

ホルスタイン種における在群期間と泌乳・体型形質間の遺伝 相関の年代的な変化

誌名	日本畜産學會報 = The Japanese journal of zootechnical science
ISSN	1346907X
著者	萩谷, 功一 大澤, 剛史 増田, 豊 鈴木, 三義 山崎, 武志 長嶺, 慶隆 富樫, 研治
巻/号	83巻1号
掲載ページ	p. 9-19
発行年月	2012年2月

ホルスタイン種における在群期間と泌乳・ 体型形質間の遺伝相関の年代的な変化

萩谷功一¹・大澤剛史²・増田 豊³・鈴木三義³・山崎武志¹・長嶺慶隆¹・富樫研治⁴

¹北海道農業研究センター, 札幌市豊平区 062-8555

²家畜改良センター, 福島県西郷村 961-8511

³帯広畜産大学, 帯広市 080-8555

⁴家畜改良事業団, 東京都江東区 135-0041

(2011. 6. 6 受付, 2011. 9. 26 受理)

要 約 在群期間と他の形質間の遺伝相関の経時的な変化について, 多形質線形モデル (MTLM) および多形質変量回帰モデル (MTRRM) を使用して調査した. データは, 1990 年から 2002 年までに生まれた 377,195 個体における初産次の泌乳, 体細胞スコア, 体型形質の記録および 772,158 個体の血縁記録である. 母数効果は, 牛群・年次, 分娩月, 分娩月齢 (泌乳), 牛群・審査員・審査日, 初産審査月齢, 泌乳ステージ (体型), 牛群・年次, 初産分娩月齢 (在群期間) を考慮した. 年代に対する遺伝分散の変化について, MTLM では雌牛の誕生年別にデータを 3 区分し, MTRRM では雌牛の誕生年に対する 3 次の Legendre 多項式を含めた. 遺伝相関はモデル間で近似した. 在群期間と泌乳形質間および在群期間と乳房の懸垂間の遺伝相関は 1990 年代に低下した. 在群期間と鋭角性間の遺伝相関は, 1990 年代の初期においてゼロに近似したが, 1990 年代後半に減少し, 2001 年に MTLM について -0.23 に達した. 在群期間と体細胞スコア間の遺伝相関は, 13 年にわたって一貫して負であった. 本分析の結果は, 在群期間評価に採用する遺伝的パラメータを定期的に更新する必要があることを示唆した.

日本畜産学会報 83 (1), 9-19, 2012

乳牛の長命性を表す形質のひとつである在群期間とは, 乳牛が誕生してから飼養者の判断によって淘汰されるまでの期間を意味する. 淘汰の理由は, 泌乳能力の低さ, 加齢による乳質や繁殖能力の低下, 疾病, 気質・搾乳速度等の管理上の問題等種々にわたる. これらには, 世代交代のための意識的な淘汰とそれ以外の不本意な淘汰が含まれるが, 後者について, 淘汰の原因を遺伝的あるいは環境的な面から取り除き, 在群期間を長期化させることが経済的な利益をもたらす (Weigel ら 1998).

一般的に, 在群期間は誕生から淘汰されるまでの日数または月数で表わされ, ある時点 (例えば, 誕生から 84 ヶ月) まで生存した個体について, その時点までの打ち切り記録である. 在群期間の記録をもつ個体はすでに淘汰された古い個体に限られるため, 一般的に, 選抜に利用できる若い個体の長命性に関する遺伝的能力は, 血縁情報に加え, 長命性と他の形質間の遺伝相関を利用して推定するか, または生存時間解析 (Ducrocq 1994) によって推定される (Van der Linde と de Jong 2003). VanRaden (2003) は, 生存時間解析が記録の打ち切りを

考慮できる点において優れているが, 線形モデルがそれを考慮できない一方, 少ない計算コストでアニマルモデルを採用できることを述べ, それぞれの優位性を指摘した.

日本国内の記録を使用した報告によると, 長命性に対して線形モデルを使用した分析により, 在群期間と泌乳形質間に正の遺伝相関が報告されている (河原ら 1996; 萩谷ら 2002; 藤田と鈴木 2006). 萩谷ら (2005) は, Weigel ら (1998) が選択した 8 形質 (胸の幅, 鋭角性, 尻の角度, 蹄の角度, 後乳房の高さ, 乳房の懸垂, 乳房の深さ, 前乳頭の配置) を使用し, 遺伝 (共) 分散を利用して多形質予測法による長命性の遺伝評価値を推定した. Terawaki ら (2006) は, 北海道内の記録に対して生存時間解析を応用し, 長命性の遺伝評価に適する数学モデルを報告した. 2006 年以降, 日本国内の種雄牛について在群期間の遺伝評価値が公表されているが, その時点において, 長命性に関して日本国内の記録を使用した分析結果の多くが線形モデルであったこと, 雌の育種価の利用が期待できることなどを勧告し, 在群期間の遺伝評価モ

連絡者: 萩谷功一 (fax : 011-859-2178, e-mail : hagiya@affrc.go.jp)

デルには、初産乳量、体型7形質（胸の幅、尻の角度、蹄の角度、後乳房の高さ、乳房の懸垂、乳房の深さ、前乳頭の配置）に在群期間を加えた合計9形質を含めた多形質線形アニマルモデルを採用している（家畜改良センター2010）。国内で凍結精液が販売される種雄牛は、生後1年前後に後代検定に参加し、娘牛の泌乳記録が得られるようになって初めて一般に供用される。その際、新たに後代検定成績が判明した種雄牛は50頭程度の娘牛をもつが、娘牛の多くが初産次あるいは2産次の泌乳期間中であり、その時点において在群期間に関する記録をもたない。それ故に、若い種雄牛の在群期間の遺伝評価値は、血縁および他の形質との遺伝共分散に依存する。在群期間に関する遺伝評価値をより正確に推定するためには、泌乳、体型形質の中から適切な形質の組み合わせを選択し、正確な遺伝（共）分散を利用して多形質アニマルモデルによる遺伝評価値を推定する必要がある。

これまでに、長命性と泌乳能力間には正の相関関係が存在することが知られており、長命性に対する泌乳能力の影響を補正し、不本意な淘汰を表した形質は機能的長命性と呼ばれ、長命性に関する研究に使用されている（Vollema 1998）。しかしながら、Tsurutaら（2004）は米国の記録において、泌乳、体の大きさ、乳器および長命性間の遺伝（共）分散および遺伝相関が経時的に変化することに注目し、泌乳形質と長命性間の遺伝相関が正からゼロへと変化したことを報告した。日本国内の在群期間評価に採用している遺伝および残差（共）分散は、長期間にわたって蓄積された過去の在群期間記録を使用して推定した値である。日本国内においても長命性と他の形質間の遺伝相関に、Tsurutaら（2004）が米国の記録について指摘したような経時的な変化が存在する可能性がある。

本研究の目的は、日本全国のホルスタイン種における在群期間と泌乳・体型各形質間の遺伝相関の経時的な変化について調査することである。

材料および方法

データは、1990年から2002年までに生まれた377,195個体において2010年までに記録された初産次の泌乳（乳量、乳脂量、乳タンパク質量）、体細胞スコアおよび体型16形質について欠測のない記録ならびに772,158個体からなるそれらの血縁記録である。誕生年および分娩年別の記録数を表1に示した。泌乳および体細胞スコアは、家畜改良事業団に集積された牛群検定記録を使用した。体型審査および血縁は日本ホルスタイン登録協会に集積された記録を使用した。体型審査記録は、50から99までの50区分で表示される得点3形質（肢蹄、乳器および決定得点）と測尺値によって1から9までの9段階に区分される線形13形質（高さ、胸の幅、体の深さ、鋭角性、尻の角度、後肢側望、蹄の角度、前乳房の付着、

Table 1 Number of records on year at birth or year at calving

Year	Number of records	
	Year at birth	Year at calvings
1990	195	
1991	13,643	
1992	23,651	
1993	27,203	6,540
1994	27,012	22,803
1995	33,087	27,578
1996	33,937	26,689
1997	35,408	31,478
1998	34,572	34,875
1999	36,065	35,120
2000	37,331	36,352
2001	38,736	35,651
2002	36,355	38,064
2003		39,299
2004		38,071
2005		4,675

後乳房の高さ、後乳房の幅、乳房の懸垂、乳房の深さおよび前乳頭の配置）である。線形形質について、1999年以前は50区分のスコアが使用されていたが、2000年以降、9区分に変更された。本分析では、1999年以前の記録について、萩谷ら（2000）の方法によってあらかじめ9区分に変換されたデータを使用した。

初産次の乳期に8以上の検定日記録をもつ個体について、Wilmink関数を応用した多形質予測法（萩谷ら2004）を使用して乳量、乳脂量および乳タンパク質量の泌乳曲線を推定した。それに基づいて分娩後305日間の生産量の合計を算出し、乳期を代表する記録とした。泌乳持続性は泌乳曲線の形状を表す新しい形質のひとつである（TogashiとLin 2006）。本研究では、家畜改良センター（2010）の定義を採用し、泌乳曲線における分娩後60日目と240日目の乳量差を泌乳持続性として分析に含めた。体細胞スコアは、検定日ごとに記録された体細胞数にもとづく指標であるが、一般的に検定日当たりのスコアとして表示されることから、初産次の乳期に8以上の検定日記録をもつ個体についてそれらを平均し、乳期を代表する記録とみなした。在群期間は、誕生から最後の検定記録までの月数で表し、最大84ヵ月までの打ち切り記録とした。

1. 2形質線形モデル（MTLM）

2形質線形モデル（以下、MTLMとする）による分析では、データを年代別に3つのサブセットに区分し、別々に分析した。

サブセット1：1995年以前に誕生した個体の記録
(124,791 記録, 血縁個体数 313,711),
サブセット2：1996年から2000年に誕生した個体の記録
(177,313 記録, 血縁個体数 460,857),
サブセット3：2001年から2002年に誕生した個体の記録
(75,091 記録, 血縁個体数 257,610).

分析に使用したMTLMは、藤田と鈴木(2006)のモデルを参考にし、在群期間について、

$$y_{ij} = HY_i + A_j + u_i + e_{ij},$$

乳量, 乳脂量, 乳タンパク質量, 体細胞スコア, 泌乳持続性について、

$$y_{ijkl} = HY_i + A_j + M_k + u_i + e_{ijkl},$$

体型各形質について、

$$y_{ijkl} = HCD_i + A_j + S_k + u_i + e_{ijkl},$$

とした。ここで、 $y_{ij(k)l}$ は在群期間、泌乳各形質、体細胞スコア、泌乳持続性または体型各形質に関する観測値、 HY_i は牛群・年次*i*に関する母数効果、 HCD_i は牛群・審査員・審査日*i*に関する母数効果、 A_j は初産分娩月齢グループ*j*(15区分)または初産審査月齢グループ*j*(体型各形質のみ、29区分)に関する母数効果、 M_k は分娩月*k*に関する母数効果、 S_k は泌乳ステージ*k*に関する母数効果、 u_i は個体*l*の育種価に関する変数効果、 $e_{ij(k)l}$ は残差に関する変数効果である。

2. 形質変数回帰モデル (MTRRM)

2形質変数回帰モデル(以下、MTRRMとする)は、全データを使用し、在群期間について、

$$y_{ij} = HY_i + A_j + \sum_{q=0}^3 u_{iq} Z_{iq} + e_{ij},$$

乳量, 乳脂量, 乳タンパク質量, 体細胞スコア, 泌乳持続性について、

$$y_{ijkl} = HY_i + A_j + M_k + \sum_{q=0}^3 u_{iq} Z_{iq} + e_{ijkl},$$

体型各形質について、

$$y_{ijkl} = HCD_i + A_j + S_k + \sum_{q=0}^3 u_{iq} Z_{iq} + e_{ijkl},$$

とした。ここで、観測値 $y_{ij(k)l}$ および各母数効果はMTLMと同様である。 $e_{ij(k)l}$ は、個体の*l*誕生年別(1992年以前、1993、1994、1995、1996、1997、1998、1999、2000、2001年以降)に区分した残差に関する変数効果である。 u_{iq} は個体*l*の*q*次の変数回帰係数、 Z_{iq} は $Z_{iq} = (Z_{i0t} \ Z_{i1t} \ Z_{i2t} \ Z_{i3t})'$ と表される個体*l*の1990年以降*t*年における*q*次のLegendre多項式の共変量である。分散共分散構造を次のように定義した。

$$\text{var} \begin{bmatrix} u \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G \otimes A_u & 0 \\ 0 & R \otimes I_n \end{bmatrix}$$

ここで、 G は相加的遺伝子効果に関する変数回帰係数のための 8×8 の分散共分散行列、 A_u は個体*u*に関する相加的血縁行列、 R は個体の誕生年別に区分した残差に関する分散共分散行列、 I_n は記録*n*に関する 2×2 の配置行列である。 \otimes は直積を表す。

3. 遺伝相関の推定

各分散成分は、在群期間を含む2形質ごとにGibbs Sampling法により推定した。計算には、GIBBS3F90プログラム(Misztalら2002)を使用し、50,000ラウンドをburn-inとした後の50,000ラウンドの解の事後平均を結果とした。在群期間に関する各分散推定値は、22組の2形質モデルからのすべての解の事後平均とした。ここで、 G を 8×8 (2形質 \times 4変数回帰係数)の遺伝(共)分散行列とする。在群期間と乳量を含む2形質モデルを仮定し、 G に関する事後平均を \hat{G} とすると、

$$\hat{G} = \begin{bmatrix} \hat{G}_{HL, HL} & \hat{G}_{HL, Milk} \\ \hat{G}_{Milk, HL} & \hat{G}_{Milk, Milk} \end{bmatrix}$$

と表現できる。 $\hat{G}_{HL, HL}$ と $\hat{G}_{Milk, Milk}$ は、それぞれ、在群期間と乳量に関する 4×4 の変数回帰係数の遺伝(共)分散行列であり、同様に $\hat{G}_{HL, Milk}$ と $\hat{G}_{Milk, HL}$ は 4×4 の遺伝共分散行列である。個体の誕生年に関する3次のLegendre多項式について、

$$z' = \begin{bmatrix} z'_{1990} \\ z'_{1991} \\ \vdots \\ z'_{2002} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & \phi_1(1990) & \phi_2(1990) & \phi_3(1990) \\ 1 & \phi_1(1991) & \phi_2(1991) & \phi_3(1991) \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ 1 & \phi_1(2002) & \phi_2(2002) & \phi_3(2002) \end{bmatrix}$$

と表現する。ここで、 ϕ_1 、 ϕ_2 および ϕ_3 は各誕生年に対するLegendre多項式の1から3次の係数である。両形質における個体の誕生年に関する遺伝(共)分散行列 \hat{G}^* は、

$$\hat{G}^* = \begin{bmatrix} z' \hat{G}_{HL, HL} z & z' \hat{G}_{HL, Milk} z \\ z' \hat{G}_{Milk, HL} z & z' \hat{G}_{Milk, Milk} z \end{bmatrix}$$

である。任意の誕生年*t*に関する両形質間の遺伝相関係数 r_g は、以下より得られる。

$$r_g = \frac{z_t' \hat{G}_{HL, Milk} z_t}{\sqrt{z_t' \hat{G}_{HL, HL} z_t} \sqrt{z_t' \hat{G}_{Milk, Milk} z_t}}$$

結 果

乳量, 乳脂量, 乳タンパク質量および泌乳持続性の観測値は、誕生年とともに一貫して増加した(図1)。体型の得点3形質は、平均値の変化が小さかった。線形形質の数値の変化は体型各部位の測尺値が変化したことを表すが、後乳房の高さおよび乳房の深さは、1998年以降に誕生した個体のスコアが高かった。

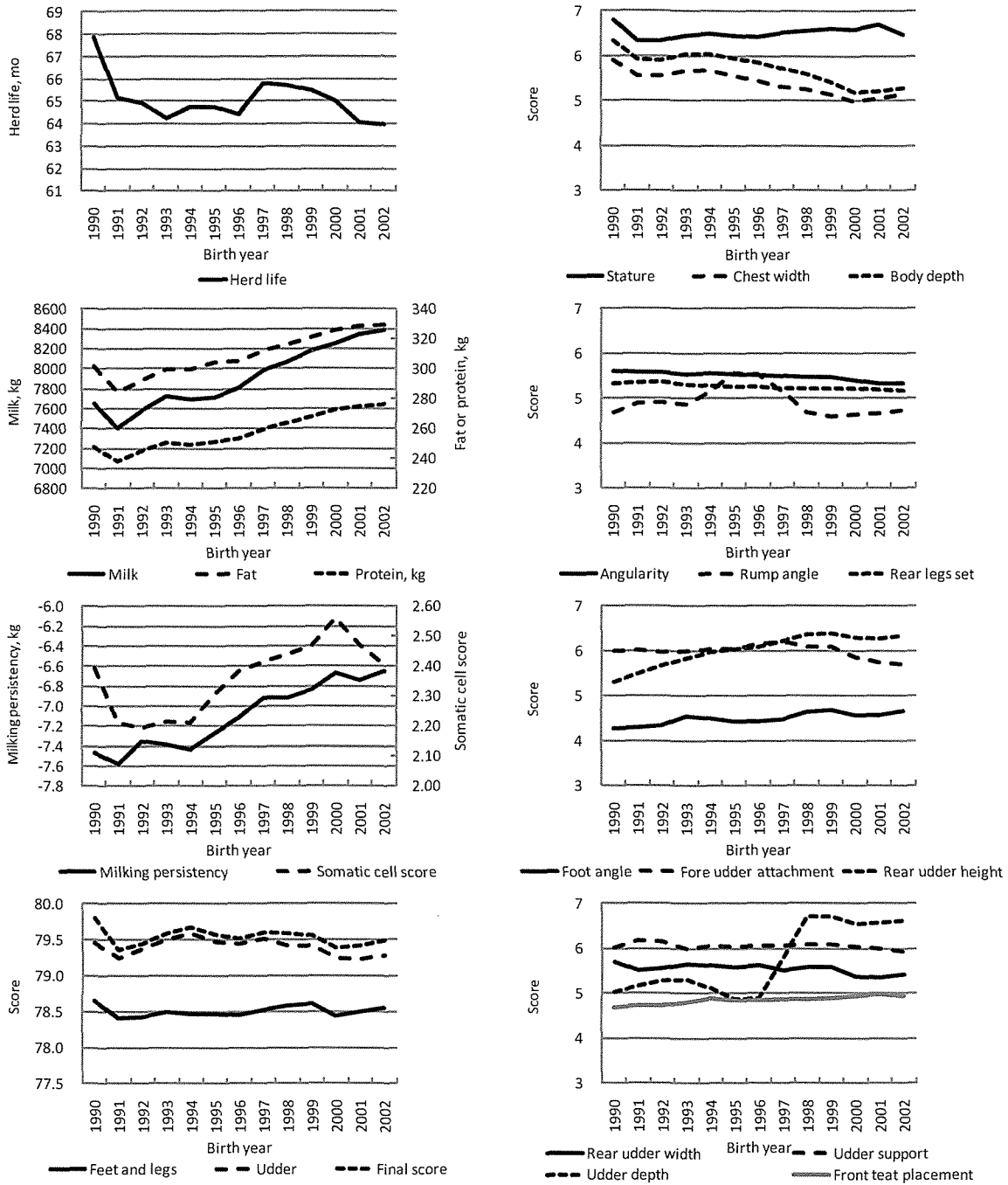


Figure 1 Means of herd life, milk, fat, protein, milking persistency, somatic cell score, feet and legs, udder, final score, stature, chest width, body depth, angularity, rump angle, rear legs set, foot angle, fore udder attachment, rear udder height, rear udder width, udder support, udder depth and front teat placement on cow's birth year.

MTLMによって推定された乳量、乳脂量、乳タンパク質量および泌乳持続性に関する遺伝および残差分散は、1995年以前との比較において1996年以降に誕生した個体に関して高かった(表2)。体型形質では、胸の幅、体の深さ、鋭角性、尻の角度、後肢側望、前乳房の付着、後乳房の幅および乳房の深さについて、泌乳形質と同様に1996年以降に誕生した個体について高い傾向が認め

られた。MTLMにおける各サブセットからの結果と比較するため、MTRRMについて、サブセット1の平均である1993年、同様にサブセット2の平均である1998年およびサブセット3において記録数の多い2001年に誕生した個体における推定値を表3に示した。MTRRMによる各分散の推定値は、MTLMによるそれらと同様の結果を示した。

遺伝相関の年代的な変化

Table 2 Posterior means and SD for variances and heritabilities estimated with a multiple trait model

Trait	Variances and heritability by year of birth								
	1990-1995			1996-2000			2001-2002		
	Additive Genetic	Residual	Heritability	Additive Genetic	Residual	Heritability	Additive Genetic	Residual	Heritability
Herd life	13.4 (1.6)	237.2 (1.6)	0.05 (0.01)	21.7 (1.9)	230.0 (1.6)	0.09 (0.01)	17.8 (1.9)	232.1 (1.9)	0.07 (0.01)
First lactation									
Milk	484380 (21753)	697320 (15173)	0.41 (0.02)	532630 (17145)	737580 (12098)	0.42 (0.01)	393770 (27660)	845500 (19799)	0.32 (0.02)
Fat	542.5 (24.4)	974.0 (17.4)	0.36 (0.01)	645.9 (24.4)	1034.5 (17.0)	0.38 (0.01)	469.6 (34.3)	1230.5 (25.0)	0.28 (0.02)
Protein	338.9 (16.8)	622.8 (11.9)	0.35 (0.02)	382.0 (14.3)	673.2 (10.1)	0.36 (0.01)	284.2 (20.8)	762.6 (15.1)	0.27 (0.02)
Milking persistency	0.71 (0.04)	4.70 (0.04)	0.13 (0.01)	0.85 (0.05)	5.01 (0.04)	0.14 (0.01)	0.57 (0.05)	5.69 (0.05)	0.09 (0.01)
Somatic cell score ¹	0.19 (0.01)	1.08 (0.01)	0.15 (0.01)	0.16 (0.01)	1.09 (0.01)	0.13 (0.01)	0.16 (0.02)	1.13 (0.01)	0.13 (0.01)
Feet and legs	0.28 (0.03)	2.66 (0.02)	0.09 (0.01)	0.34 (0.04)	2.91 (0.03)	0.10 (0.01)	0.33 (0.04)	3.11 (0.04)	0.10 (0.01)
Udder	0.24 (0.03)	2.25 (0.02)	0.10 (0.01)	0.47 (0.04)	2.77 (0.03)	0.14 (0.01)	0.62 (0.07)	3.25 (0.05)	0.16 (0.02)
Final score	0.25 (0.02)	1.32 (0.02)	0.16 (0.01)	0.40 (0.03)	1.52 (0.02)	0.21 (0.01)	0.45 (0.04)	1.73 (0.03)	0.21 (0.02)
Stature	0.63 (0.03)	0.90 (0.02)	0.41 (0.02)	0.77 (0.03)	0.89 (0.02)	0.46 (0.01)	0.67 (0.04)	0.87 (0.03)	0.44 (0.02)
Chest width	0.10 (0.01)	0.48 (0.01)	0.17 (0.01)	0.19 (0.01)	0.67 (0.01)	0.22 (0.01)	0.23 (0.02)	0.67 (0.01)	0.25 (0.02)
Body depth	0.15 (0.01)	0.50 (0.01)	0.23 (0.01)	0.28 (0.01)	0.62 (0.01)	0.31 (0.01)	0.30 (0.02)	0.65 (0.01)	0.31 (0.02)
Angularity	0.06 (0.01)	0.40 (0.00)	0.14 (0.01)	0.14 (0.01)	0.61 (0.01)	0.19 (0.01)	0.16 (0.01)	0.65 (0.01)	0.20 (0.01)
Rump angle	0.33 (0.02)	0.73 (0.01)	0.31 (0.02)	0.52 (0.02)	0.98 (0.01)	0.35 (0.01)	0.50 (0.04)	1.00 (0.03)	0.34 (0.02)
Rear legs set	0.15 (0.01)	0.84 (0.01)	0.15 (0.01)	0.17 (0.01)	0.94 (0.01)	0.15 (0.01)	0.17 (0.02)	0.88 (0.01)	0.16 (0.02)
Foot angle	0.06 (0.01)	0.89 (0.01)	0.06 (0.01)	0.06 (0.01)	0.91 (0.01)	0.07 (0.01)	0.06 (0.01)	0.77 (0.01)	0.07 (0.01)
Fore udder attachment	0.11 (0.01)	0.75 (0.01)	0.12 (0.01)	0.22 (0.01)	0.86 (0.01)	0.20 (0.01)	0.19 (0.02)	0.83 (0.01)	0.19 (0.02)
Rear udder height	0.16 (0.01)	0.76 (0.01)	0.18 (0.01)	0.22 (0.01)	0.80 (0.01)	0.21 (0.01)	0.21 (0.02)	0.69 (0.01)	0.23 (0.02)
Rear udder width	0.08 (0.01)	0.53 (0.01)	0.13 (0.01)	0.15 (0.01)	0.74 (0.01)	0.17 (0.01)	0.15 (0.01)	0.75 (0.01)	0.17 (0.02)
Udder support	0.16 (0.02)	0.94 (0.01)	0.15 (0.01)	0.24 (0.02)	1.00 (0.01)	0.19 (0.01)	0.21 (0.02)	0.93 (0.01)	0.18 (0.01)
Udder depth	0.18 (0.01)	0.47 (0.01)	0.27 (0.02)	0.42 (0.02)	0.65 (0.01)	0.40 (0.01)	0.54 (0.04)	0.73 (0.03)	0.42 (0.03)
Front teat placement	0.39 (0.02)	0.97 (0.02)	0.29 (0.02)	0.52 (0.02)	0.93 (0.02)	0.36 (0.01)	0.47 (0.03)	0.85 (0.02)	0.35 (0.02)

¹ Somatic Cell Score = $\log_2(\text{Somatic Cell Count}/100000) + 3.0$

MTLM および MTRRM から推定された在群期間と他の形質との遺伝相関および標準偏差を図 2a から図 2c に示した。在群期間と泌乳形質間について、乳量、乳脂量または乳タンパク質量との遺伝相関は、1990 年にいずれも 0.25 以上の正 (MTRRM) であったが、その後低下し、1990 年代半ば以降、ゼロ付近を推移した。在群期間と泌乳持続性間の遺伝相関は、近年において低いですが、本分析に含めた泌乳形質の中で唯一すべての年代において正で

あった。

在群期間と体細胞スコア間の遺伝相関は負、すなわち、体細胞スコアの遺伝評価値が低いほど在群期間が長いことを示しており、2001 年から 2002 年に誕生した個体に関する MTLM の推定値は -0.33 であった。

在群期間と体型の得点形質間について、肢蹄との遺伝相関は、MTLM において 0.10 から 0.32 の範囲、MTRRM において 0.15 から 0.41 の範囲で各年代を通じて正であっ

Table 3 Posterior means and SD for variances and heritabilities estimated with a multiple trait random regression model

Trait	Variances and heritability by year of birth								
	1993			1998			2001		
	Additive Genetic	Redidual	Heritability	Additive Genetic	Redidual	Heritability	Additive Genetic	Redidual	Heritability
Herd life	19.1 (2.0)	236.7 (3.1)	0.07 (0.01)	24.4 (1.7)	236.5 (2.4)	0.09 (0.01)	28.0 (1.8)	221.6 (1.6)	0.11 (0.01)
First lactation									
Milk	542821 (18189)	645800 (17156)	0.46 (0.01)	630218 (14441)	655404 (11953)	0.49 (0.01)	560879 (14841)	738147 (10750)	0.43 (0.01)
Fat	601.9 (25.1)	911.6 (22.6)	0.40 (0.02)	772.7 (19.3)	925.5 (15.8)	0.45 (0.01)	674.8 (22.6)	1098.6 (15.7)	0.38 (0.01)
Protein	359.4 (13.5)	590.7 (12.7)	0.38 (0.01)	436.7 (11.0)	608.6 (9.8)	0.42 (0.01)	372.9 (12.2)	716.8 (8.8)	0.34 (0.01)
Milking persistency	0.95 (0.06)	4.42 (0.07)	0.18 (0.01)	1.00 (0.06)	4.78 (0.06)	0.17 (0.01)	0.98 (0.06)	5.30 (0.05)	0.16 (0.01)
Somatic cell score ¹	0.22 (0.01)	1.03 (0.02)	0.18 (0.01)	0.19 (0.01)	1.07 (0.01)	0.15 (0.01)	0.22 (0.01)	1.08 (0.01)	0.17 (0.01)
Feet and legs	0.38 (0.02)	2.51 (0.03)	0.13 (0.01)	0.45 (0.03)	2.86 (0.03)	0.14 (0.01)	0.44 (0.04)	3.04 (0.03)	0.12 (0.01)
Udder	0.32 (0.02)	2.15 (0.03)	0.13 (0.01)	0.55 (0.04)	2.50 (0.03)	0.18 (0.01)	0.69 (0.05)	3.14 (0.04)	0.18 (0.01)
Final score	0.33 (0.02)	1.23 (0.02)	0.21 (0.01)	0.49 (0.02)	1.39 (0.02)	0.26 (0.01)	0.51 (0.03)	1.68 (0.02)	0.23 (0.01)
Stature	0.67 (0.02)	0.86 (0.02)	0.44 (0.01)	0.93 (0.02)	0.82 (0.02)	0.53 (0.01)	0.83 (0.03)	0.82 (0.02)	0.50 (0.01)
Chest width	0.12 (0.01)	0.35 (0.01)	0.25 (0.01)	0.26 (0.01)	0.62 (0.01)	0.29 (0.01)	0.26 (0.01)	0.66 (0.01)	0.28 (0.01)
Body depth	0.16 (0.01)	0.40 (0.01)	0.29 (0.01)	0.36 (0.01)	0.55 (0.01)	0.40 (0.01)	0.36 (0.02)	0.63 (0.01)	0.37 (0.01)
Angularity	0.07 (0.01)	0.33 (0.01)	0.18 (0.01)	0.20 (0.01)	0.55 (0.01)	0.26 (0.01)	0.20 (0.01)	0.64 (0.01)	0.24 (0.01)
Rump angle	0.37 (0.01)	0.51 (0.01)	0.42 (0.01)	0.66 (0.02)	0.94 (0.01)	0.41 (0.01)	0.63 (0.02)	0.94 (0.02)	0.40 (0.01)
Rear legs set	0.18 (0.01)	0.71 (0.01)	0.20 (0.01)	0.23 (0.01)	0.98 (0.01)	0.19 (0.01)	0.20 (0.01)	0.88 (0.01)	0.19 (0.01)
Foot angle	0.07 (0.01)	0.77 (0.01)	0.08 (0.01)	0.10 (0.01)	0.98 (0.01)	0.09 (0.01)	0.08 (0.01)	0.77 (0.01)	0.09 (0.01)
Fore udder attachment	0.19 (0.01)	0.62 (0.01)	0.23 (0.01)	0.27 (0.01)	0.82 (0.01)	0.24 (0.01)	0.23 (0.01)	0.69 (0.01)	0.25 (0.01)
Rear udder height	0.19 (0.01)	0.62 (0.01)	0.23 (0.01)	0.27 (0.01)	0.82 (0.01)	0.24 (0.01)	0.23 (0.01)	0.69 (0.01)	0.25 (0.01)
Rear udder width	0.09 (0.01)	0.39 (0.01)	0.19 (0.01)	0.22 (0.01)	0.70 (0.01)	0.24 (0.01)	0.21 (0.01)	0.73 (0.01)	0.22 (0.01)
Udder support	0.20 (0.01)	0.82 (0.01)	0.20 (0.01)	0.27 (0.01)	1.08 (0.01)	0.20 (0.01)	0.25 (0.01)	0.89 (0.01)	0.22 (0.01)
Udder depth	0.16 (0.01)	0.51 (0.01)	0.23 (0.01)	0.45 (0.01)	0.56 (0.01)	0.44 (0.01)	0.63 (0.02)	0.70 (0.01)	0.47 (0.01)
Front teat placement	0.44 (0.01)	0.78 (0.01)	0.36 (0.01)	0.63 (0.02)	0.89 (0.01)	0.42 (0.01)	0.51 (0.02)	0.85 (0.01)	0.37 (0.01)

¹ Somatic Cell Score = $\log_2(\text{Somatic Cell Count}/100000) + 3.0$

た。乳器との遺伝相関は、MTLMにおいて0.27から0.47の範囲、MTRRMにおいて0.23から0.49の範囲で低から中程度の正の遺伝相関が推定された。

在群期間と線形形質間について、胸の幅(LMで-0.37から-0.18, MTRRMで-0.25から-0.08)および体の深さ(LMで-0.28から-0.09, MTRRMで-0.33から-0.16)は一貫して負の遺伝相関を示した。在群期間と鋭角性間の遺伝相関は、1990年代の半ばまでゼロ付近を推

移したが、その後、MTLMで-0.23, MTRRMで-0.27まで低下した。尻の角度(MTLMで0.05から0.12, MTRRMで0.03から0.09)、後肢側望(MTLMで-0.04から0.04, MTRRMで-0.12から-0.01)および蹄の角度(MTLMで-0.20から-0.06, MTRRMで-0.17から-0.03)は、在群期間との間にいずれもゼロまたは、正または負の低い遺伝相関が推定された。在群期間との間に、後乳房の高さ(MTLMで0.13から0.22, MTRRMで0.13から0.29)は

遺伝相関の年代的な変化

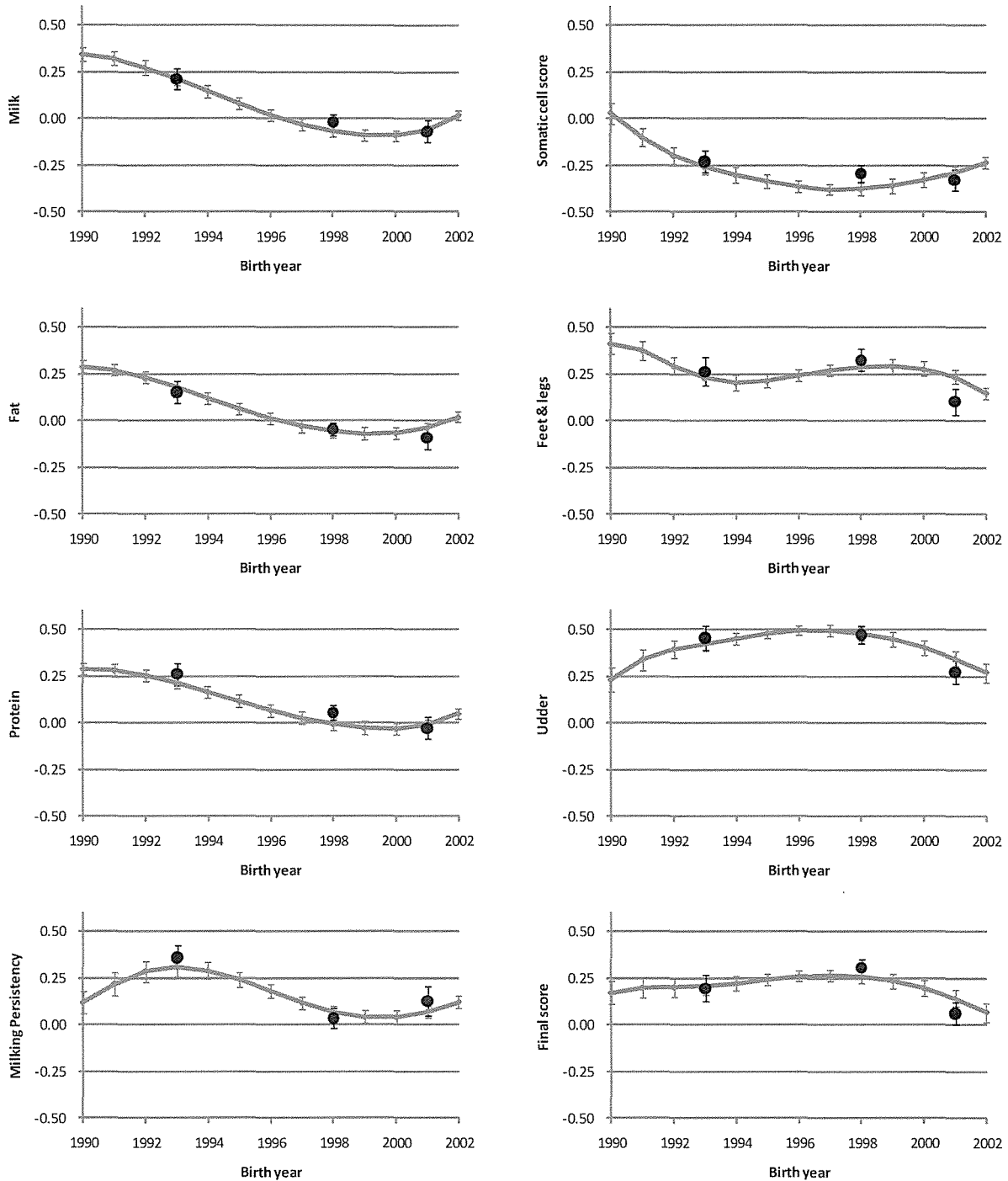


Figure 2a Genetic correlations and SD (with bars) of herd life with milk, fat, protein, milking persistency, somatic cell score, feet and legs, udder or final score using random regression model (—) and multiple trait model (●).

低い遺伝相関, 前乳房の付着 (MTLM で 0.28 から 0.37, MTRRM で 0.29 から 0.40), 乳房の深さ (MTLM で 0.35 から 0.36, MTRRM で 0.31 から 0.34) は, 低から中程度の遺伝相関が認められた。在群期間と乳房の懸垂間の遺伝相関は, MTLM で 0.14 から -0.06 の範囲, MTRRM で 0.21 から -0.01 の範囲で誕生年とともに低下した。在群期間と前乳頭の配置間の遺伝相関は, MTLM で 0.14 から

0.06 の範囲, MTRRM で 0.13 から 0.03 の範囲で一貫して正の低い推定値を示した。

考 察

MTLM および MTRRM から推定された遺伝率は, いずれも近似した。このことは, 泌乳および体型形質において MTLM と MTRRM の遺伝率推定値が年代別の変化を

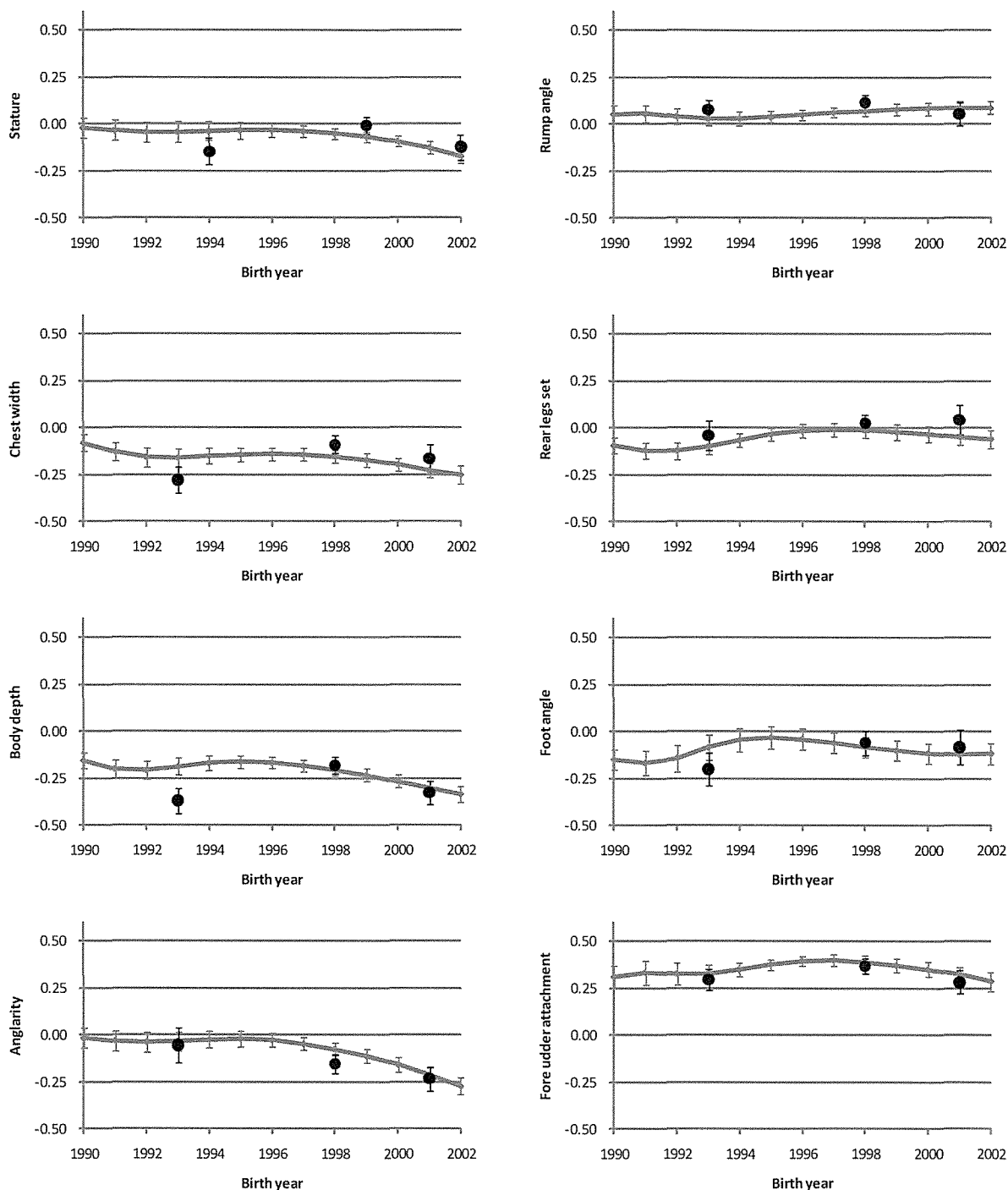


Figure 2b Genetic correlations and SD (with bars) of herd life with stature, chest width, body depth, anglarity, rump angle, rear legs set, foot angle or fore udder attachment using random regression model (—) and multiple trait model (●).

適切に説明することを指摘した Tsuruta ら (2004) の報告に一致した。本研究において、MTLM による分析は、年代別に異なる遺伝 (共) 分散を推定できる一方で、データを年代別のサブセットに区分したため、各分析において利用できる情報量が制限された。MTRRM は、すべての期間の記録を同時に利用することが可能であったが、

誕生年による遺伝 (共) 分散の変化を仮定し、変量回帰によって説明する必要があった。両モデルによる推定値が近似したことから、いずれも適切な推定値が得られたと推察される。しかし、誕生年に対する各分散の変化に関する変量回帰の応用は、連続的な推移が確認できない変化に対して多項式を当てはめるものであり、多項式が

遺伝相関の年代的な変化

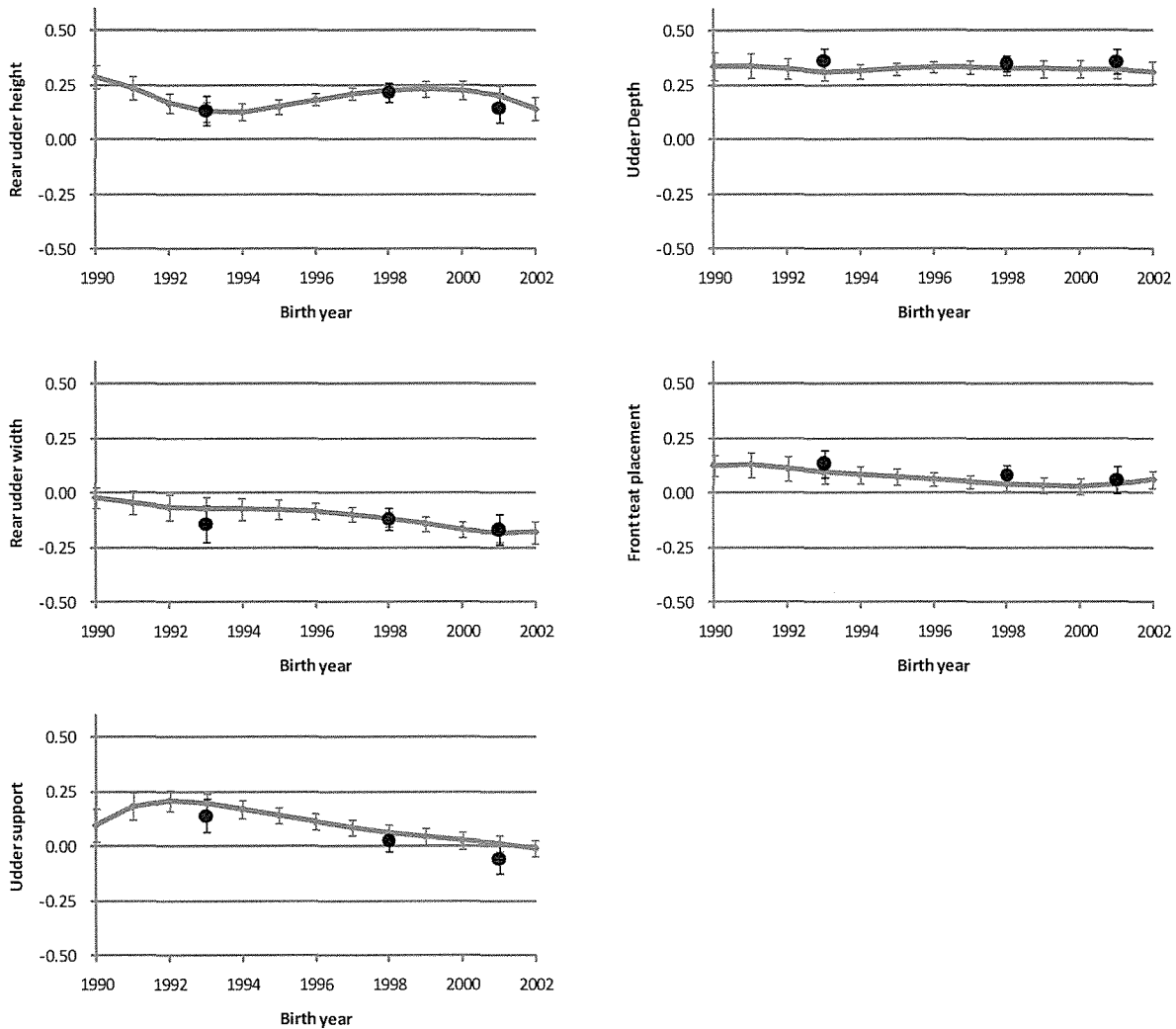


Figure 2c Genetic correlations and SD (with bars) of herd life with rear udder height, rear udder width, udder support, udder depth or front teat placement using random regression model (—) and multiple trait model (●).

それらの推移を適切に表現できない場合、適切とはいえない。したがって、本研究で対象とした誕生年別の遺伝(共)分散のように、連続性が確認できない変化に対するMTRRMの応用は、データ細分化に伴うMTLMの推定精度の低下を補完するための使用に留めることが適切である。また、対象とする期間が長い、あるいは各分散について複雑な変化が期待される場合、変量回帰に関する次数を増加させる必要がある。

1. 泌乳形質

在群期間と泌乳形質間の遺伝相関が誕生年とともに低下し、1990年代半ばからゼロに近似したことは、米国の記録について生産期間と泌乳形質間の遺伝相関が低下傾向にあることを指摘したTsurutaら(2004)の報告と一致した。

2. 体型形質

後肢または蹄に関する形質に注目すると、在群期間、肢蹄との間の遺伝相関が後肢側望および蹄の角度よ

り高く、この傾向は藤田と鈴木(2006)の報告と一致した。在群期間に関する遺伝評価には、肢蹄に関連する3形質のうち、蹄の角度のみが採用されている(家畜改良センター2010)。しかしながら、多形質モデルによる遺伝評価において、在群期間との遺伝相関がより高い肢蹄の方が在群期間評価値の信頼度に対する寄与が大きいことが期待される。このことから、今後、在群期間の遺伝評価において、肢蹄を含めることを検討する必要がある。

体の大きさに関する形質について、在群期間との間の遺伝相関は、すべての形質が負の遺伝相関を示したが、このことは、ホルスタイン種の長命性と体の大きさとの間に負の遺伝相関が存在することを指摘した過去の報告(ShortとLawlor 1992; 河原ら 1996; Hansenら 1999; 萩谷ら 2002; Tsurutaら 2004; 藤田と鈴木 2006)と一致した。

在群期間と鋭角性間の遺伝相関は、1990年代の半ば

までゼロに近似し、その後、MTLMで-0.23, MTRRMで-0.27まで低下した。日本国内の記録に対してアニマルモデルを応用した過去の分析によると、在群期間と鋭角性間の遺伝相関は、0.13(藤田と鈴木2006)および0.16(萩谷ら2002)の正の推定値が報告されている。彼らの推定値は、いずれも1975年から1990年代初頭に初産分娩した個体による分析結果であり、本研究がそれ以降に収集された記録を使用した分析結果であることから、在群期間と鋭角性間の遺伝相関が1980年代から2002年にかけて徐々に正から負へと変化したことが推察された。

在群期間と乳房に関連する形質間の遺伝相関は、前乳房の付着、後乳房の高さ、乳房の深さにおいて相対的に高い推定値が得られたが、これらの結果は、ShortとLawlor(1992)、河原ら(1996)、萩谷ら(2002)、藤田と鈴木(2006)の推定値と一致した。本研究における在群期間と乳房の懸垂との遺伝相関は、先の文献による0.21から0.32より低く、誕生年とともに低下した。

3. 在群期間の遺伝評価

Tsurutaら(2004)は、酪農家において淘汰を決定づける主要な要因が年代とともに変化したことを指摘した。本分析の結果から、日本においても彼らの報告と同様の変化が認められた。特に1990年代後半以降、在群期間と泌乳形質間の遺伝相関がゼロ程度まで低下したことから、淘汰の決定において、泌乳能力が主要な要因でなくなっている可能性または泌乳能力以外の要因の関与が拡大している可能性が示唆された。

在群期間の遺伝評価は、在群期間の他に乳量および体型について合計8形質を含めた9形質モデルを使用して実施している(家畜改良センター2010)が、本分析の結果は、9形質モデルに採用する遺伝的パラメータを定期的に更新する必要があることを示唆した。また、在群期間評価値の信頼性をより向上させるためには、在群期間評価に採用する形質についても遺伝相関の変化を踏まえ、最新の記録による分析において在群期間との遺伝共分散がより大きい形質を優先的に含めるなど、再度検討する必要がある。

謝 辞

本研究の実施にあたり、牛群検定記録をご提供頂いた社団法人家畜改良事業団ならびに体型審査記録と血縁記録をご提供頂いた社団法人日本ホルスタイン登録協会の諸氏に深謝の意を表す。

文 献

Ducrocq V. 1994. Statistical analysis of length of productive life for dairy cows of the Normande breed. *Journal of Dairy Science* **77**, 855-866.

- 藤田千賀子, 鈴木三義. 2006. 乳牛の在群期間の遺伝率ならびに産乳, 体型および繁殖形質との関連. *日本畜産学会報* **77**, 9-15.
- 萩谷功一, 安宅 倭, 河原孝吉, 後藤裕作, 鈴木三義, 白井達夫, 渡美 正. 2004. ホルスタイン雌牛の検定日記録から乳期生産量を予測する3種の方法の比較. *日本畜産学会報* **75**, 345-351.
- 萩谷功一, 安宅 倭, 白井達夫, 鈴木三義, 河原孝吉. 2005. わが国のホルスタイン種における在群性に関する遺伝的趨勢の予測. *日本畜産学会報* **76**, 159-165.
- 萩谷功一, 鈴木三義, 河原孝吉, Pereira JAC, 土門幸男, 鶴田彰吾, Misztal I. 2002. ホルスタイン集団における生涯産乳形質および初産形質における遺伝率と遺伝相関の推定. *日本畜産学会報* **73**, 1-8.
- 萩谷功一, 鈴木三義, ファン アントニオ ペレイラ, 河原孝吉. 2000. ホルスタイン種における線形形質スコアのクラス分けが遺伝的パラメータの推定に及ぼす影響. *北海道畜産学会報* **42**, 55-61.
- Hansen LB, Cole JB, Marx GD, Seykora AJ. 1999. Productive life and reasons for disposal of Holstein cows selected for large versus small body size. *Journal Dairy Science* **82**, 795-801.
- 家畜改良センター. 2010. 乳用牛評価報告 第30号. p. 14. 独立行政法人家畜改良センター, 福島県.
- 河原孝吉, 鈴木三義, 池内 豊. 1996. ホルスタイン雌牛集団における産乳と体型形質及び長命性の遺伝的パラメータ. *日本畜産学会報* **67**, 463-475.
- Misztal I, Tsuruta S, Strabel T. 2002. Auvray B, Druet T, Lee DH. BLUPF90 and related programs (BGF90). *Proceedings of 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France, CD-ROM Communication* **28**, 07.
- Short TH, Lawlor TJ. 1992. Genetic parameters of conformation traits, milk yield : herd life in Holsteins. *Journal Dairy Science* **75**, 1987-1998.
- Terawaki Y, Katsumi T, Ducrocq V. 2006. Development of survival model with piecewise Weibull baselines for the analysis of length of productive life of Holstein cows in Japan. *Journal Dairy Science* **89**, 4058-4065.
- Togashi K, Lin CY. 2006. Selection for milk production and persistency using eigenvectors of the random regression coefficient matrix. *Journal of Dairy Science* **89**, 4866-4873.
- Tsuruta S, Misztal I, Lawlor TJ. 2004. Genetic correlations among production, body size, udder, and productive life traits over time in Holsteins. *Journal of Dairy Science* **87**, 1457-1468.
- Van der Linde C, de Jong G. 2003. MACE for longevity traits. *Interbull Bulletin* **30**, 3-9.
- VanRaden PM. 2003. Longevity and fertility trait definitions compared in theory and simulation. *Interbull Bulletin* **30**, 43-46.
- Vollema AR. 1998. Longevity of dairy cows : A review of genetic variances and covariances with conformation. *Animal Breeding Abstract* **66**, 781-802.
- Weigel KA, Lawlor TJ Jr., VanRaden PM, Wiggans GR. 1998. Use of linear type and production data to supplement early predicted transmitting abilities for productive life. *Journal Dairy Science* **81**, 2040-2044.

Changes in genetic correlations between herd life and production/type traits over time of Holsteins in Japan

Koichi HAGIYA¹, Takefumi OSAWA², Yutaka MASUDA³, Mitsuyoshi SUZUKI³, Takeshi YAMAZAKI¹, Yoshitaka NAGAMINE¹ and Kenji TOGASHI⁴

¹ National Agricultural Research Center Hokkaido Region, Toyohira, Sapporo 062-8555, Japan

² National Livestock Breeding Center, Nishigo, Fukushima 961-8511, Japan

³ Obihiro University of Agriculture and Veterinary Medicine, Obihiro 080-8555, Japan

⁴ Livestock Improvement Association of Japan, Koto, Tokyo 135-0041, Japan

Corresponding : Koichi HAGIYA (fax : +81 (0) 11-859-2178, e-mail : hagiya@affrc.go.jp)

Genetic correlations between herd life and production/type traits over time were investigated using multiple trait models (MTLM) and multiple trait random regression models (MTRRM). Data of first lactation records (milk, fat, protein and milking persistency), somatic cell score and 16 type traits were collected from 377,195 cows born between 1990 and 2002 with their 772,158 pedigree records. Various fixed effects were considered for production traits (herd-year, calving month, calving age), type traits (herd-classifier-classified day, age at classification, lactation stage) and herd life (herd-year, calving age) in the statistical models. Random additive genetic and residual effects were included in the models for all traits. Three subsets of data based on cow's birth year (1990-1995, 1996-2000, 2001-2002) were used for MTLM. Third order Legendre polynomials were used for additive genetic effects in MTRRM. Genetic correlations between herd life and other traits were different in birth year but those estimates from MTLM and MTRRM were similar. For cows born in the 1990s, genetic correlations between herd life and production traits and between herd life and udder support gradually decreased over the years. Genetic correlations between herd life and angularity were close to zero in the early 1990s ; however, they decreased in the late 1990s and reached to -0.23 in 2001 for MTLM. Genetic correlations between herd life and somatic cell score were negative for 13 years. Results suggest that genetic parameters for herd life evaluation should be updated with recent data.

Nihon Chikusan Gakkaiho 83 (1), 9-19, 2012

Key words : genetic correlation, herd life, holstein cows, random regression model.