、雌牛集団内の能力検定群の大きさ(検定容量)は、40,000頭であった。この検定容量で後代検定を実施しうる候補種雄牛頭数は、340頭であり、生産しうるそれらの娘牛頭数は、7,650頭であった。この娘牛頭数を生産するのに必要とされる能力検定群に対する候補種雄牛の交配率(交配率)は95%であった。

検定率が20%の時、検定容量80,000頭、その検定容量が後代検定を実施しうる候補種雄牛頭数は、680頭であり、それらの娘牛頭数15,300頭、交配率95%であった。

A. 種雄牛サイズと年間遺伝的改良量

種雄牛更新率の変化による ΔG_Y を Fig. 2 に示した。種雄牛更新率は、候補種雄牛頭数との組合せより、後代検定される候補種雄牛頭数(候補種雄牛総頭数)を限定し、 ΔG_{SS} を通して ΔG_Y に影響を与える。検定容量の制限が育種システムの構成に関与する時、種雄牛更新率の増加は、候補種雄牛頭数、あるいは娘牛頭数の育種仮説値を減少させた。それゆえ、検定容量の制限を受けない種雄牛頭数23頭の育種システムを除き、種雄牛更新率30%で ΔG_Y は、最小となった。HUNT *et al.* (1972) は種雄牛更新率25%が最大の ΔG_Y を為し遂げると報告しており、この結果と一致した。種雄牛頭数の相違による ΔG_Y の差は著しかった。これは、種雄牛頭数の増加によって、低い種雄牛更新率の育種システムにおいても、検定容量の制限が生じることによるものであった。

候補種雄牛頭数の変化による ΔG_Y を Fig. 3 に示した。候補種雄牛頭数は、直接 ΔG_{SD} を決定し、さらに種雄牛更新率との組合せより候補種雄牛総頭数を限定し、 ΔG_{SS} と ΔG_{SD} を通して ΔG_Y に影響を与える。種雄牛頭数23頭の育種システムでは、検定容量の制限が生じないことから、候補種雄牛頭数の増加は、 ΔG_Y を増加させた。それに対し、他の種雄牛頭数の育種システムでは、候補種雄牛頭数の増加は、種雄牛更新率および娘牛頭数の減少を導き、 ΔG_Y を減少させた。候補種雄牛頭数が10頭から20頭まで増加する時、最も ΔG_Y を増加させた。

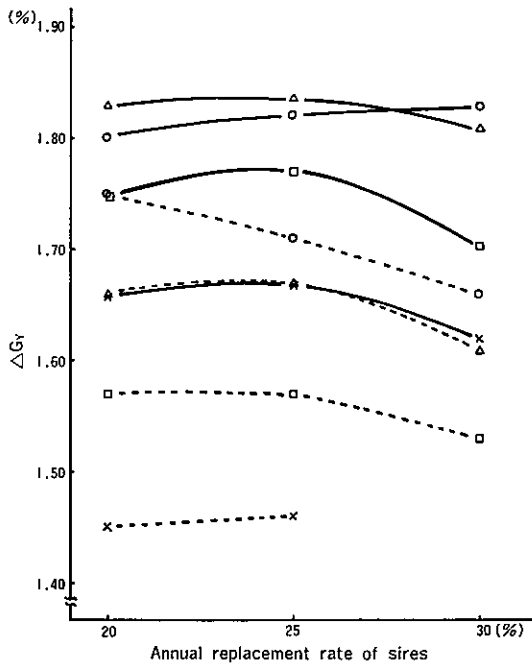


Fig. 2 The changes in annual genetic gain (ΔG_r) when annual replacement rate of sires is varied
 % of population milk-recorded: \cdots : 10, $-$: 20.
 No. of sires: \circ : 23, \triangle : 34, \square : 68, \times : 136

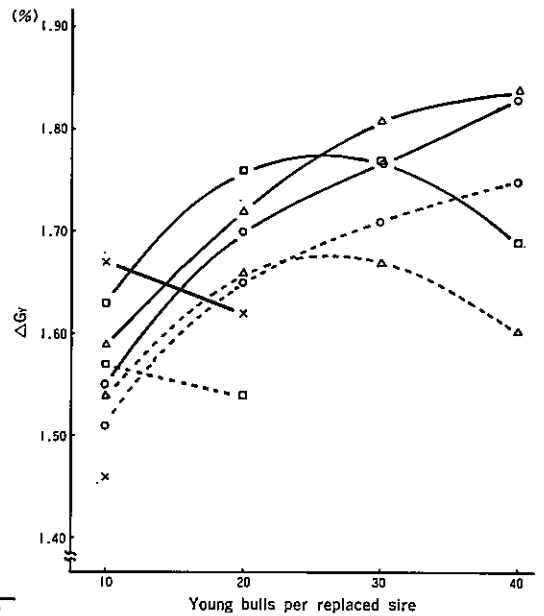


Fig. 3 The changes in annual genetic gain (ΔG_r) when number of young bulls per replaced sire is varied
 % of population milk-recorded: \cdots : 10, $-$: 20.
 No. of sires: \circ : 23, \triangle : 34, \square : 68, \times : 136

しかし、検定容量の著しい制限が生じる時、10頭以上の増加は、 ΔG_r を減少させた。それゆえ、多数の種雄牛頭数を有する育種システムにおいて、候補種雄牛頭数の増加は、 ΔG_r を減少させ、候補種雄牛総頭数を増加させるため、効率的な育種システムを構成しないと推察される。

候補種雄牛父牛頭数の変化による ΔG_r を Fig. 4 に示した。候補種雄牛父牛頭数は、 ΔG_{ss} のみを決定し、 ΔG_r に影響を与える。候補種雄牛父牛頭数の増加は、候補種雄牛の父牛となる種雄牛に対する選抜圧を減少させ、 ΔG_r を減少させた。その減少傾向は、各種種雄牛頭数の育種システムにおいて、ほぼ同様であった。

HUNT *et al.* (1972), SKJERVOLD *et al.* (1964) らは、少頭数の候補種雄牛父牛頭数が ΔG_r のより大きな増加をもたらすと報告しており、それらの結果と一致した。

候補種雄牛父牛頭数は、雌牛集団の近交退化率に大きな影響を与える。雌牛集団内の一世代当たりの近交退化率は、各種種雄牛頭数の育種システムにおいて、1%以下であり、その近交退化率は、種雄牛頭数の増加に伴って減少した。その近交退化率の50%から90%が、候補種雄牛父牛頭数に依存しており、その依存率は、種雄牛頭数の増加に伴って増加した。候補種雄牛父牛頭数の減少は、雌牛集団の近交退化率を増加させるとしても、 ΔG_r が増加することか

ら、効率的な育種システムを構成すると推察される。しかしながら、雌牛集団の交配が少頭数の種雄牛によって継続的に長期間実施されるなら、雌牛集団内の個体の近交度の上昇は、避けられないであろう。それゆえ、後代検定計画の実施に際して、計画交配を行うとともに、集団外からの種雄牛の導入、あるいは候補種雄牛父牛頭数の増加を計画するシステムの可能性もある。

B. 娘牛サイズと年間遺伝的改良量

娘牛頭数の変化による ΔG_Y を Fig. 5 に示した。娘牛頭数は、後代検定の正確度を決定することから、 ΔG_{SS} と ΔG_{SD} を通して ΔG_Y に影響を与える。後代検定の正確度は、娘牛頭数を 20 頭から 30 頭まで増加する時、より大きな増加がもたらされ、 ΔG_Y を増加させた。しかし、娘牛頭数の増加によって、候補種雄牛頭数のより大きな減少がもたらされる時、 ΔG_Y は減少した。それゆえ、候補種雄牛頭数のより大きな減少を導かない娘牛頭数の増加が、効率的な育種システムを構成すると推察される。

育種仮説値は、一定の検定容量のもとで、相互に関連し、育種システムを構成する。育種

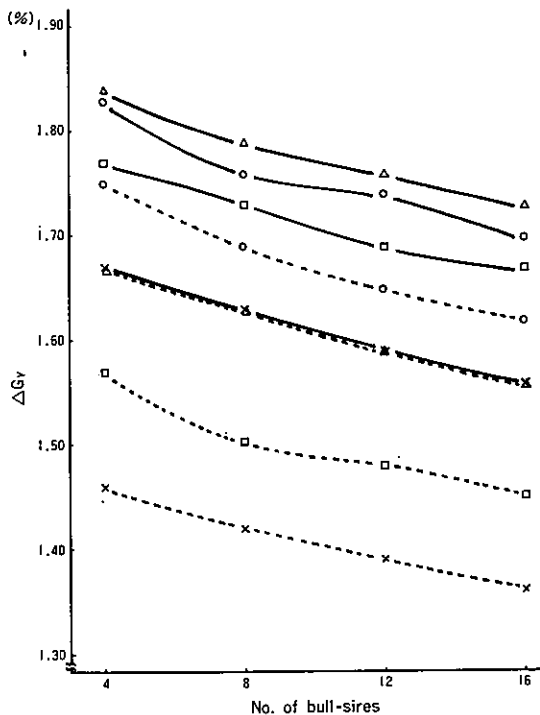


Fig. 4 The changes in annual genetic gain (ΔG_Y) when number of bull-sires is varied
 % of population milk-recorded : \cdots : 10
 $-$: 20.
 No. of sires : \circ : 23, \triangle : 34, \square : 68, \times : 136

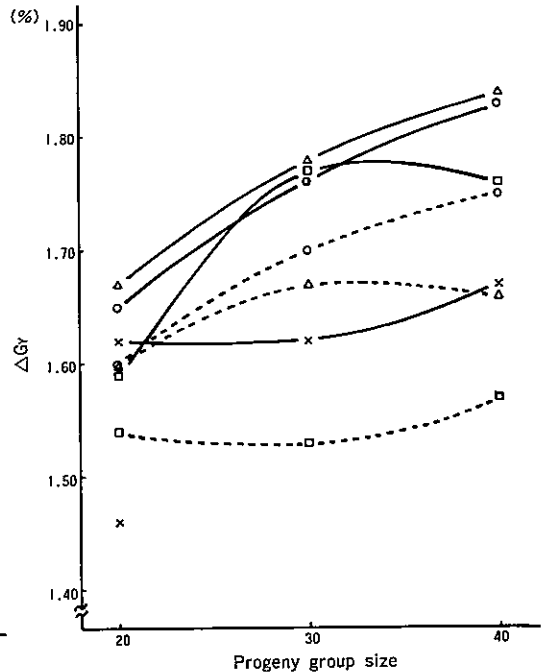


Fig. 5 The changes in annual genetic gain (ΔG_Y) when progeny group size is varied
 % of population milk-recorded : \cdots : 10,
 $-$: 20.
 No. of sires : \circ : 23, \triangle : 34, \square : 68, \times : 136

Table 3 Maximum annual genetic gain in the breeding systems

No. of sires in stud	23		34		68		136	
% of population milk-recorded	10	20	10	20	10	20	10	20
Replacement rate of sires (%)	20	30	25	25	25	25	25	25
No. of young bulls per replaced sires	40	40	30	40	10	30	10	10
Progeny group size	40	40	30	40	40	30	20	40
No. of bull-sires	4	4	4	4	4	4	4	4
ΔG (%)	1.75	1.83	1.67	1.84	1.57	1.77	1.46	1.67
% of milk-recorded population bred to young bulls	90	64	95	82	82	95	82	82
Sum of generation length (year)	25.83	25.63	25.81	25.50	25.85	25.40	25.85	25.50
Total no. of tested daughters	7,360	11,040	7,650	13,600	6,800	15,300	6,800	13,600
Total no. of young bulls	184	276	255	340	170	510	340	340

システムの構成に検定容量の制限が加わる時、育種仮説値間の関連は反比例的であった。しかしながら、検定容量を十分に有するか、あるいは種雄牛頭数の少ない後代検定計画では、各育種仮説値は、相互の関連なしに ΔG_r を増加する方向、すなわち、より大きな育種仮説値を選択することが可能であった。

各種雄牛頭数において、最大の ΔG_r を為し遂げる育種システムを Table 3 に示した。種雄牛頭数の増加は、検定容量の著しい制限条件から、育種仮説値の選択の範囲を減少させた。

したがって、種雄牛頭数 136 頭における育種システムの構成においては、ほとんど育種仮説値の選択の余地が存在しなかった。種雄牛更新率は、種雄牛頭数 23 頭の育種システムを除き、25%で最大の ΔG_r を示した。これは、20%から25%までの増加では、候補種雄牛頭数及び娘牛頭数の減少とならないことによる。候補種雄牛頭数は、種雄牛頭数の増加に伴って減少するが、その減少は、検定率10%の育種システムで著しかった。娘牛頭数は、各育種システムとも、より大きな娘牛頭数が最大の ΔG_r に関連した。候補種雄牛父牛頭数は、他の育種仮説値と関連なしに選択される。

それゆえ、各育種システムは、4頭の育種仮説値で構成された。 ΔG_r は、種雄牛頭数の増加に伴って減少し、その減少は、検定率の10%育種システムで著しかった。しかしながら、検定率20%における種雄牛頭数34頭の育種システムの ΔG_r は、種雄牛更新率が減少したにもかかわらず、23頭の ΔG_r よりわずかに大きかった。これは、種雄牛更新率の減少によって、候補種雄牛総頭数の減少が生じなかったことによる。世代間隔は、各育種システムに大差なく、 ΔG_r の大きさにほとんど影響を与えなかった。検定率による ΔG_r の差は、各種雄牛頭数とも著しく、その差は、種雄牛頭数の増加に伴って増加した。

能力検定の普及は、後代検定計画の基本的条件であり、また、最大 $4G_r$ レベルの主要因である。種雄牛頭数の減少は、より大きな $4G_r$ レベルと種雄牛の飼養経費の軽減をもたらす。それゆえ、少頭数の種雄牛と高い交配率による後代検定計画は、効率的な乳牛集団の遺伝的改良の方法論となろう。

C. 遺伝子伝達経路に起因する遺伝的改良量の相対比率

分析方法で述べたように、世代から世代への遺伝的改良は、遺伝子が伝達される4つの経路からもたらされる。各遺伝子伝達経路における遺伝的改良量の相対比率を Table 4 に示した。SS 経路の相対比率は、種雄牛頭数の増加に伴って増加した。SS経路の相対比率は、候補種雄牛総頭数及び娘牛頭数の増加で増加し、候補種雄牛父牛頭数の増加で減少した。

SD 経路の相対比率は、種雄牛頭数の増加で減少した。反面、SD 経路の相対比率は、候補種雄牛頭数および娘牛頭数の増加により増加した。DS 経路の相対比率には、一定の傾向が観察されなかった。DS 経路に起因する遺伝的改良量は、娘牛総頭数が少なければ、候補種雄牛の母牛に対する高選抜圧のために増加する。

それゆえ、検定率10%の種雄牛頭数68頭の育種システムが、最大の相対比率を示した。DD 経路の相対比率は、各育種システムにおいて0%であった。これは、本分析で仮定した検定容量では雌牛集団の一定の更新が為し遂げられなかったことによる。それゆえ、雌牛は、候補種雄牛の母牛として選抜されることにより、乳牛集団の遺伝的改良量に寄与した。

LINDHÉ (1968), SKJERVOLD (1963, 1964) らは、雌牛集団の年間更新率を30%に仮定することで、DD 経路の相対比率を5.9~8%と推定した。しかしながら、これらの相対比率を考慮するとしても、乳牛集団の遺伝的改良量の70~80%が、種雄牛によってもたらされる。格差の大きな集団間の導入育種の例を除けば、後代検定の実施されていない乳牛集団の遺伝的改良量は、極端に小さいと推察される。

D. 異なる交配率による遺伝的改良量の変化

前述の各育種システムとも、最大の $4G_r$ を期待するためには、能力検定群に対する候補種雄牛の高い交配率を必要とした。しかしながら、能力検定群に高い育種価を持つ種雄牛の遺

Table 4 The proportion of the genetic gain attributable to different paths of pedigree

Path of transmission	Number of sires in stud							
	23		34		68		136	
	% of population milk-recorded							
	10	20	10	20	10	20	10	20
Sire-son (SS)	39.1	40.0	41.1	41.1	42.3	43.3	45.3	45.3
Sire-daughter (SD)	38.4	36.9	36.7	36.9	31.5	35.3	30.5	30.5
Dam-son (DS)	22.5	22.8	22.2	22.0	26.2	21.4	24.2	24.2
Dam-daughter (DD)	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

伝子を伝達するためには、候補種雄牛の低い交配率が要求される。それゆえ、候補種雄牛の高い交配率は、能力検定群に遺伝的、経済的負担を負荷させることになる。したがって、その負担の代償に配慮するとともに、交配率そのものの減少が望まれよう。異なる交配率によって為し遂げられる最大 ΔG_Y を Table 5 に示した。交配率の減少は、検定容量を減少させ ΔG_Y を減少させた。交配率を 50% に減少させると、 ΔG_Y の減少は、0.1% 以下であった。LEGATES (1970) は、交配率 20~30% がフィールドでの実施可能範囲であるとしており、交配率を 30% まで減少させると、 ΔG_Y は 0.17% 減少した。検定率の増加は、より低い交配率でもって、より大きな ΔG_Y の獲得を可能にする。それゆえ、検定率の増加は、能力検定群の負担の軽減のための有効な手段であろう。

交配率に関して、SKJERVOLD (1964) は、大集団で 50% 以上、小集団で 90% 以上でもって、最大の ΔG_Y を期待できると報告している。また、HUNT *et al.* (1974) は、一般に高い交配率ほど、より大きな ΔG_Y が期待されると報告している。

本報告の結果は、乳牛集団の正の遺伝的改良を示しているが、ここで仮定された後代検定計画の構造が有効に利用されないなら、達成される乳牛集団の遺伝的改良量は、期待される量より、かなり低くなることは明らかである。後代検定による乳牛集団の期待遺伝的改良量を実現することが不可能であるとすれば、それは、乳牛集団内の遺伝的資源の非効率的利用が主な原因であろう。

最近、わが国においても後代検定事業と乳牛検定事業が進展しつつあり、導入育種的方法を利用する場合でも、北海道では、特に、フィールド方式による乳牛集団の育種計画が必要となるろう。

その場合、乳牛集団の遺伝的改良速度を促進するため、乳牛集団内の遺伝的資源を効率的に利用する育種システムの企画は、十分な研究的資料に基づいて立案されることが最も望まれよう。

Table 5 The changes in annual genetic gain (ΔG) when the proportion of the population which is inseminated with young bulls is varied

Percentage of milk-recorded population bred to young bulls	Number of sires in stud							
	23		34		34		136	
	% of population milk-recorded							
	10	20	10	20	10	20	10	20
10	1.36	1.52	-	1.44	-	-	-	-
20	1.48	1.67	1.39	1.57	-	1.48	-	-
30	1.57	1.75	1.52	1.70	1.43	1.61	-	1.50
40	1.58	1.76	1.53	1.71	1.43	1.63	-	1.51
50	1.64	1.80	1.60	1.77	1.51	1.68	-	1.60
100	1.75	1.83	1.67	1.84	1.57	1.77	1.46	1.67

要 約

本報告では、モデル実験を通して、乳牛集団の遺伝的改良に影響を及ぼす要因の評価によって、乳量の遺伝的改良を効率的に為し遂げる育種システムの検討を試みた。

モデル実験の変数として、次の7つの育種仮説値を用いた。a) 種雄牛頭数、b) 種雄牛年間更新率、c) 更新種雄牛当たりの候補種雄牛頭数、d) 候補種雄牛当たりの娘牛頭数、e) 雌牛集団内の能力検定比率、f) 雌牛集団の年間更新率、g) 候補種雄牛を生産する種雄牛頭数

それらの育種仮説値によって、4,608個の育種システムが推定された。

結果は次のようであった。

1) 種雄牛更新率の増加は、候補種雄牛総頭数の増加をもたらし、 ΔG_Y (年間遺伝的改良量) を増加させた。検定容量が小さい時、種雄牛更新率は、20%と25%で ΔG_Y を最大にした。

2) 候補種雄牛頭数が、10頭から20頭に増加される時、 ΔG_Y の増加は、最大となった。候補種雄牛頭数の増加は、娘牛頭数が減少される時、必ずしも ΔG_Y を増加させなかった。

3) 娘牛頭数が、20頭から30頭に増加される時、 ΔG_Y の増加は、最大となった。各種雄牛頭数の育種システムにおいて、娘牛頭数の増加は ΔG_Y を増加させた。

4) 候補種雄牛父牛頭数の増加は、 ΔG_Y を減少させた。

5) 雌牛集団の一世代当たりの近交退化率は1%以下であった。

6) 各育種システムにおいて、世代間隔は大差なく、 ΔG_Y の差に殆んど影響を与えなかった。

7) 種雄牛頭数の増加は ΔG_Y を著しく減少させた。

8) ΔG_Y のおおよそ80%が種雄牛の選抜からもたらされた。

9) 交配率の減少は ΔG_Y を減少させた。

10) 検定率の増加は著しい ΔG_Y の増加をもたらした。

育種仮説値は、相互に関連し、 ΔG_Y の決定に関連している。それゆえ、それらの関連を考慮し、乳牛集団内の遺伝的資源を有効に利用しうる育種システムを検出することが乳牛集団の遺伝的改良を促進するであろう。

参 考 文 献

- 1) BECKER, W. A. (1968): Manual of Procedures in Quantitative Genetics. Washington State Univ. Pr.
- 2) HINKS, C. J. M. (1974): The Planning and Organisation of Progeny Testing with Particular Reference to Numerically Small Population and Breeds of Dairy Cattle. Z. Tierz. und Züchtungsbil. 91: 169-175.

- 3) HUNT, M. S., E. B. BURNSIDE, M. G. FREEMAN and J. W. WILTON (1972): Impact of Selection, Testing and Operational Procedure on Genetic Progress in a Progeny Testing Artificial Insemination Stud. *J. Dairy Sci.* 55: 829-839.
- 4) HUNT, M. S., E. B. BURNSIDE, M. G. FREEMAN and J. W. WILTON (1974): Genetic Gain When Sire Sampling and Programs Vary in Different Artificial Insemination Population Size. *J. Dairy Sci.* 57: 251-254.
- 5) LERNER, M. (1958): *The Genetic Basis of Selection*. New York John Wiley and Sons Inc.; London: Chapman and Hall Ltd.
- 6) LINDHË, B. (1968): Model Simulation of AI-Breeding within a Dual Purpose of Cattle. *Acta Agr. Scand.* 18: 33-39.
- 7) OLLIVIER, L. (1974): Optimum Replacement Rates in Animal Breeding. *Anim. Prod.* 19: 257-271.
- 8) OLTENACU, P. A. and C. W. YOUNG (1974): Genetic Optimization of a Young Bull Sampling Program in Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* 57: 894-897.
- 9) RENDEL, J. M. and A. ROBERTSON (1950): Estimation of Genetic Gain in Milk Yield by Selection in a Closed Herd of Dairy Cattle. *J. Genetics* 50: 1-8.
- 10) SKJERVOLD, H. (1963): The Optimum Size of Progeny Groups and Optimum Use of Young Bulls in A. I. Breeding. *Acta Agr. Scand.* 13: 131-140.
- 11) SKJERVOLD, H. and H. J. LANGHOLZ (1964): Factors Affecting the Optimum Structure of A. I. Breeding in Dairy Cattle. *Z. Tierz und Züchtungsbil* 80: 25-40.
- 12) VAN VLECK, L. D. (1964): Symposium: Young Sire Selection for Commercial Artificial Insemination; Sampling the Young Sire in Artificial Insemination. *J. Dairy Sci.* 47: 441-446.

Summary

The purpose of this study was to find, through the use of computer simulation techniques, a reasonable breeding system that will achieve maximum annual genetic gain in milk yield by evaluating factors, which affect genetic improvement in dairy cattle population.

The hypothetical values of the breeding factors which were used as variables in analyses were:

- a) number of sires in stud
- b) percentage of sires replaced annually
- c) number of young bulls per replaced sire
- d) number of daughters per young bull (progeny group size)
- e) percentage of the cow population which is milk-recorded
- f) percentage of the cow population replaced annually
- g) total number of sires of sons used annually

Four thousand six hundred eight breeding systems were simulated by the hypothetical values of these seven breeding factors.

The results obtained were as follows:

1) The higher percentage of sires replaced annually resulted in an increase in the total number of young bulls and consequentially, it increased the rate of genetic gain. In a small testing capacity, however, the breeding systems on the replacement rates of sires of 20% or 25% achieved maximum annual genetic gain.

2) The maximum rate of genetic gain was observed to be when the number of young

bulls per replaced sire increased from 10 to 20. But, the increase of the young bulls did not always increase the rate of genetic gain due to the decrease in progeny group size.

3) The maximum rate of genetic gain was observed to be when the progeny group size increased from 20 to 30. In most breeding systems, the increase of the progeny group size resulted in increase in the rate of genetic gain.

4) The increase of the total number of sires of sons decreased the rate of genetic gain.

5) The inbreeding depression on genetic gain per generation was less than 1%.

6) The sum of generation intervals did not differ apparently in each breeding system.

7) The increase of the number of sires in a stud markedly decreased the rate of genetic gain.

8) About 80% of the genetic gain was due to selection among young bulls.

9) Annual genetic gain decreased when percentage of young bulls bred to test cow decreased.

10) Annual genetic gain greatly increased when the higher percentage of the cow population were milk-recorded.

From the above results, in future breeding plans we expect there to be more genetic improvement in the dairy cattle population by moderate breeding systems.