

研究紹介

黒毛和牛における BMS および
モモヌケの遺伝的パラメータの推定揖 斐 隆 之
(動物遺伝育種分野)Estimation of genetic parameters for beef
marbling score and marbling on top
round of Japanese Black

Takayuki Ibi

(Department of animal breeding and genetics)

Japanese Black cattle are the predominant beef breed in Japan. This breed has excellent meat quality, especially degree of (intramuscular) marbling. Degree of marbling was measured at the 6th to 7th rib section and according to the Beef Marbling Standard with scores 1 to 12 (so-called BMS), with number 12 being the best. BMS is used with business deal of beef carcass and has strongly effect on selling price of carcass. On the other hands, more degree of marbling on top round (MTR) is better carcass unit price in same BMS, because of good price of part of thigh. MTR has been focused in recent years. However, MTR is unclear how to evaluate, therefore, collection of records and genetic evaluations are not enough. In this study, records of MTR were collected and then, genetic parameters for BMS and MTR of Japanese Black were estimated. The original data were 11,052 carcass records collected from April in 2008 to June in 2009 at the Agura Farm. Only information from abattoirs having more than 20 records and feedlot farms having more than 10 records were used. This resulted in a total of 10,990 records. In this study, pedigree information was traced back to two generations. An animal model that included all relationships among all animals was used as a statistical model. The fixed effects included sex, farm, abattoir and the combination of slaughter year and month. Slaughter age was fitted as linear covariables. Genetic parameters were estimated using REMLF90 and THRGIBBS1F90 programs. The estimates of heritability were moderately high (0.37 to 0.44) for MTR treated as threshold traits. The estimates of phenotypic and genetic correlations between BMS and MTR were very high (0.87 and 0.98, respectively). These indicate that MTR can be improved genetically and improvement of MTR can treat BMS as indicator.

Key words : Marbling score, Marbling on top round, genetic parameter

緒 言

黒毛和種は日本を代表する肉専用牛であり、その脂肪交雑、きめ・締まりなど肉質が非常に優れている。なかでも脂肪交雑は世界最高とされており、貴重な遺伝資源として外国からも注目されている。脂肪交雑は Beef Marbling standard と呼ばれる基準となる模型を用いて判断される。判断は牛枝肉の第6～7肋骨間横断面のロース芯を中心に社団法人日本格付協会の格付員により行われている⁸⁾。このように判断された値は BMS No. と呼ばれ、1から12までの12段階ある。BMS No. は牛枝肉の取引に広く使われ、価格構成の重要な要因となっていることが示されている²⁾。しかし、現実には枝肉は部分肉へと解体され市場に流通するので、BMS だけではなく枝肉全体の脂肪の入り具合が重要視されている。特に、ウチモモは切断面が枝肉の背割りによって確認しやすく、モモ周囲の筋肉が枝肉の中で比較的多くの部分を占めているため重要視されている。ウチモモの脂肪交雑は、脂肪交雑がモモまで抜けているという意味合いから「モモヌケ」と呼ばれている。同じ枝肉等級でもモモヌケがあるほうがモモの部位も高く売れることから、枝肉単価は高くなることもあり、近年注目されている枝肉形質である。一般にモモヌケは BMS が高いと入りやすいといわれているが³⁾、同じ BMS の枝肉でもモモヌケのよい枝肉と悪い枝肉があることが知られている。実際、窪田ら⁴⁾が画像解析によってロース芯断面脂肪面積割合とウチモモ断面脂肪面積割合との相関係数を算出しているが、黒毛和牛で0.56といたったあまり高くない相関係数を報告した。これらから、BMS No. からではモモヌケの程度を正確には把握できず、モモヌケを独自に評価し育種改良する必要性が示唆される。また、窪田ら⁵⁾は黒毛和種のウチモモの画像解析形質に関する遺伝的パラメータの推定を行っている。そこで、ロース芯断面脂肪面積割合とウチモモ断面脂肪面積割合との表型相関および遺伝相関はそれぞれ0.70、0.79とやや高い値を示した。しかしながらその研究の評価に用いた頭数ははわずか440頭であり、モモヌケの評価方法が定まっていないこともあり、データの蓄積も組織だっで行われていない。そのため、十分な頭数を用いた遺伝的評価もなされていない。

そこで本研究ではモモヌケに関して評価基準を設けデータを蓄積した。さらに蓄積されたデータに基づき BMS およびモモヌケの遺伝的パラメータを推定し、BMS とモモヌケの遺伝的関連性やモモヌケの遺伝的改良の可能性を検討した。

材料および方法

(株)安愚楽牧場は、黒毛和種を専門で飼養しており、全

国各地に直営牧場および契約牧場を展開しており、これらの直営および契約牧場内で繁殖から肥育までの一貫生産体制を構築している。2009年度末現在で飼養頭数は約15万頭となり、繁殖頭数としても約6万頭を有し、黒毛和種全体の1割弱となる黒毛和種保有頭数で日本一となる牧場経営体である。安愚楽牧場では生産からと殺までの各種記録をデータベースによって管理しており、非常に豊富な記録が得られる。

そこで、安愚楽牧場から2008年4月から2009年6月までに出荷された11,052頭の肥育牛のBMSおよびモモヌケの記録を材料として用いた。BMSは社団法人日本食肉格付協会の格付員による評価とする。モモヌケの評価は(有)大正の1社が行い、モモヌケが有(3)、普通(2)、無(1)の3段階で評価をした。評価は基本的に1名で行っているため、評価に大きな偏りは無いとみなした。各評価の例の写真をFig. 1に示した。

モモヌケは不連続な分布を示し、枝肉重量など連続分布を示す形質とは異なる。これらの形質は、関与する要因の効果がある一定水準以上になった時に発現すると考えられていることから、「閾値形質 (threshold trait)」と呼ばれている。これらの閾値形質については、従来の連続分布する形質を対象とした分析法をそのまま適用することができないことから、統計遺伝学的解析が遅れている。このような閾値形質の統計遺伝解析の理論として最

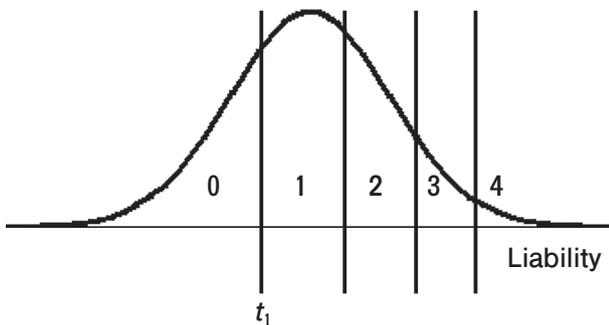


Fig. 2 The concept of liability

も広く用いられているのが、Wright⁹⁾によって提示されたライアビリティ (Liability) の概念に基づく理論である (Fig. 2)。このライアビリティを仮定した閾値形質の遺伝的パラメータ推定法としては、近年注目されている Gibbs sampling を用いたベイズ推定によるアプローチ^{1),7)}がある。

なお、Gibbs sampling を用いたベイズ推定では、従来の推定法と異なり、モデル内の未知パラメータごとに条件付事後密度関数と呼ばれる関数を設定してそれらを順に並べ、それらの関数からパラメータの推定値を直接サンプルすることを順番に何度も繰り返す。1度の反復計算は Gibbs サイクルと呼ばれ、サンプルされたパラメータの推定値は Gibbs サンプルと呼ばれる。Gibbs サイクルの初期においては、Gibbs サンプルの値は、与えられた初期値から定常状態に向かって進み、定常状態になるまでにある一定の区間を要する。この区間を burn-in と呼ぶ (Fig. 3)。定常状態に達した段階でその Gibbs サンプルの分布 (周辺事後分布と呼ばれる) を構築し、分布の頂点の値などから、最終的なパラメータの推定を行う。その際、連続したサイクルから得られたサンプルは、前回のサンプルに影響を受けるので、互いに影響を受けないサンプルを用いて周辺事後分布を構築する必要がある。そのため、ある程度、サイクル間隔をあけてサンプルを再抽出する必要がある。この間隔を spacing と呼ぶ (Fig. 3)。

比較検討のため BMS およびモモヌケは連続形質として取り扱う場合と不連続 (閾値) 形質として取り扱う場合を検討した。両者を連続形質として扱う場合は遺伝的パラメータの推定には Misztal ら⁸⁾が開発した REMLF90 プログラムを用いた。どちらかでも閾値形質として取り扱う場合は、遺伝的パラメータの分析には閾値形質の分析に適した Gibbs sampling を用いたベイズ推定を行う Misztal ら⁸⁾が開発した THRGIBBS1F90 プログラムを用いた。Gibbs sampling において合計で700,000サイクルを行いそのうち burn-in を200,000サイクル、spacing を500サイクルとし、1,000サンプルの平均値を推定値とした。

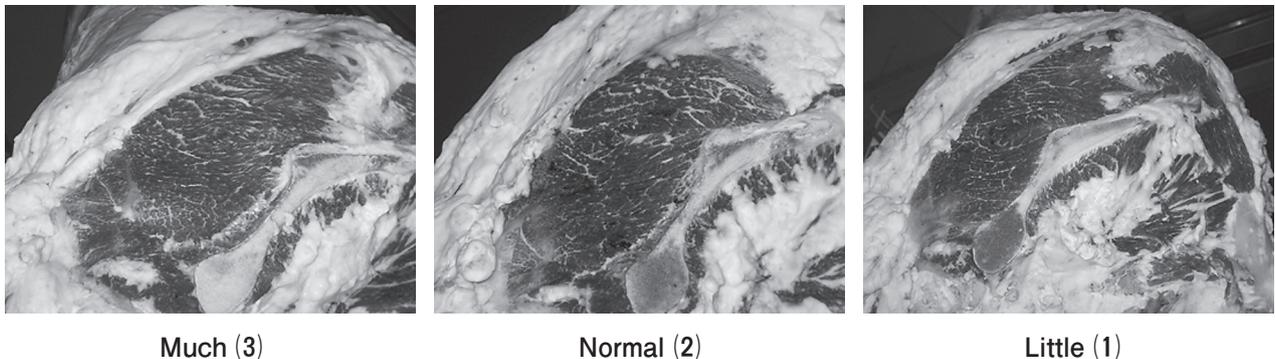


Fig. 1 Example of classification for marbling on top round

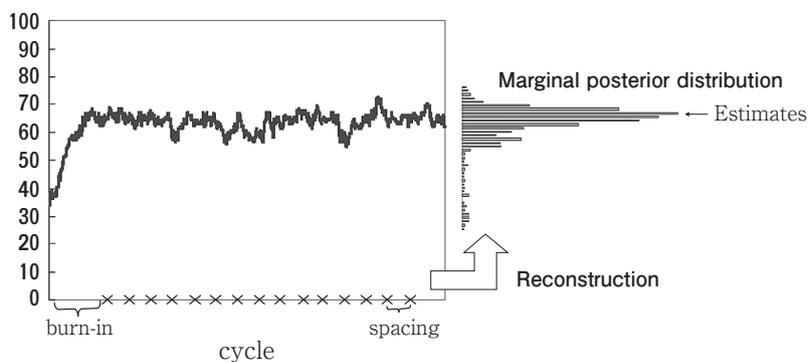


Fig. 3 Outline of Gibbs sampling

10頭以上出荷している農家および20頭以上出荷している屠場の枝肉記録を抽出し、最終的に10,990頭のBMSおよびモモヌケの記録を分析した。また、肥育牛から2世代さかのぼった血統情報を分析に用いた。分析の際、以下の数学モデルを用いた。

連続形質として取り扱った場合

$$Y_{ijklm} = \mu + SEX_i + YM_j + FARM_k + MARKET_l + b * AGE_{ijklm} + u_m + e_{ijklm}$$

閾値形質として取り扱った場合

$$U_{ijklm} = \mu + SEX_i + YM_j + FARM_k + MARKET_l + b * AGE_{ijklm} + u_m + e_{ijklm}$$

$$Y_{ijklm} = 1 (U_{ijklm} \leq t_1), \dots, Y_{ijklm} = n (t_{n-1} < U_{ijklm} \leq t_n)$$

ここで、 Y_{ijklm} は表現型値、 μ は全平均、 SEX_i は性の効果、 YM_j は出荷年月の効果、 $FARM_k$ は農家の効果、 $MARKET_l$ は枝肉市場の効果、 b は終了時日齢への回帰係数、 AGE_{ijklm} は終了時日齢、 u_m は個体の育種値、 e_{ijklm} は残差偏差、 U_{ijklm} はライアビリティおよび t_n (BMSの場合、 $n = 1, \dots, 12$ 、モモヌケの場合、 $n = 1, \dots, 3$) は閾値とした。 u_m は平均0分散 $A\sigma_u^2$ 、 e_{ijklm} は平均0分散 $I\sigma_e^2$ の多変量正規分布に従うと仮定される。 σ_u^2 および σ_e^2 は、それぞれ遺伝分散および残差分散であり、 I および A は、それぞれ単位行列および個体間の分子血縁係数行列である。遺伝率 h^2 は、 $\sigma_u^2 / (\sigma_u^2 + \sigma_e^2)$ として定義される。

結果および考察

分析に用いた枝肉記録のモモヌケに関する度数分布を Table 1 に BMS および終了時日齢の基本統計量を Table 2 にそれぞれ示した。モモヌケは約9割が「無(1)」と判定され、「有(3)」と判定されたものは0.1%に満たない結果となった。本研究の目的からすれば、もう少し「有(3)」と判定される割合が多いほうが望ましい。しかしながら今回、モモヌケの評価を行った(有)大正は主に枝肉価格がミドルレンジの枝肉を扱う卸業者であるため、「有(3)」と判定される割合が低く、またBMSの平均値がやや低めとなったと推察される。

Table 1 Frequency of marbling on top round (MTR)

MTR	Frequency
1	9,707
2	1,273
3	10
Total	10,990

Table 2 Basic statistics of slaughter age and BMS

	Mean	S.D.	Min	Max	Records
Slaughter age	939.1	45.31	626	1,134	10,990
BMS	4.21	1.80	1	12	10,990

Table 3 Genetic parameters of BMS and marbling on top round (MTR)

	σ_a^2	σ_e^2	h^2	r_g	r_p
BMS (con)	1.205	1.431	0.46		
MTR (con)	0.022	0.083	0.21	0.88	0.58
BMS (thr)	1.275	1.383	0.48		
MTR (thr)	0.102	0.170	0.37	0.97	0.78
BMS (thr)	0.302	0.248	0.55		
MTR (thr)	0.194	0.244	0.44	0.98	0.87

con; continuous trait model, thr; threshold trait model, σ_a^2 ; additive genetic variance, σ_e^2 ; residual variance, h^2 ; heritability, r_g ; genetic correlation, r_p ; phenotypic correlation

BMS およびモモヌケの遺伝的パラメータを Table 3 に、BMS およびモモヌケを閾値形質とした場合の遺伝率に関する周辺事後分布を Fig. 4 に示した。BMS の遺伝率に関する周辺事後分布はほぼ左右対称になっており、またモモヌケの遺伝率に関する周辺事後分布も多少左にずれているが比較的正規分布に近い分布であり、Gibbs sampling 法による推定に問題が無いことが示された。

BMS を連続形質として取り扱った場合の遺伝率は

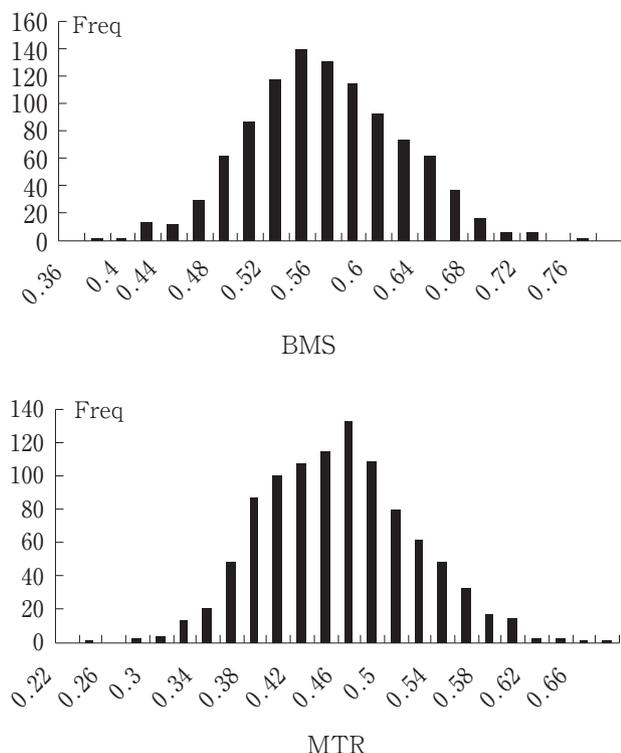


Fig 4 The constructed marginal posterior distributions for the heritability of BMS and marbling on top round (MTR) in threshold trait model.

0.46-0.48となり、これまでの研究^{2),3)}と一致した。モモヌケの遺伝率は連続形質として扱った場合は0.21とやや低い中程度の値となった。BMS または/およびモモヌケを連続形質として扱った場合よりも閾値形質として扱った場合のほうが、遺伝率は高い値が推定された。閾値形質として扱った場合、形質の表現型値の背後にライアビリティと呼ばれる連続変数を想定するなど、形質の特性を十分に反映していると考えられる。そのことにより推定誤差も含まれる残差の部分が小さくなり、その結果として遺伝率の推定値が高くなったと考えられ、この場合のほうがより正確な推定値であると考えられる。

窪田ら⁵⁾はウチモモ脂肪面積割合の遺伝率は0.61と高い値を推定しているが、本研究ではモモヌケを閾値形質として扱った場合の遺伝率は0.37-0.44と中程度の値が推定された。その原因として、ウチモモ脂肪面積割合とモモヌケは必ずしも一致していないこと、前述のように今回用いたモモヌケのデータ構造に問題があることが考えられる。いずれにしても本研究においてもモモヌケも十分に遺伝的改良が可能であることが示された。

また、連続形質として扱った場合のBMSとモモヌケの表型相関は0.58となり、窪田ら⁴⁾が示した第6-7肋骨間ロース芯とウチモモの脂肪交雑に関する画像解析形質の相関係数と近い値となった。窪田ら⁵⁾はロース芯脂肪面積割合とウチモモ脂肪面積割合の表型および遺伝

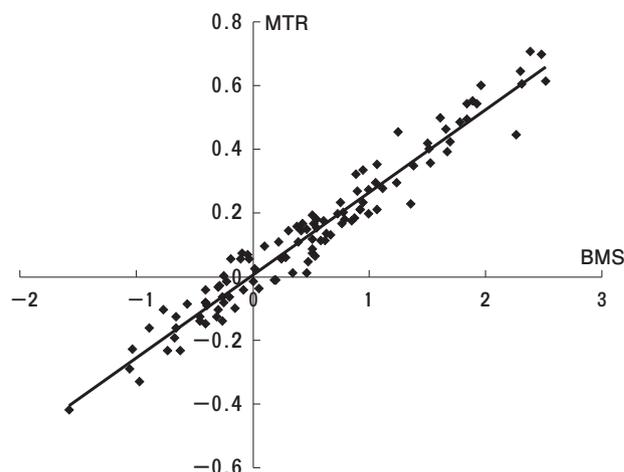


Fig 5 Plot of estimated breeding value of BMS and marbling on top round (MTR) in threshold trait model.

相関をそれぞれ0.70および0.79とやや高い値を推定した。本研究において閾値形質として扱った場合のBMSとモモヌケの表型および遺伝相関はそれぞれ0.87および0.98と窪田ら⁵⁾よりも高く、非常に高い値となった。また、窪田ら⁵⁾ではロース芯脂肪面積割合とウチモモ脂肪面積割合の遺伝相関は高かったものの種雄牛によって両者の育種価は異なる傾向があることが示されている。しかしながら、本研究では遺伝相関も非常に高く、両者の育種価も同じ傾向を示している (Fig. 5)。本研究はデータ数も十分大きいため、より正確に育種価が推定されているためだと考えられる。

以上の結果より、モモヌケは育種改良が可能な形質である。また、BMSとモモヌケの程度は必ずしも一致はしないが、遺伝的関連性は非常に高い。そのため、モモヌケを独自に評価する必要性は低く、BMSを指標としてモモヌケが育種改良できることが示唆された。

参考文献

- 1) Hoeschelle, I. and Tier, B. : Estimation of variance components of threshold characters by marginal posterior modes and means via Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.*, **27**, 519-540 (1995)
- 2) Ibi, T., A. K. Kahi, and H. Hirooka. : Effect of carcass price fluctuations on genetic and economic evaluation of carcass traits in Japanese Black cattle. *J. Anim. Sci.* **84**, 3204-3211 (2006)
- 3) Ibi, T., H. Hirooka, A. K. Kahi, Y. Sasae and Y. Sasaki. : Genotype X environment interaction effects on carcass traits in Japanese Black cattle. *J. Anim. Sci.* **83**, 1503-1510 (2005)
- 4) 窪田友美・小林郁美・村澤七月・中橋良信・浜崎陽子・阿部隼人・口田圭吾 : 画像解析による牛ウチモモの脂肪交雑評価法の検討. *肉用牛研究会報*, **87**, 52-57 (2009)
- 5) 窪田友美・村澤七月・中橋良信・浜崎陽子・阿部隼人・口田圭吾 : 黒毛和種ウチモモの画像解析形質に関する遺伝的パラメータの推定. *肉用牛研究会報*, **88**, 11-16 (2010)

- 6) Misztal, I., S. Tsuruta, T. Strabel, B. Auvray, T. Druet, and D. H. Lee. : BLUPF90 and related programs (BGF90). Proceeding 7th World Congress Genetic Applied Livestock. Production, Communication No. 28-07 (2002)
- 7) Sorensen, D. A., Anderson, S., Gianola D. and Korsgaard, I. : Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. Genet. Sel. Evol., **27**, 229-249 (1995)
- 8) ㈠日本食肉格付協会：牛・豚・枝肉・部分肉取引規格解説書. ㈠日本食肉格付協会. 東京, pp 6-29 (1988)
- 9) Wright, S. : An analysis of variability in number of digits in an inbred strain of guinea pigs. Genetics, **19**, 506-536 (1934)