

交雑種の枝肉格付形質に対する種雄牛× 母の品種による交互作用の検討

中橋良信¹・増田 豊¹・口田圭吾¹

¹ 帯広畜産大学, 帯広市 080-8555

(2011. 5. 26 受付, 2011. 11. 22 受理)

要 約 黒毛和種×ホルスタイン種による交雑種 (F1) は, わが国の牛肉需要を満たす上で重要な品種である. しかし F1 に対する種雄牛の遺伝評価に関する調査はほとんどなく, 高品質の枝肉生産を目的とした場合, 黒毛和種種雄牛の育種価を参考にすしかない. 本研究では, 黒毛和種種雄牛と母の品種間の交互作用を調査し, F1 に対する種雄牛評価の必要性について検討した. 分析には黒毛和種 (4,415 頭) および F1 (3,211 頭) の枝肉格付記録を使用した. 各品種から得られた値の遺伝相関係数によって交互作用を評価した. 分散成分の推定には AIREMLF90 プログラムを用いた. BMS の遺伝相関係数は 0.91 と推定された. また黒毛和種のデータから推定された期待後代差 (EPD) と, F1 データから推定された EPD との順位相関係数を求めたところ, 高い値となり (0.96-0.99), 大きな交互作用がないことが示された. よって黒毛和種種雄牛の EPD は F1 後代の肉質を予測するための指標となり得ることが示された.

日本畜産学会報 83 (1), 21-28, 2012

わが国では, 年間に約 100 万頭の牛枝肉が日本食肉格付協会による格付を受け, そのおよそ半分は和牛, 特に黒毛和種によって占められている (日本食肉格付協会 2010). 次に多く格付を受けているものはホルスタイン種であるが, 近年出荷頭数は減少傾向にある. 代わって出荷頭数が増加傾向にあるものが, 黒毛和種種雄牛をホルスタイン種雌牛に交配させて作出した交雑種 (F1) であり, 現在は格付を受けた牛枝肉の約 25% を占める主要な品種となっている.

F1 は国内の牛肉需要を満たす上で重要な品種であるが, その生産目的は, F1 子牛生産農家である一般酪農家と, その F1 子牛を肥育する肥育農家で異なる. 酪農家は, 飼養しているホルスタイン雌牛の難産を回避するために黒毛和種種雄牛を交配することが多く (Kawahara ら 2010), その種雄牛としては小型系統であれば良いため, 肉質や増体能力に関する血統が考慮されることは少ない. 一方, 肥育農家は F1 の増体性や肉質の良さを期待して導入を行っており (三谷 1999), このような肥育農家の生産目的は, 子牛市場を介して, 間接的に酪農家における種雄牛の選択に影響する.

先行研究によると, F1 における BMS の遺伝率は 0.409 と報告されており (長嶺ら 1997), 肉質の優れた牛枝肉を生産するためには, 種雄牛を適切に選択することが重要である. ところが黒毛和種種雄牛の F1 に対する

遺伝評価は行われていないため, 酪農家は, 黒毛和種のデータから推定された育種価を参考にしている. しかし, 純粋種のデータから推定した育種価に基づいて, 交雑種の能力を予測できるとは限らず, 種雄牛と母の品種間には交互作用が存在することが報告されている (Benyshek ら 1979 ; Massey と Benyshek 1981 ; Núñez-Dominguez ら 1993).

枝肉格付形質, 特に BMS のように枝肉単価に直結する形質で強い交互作用が確認された場合, 黒毛和種種雄牛の F1 に対する遺伝評価を行う必要があるが, この交互作用が小さければ, 黒毛和種に対する育種価は, F1 生産の指標として用いることができる. 本研究は黒毛和種種雄牛×母の品種の交互作用を調査し, F1 に対する種雄牛の遺伝評価方法について検討することを目的とした.

材料および方法

種雄牛×母の品種の交互作用を検討する方法の一つは, 純粋種および交雑種でそれぞれ得られた同一の形質を異なる形質とみなし, その遺伝相関係数を評価することである (Núñez-Dominguez ら 1993 ; Wei と van der Werf 1995 ; Lutaaya ら 2001). 遺伝相関係数が 0 に近いほど種雄牛×母の品種の交互作用は大きくなる. すなわち, 0 に近ければ, 純粋種集団のデータから推定された

育種価が、交雑種後代の能力を予測するための指標とならないことを意味する。本研究でもこの方法により交互作用を評価することとし、血縁情報の収集の容易さからサイアモデルによって分析を行った。

分析には、2000年4月から2009年11月までに北海道内の枝肉市場に上場された黒毛和種およびF1の枝肉格付記録を用いた。記録を持つ個体のうち、ロース芯または枝肉全体に瑕疵のあるもの、肥育農家あるいは種雄牛が不明なもの、月齢または枝肉重量がそれぞれ平均から標準偏差3単位より外れたものを削除した。さらに黒毛和種およびF1それぞれのデータについて、出荷頭数および後代数が5頭未満の肥育農家および種雄牛からの記録を削除した。各品種のデータ構造を表1に示した。

黒毛和種およびF1生産に用いられた黒毛和種種雄牛が異なっており、分散共分散成分の推定値に偏りが生じると予想されたため、分析には黒毛和種およびF1の両集団に共通して用いられている種雄牛(共通種雄牛, $n = 33$)からの記録のみを用いた。最終的に、黒毛和種およびF1で、それぞれ4,415頭および3,211頭の記録を用いて分析を行った。分析対象形質は、日本食肉格付協会の格付員により評価された枝肉重量、ロース芯面積、バラの厚さ、皮下脂肪の厚さ、歩留基準値およびBMSの6形質とした。

これらのデータを用いて、以下のように2形質サイアモデルにより遺伝的パラメータおよび期待後代差(以下、EPD)の推定を行った。

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y}_1 \\ \mathbf{y}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{X}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{b}_1 \\ \mathbf{b}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{Z}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{s}_1 \\ \mathbf{s}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{bmatrix}$$

ここで \mathbf{y}_1 , \mathbf{b}_1 , \mathbf{s}_1 および \mathbf{e}_1 はそれぞれ黒毛和種における観測値、母数効果、種雄牛のEPDおよび残差のベクトルであり、 \mathbf{y}_2 , \mathbf{b}_2 , \mathbf{s}_2 および \mathbf{e}_2 はF1における観測値、母数効果、種雄牛のEPDおよび残差のベクトルを示す。 \mathbf{X}_1 , \mathbf{X}_2 , \mathbf{Z}_1 および \mathbf{Z}_2 は、それぞれの効果を観測値に結合させる既知の計画行列を表す。母数効果には肥育農家、年次、月および性別を取り上げ、出荷月齢を一次および二次の回帰として考慮した。

共分散構造は以下の通りである。このモデルにおいて、各種雄牛は黒毛和種集団およびF1集団それぞれに対するEPDを持つ。

$$\text{Var} \begin{bmatrix} \mathbf{y}_1 \\ \mathbf{y}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_1 \mathbf{A} \mathbf{Z}'_1 \sigma^2_{s1} & \mathbf{Z}_1 \mathbf{A} \mathbf{Z}'_2 \sigma_{s1s2} \\ \text{Sym.} & \mathbf{Z}_2 \mathbf{A} \mathbf{Z}'_2 \sigma^2_{s2} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{I} \sigma^2_{e1} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{I} \sigma^2_{e2} \end{bmatrix}$$

ここで \mathbf{A} は黒毛和種種雄牛の相対的血縁行列を示す。血縁記録は5代祖まで遡った結果、68頭となった。また、二形質モデルによる推定値と比較するため、黒毛和種およびF1それぞれについて単形質モデルによる分析を行った。このとき取り上げた効果は、二形質モデルと同一とした。分散成分の推定にはAIREMLF90プログラム

(Misztalら2002)を用いた。また、種雄牛のEPDの推定にはBLUPF90プログラム(Misztalら2002)を使用した。

結果および考察

本研究で用いた黒毛和種およびF1に関する詳細なデータ構造を表1に示した。黒毛和種を肥育した農家(270戸)は、F1を肥育した農家の戸数(63戸)よりも多いが、農家あたりの出荷頭数に大きな差は見られなかった。しかし、データの収集期間の長さが異なるため、農家ごとの年あたりの出荷頭数は黒毛和種で少なかった。F1を肥育している農家の41.2%は、黒毛和種も同時に肥育していた。

供用された種雄牛の数は、黒毛和種において多いものの、種雄牛あたりの年あたり出荷頭数ではF1の方が多かった(58.6頭および81.4頭)。Mukaiら(2004)は、F1生産に用いられる種雄牛の供用頻度が、黒毛和種生産に用いられるそれとは異なると推察している。本研究において、共通種雄牛を父とする肥育牛は、黒毛和種およびF1集団にそれぞれ4,415頭および3,211頭存在し、これはそれぞれの集団の32.9%および91.7%に相当する(表1)。またこれら共通種雄牛の後代数も、黒毛和種と比較してF1ではばらつきが大きかった。黒毛和種と比較し、F1生産には少数の種雄牛が用いられており、両集団で供用される種雄牛の頻度には偏りがあることが示され、Mukaiら(2004)による指摘を裏付ける結果となった。

黒毛和種およびF1における枝肉格付形質の基礎統計量を表2に示した。出荷月齢を含むすべての形質に対し、品種間にはその平均値に有意な差が見られた($P < 0.01$)。

一般にF1は増体性に優れるとされ、本研究においても、黒毛和種より出荷月齢が2ヵ月程度早いにも関わらず枝肉重量が大きかった(黒毛和種: 427.0 kg, F1: 457.0 kg)。ロース芯面積やバラの厚さでは、黒毛和種(57.8 cm² および 7.49 cm)の方がF1(52.0 cm² および 7.14 cm)よりも大きく、皮下脂肪の厚さではF1の方が大きな値を示した(2.32 cm および 2.67 cm)ことから、それらの総合指数である歩留基準値は、和牛の補正值(2.049)を考慮しても黒毛和種の方が高い値となった(74.5 および 70.8)。また、F1のBMS平均値は、黒毛和種と比べ小さな値を示した。

二形質モデルによる枝肉格付形質の分散成分および遺伝率推定値を表3に、単形質モデルによる推定値を表4に示した。黒毛和種では、両モデルからの推定値はほぼ一致した。同様にF1でも両モデルからの結果に大きな差はなかった。F1の枝肉重量では、単形質モデルと比較して二形質モデルで遺伝分散がやや大きくなったが、標準誤差(±64)の範囲内であった。

本研究とはモデルが異なるため単純に比較はできない

交雑種における交互作用

Table 1 Data description for Japanese Black (JB) and crossbred (F1) of Japanese Black×Holstein

Detailed data	Breeds	
	JB	F1
Shipped period	Apr/2000- Nov/2009	Sep/2005- Aug/2009
<i>n</i> of shipped animals	13,411	3,500
<i>n</i> of fattening farms	270	63
<i>n</i> of animals per fattening farm	49.7	55.6
<i>n</i> of animals per year per fattening farm	5.1	13.9
<i>n</i> of common fattening farms between JB and F1	26	
<i>n</i> of sires	229	43
<i>n</i> of progeny per sire	58.6	81.4
<i>n</i> of progeny per year per sire	6.1	20.3
<i>n</i> of common sires between JB and F1	33	
<i>n</i> of progeny from common sires	4,415	3,211
Percentage of progeny from common sires	32.9	91.7
Statistics of number of progenies of common sires		
Mean	134	97
Standard deviation	159	253
Minimum	5	6
Mode	15	6
Median	44	14
Maximum	612	1,235

Table 2 Descriptive statistics of carcass grading traits for Japanese Black (JB) and crossbred (F1) of Japanese Black×Holstein

Trait	JB (n = 4,415)			F1 (n = 3,211)		
	Mean ^a ± S.D.	Min.	Max.	Mean ^a ± S.D.	Min.	Max.
Slaughter age (months)	29.3 ± 1.8	23	35	26.9 ± 2.1	21	34
Carcass weight (kg)	427.0 ± 51.8	261	599	457.0 ± 53.6	291	608
Rib eye area (cm ²)	57.8 ± 8.0	29	88	52.0 ± 7.2	29	85
Rib thickness (cm)	7.49 ± 0.83	4.2	10.8	7.14 ± 0.90	3.9	10.6
S.C. fat thickness (cm)	2.32 ± 0.69	0.6	5.5	2.67 ± 0.72	0.7	5.7
Yield estimate	74.5 ± 1.3	69.3	78.7	70.8 ± 1.2	66.6	75.3
Beef marbling standard	5.2 ± 2.2	2	12	3.3 ± 1.1	2	10

^a Significantly different for all traits between JB and F1 ($P < 0.01$)

ものの、Osawaら(2008)による同地域における過去の報告と比較すると、本研究で推定された黒毛和種における遺伝率は、ロース芯面積およびBMSを除いて高い値となった(Osawaら:0.22~0.59, 本研究:0.39~0.69)。守屋ら(1994)は、兵庫県の集団を用いてサイアモデルによるREML法で遺伝率を推定し、ロース芯面積および皮下脂肪の厚さを除いて本研究より低い値を示した(0.415~0.566)。また鹿児島県のデータを用いて、母方

祖父モデルによって遺伝率を推定したMukaiら(0.29~0.62, 1993)と比較すると、枝肉重量およびバラの厚さで本研究は高い値となったが、その他の形質では低い値が推定された。F1におけるBMSの遺伝率(0.34)は、長嶺ら(1997)が報告した値(0.409)よりもやや低かった。

二形質モデルにおける黒毛和種とF1の遺伝率を比較すると、枝肉重量、皮下脂肪の厚さおよびBMSにおいて大きな差が見られた。本研究で推定された枝肉重量の

Table 3 Variance components and heritabilities of carcass grading traits for Japanese Black (JB) and crossbred (F1) of Japanese Black×Holstein estimated by 2-trait model

Trait	JB		F1		Heritability (S.E.)	
	σ^2_{s1}	σ^2_{e1}	σ^2_{s2}	σ^2_{e2}	JB	F1
Carcass weight	365	1780	209	1377	0.68 (0.08)	0.53 (0.09)
Rib eye area	6.9	53.2	5.9	37.8	0.46 (0.09)	0.54 (0.10)
Rib thickness	0.105	0.533	0.092	0.533	0.66 (0.08)	0.59 (0.09)
S.C. fat thickness	0.045	0.390	0.034	0.454	0.41 (0.08)	0.28 (0.09)
Yield estimate	0.236	1.433	0.209	1.183	0.57 (0.09)	0.60 (0.10)
Beef marbling standard	0.525	3.807	0.092	0.971	0.49 (0.09)	0.34 (0.09)

σ^2_{s1} : sire variance for JB, σ^2_{e1} : residual variance for JB, σ^2_{s2} : sire variance for F1, σ^2_{e2} : residual variance for F1,

Table 4 Variance components and heritabilities of carcass grading traits for Japanese Black (JB) and crossbred (F1) of Japanese Black×Holstein estimated by single trait model

Trait	JB		F1		Heritability (S.E.)	
	σ^2_{s1}	σ^2_{e1}	σ^2_{s2}	σ^2_{e2}	JB	F1
Carcass weight	369	1779	177	1378	0.69 (0.08)	0.46 (0.10)
Rib eye area	6.6	53.2	6.3	37.8	0.44 (0.09)	0.57 (0.11)
Rib thickness	0.104	0.533	0.108	0.532	0.65 (0.08)	0.68 (0.10)
S.C. fat thickness	0.042	0.390	0.033	0.453	0.39 (0.08)	0.27 (0.09)
Yield estimate	0.226	1.433	0.192	1.184	0.54 (0.09)	0.56 (0.10)
Beef marbling standard	0.551	3.804	0.091	0.971	0.51 (0.09)	0.34 (0.10)

σ^2_{s1} : sire variance for JB, σ^2_{e1} : residual variance for JB, σ^2_{s2} : sire variance for F1, σ^2_{e2} : residual variance for F1,

遺伝率は、F1で低いというよりも、むしろ黒毛和種において高く推定されており、黒毛和種では種雄牛の効果、母方の血縁効果と交絡し、その結果として遺伝分散が過大に推定された可能性がある。

ほとんどの形質で、黒毛和種はF1と比較して遺伝分散と残差分散がともに大きかったが、皮下脂肪の厚さでは黒毛和種よりもF1において残差分散が大きく、その結果、皮下脂肪の厚さの遺伝率はF1で低くなった。Habierら(2007)はブタの交雑種において背脂肪厚に対する残差分散が純粋種より大きいことを報告しており、本研究と一致した。

村澤ら(2010)は、黒毛和種のBMSが30ヵ月齢程度まで増加することを報告した。本研究においてF1の出荷月齢は27ヵ月齢と若いことから、F1のBMSに対する遺伝率が低かった理由として、F1生産に用いられた黒毛和種種雄牛が、遺伝的な能力を十分に発揮できていなかったことが考えられる。また黒毛和種の遺伝的能力が、高栄養の条件下で発揮されやすい可能性もある。これらの要因により黒毛和種とF1では集団が異なるものとなり、遺伝分散が低く推定されたと推察した。なおF1

においては、両親純粋種の品種が異なるため、枝肉格付形質に対する各品種の遺伝分散が等しいとは考えにくい。そのためサイアモデルで推定した本研究におけるF1の遺伝率は、過大に(過少に)推定されている可能性がある。

枝肉格付形質における黒毛和種とF1間の遺伝相関係数を表5に示した。いずれの形質に対しても強い正の遺伝相関(0.88~0.97)が推定された。特に枝肉重量に対して非常に高い値が推定された。肉用牛を用いた研究では、Núñez-Dominguezら(1993)が、出生時体重、200日齢体重および365日齢体重において、純粋種および交雑種間にそれぞれ、0.93、0.77および0.76の遺伝相関係数を報告している。同様にNewmanら(2002)は、枝肉重量、筋内脂肪割合および皮下脂肪の厚さにおいて、それぞれ0.48、0.95および1.00の遺伝相関係数を報告した。ブタを用いた研究では、Cecchinatoら(2010)が出生時生存率について(0.248)、Zumbachら(2007)が背脂肪厚(0.83~0.89)および日齢体重(0.60~0.79)について報告している。また家禽では、Weiとvan der Werf(1995)が産卵数(0.61~0.73)および卵重(0.69~0.99)の遺伝相

関係数を推定している。純粋種および交雑種間の遺伝相関係数は、畜種および形質によって大きなばらつきが見られ、本研究で推定された値はこれらの範囲内であった。

Wei と van der Werf (1995) は、純粋種と交雑種の種雄牛分散の差が大きいほど、遺伝相関係数は減少する傾向があることを報告した。本研究では、黒毛和種と F1 の遺伝分散の差が、黒毛和種の遺伝分散に対して比較的大きな枝肉重量において、最も高い遺伝相関係数が推定されており、反対の結果を示したように見える。しかし Wei と van der Werf (1995) の報告でも、卵重において純粋種と交雑種間の遺伝分散には差があったにも関わらず、高い遺伝相関係数が推定されている。また Núñez-Dominguez ら (1993) や Habier ら (2007) も同様の結果を報告していることから、本研究で得られた結果は一般的に起こり得るものと考えられる。

遺伝相関係数を用いた交互作用の評価において、どの程度の値が得られれば交互作用が存在するかについて明確な基準はない。Robertson (1959) は遺伝と環境の交互作用を考慮するとき、生物学的および経済的に重要な意

Table 5 Genetic covariances and correlation coefficients of carcass grading traits between Japanese Black (JB) and crossbred (F1) of Japanese Black×Holstein

Trait	$\sigma_{s1, s2}$	r_g (S.E.)	r'_g
Carcass weight	268	0.97 (0.05)	0.99
Rib eye area	5.9	0.93 (0.08)	0.97
Rib thickness	0.09	0.91 (0.08)	0.96
S.C. fat thickness	0.04	0.91 (0.11)	0.98
Yield estimate	0.20	0.88 (0.09)	0.96
Beef marbling standard	0.20	0.91 (0.10)	0.96

$\sigma_{s1, s2}$: Genetic covariance between JB and F1

r_g : Genetic correlation coefficient

r'_g : Spearman's correlation coefficient for expected progeny difference of JB sires on JB and F1 population

味を持つ程度として遺伝相関係数 0.8 を提案している。その値を参考にすると、本研究ではすべての形質に対し、種雄牛×母の品種間の大きな交互作用は認められなかった。すなわち、黒毛和種のデータから推定された育種価は、F1 後代の肉質を予測するための指標として用いることが可能であると示唆された。

黒毛和種および F1 間の遺伝相関係数は高い値が推定されたが、このような場合であっても、個々の種雄牛の EPD の順位の変動は、しばしば起こり得る。また、そのような変動はデータに依存する。そこで本データにおいて、種雄牛の順位に変動が発生するかを確認するために、直接後代をもつ共通種雄牛について、黒毛和種および F1 に対する EPD 間の順位相関係数を求めた (表 5)。その結果、すべての形質で 0.96 以上の強い相関係数が示され、本データにおいて種雄牛に顕著な順位の変動は見られなかった。

黒毛和種および F1 それぞれについて、二形質モデルおよび単形質モデルによって推定した共通種雄牛の EPD 間の相関係数を表 6 に示した。以下、二形質モデルおよび単形質モデルによる、黒毛和種および F1 に対する黒毛和種種雄牛の EPD を、それぞれ JB-2、F1-2、JB-1 および F1-1 と示す。

JB-2 および JB-1 間の相関係数は非常に高い値となり (0.95~0.98)、黒毛和種ではモデル間の EPD がほぼ一致した。一方、F1-2 および F1-1 間ではやや低い値となり (0.78~0.91)、F1 では異なるモデルを当てはめることで、EPD が異なる値となりやすいことが示された。また JB-2 および F1-2 間には非常に高い相関が見られ (0.95~1.00)、遺伝相関係数の標準誤差の範囲内であったが、JB-1 および F1-1 間の相関係数は低く (0.45~0.76)、標準誤差の範囲から外れて下回っていた。すなわち、F1-1 による EPD は遺伝相関を反映したものとなっていないことが示唆された。特に皮下脂肪の厚さおよび BMS では、他の形質と比較して低い値となった (それぞれ 0.45 および 0.53)。

F1 集団に対するモデル間の EPD の相関が低かった原

Table 6 Correlation coefficients of expected progeny differences of Japanese Black (JB) sires commonly serviced for JB and crossbred (F1) production between models and breeds (n = 33)

Trait	JB-2 vs. JB-1	F1-2 vs. F1-1	JB-2 vs. F1-2	JB-1 vs. F1-1	JB-1 vs. F1-2	JB-2 vs. F1-1
Carcass weight	0.97	0.88	1.00	0.76	0.96	0.85
Rib eye area	0.96	0.89	0.98	0.65	0.90	0.79
Rib thickness	0.98	0.89	0.98	0.68	0.92	0.78
S.C. fat thickness	0.95	0.78	0.98	0.45	0.88	0.65
Yield estimate	0.97	0.91	0.95	0.63	0.86	0.76
Beef marbling standard	0.96	0.82	0.98	0.53	0.89	0.71

JB-2 : estimates for JB population from bivariate model, JB-1 : estimates for JB population from univariate model, F1-2 : estimates for F1 population from bivariate model, F1-1 : estimates for F1 population from univariate model

因の一つとして、共通種雄牛の後代数のばらつきが考えられる。すなわち、黒毛和種集団と比べF1集団では後代数のばらつきが大きく(表1)、少数の後代しかもない種雄牛が多く含まれている。そのため信頼度の高いEPDを推定できる種雄牛が少なく、遺伝共分散による影響を受けやすかったと推察される。例としてBMSを取り上げると、F1-1によるEPDの信頼度が0.6以上である種雄牛のみに制限した場合($n = 13$)、JB-2との相関係数を求めると、 0.83 ± 0.17 となり(表には示していない)、遺伝相関係数の誤差の範囲となった。皮下脂肪の厚さおよびBMSにおいて低い相関係数となったのは、これらの形質のF1における遺伝率が低いため、信頼度の低い種雄牛が多かったことが原因の一つとして考えられる。

F1において、単形質モデルと二形質モデル間の相関係数は、黒毛和種におけるそれと比較してやや低くなっており、評価モデルによって、EPDの順位に大きな変動が発生する可能性がある。したがって、F1後代の肉質を予測するためには、より妥当なモデルを選択する必要がある。

Pollakら(1984)は、単形質モデルによる評価値には、その形質と相関のある別の形質での選抜によって偏りが生じると報告した。またSorensenとJohansson(1992)は、単形質モデルによる評価値での選抜に対する反応が、遺伝率に応じて偏ることを指摘している。F1生産に用いられている黒毛和種種雄牛は、黒毛和種集団において選抜を受けるため、F1個体の記録は、相関のある他の形質とみなすことができる。したがってF1-1には、後代が少数であることによる予測誤差に加え、黒毛和種での選抜による偏りが含まれていると考えられる。さらにSunら(2010)の研究では、乳用種の繁殖性において、単形質モデルによる評価値は遺伝的趨勢を過少に推定していた。

一方で、F1-2によるEPDには、遺伝相関の誤差に由来する予測誤差が含まれている。Henderson(1975)は、適切でない遺伝分散を用いた場合、予測誤差分散(PEV)が増加すると報告した。またSchaeffer(1984)による報告では、真の遺伝および残差相関からの誤差によるPEVの増加量は、最大で35.45%であった。しかし同時に、多形質モデルへの拡張は育種価のPEVを減少させ、正確度を増加させることが知られている(Schaeffer 1984; 向井と岡西 1992; Lutaayaら 2001; Sunら 2010)。本研究において、F1-2によるEPDのPEVは、F1-1と比較して32~50%減少した($n = 33$, 表には示していない)。このことから、遺伝相関に多少の誤差が含まれていたとしても、二形質モデルによるEPDの精度の向上に対するメリットの方が大きいと考えられる。さらに、多形質モデルによる育種価は、一般に単形質モデルと比較して偏りが小さいことが報告されていることから(Pollakら

1984; 向井と岡西 1992; SorensenとJohansson 1992)、F1後代の肉質を予測する指標として、F1-2によるEPDがより妥当であると推察される。なお、PEVの減少の程度は、遺伝相関と残差相関の差に依存しており、遺伝相関が残差相関よりも大きい場合、遺伝率の低い形質でよりPEVが減少する傾向がある(Schaeffer 1984)。F1-2でPEVが大きく減少したのは、遺伝率の低さにも関係すると考えられる。

以上までの結果は、黒毛和種およびホルスタイン種において、種雄牛×母の品種の交互作用が小さく、黒毛和種のデータから推定されたEPDが、F1の肉質を予測する指標となることを示している。しかし、大規模なデータを持ち、多数の後代をもつ種雄牛が多く存在する黒毛和種集団を利用することで、F1集団に対する信頼度の高いEPDを推定することが可能となる。すなわち、二形質モデルのメリットは、種雄牛×母の品種間の交互作用を考慮できるということよりも、むしろF1に対する黒毛和種種雄牛のEPDの精度を向上させることにある。F1に対する精度の高いEPDは、F1による牛肉生産が増加しつつあることを考えれば、大きな意義があると推察される。

本研究では血統情報の収集の容易さからサイアモデルを選択したが、このモデルは母の情報を無視するため、特に黒毛和種に対するEPDに偏りが生じやすい。そのため母方の血縁を考慮した、他のモデルによる検討も必要である。例えばArnoldら(1992)は、複数の品種を用いた縮約アニマルモデルを、Lutaayaら(2001)は、アニマルモデルとサイア・ダムモデルを組み合わせて純粋種と交雑種を評価している。本研究で用いたF1は、肉用種と乳用種間の交雑種であるため、両親純粋種の分散成分の大きさが異なると考えられる。そのため母方の分散を検討する際には、それらの違いを考慮できるようなものが望ましい。

文 献

- Arnold JW, Bertrand JK, Benyshek LL. 1992. Animal model for genetic evaluation of multibreed data. *Journal of Animal Science* **70**, 3322-3332.
- Benyshek LL. 1979. Sire by breed of dam interaction for weaning weight in Limousin sire evaluation. *Journal of Animal Science* **49**, 63-69.
- Cecchinato A, de los Campos G, Gianola D, Gallo L, Carnier P. 2010. The relevance of purebred information for predicting genetic merit of survival at birth of crossbred piglets. *Journal of Animal Science* **88**, 481-490.
- Habier D, Götz KU, Dempfle L. 2007. Estimation of genetic parameters on test stations using purebred and crossbred progeny of sires of the Bavarian Piétrain. *Livestock Science* **107**, 142-151.
- Henderson CR. 1975. Comparison of alternative sire evaluation methods. *Journal of Animal Science* **41**, 760-770.
- Kawahara T, Gotoh Y, Suzuki M, Yamaguchi S. 2010. Genetic

- evaluation of calving traits for Holstein and Japanese Black (Wagyu) bulls including purebred and F1 crossbred calvings with Holstein heifers. *Proceedings of 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, pp. 1-7. Leipzig, Germany.
- Lutaaya E, Misztal I, Mabry JW, Short T, Timm HH, Holzbauer R. 2001. Genetic parameter estimates from joint evaluation of purebreds and crossbreds in swine using the crossbred model. *Journal of Animal Science* **79**, 3002-3007.
- Massey ME, Benyshek LL. 1981. Interactions involving sires, breed of dam and age of dam for performance characteristics in Limousin cattle. *Journal of Animal Science* **53**, 940-945.
- Misztal I, Tsuruta S, Strabel T, Auvray B, Druet T, Lee DH. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). *Proceedings of 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Montpellier, France CD-ROM Communication 28-07.
- 三谷克之輔. 1999. F1 生産の理論と実践. 第1版. 三谷克之輔(編集). ハイブリッド肉牛生産への道. pp. 71-85. 肉牛新報社, 東京.
- 守屋和幸, 道後泰治, 佐々木義之. 1994. 黒毛和種の基礎集団並びに現集団における屠肉性に関する遺伝率の REML 推定. *日本畜産学会報* **65**, 720-725.
- 向井文雄, 岡西 剛. 1992. 性により記録される形質が異なる場合のアニマルモデルによる育種価予測値の正確度. *日本畜産学会報* **63**, 488-494.
- Mukai F, Okanishi T, Yoshimura T. 1993. Genetic relationships between body measurements of heifers and carcass traits of fattening cattle in Japanese Black. *Animal Science Technology (Japan)* **64**, 865-872.
- Mukai F, Sadahira M, Yoshimura T. 2004. Comparison of carcass composition among Japanese Black, Holstein and their crossbred steers fattening on farm. *Animal Science Journal* **75**, 393-399.
- 村澤七月, 中橋良信, 浜崎陽子, 日高 智, 堀 武司, 加藤貴之, 口田圭吾. 2010. 月齢による黒毛和種の脂肪交雑の変化とそれに対する種雄牛の影響. *日本畜産学会報* **81**, 37-45.
- 長嶺慶隆, 菲澤圭二郎, 高橋秀彰, 鈴木 賢. 1997. 交雑種を用いた黒毛和種の種雄牛評価. *日本畜産学会報* **68**, 965-969.
- Newman S, Reverter A, Johnston DJ. 2002. Purebred-crossbred performance and genetic evaluation of postweaning growth and carcass traits in *Bos indicus* × *Bos taurus* crosses in Australia. *Journal of Animal Science* **80**, 1801-1808.
- 日本食肉格付協会. 2010. 牛枝肉格付結果. 日本食肉格付協会, 東京都; [2011年4月14日引用]. Available from URL: <http://www.jmga.or.jp/>
- Núñez-Dominguez R, Van Vleck LD, Boldman KG, Cundiff LV. 1993. Correlations for genetic expression for growth of calves of Hereford and Angus dams using a multivariate animal model. *Journal of Animal Science* **71**, 2330-2340.
- Osawa T, Kuchida K, Hidaka S, Kato T. 2008. Genetic parameters for image analysis traits of *M. longissimus thoracis* and *M. trapezius* of carcass cross section in Japanese Black steers. *Journal of Animal Science* **86**, 40-46.
- Pollak EJ, van der Werf JHJ, Quaas RL. 1984. Selection bias and multiple trait evaluation. *Journal of Dairy Science* **67**, 1590-1595.
- Robertson A. 1959. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. *Biometrics* **15**, 469-485.
- Schaeffer LR. 1984. Sire and cow evaluation under multiple trait models. *Journal of Dairy Science* **67**, 1567-1580.
- Sorensen DA, Johansson K. 1992. Estimation of direct and correlated responses to selection using univariate animal models. *Journal of Animal Science* **70**, 2038-2044.
- Sun C, Madsen P, Lund MS, Zhang Y, Nielsen US, Su G. 2010. Improvement in genetic evaluation of female fertility in dairy cattle using multiple-trait models including milk production traits. *Journal of Animal Science* **88**, 871-878.
- Wei M, van der Werf JHJ. 1995. Genetic correlation and heritabilities for purebred and crossbred performance in poultry egg production traits. *Journal of Animal Science* **73**, 2220-2226.
- Zumbach B, Misztal I, Tsuruta S, Holl J, Herring W, Long T. 2007. Genetic correlations between two strains of Durocs and crossbreds from differing production environment for slaughter traits. *Journal of Animal Science* **85**, 901-908.

Relationship between genetic abilities of Japanese Black sires predicted from Japanese Black and crossbred population

Yoshinobu NAKAHASHI¹, Yutaka MASUDA¹ and Keigo KUCHIDA¹

¹ Obihiro University of Agriculture and Veterinary Medicine, Obihiro 080-8555, Japan.

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

In Japan, crossbreds (F1) of Holstein cow sired by Japanese Black (JB) cattle have been an important source of beef products, occupying about 25% of the number of graded beef carcasses. However, to date, a unique genetic evaluation of F1 has not been conducted. Thus, dairy farmers have to depend on JB sires by breeding values predicted from JB data, but interactions could exist between sire and breed of dam. The objective of this study was to explore the need for a unique evaluation of F1 by investigating such interactions. These were evaluated as genetic correlation (r_g) using a 2-trait sire model which regarded the identical traits from each breed (JB and F1) as different. Six grading traits, such as beef marbling standard (BMS), were analyzed. A high r_g between JB and F1 was estimated for BMS (0.91). Subsequently, Spearman's correlation coefficient of the expected progeny difference (EPD) of JB sires predicted from JB and F1 population was calculated and showed a high value (0.96), indicating that there was a little interaction. With similar results for other traits, EPD predicted from JB data would be applicable for F1 production.

Nihon Chikusan Gakkaiho 83 (1), 21-28, 2012

Key words : crossbred, genetic evaluation, interaction, Japanese Black cattle.