

黒毛和種における新たな改良形質に関する研究

研究期間：2013年～現在

研究背景・目的

研究背景

- 黒毛和種では霜降り（脂肪交雑）に重点を置いた改良が組織的に進められ、外国品種との差別化が図られた。
- その結果、脂肪交雑は十分な水準に到達したが、代償として品種が有していた**遺伝的多様性を減少**させることとなった。
- これからも消費者の支持を得るためには、**脂肪交雑以外の形質も向上させていくことが大切**で、改良対象の拡大は遺伝的多様性の維持にも貢献する。

目的

- 改良が望まれる形質のうち、本研究では**脂肪交雑の細やかさの程度（小ザシ）**と融点を低下させ**口溶けの良い脂肪を作り出すモノ不飽和脂肪酸（MUFA）割合**の遺伝的変異を推定し、改良対象としての有用性を検討する。
- MUFA割合に関しては、測定方法の異なる2種を比較する。

実験概要

- 本研究では兵庫県産の黒毛和種である但馬牛のデータを用いた。
- 小ザシは牛枝肉撮影装置と牛枝肉画像解析ソフトウェアで自動解析し、ロース芯1cm²当たりの細かな（0.01～0.5cm²）脂肪交雑粒子の数として評価した。
- MUFA割合は、**常法であるガスクロマトグラフィー法**と、**近赤外光を利用した食肉脂質測定装置**による簡易測定値の2種を比較した。
- データ分析のモデルには、出荷年、出荷月、性、枝肉市場、出荷月齢、近交係数、個体、肥育農家、残差を考慮した。
- 変異の大きさは、多形質アニマルモデルを適用したAI-REML法により推定した。

データの概要

形質	測定方法	測定数	平均±SD
小ザシ、個	画像解析	24,704	2.6 ± 0.5
MUFA割合、%	ガスクロ	2,952	59.2 ± 3.6
	近赤外	18,570	63.2 ± 3.1

結果と考察

- 小ザシおよびMUFA割合の遺伝率は、中程度から高め（0.395～0.524）で推定され、**改良に必要な遺伝的変異の存在**が確認できた。
- ガスクロと近赤のMUFA割合は、真値とその予測値に該当し、遺伝率の大きさもその関係を反映していた。
- ガスクロと近赤の**MUFA割合間の遺伝相関は高かった**（0.804）。

形質の**遺伝率**（対角）、**遺伝相関**（上三角）および表型相関（下三角）

形質	小ザシ	MUFA割合	
		ガスクロ	近赤
小ザシ	0.395	-0.062	-0.158
MUFA割合－ガスクロ	-0.145	0.542	0.804
MUFA割合－近赤	-0.090	0.467	0.450

結論

- 今回分析の対象とした3形質にはいずれも十分な遺伝的変異の存在が確認され、改良の対象となりうることが明らかとなった。
- MUFA割合では、2つの測定法間に高い遺伝的関連性が確認されたことから、迅速に多検体の測定が可能な**近赤外による簡便法を各地に展開**していくことで脂肪質の改良が期待される。

発表論文

1. Kohama N, Yoshida E, Masaki T, Iwamoto E, Fukushima M, Honda T, Oyama K. (2021) Estimation of genetic parameters for carcass grading traits, image analysis traits, and monounsaturated fatty acids in Japanese Black cattle from Hyogo Prefecture. *Animal Science Journal*, 92, e13664.
2. 小浜菜美子, 秋山敬孝, 福島護之, 本多 健, 大山憲二 (2021) 枝肉格付成績, モノ不飽和脂肪酸割合および小ザシの評価が兵庫県産黒毛和種の枝肉単価に及ぼす影響. *日本畜産学会報*, 92(4), pp. 511-517.

学会発表

1. 小浜菜美子, 秋山敬孝, 大山憲二 (2019) 兵庫県産黒毛和種の枝肉単価に対するモノ不飽和脂肪酸割合及び細かさ指数の影響. 日本畜産学会第126回大会
2. 福島護之, 小浜菜美子, 秋山敬孝, 吉田恵実, 坂瀬充洋, 加登岳史, 大山憲二 (2018) 遺伝的多様性確保に向けた新たな改良指標の設定. 第56回肉用牛研究会
3. 小浜菜美子, 小路怜子, 秋山敬孝, 坂瀬充洋, 岡 章生, 福島護之, 大山憲二 (2015) 但馬牛における胸最長筋, 背半棘筋及び僧帽筋の画像解析形質に関する遺伝的パラメータの推定. 日本畜産学会第119回大会
4. 小浜菜美子, 小路怜子, 秋山敬孝, 坂瀬充洋, 岡 章生, 福島護之, 大山憲二 (2013) 但馬牛における枝肉画像解析形質の遺伝的パラメータの推定. 日本畜産学会第117回大会

動物集団の遺伝的浮動の抑制に関する研究

研究期間：2020年～現在

研究背景・目的

- ✓ 動物の集団では、「ある時点」における集団の遺伝的構成（遺伝子頻度）をできるだけ変化させないように後の世代の集団を維持しなければいけない状況がある。
- ✓ たとえば、品種改良が行われている家畜集団で遺伝的構成の変化を抑制することは、「ある時点」まで行われてきた遺伝的改良によって増加した好ましい遺伝子の頻度を維持する、すなわち、改良された集団の遺伝的能力を維持することにつながる。
- ✓ また、生息域外保全の対象となっている捕獲野生動物集団において遺伝的構成の変化を抑制することは、「ある時点」で捕獲された集団が、その後、世代の経過とともに人工的な飼育環境へ適応し、野生への再導入が困難になってしまうことを防ぐための手段の一つとして考えられている。
- ✓ 本研究は、その「ある時点」の集団を構成する個体間の血縁情報を利用して、後の世代における遺伝的構成の変化を最小に抑えるための親の選抜方法（遺伝的管理法）を提案し、その効果をコンピュータ・シミュレーションによって検証することを目的とする。

実験概要

理論の構築・検討

EQ法：次世代を生産する際に、各親（世代*t*-1）が次世代（世代*t*）に残す子の数をできるだけ等しくそろえる（家系サイズの分散を最小化する）（既存の手法）

<理論的根拠>

$$N_e = \frac{4N - 2}{2 + \sigma_k^2}$$

MC法：次世代（世代*t*）を生産する際に、次世代の平均共祖係数が最小化されるように各親（世代*t*-1）が残す子の数を決定する（既存の手法）

<理論的根拠>

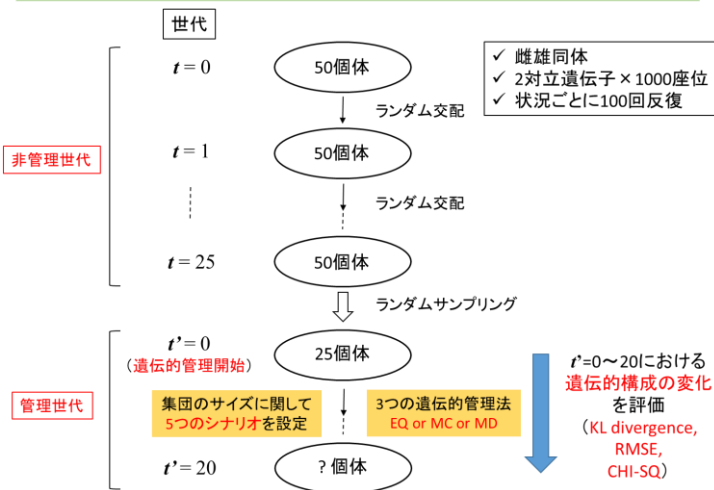
$$E[(q_c - q_f)^2] = \frac{2N_f}{2N_f - 1} \left(\bar{f}_c - \frac{1}{2N_f} \right) q_f(1 - q_f)$$

MD法：次世代（世代*t*）を生産する際に、次世代（世代*t*）と維持開始世代の間の最小遺伝距離が最小化されるように各親（世代*t*-1）が残す子の数を決定する（本研究の提案）

<理論的根拠>

$$E[(q'_c - q'_f)^2] = \frac{2N_0}{2N_0 - 1} d_m q'_0(1 - q'_0)$$

EQ法 vs MC法 vs MD法（コンピュータ・シミュレーションによる比較）



結果と考察

- ✓ MD法は、集団サイズが減少するとき、わずかであるがMC法よりも遺伝的構成を維持する
- ✓ MD法は、集団サイズが増加するとき、わずかであるがMC法よりも遺伝的多様性を維持する
→ **要調査**：遺伝子の初期頻度と変化量の共分散
- ✓ より現実的なシミュレーションによる調査が必要
 - ・ 雌雄異体
 - ・ 染色体
 - ・ 非管理世代における選択（選抜）
 - ・ 非管理世代における交配様式
 - ・ 血統情報
 - ・ 集団サイズの変動パターン

発表論文

1. 本多健・太山憲二・佐藤正寛 (2021) 豚系統の維持集団における遺伝的構成の変化を定量するための新しい指標. 日本養豚学会誌58(3):125-133.
2. Takeshi Honda, Kenji Oyama (2023) A novel genetic management procedure for preserving the genetic composition of captive founders. Zoo Biol, submitted.

学会発表

1. 本多健・太山憲二 (2022) 捕獲した野生動物集団の遺伝的構成を維持するための新しい遺伝的管理法. 日本生態学会第69回全国大会講演要旨

共同研究先

東北大学