

乳牛群における新規種雄牛遺伝子の伝達様相と分娩時年齢構成の影響

寺 脇 良 悟・河 原 孝 吉・岡 本 英 竜

Effects of age structure on spread of new sire's gene in dairy herd

Yoshinori TERAWAKI, Takayoshi KAWAHARA and Eiryu OKAMOTO

酪農学園大学紀要 別 刷 第 29 卷 第 2 号

Reprinted from

"Journal of Rakuno Gakuen University" Vol.29, No.2 (2005)

乳牛群における新規種雄牛遺伝子の伝達様相と分娩時年齢構成の影響

寺 脇 良 悟¹⁾・河 原 孝 吉²⁾・岡 本 英 竜³⁾

Effects of age structure on spread of new sire's gene in dairy herd

Yoshinori TERAWAKI¹⁾, Takayoshi KAWAHARA²⁾ and Eiryu OKAMOTO³⁾
(October 2004)

緒 言

酪農家が自己の牛群においてその経営戦略や飼養管理形態を大きく方向転換する場合、乳牛のさまざまな形質に関する能力に対してもその要求が変化する。酪農家は可能な限り速やかに現在飼養している乳牛（既存乳牛）を淘汰し、新たに要求される能力を備えた乳牛（新規乳牛）で自己の牛群を構成したいと望む。また、牛群構成の移行期間では、異なる方向に改良された乳牛が一つの集団に混在し、このことが飼養管理の煩雑さを招くことから、速やかな移行は望ましい。最も速やかに新規乳牛群に移行する手段は、一度にすべての既存乳牛を淘汰し、新規乳牛を導入する方法である。しかし、現状ではこのような手段を採用することはほとんど不可能である。さらに近年、更新用乳牛の育成費増大と関連して、平均産次数の減少が大きな問題になっており、生涯分娩回数を増やす方向への改善が望まれている。一般には、既存乳牛に行う人工授精に際して、新しい経営戦略や飼養管理形態で優れた能力を発揮すると予測されている種雄牛（新規種雄牛）精液を使用し、生産されるであろう次世代乳牛の能力に期待することになる。したがって、酪農家はこのような状況の中で、既存乳牛から新規乳牛への移行を可能な限り速やかに行うことのできる方法を考えなければならない。

gene flow 法 (Brascamp 1978; Hill 1974) は家畜集団の遺伝的改良量を選抜種畜の遺伝子が集団内に伝達される比率に基づいて予測する方法であり、集団内において対象遺伝子が拡散する様子を経時的

に描写することができる(清水 1988)。清水ら(1988)は gene flow 法を用いて肉用牛集団の育種計画を検討し、集団の年齢構成が改良量に大きく影響することを示唆した。選抜種畜を新規種雄牛に置き換えることにより、新規種雄牛の遺伝子が牛群内に伝達される様子が詳細に把握でき、さらには、牛群構成の移行速度に対する年齢構成の影響も明らかにできると考えられる。

本研究では、年齢構成が異なるいくつかの乳牛群を設定し、それらの牛群内で新規種雄牛の遺伝子が伝達される様子を gene flow を用いて観察することによって、乳牛群の遺伝的構成の移行に際して適切な年齢構成を検討した。

方 法

表 1 に本研究で設定した 6 種の分娩時年齢構成を示した。実牛群計画は現在の乳牛群の平均的な分娩時年齢構成(家畜改良事業団編 2003)をもつ牛群である。この計画では、分娩時平均年齢は約 3.9 歳であった。2 歳で 1 産次の分娩、3 歳で 2 産次の分娩をすると想定すると、平均生涯分娩回数は約 3.1 回になる。また、平均産次は 2.9 産 (=3.9 歳-1) と推測され、わが国のホルスタイン集団の統計値(家畜改良事業団編 2003)とほぼ一致する。新しい能力を備えた種雄牛(新規種雄牛)の遺伝子が牛群内に伝達される速度に対して分娩時平均年齢が及ぼす影響を検討するため、3 種の分娩時年齢構成を仮定した(4 歳計画、6 歳計画および 11 歳計画)。3 種の計画では、分娩時平均年齢の影響を明確にするため、各分娩時年齢での乳牛頭数の構成比は最も単純な

¹⁾ 酪農学園大学短期大学部酪農学科 家畜育種学研究室

Department of Dairy Science, Animal Breeding, Rakuno Gakuen University Dairy Science Institute, Ebetsu, Hokkaido, 069-8501, Japan

²⁾ 北海道ホルスタイン農業協同組合, 001-8555 札幌市北区

Hokkaido Holstein Agricultural Cooperation, Kita-ku, Sapporo, Hokkaido, 001-8555, Japan

³⁾ 酪農学園大学酪農学部酪農学科 農業微生物学研究室

Department of Dairy Science, Agricultural Microbiology, Rakuno Gakuen University, Ebetsu, Hokkaido, 069-8501, Japan

表 1 各計画の分娩時年齢構成比, 分娩時平均年齢および平均生涯分娩回数

分娩時年齢(歳)	実牛群計画	4歳計画	6歳計画	11歳計画	比例減少計画	模擬減少計画
2	0.320	0.340	0.200	0.100	0.238	0.308
3	0.200	0.330	0.200	0.100	0.210	0.194
4	0.170	0.330	0.200	0.100	0.181	0.167
5	0.120		0.200	0.100	0.152	0.119
6	0.080		0.200	0.100	0.124	0.082
7	0.050			0.100	0.095	0.053
8	0.030			0.100		0.035
9	0.020			0.100		0.025
10	0.010			0.100		0.017
11				0.100		
分娩時平均年齢(歳)	3.870	3.000	4.000	6.500	4.000	4.000
平均生涯分娩回数(回)	3.125	3.000	5.000	10.000	4.202	3.247

のとした。すなわち、加齢に伴う淘汰は発生せず、すべての乳牛はそれぞれの計画において4歳、6歳および11歳まで群に留まると仮定した。つぎに、牛群の年齢構成比が新規種雄牛遺伝子の伝達速度に及ぼす影響を観察するため、2種の計画を設定した。比例減少計画(表1)では、分娩時平均年齢を6歳計画と同じく4歳に設定し、乳牛個体数は加齢に伴って定率で減少する。模擬減少計画は、6歳計画ならびに比例減少計画と同様分娩時平均年齢を4歳に固定するが、乳牛個体の分娩時年齢構成を実牛群に模した計画である。

すべての雌牛は牛群内で生産され、育成期には淘汰はなく、すべての育成牛が少なくとも初産分娩をすると仮定した場合の各計画における牛群の年齢構成を表2に示した。

新規種雄牛の遺伝子が牛群内に伝達される様子はgene flow法を用いて観察した。ゼロ歳雌牛における初代新規種雄牛遺伝子の割合を用いて、新たに導入される遺伝子の牛群内での動作を各計画で観察し、分娩時平均年齢による差異を比較検討した。さ

らに、牛群全体における新規種雄牛遺伝子の累積発現量(清水ら1988)を経時的に観察した。これにより、新規種雄牛の継続的な導入と供用が行われた場合の牛群内における新規種雄牛遺伝子の占有率が予測できる。

なお、観察期間は新規種雄牛導入後50年間とした。また、同一新規種雄牛の供用期間は3年と仮定した。

結 果

最初に導入した新規種雄牛の遺伝子がゼロ歳雌牛に占める比率を図1に示した。すべての計画において、新規種雄牛導入後2年目まではまったく同様であった。実牛群計画、6歳計画および11歳計画では、3年目に比率が最も高く、それぞれ約0.170、0.168および0.167であった。4歳計画では、最も高い値は4年目の0.173であった。5年目にはすべての計画で比率は顕著に減少し、6年目には再び増加した。この6年目からの再増加現象は4歳計画と実牛群計画においては6年目だけの現象であり、その後は一

表 2 各計画の年齢構成比と平均年齢

年 齢 (歳)	実牛群計画	4歳計画	6歳計画	11歳計画	比例減少計画	模擬減少計画
0	0.190	0.167	0.125	0.084	0.160	0.189
1	0.190	0.167	0.125	0.084	0.160	0.189
2	0.190	0.167	0.125	0.084	0.160	0.189
3	0.120	0.167	0.125	0.084	0.130	0.119
4	0.100	0.166	0.125	0.083	0.110	0.102
5	0.070	0.166	0.125	0.083	0.090	0.073
6	0.050		0.125	0.083	0.070	0.050
7	0.030		0.125	0.083	0.060	0.032
8	0.020			0.083	0.060	0.021
9	0.020			0.083		0.014
10	0.010			0.083		0.011
11	0.010			0.083		0.011
平均年齢(歳)	2.740	2.496	3.500	5.484	3.080	2.746

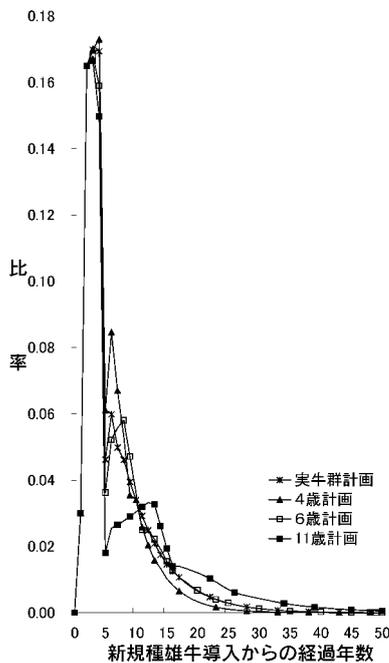


図1 最初に導入した新規種雄牛遺伝子のゼロ歳雌牛における比率

貫して減少した。他方、11歳計画では再増加現象が12年目まで観察された。また、6歳計画の再増加現象は8年目で終了した。その後、比率の減少は4歳計画で最も顕著であり、11歳計画で最も緩やかであった。

各計画で予測された累積発現量の経年変化を図2に示した。累積発現量の増加速度は4歳計画で最も高く、次いで実牛群計画、6歳計画、11歳計画の順であった。4歳計画の累積発現量は7年目で約0.52となり、集団の5割以上が新規種雄牛の遺伝子で占められると予測される。他方、最も累積発現量の増加が遅い11歳計画では、12年目でようやく5割を越えた(約0.51)。累積発現量の最も大きい差異は4歳計画と11歳計画の間で認められた(約 $0.37 = 0.76 - 0.39$)。4歳計画の累積発現量は48年目で1.0に達したが、その他の計画では50年目でも1.0に達しなかった。

分娩時平均年齢は等しいが、異なる年齢構成比をもつ3種の計画における新規種雄牛の累積発現量を図3に示した。導入直後に認められる累積発現量の増加は模擬減少計画で顕著であり、6歳計画で緩やかであった。累積発現量の各計画間での差異は導入後6年目で最も大きくなった。この時点での模擬減少計画と6歳計画との差異は約0.11であった。その後、累積発現量の各計画間の差異は縮小し、導入後10年目以降ではほとんど認められなくなった。

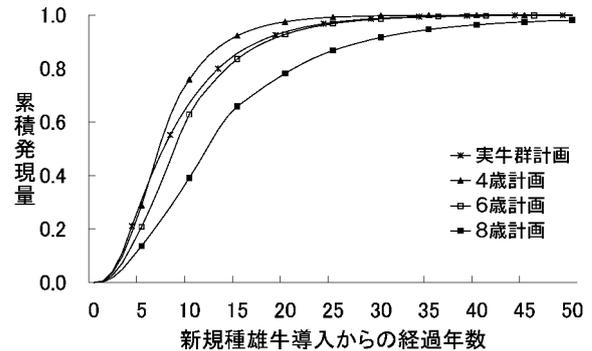


図2 分娩時平均年齢が異なる集団での新規種雄牛の累積発現量

考 察

育種計画の立案では、当該集団の年齢構成は選抜種畜の遺伝子が集団内で伝達される速度に大きく影響することが知られている(清水1988;清水ら1988)。酪農家の牛群では種雄牛を生産することはないが、雌牛への人工授精と更新用雌牛の生産を通して、新規種雄牛の遺伝子は牛群内に拡散し、他方、雌牛の淘汰によって消失する。これらの事実から、新規種雄牛の遺伝子が牛群内に伝達される速度に対する年齢構成の影響を把握することは大変重要であると考えられる。分娩時平均年齢を3.0歳から6.5歳まで変化させた本結果(図1)では、最も分娩時平均年齢を低く設定した計画(4歳計画)において、新規種雄牛の遺伝子がより速く牛群内に伝達されることが明らかとなり、育種計画に関するこれまでの報告(清水1988;清水ら1988)と一致した。さらに、4歳計画では、新規種雄牛の導入後6年目から認められた遺伝子比率の著しい再増加や早期に集団から当該種雄牛の遺伝子が消失するなど、年齢の低い個体で構成された集団で認められる特徴的な現象が明確に観察された(Terawakiら1996)。

累積発現量は、新規種雄牛の導入と供用を継続したときの、当該集団の全遺伝子に占める新規種雄牛遺伝子の比率を示している。累積発現量が1.0に達したとき、当該集団全体が新規種雄牛の遺伝子で占められたことになる。累積発現量の増加は牛群の分娩時平均年齢が低いと速く(4歳計画)、高いと遅い(11歳計画)明確な傾向が認められた(図2)。近年、乳牛の産次数が低下傾向にあり、その結果、更新用乳牛の育成費用の増加が懸念される。また、ホルスタイン乳牛は4年型から6年型の乳量が最も多く(家畜改良事業団2003)、このことから平均産次数

の増加が望まれる。一方、大きな遺伝的改良速度を実現したり、集団の遺伝的構成を速やかに移行するためには、低い年齢構成が望ましいことが本結果(図2)からも明らかである。実在の乳牛群を模した実牛群計画を基準にすると、11歳計画の累積発現量は非常に増加速度が遅く、ほとんどの乳牛が10産次近くまで群に留まる利点を考慮しても、集団の遺伝的構成を速やかに移行する計画としては適さないと考えられた。4歳計画は実牛群計画と比較して、累積発現量が高く推移することから、遺伝的構成を移行させる適切な方法であると考えられる。しかし、平均生涯分娩回数は実牛群計画より少なく(表1)、経営上好ましくない状況になると推測される。6歳計画の平均生涯分娩回数(5.0回)は実牛群計画より約2回多くなると予測される(表1)。両計画の累積発現量は、新規種雄牛の導入初期において若干実牛群計画が大きい、同様な傾向を示した。以上の結果から、6歳計画が最も採用可能な計画であると判断される。

6歳計画の妥当性が認められたが、初産分娩後まったく淘汰されず、すべての乳牛が6歳まで群に留まることは実際上あり得ない。そこで、分娩時平均年齢を6歳計画と同様4.0歳に固定し、分娩時年齢ごとに一定頭数が淘汰される計画(比例減少計画)と実在の牛群で観察される分娩時年齢に伴う頭数の減少を模した計画(模擬減少計画)を設定し、6歳計画とともに、累積発現量の経年変化を比較した(図3)。3種の計画において、累積発現量は同様な推移を示した。平均生涯分娩回数は比例減少計画で4.2回と予測され、6歳計画に比べ約1回少ないが、模擬減少計画より1回多く予測された。また、実牛群計画と比較しても約1回多かった。比例減少計画では、4歳以下で淘汰される乳牛の割合は約36%であ

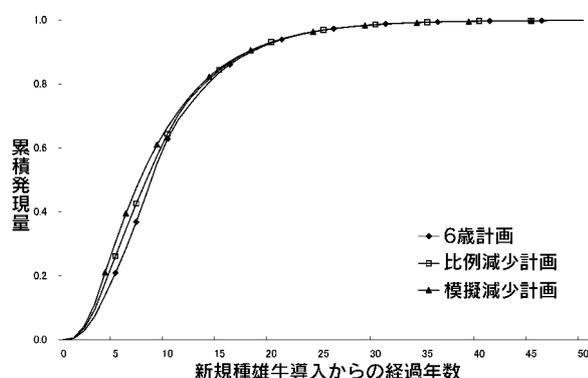


図3 年齢構成比が異なる集団での新規種雄牛の累積発現量

る。一方、模擬減少計画では、約61%の乳牛が4歳以下で淘汰されている。これらのことから、分娩時平均年齢が同様であっても、低年齢での淘汰を極力少なくすることによって、累積発現量を維持したまま、平均生涯分娩回数を高い水準にできることが示唆された。淘汰理由を産次ごとに調査した報告(伊丹2002)によると、乳用売却や低能力といった積極的な淘汰は初産後で10%から12%と比較的高い比率ではあったが、その後10%前後で推移している。他方、1産次から3産次で繁殖障害などの疾病により淘汰せざるを得なかった乳牛は55%から60%であった。遺伝情報に基づきの確な種雄牛を選定することで、低能力を理由に淘汰される乳牛を少なくすることができると考えられる。さらに、個々の乳牛に適した飼養管理を行うことにより、低産次での疾病による受動的な淘汰を最小限に食い止めることができれば、年齢構成比を比例減少計画に近づけることができる。以上の結果から、比例減少計画では、実在する平均的乳牛群より約1回平均生涯分娩回数が多くなり、かつ、遺伝子伝達速度と平均分娩時年齢を現状のまま維持し新規乳牛への移行が可能であると考えられた。

なお、本研究は、「2004年度酪農学園大学・酪農学園大学短期大学部共同研究の助成(採択No.13)」を受けたものである。

要 約

酪農家個々の牛群において、新規種雄牛の遺伝子が伝達される様相に対する年齢構成、特に分娩時平均年齢と平均生涯分娩回数の影響をgene flow法によって観察し、牛群の遺伝的構成を移行する際の適切な年齢構成を検討した。分娩時平均年齢が高い牛群では、遺伝子の伝達速度が遅く、その結果、予測された累積発現量も非常に小さかった。分娩時平均年齢の低い牛群の累積発現量は大きかったが、平均生涯分娩回数が少なくなった。実在する牛群の平均的な年齢構成から若齢時での淘汰を少なくした牛群では、平均生涯分娩回数が約1回増加し、累積発現量と平均分娩時年齢はほとんど同様であると予測された。

引用文献

- Brascamp EW. 1978. Methods on economic optimization of animal breeding plans. Report B-134 Res. Inst. Anim. Husb. "Schoonoord", Zeist, the Netherlands.
- Hill WG. 1974. Prediction and evaluation of

- response to selection with overlapping generations. *Anim. Prod.*, 18: 117-139.
- 伊丹真樹子. 2002. ホルスタイン乳牛における初産時産乳量および飼養形態と除籍理由および長命性との関係. 卒業論文. 酪農学園大学.
- 家畜改良事業団編. 2003. 乳用牛群能力検定成績のまとめ —平成14年度—. 社団法人家畜改良事業団. 東京.
- 清水弘. 1988. Discounted gene flow 法と肉用牛育種計画検討への応用. 日本畜産学会北海道支部会報, 30: 27-35.
- 清水弘・山内和律・上田純治. 1988. 分集団で構成される肉用牛集団における選抜効果の発現様相と種畜供用年数の影響. 日畜会報, 59: 905-915.
- Terawaki Y, Shimizu H, Fukui Y. 1996. Effect of breeding length on genetic improvement in Japanese Holstein population. *AJAS* 9: 363-370.

Summary

The spreads of new sires' genes in dairy herds were observed using the gene flow method. The effects of age structure, especially the average of the cows' ages at calving and the average number of times that the cows calved in their life, on the rates of the spreads were examined. In addition, the optimal age structure for carrying out a genetic changeover in a dairy herd was discussed. In a dairy herd with a younger average age at calving, a larger cumulative expression was estimated, but the cows had fewer calvings in their lives. It is expected that similar cumulative expressions, similar average ages at calving and one more chance to calve per cow were observed by decreasing the number of cullings of cows in their early life in comparison with a real standard dairy herd.