

# 畜産技術の課題と展望

～ 30周年を迎えたJRA畜産振興事業 ～

令和3年11月

公益財団法人

全国競馬・畜産振興会



# 畜産技術の課題と展望

## ～30周年を迎えたJRA畜産振興事業～

### 目次

御挨拶	公益財団法人 全国競馬・畜産振興会 会長 小西 敏之 …	3
<b>1 畜産ゲノム研究</b>		
～30周年記念講演「畜産ゲノム研究の過去から未来へ」に寄せて～		
(1) 「畜産ゲノムの研究と遺伝病の克服」		
～和牛ゲノムデータベースによる遺伝的 不良形質の原因変異の迅速な解明～ …	国立大学法人 琉球大学 農学部亜熱帯農林環境科学科 准教授 佐々木 慎二 国立大学法人 東京大学 大学院新領域創成科学研究科 教授 鈴木 穰	4
(2) ウシゲノム研究の歩みと今後の展望 ……	公益社団法人 畜産技術協会附属動物遺伝研究所 元所長 杉本 喜憲	14
(3) 牛ゲノミック評価の生産現場での活用による生産の合理化 ……	一般社団法人 家畜改良事業団 専務理事 松尾 昌一	36
(4) 「我が国の畜産業の将来に向けた家畜育種の課題と展望」 ……	国立大学法人 東北大学 大学院農学研究科 動物遺伝育種学分野 准教授 上本 吉伸	44
～持続可能な畜産を目指したゲノム育種～		
<b>2 家畜改良</b>		
(1) 和牛改良の過去から未来へ 公益社団法人 全国和牛登録協会 専務理事 穴田 勝人 ……		52
(2) 「乳牛改良30年の歩みと将来への取り組み」 ……		64
～後代検定とNTPから始まった乳牛改良、そしてゲノミック選抜に期待すること～	一般社団法人 日本ホルスタイン登録協会 北海道支局登録部改良課 審査役 河原 孝吉	
(3) 豚改良の過去から未来へ ……	国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構 生物機能利用研究部門 生物素材開発研究領域 領域長 美川 智	74
<b>3 家畜の防疫衛生の取組みのこれまでとこれから</b> ……	公益社団法人 中央畜産会 衛生指導部 参与 小倉 弘明	84
<b>4 AI、IoT等を活用した畜産新技術のこれまでとこれから</b> ……	学校法人 東京理科大学 理工学部 経営工学科 教授 大和田 勇人	94
<b>5 「飼料生産利用における課題と対応」</b> ……		100
～多様な環境リスクに対応したライグラス品種育成～	一般社団法人 日本草地畜産種子協会 常務理事 元村 聡	
<b>6 畜産環境保全技術における課題と対応</b> ……	一般財団法人 畜産環境整備機構 畜産環境技術研究所 研究統括監 道宗 直昭 一般財団法人 畜産環境整備機構 顧問 羽賀 清典	106
<b>7 馬に関する畜産技術</b>	公益財団法人 全国競馬・畜産振興会 事務局 …	114



# 御 挨拶

弊会は、令和3年10月22日をもちまして、創立30周年を迎えることができました。30年間に亘り、業務を遂行できたことは、日本中央競馬会（JRA）を筆頭に農林水産省、畜産関係団体、関係機関、畜産獣医系大学等の皆様の御指導、御協力の賜物であり、心より感謝申し上げます。

JRAの畜産振興事業は、日本中央競馬会法第19条第4項の規定に基づき、国の畜産振興施策を補完し、総合的な観点から畜産振興が図られるよう、民間の事業主体による畜産の振興に資するための事業に対して、平成3年から助成を行っています。弊会は、JRAが各年度に公募・採択した事業が適正かつ円滑に実施され、事業の効果が上がるように、採択から終了まで継続的にヒアリングや事業監査等を通じて、助言や指導を行っています。

近年では、畜産現場で活用される実用化技術も多くなってきており、まさしくJRA畜産振興事業が目指している技術の実証事業という取り組みが実を結びつつあります。

なかでも、家畜の経済形質（たとえばウシの増体性や脂肪交雑、ブタの椎骨数等）、黒毛和種の遺伝病に関連する遺伝子の探索や位置の特定、DNA解析を活用した育種改良等に取り組むゲノム関連の研究事業については、事業発足当初から、今日に至るまで、様々な取り組みに助成を行って参りました。直接畜産には関係はありませんが、1991年にスタートし、2004年に終了したイネゲノムの完全解読にも、JRA事業が大きな貢献をしています。

このようなことから、これまで30年間の畜産技術面における取組と成果を紹介する記念行事として、創立30周年記念講演会「畜産ゲノム研究の過去から未来へ」を開催するとともに、記念講演会では取り上げることのできなかつた畜産技術分野も含めて、この「畜産技術の課題と展望」という冊子に取りまとめた次第です。ここに、御講演・御執筆頂きました関係団体、機関等の方々に、深く御礼申し上げます。

今後も、JRA畜産振興事業が、畜産分野における様々な困難を克服し、夢のある楽しく豊かな畜産への進歩と近づくように、広く活用されることを願っております。弊社としてできることは、その取り組みの御支援でしかありませんが、縁の下でお力になれるよう努力をしてみたいと思いますので、引き続き、御指導、御鞭撻をよろしくお願い申し上げます。

令和3年11月吉日

公益財団法人 全国競馬・畜産振興会

会長 小西 敏之

## (1) 「畜産ゲノムの研究と遺伝病の克服」 ～ 和牛ゲノムデータベースによる遺伝的不良形質の 原因変異の迅速な解明 ～

国立大学法人 琉球大学 農学部 亜熱帯農林環境科学科 准教授 佐々木 慎二  
国立大学法人 東京大学 大学院新領域創成科学研究科 教授 鈴木 穰

### はじめに

黒毛和種の育種改良は、遺伝的能力が高い種雄牛を選抜し、人工授精で交配することで着実に進んできた。現在、「ゲノム選抜」が黒毛和種でも実用化され、育種改良のさらなるスピードアップが期待されている。一方で、黒毛和種では枝肉成績の遺伝的能力に優れた「エリート種雄牛」に交配が偏る傾向にあることから、エリート種雄牛が劣性変異など有害変異を保因すると短期間に変異が集団に拡がることになる。これまでも黒毛和種で遺伝的不良形質、主に劣性遺伝病が発生し、農家や種雄牛の造成機関を苦しめてきた。今後、ゲノム選抜によって世代間隔の短縮が予想されることから新たな遺伝的不良形質の出現も危惧され、遺伝的不良形質を未然に防ぐ仕組みが求められている。このような背景から、種雄牛造成機関が中心となって、黒毛和種の持続的な生産と育種改良に向け、ゲノム選抜という車輪を回しつつ（図1、左の車輪）、もう一つの車輪である遺伝的不良形質の制御を補強するため（図1、右の車輪）、和牛ゲノムデータベースの構築が進められている。

本稿では、1) 取り組みに至った背景、2) 取り組みが可能になった技術的背景、3) 黒毛和種でゲノムデータベースが有効な理由、4) 和牛ゲノムデータベースの構築、5) 和牛ゲノムデータベースの活用方法とその具体事例、最後に、6) 和牛ゲノムデータの保護と利活用の両立について紹介する。

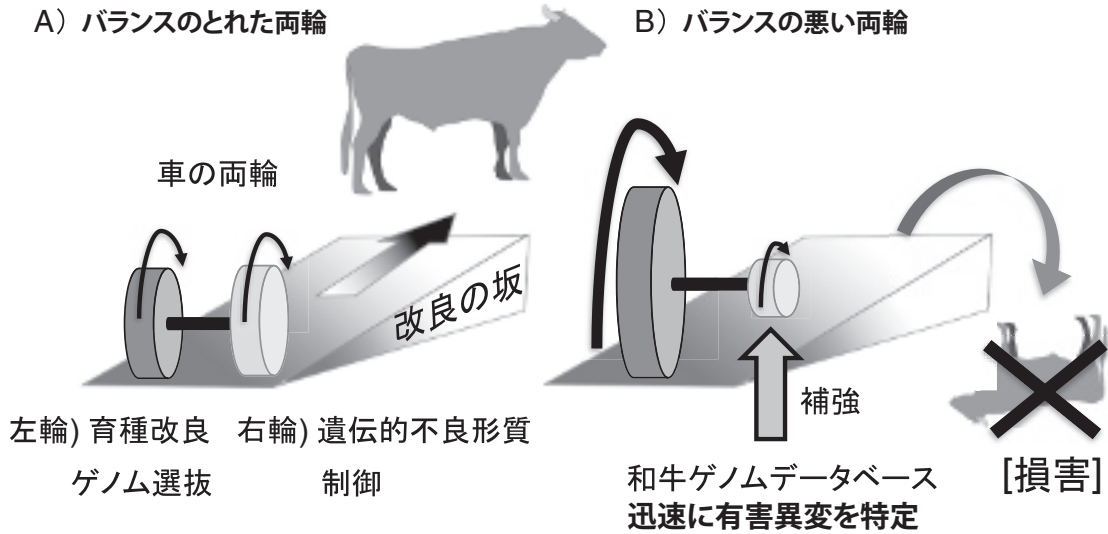
### 1. 取り組みに至った背景

黒毛和種の改良は、枝肉成績の育種価の高いエリート種雄牛を人工授精によって集中的に交配することで着実に進んできた。一方で「集団の有効な大きさ」が減少し（Nomura, Honda, & Mukai, 2001）、平均近交係数は約6.25%と上昇したため、エリート種雄牛の子

孫間での交配の確率が高まっている。このため、エリート種雄牛が劣性変異を保因した場合、劣性変異がホモ接合になり劣性遺伝病を発症することから、これまでも大きな経済的損失を招いてきた。劣性遺伝病が発生すると、劣性変異を特定するための解析が行われ原因変異の特定後、保因牛の検査体制と抑制のための行政対応が行われてきた。しかし、原因変異の特定には多くの時間と費用が必要で、

(図1)

[持続的な生産・育種改良]



顕在化の段階では、既に集団内に劣性変異が高い頻度で拡まっていることから、劣性変異の集団内からの排除は容易ではない。今後、ゲノム選抜によって育種改良のスピードが速まることが予想されるが（渡邊, 2016）、もし新たな遺伝的不良形質が発生すれば、育種改良は大きな打撃を受けるであろう。このような背景から、黒毛和種集団内に存在する多型・変異である「多様体」を網羅する和牛ゲノムデータベースを構築し、この情報を基に育種、交配計画を立てることで遺伝的不良形質の発生を未然に防ぎ、また、たとえ遺伝的不良形質が発生してもデータベースを活用することで速やかに原因変異を特定できるシステムの構築が必要と考えられた。

畜産技術協会附属動物遺伝研究所は平成5年の設立以降、黒毛和種を造成する道県、関係団体、大学、農家等と黒毛和種のゲノム研究を行うための全国的なネットワークを構築してきた。このような背景から、遺伝的不良形質の対策、黒毛和種のゲノムツール開発の必要性についての問題意識を共有していた。そこで、このネットワークを礎としてコン

ソーシアムを組織し、黒毛和種の多様体を格納した和牛ゲノムデータベースを構築することで、迅速に遺伝的不良形質の原因変異を特定するシステムの構築を目指すことになった。また、和牛ゲノム関連の研究の予算面においては、国等からの支援のほか、JRA畜産振興事業からも助成を受けており、平成18年度～20年度の牛有用ゲノム等探索・知的財産化事業（畜産技術協会）に始まり、現在実施している黒毛和種の強化ゲノム情報の改善・活用事業（令和2年度～3年度、畜産技術協会、東京大学、琉球大学）まで、6つの事業を継続させながら、研究の発展と実用化を進めてきた。

**2. 取り組みが可能になった技術的背景**

このような取り組みが可能になった技術的背景として、100-200塩基の短い配列を一度に決定できる次世代DNAシーケンサーの登場がある。次世代DNAシーケンサーでは興味ある個体のゲノムを配列決定後、すでに公開されている参照配列にマッピングし、

配列を比較することで多型・変異を検出するため、多くの個体で全ゲノムレベルの多様体を比較的短期間、安価に調べることができる。

ヒトでは、平成15年に参照ゲノムが公開されると、次の段階として平成20年頃から次世代DNAシーケンサーを使って各人種1000人の個人の全ゲノム配列を解読する「1000ゲノムプロジェクト」で多様体情報を格納する多様体データベースの整備が進められ、遺伝性疾患の原因変異、疾患感受性多型の特定に利用されるなど、パワフルなゲノムツールであることが示された (Genomes Project et al., 2010)。ウシでも同様の戦略が取られ、平成21年にウシの参照ゲノムが公開されると、平成24年からオーストラリアのグループが主導し、次世代DNAシーケンサーを使って各品種で主要な種雄牛のゲノム配列を解読する「1000 bullプロジェクト」が立ち上げられ、平成26年には西洋4品種、234頭のデータの公開され (Daetwyler et al., 2014)、有害変異が特定されるなど、その成果が報告されつつある (2021. 7月時点で約5000頭が解析)。しかし、黒毛和種は我が国の貴重な遺伝資源であることなどから情報公開を前提とする国際プロジェクトに参加しておらず、多様体データベースは構築されていなかった。

### 3. 黒毛和種でゲノムデータベースの構築が有効な理由

ヒト集団では一般的に血縁関係が低いいため、個人個人のゲノムを次世代DNAシーケンサーで解読する必要があるため多大な時間と費用を要する (パーソナルゲノム解析)。一方、黒毛和種を見てみると、ゲノム解析を行う上で解析材料として有利な点が2つある。1つ目は、ウシでは、一般的に個体間の血縁関係が高く、また、黒毛和種は明治に短期間、

在来種と西洋品種との交雑後、国内で閉鎖登録され品種が確立され、その後の育種改良は少数のエリート種雄牛を人工授精で交配することで進んできた歴史を持つことから ((社)全国和牛登録協会, 2007)、他のウシ品種と比較しても「集団の有効な大きさ」が小さく、少数の個体の多様体を把握することができれば、黒毛和種集団に存在する遺伝的不良形質の原因変異を網羅する多様体データベースを構築できることが予想された。2つ目の有利な点として、和牛造成機関は、約50年前から種雄牛の凍結精液を液体窒素中に大切に保管しており、ゲノム解析に必要な高品質のDNAを取得できる環境にあった (図2A)。

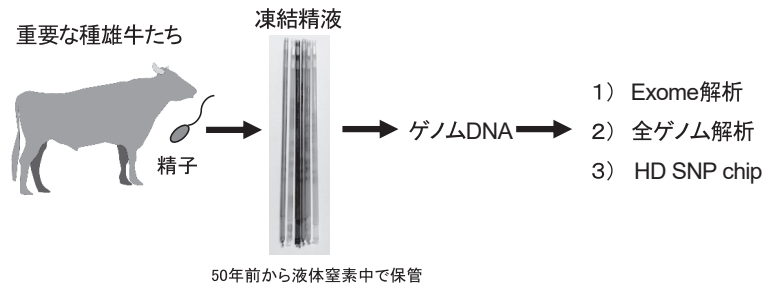
### 4. 和牛ゲノムデータベースの構築

そこで、昭和32年から平成26年に誕生した種雄牛の中から「黒毛和種で要となる種雄牛」517頭のDNAを、関係機関の協力によって確保した (図2A)。ゲノムはタンパク質へ翻訳される遺伝子のエクソンの部分とそれ以外の部分に大きく分けることができるが、これまでの報告から多くの遺伝的不良形質の原因変異がエクソンのDNA配列の変異であることが分かっている。エクソン部分は全ゲノムの1-1.5%を占めるため、エクソン部分のみを濃縮し解読できる「エクソーム解析 (エクソン部分のシーケンスで得られたデータセットを用いた解析)」を、解析の効率化のため採用した。517頭のエクソームシーケンスを実施した結果、1塩基を平均約60回繰り返しシーケンスしたことに相当する十分量のエクソームデータを取得することができた (Sasaki et al., 2021)。最終的に、35万SNP、2.3万indel (数から数十塩基の挿入・欠損をindelと呼ぶ) と5.6千CNV (数千から数メガ塩



(図2)

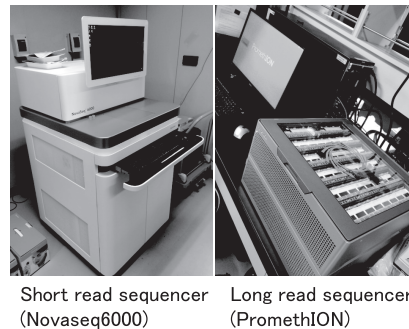
A) 重要な種雄牛の凍結精液からゲノム解析



B) ロングリードとショートリードを併用した和牛のde novoゲノムアセンブリ

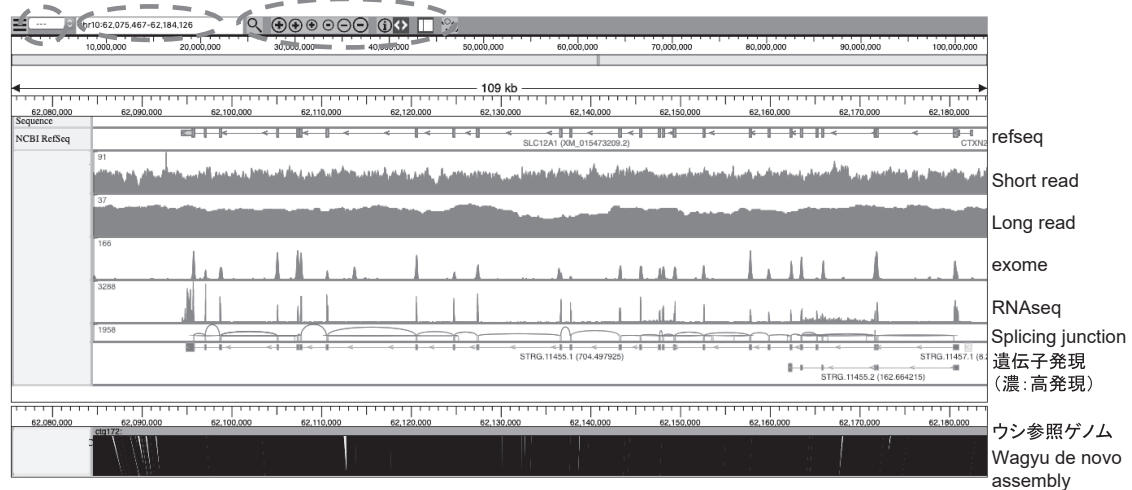
	ARS-UCD1.2 (1 sample)	WGDB de novo (74 sample)
Assembly	GCA_002263795.2	WGDB_2_74
Genome coverage	X 80.0	X 88.3
Total sequence length (chr1-29, X, MT)	2,628,411,261	2,557,488,576
Contig N50	25,896,116	9,937,825

C) ショート・リード・シーケンサー(左)  
ロング・リード・シーケンサー(右)



D) 和牛のカスタムゲノムブラウザ

検索BOX: 画面設定 (染色体、位置、遺伝子名) 拡大、縮小など (下の点線の囲み)



基の欠損・重複をゲノムコピー数多型CNVと呼ぶ)を多様体データベースに格納することができた (Sasaki et al., 2021)。このデータベースでは、変異の遺伝子上での位置や種類を基に、変異が遺伝子機能に有害な影響を与

える可能性があるかどうかを注釈情報として加えており、遺伝的不良形質の原因変異となりうるかの判断材料にすることができる。また、517頭の種雄牛 (直接検定に合格した健全な個体) におけるアレル頻度、遺伝子型類

度も算出しており、これらの頻度情報も加味し変異の有害度を評価できる。このデータベースには、過去に黒毛和種で報告された遺伝的・不良形質の原因変異が全て含まれており (Sasaki et al., 2021)、高性能の多様体データベースであることが確認できた。しかし、このエクソーム解析では、黒毛和種と西洋品種のゲノム構造が違うにも関わらず、西洋品種1頭から得られた参照配列にシーケンスをマッピングしているため、黒毛和種に特徴的な多型・変異の情報を失っている可能性があった。そこで、和牛ゲノムデータベースをさらに強化するため、次のステップとして黒毛和種の正確な全ゲノム配列「プラチナゲノム」を得るため、短鎖と長鎖のシーケンサーを併用し参照配列に依存せず全ゲノム配列を構築 (de novo assembly) する取り組みを進めている (図2 B、C)。現在までに、参照ゲノムの解析精度に匹敵する74頭の黒毛和種のゲノム配列を構築している。加えて、黒毛和種の71臓器(成牛)、胎子(妊娠4ステージ)、65臓器(子牛2ステージ)の合計131サンプルを採材し、RNAシーケンスを行い、「和牛の遺伝子情報のカタログ化」も進めている (図2 D)。このようなRNAの発現データセットは、胚死滅、胎子死亡、子牛損耗・死亡に関与する原因変異を探索する際、候補遺伝子・候補変異の注釈付に役立つ。また、これらのデータは保管、解析の利便性を高めるため、カスタムの和牛ゲノムビューアーによって閲覧し解析することが可能となっている (図2 D)。

## 5. 和牛ゲノムデータベースの活用方法とその具体事例

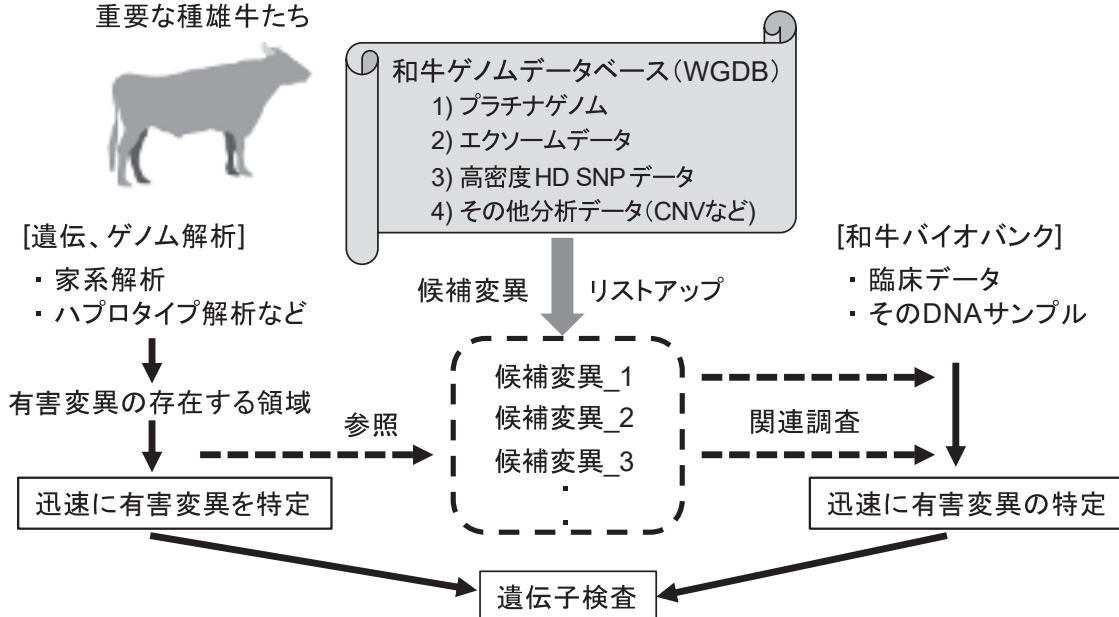
構築された和牛ゲノムデータベースの活用方法は、主に2種類ある。1つ目は、遺伝的・不良形質が発症した個体(家系など)の表現

型を基にした遺伝、ゲノム解析から、染色体上の原因領域が特定された時の活用である (図3 A、左側の矢印群)。このケースでは、データベースを使って領域に存在する変異を素早く検索することができる。また、このケースでは、ハプロタイプ解析で予めリスクハプロタイプを保有する種雄牛が特定できるため、データベースに格納された種雄牛のリスクハプロタイプと変異の保有状況を加味し原因変異の絞り込みを行うことができる。2つ目は、和牛ゲノムデータベースなどの大規模データベースに特徴的な活用法で、事前にデータベースから候補変異をリストアップし、その後、候補変異と臨床症状との関連を調査し、原因変異を特定するものである。先程解説したように和牛ゲノムデータベースでは、変異の遺伝子機能に対する有害度予測、遺伝子頻度情報から、既に多くの候補変異がリストアップされている (図3 A、真ん中矢印)。そこで、リストアップされた候補変異が実際に遺伝的・不良形質の原因となり得るか、候補変異と臨床症状との関連を調べることで検討する (図3 A右側の矢印群)。このようにデータベースを活用し適切な交配計画を立てることで、遺伝的・不良形質が発生し生産現場で問題になる前に未然に発生を防ぐことができる。

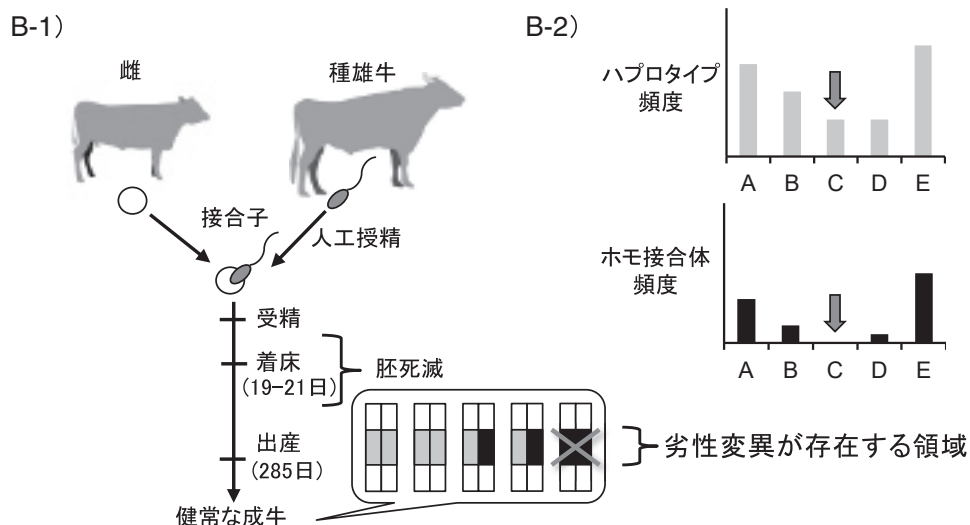
和牛ゲノムデータベースの具体的な活用事例として、受胎率の低下の原因の1つである胚死滅に関与する劣性変異の特定事例について解説する。胚死滅の原因となる劣性変異を特定するためには、多くの死滅した胚のDNAサンプルが必要になるが、死滅した胚は微小で母体内で吸収・分解されるなどサンプリングが困難で、技術的な制約からこれまでゲノム解析が行われてこなかった。このような技術的問題を克服する手法として、ゲノ

(図3)

A) 和牛ゲノムデータベースの活用法  
重要な種雄牛たち



B) [胚死滅を引き起こす劣性変異が存在するハプロタイプの特定]



ム選抜のため大規模に収集されている健全な成牛のSNPデータを活用する解析手法が報告された (VanRaden, Olson, Null, & Hutchison, 2011; Sasaki et al., 2021)。この解析では、胚死滅を引き起こす原因が劣性変異の場合、胚は母体内で死滅するため、健全な成牛集団に劣性変異をホモ接合に保有する個体は存在しえないことを基にしており (図3 B-1)、健全な成牛集団でホモ接合が存在しないゲノ

ム領域内に、胚死滅を引き起こす劣性変異が存在すると仮定できる (図3 B-1の黒の領域)。黒毛和種で、このようなハプロタイプ領域を探索したところ (図3 B-2)、胚死滅と関連する候補リスクハプロタイプが7カ所特定された。そこで、次に、和牛ゲノムデータベースを活用し、該当するハプロタイプ領域に存在する変異を検索した結果、細胞分裂の制御に関わるCDC45のスーパーサイト

変異を特定することができた。その後、健常集団における頻度調査、保因牛同士の交配実験によって、この変異が胚死滅を引き起こす劣性変異であることが明らかとなった (Sasaki et al., 2021)。受胎は、配偶子 (精子、卵子)、接合子 (受精卵)、母体と異なるゲノムが関わって成立する複雑なプロセスで、それぞれのプロセスが大きく環境の影響を受けることから、従来の育種手法では受胎成績を向上させることは容易ではない。しかし、和牛ゲノムデータベースを活用することで、胚死滅の原因となる劣性変異を特定できたことから、遺伝的側面からも受胎成績を向上できる可能性が示唆された。また、現在、致死など重篤な遺伝的不良形質に加え、和牛の生産現場で問題となっている「生産の質」を低下させる遺伝的要因についても解析対象を拡げ、解析を進めている。

## 6. 和牛ゲノムデータの保護と利活用の両立

和牛は、先人によって守られ地域ごとに改良されてきた「我が国にとって核心的遺伝資源」である。和牛のゲノムデータという「デジタル情報」が、今度どのような意味を持ち得るのかについては、和牛個体や凍結精液、卵、受精卵などの海外への流出状況などから不透明な点が多い。このため、和牛ゲノムデータは有体物ではないが、遺伝資源としての側面を持つものとして扱うことが妥当と考えられる。一方、和牛造成機関は、地域間競争がある中においても協力し、遺伝的不良形質に対応するため、和牛のゲノム情報を整備すべきとの問題意識を共有している。このような背景から、和牛ゲノム情報の「保護」と「遺伝的不良形質の原因変異の特定への活用」の両立を目指し (図 4 A)、和牛造成機関を中

心に和牛ゲノムデータベース協議会が立ち上げられ (佐々木, 2020b)、和牛ゲノムデータベースの構築と整備が進められている (図 4 B)。このゲノムデータベースは、和牛のゲノム情報の保護の観点から「閉鎖型」ではあるが、国内の和牛研究者のニーズに対応して確実に情報を届ける「研究支援型」のデータベースとして運用が始められている (佐々木, 2020b)。

本稿では、全国の関係機関と協力し黒毛和種の多型・変異である「多様体」を網羅する和牛ゲノムデータベースを構築し、このデータベースを活用することで遺伝的不良形質の原因変異を迅速に特定するシステムの構築に取り組んでいることを紹介した。このシステムが遺伝的不良形質の排除や交配計画に利用され、先人たちの努力によって長い期間をかけて築かれた黒毛和種を今後も守り、関係機関、農家が安心して育種改良、生産できるようになることを願っている。

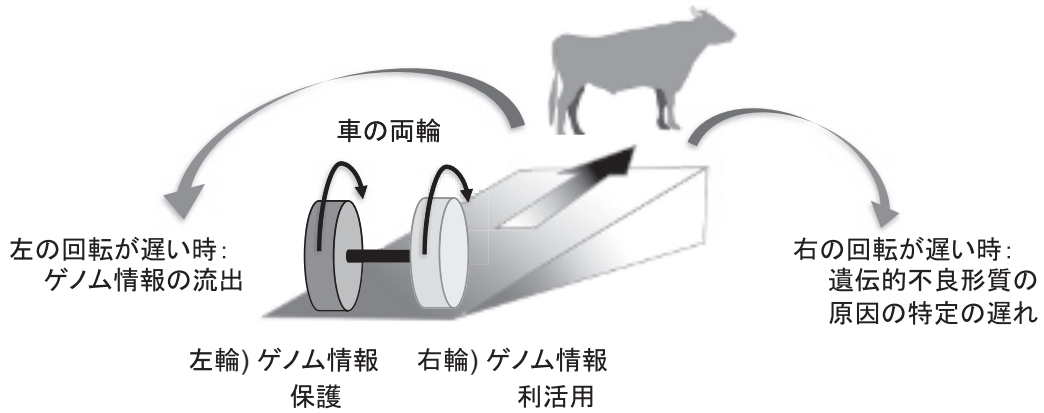
## 謝辞

本稿で紹介した研究は、日本中央競馬会「畜産振興事業」、農林水産省、農林水産技術会議「農林水産業・食品産業科学技術研究推進委託事業」、農研機構生研支援センター「イノベーション創出強化研究推進事業」の支援を受け、和牛ゲノムデータベース協議会 (畜産技術協会、岐阜県畜産研究所、兵庫県立農林水産技術総合センター、鳥取県畜産試験場、鹿児島県肉用牛改良研究所、島根県畜産技術センター、一般社団法人家畜改良事業団、沖縄県畜産研究センター、岡山県農林水産総合センター畜産研究所、岩手県農業研究センター、大分県農林水産研究指導センター、地方独立行政法人青森県産業技術センター、長

(図4)

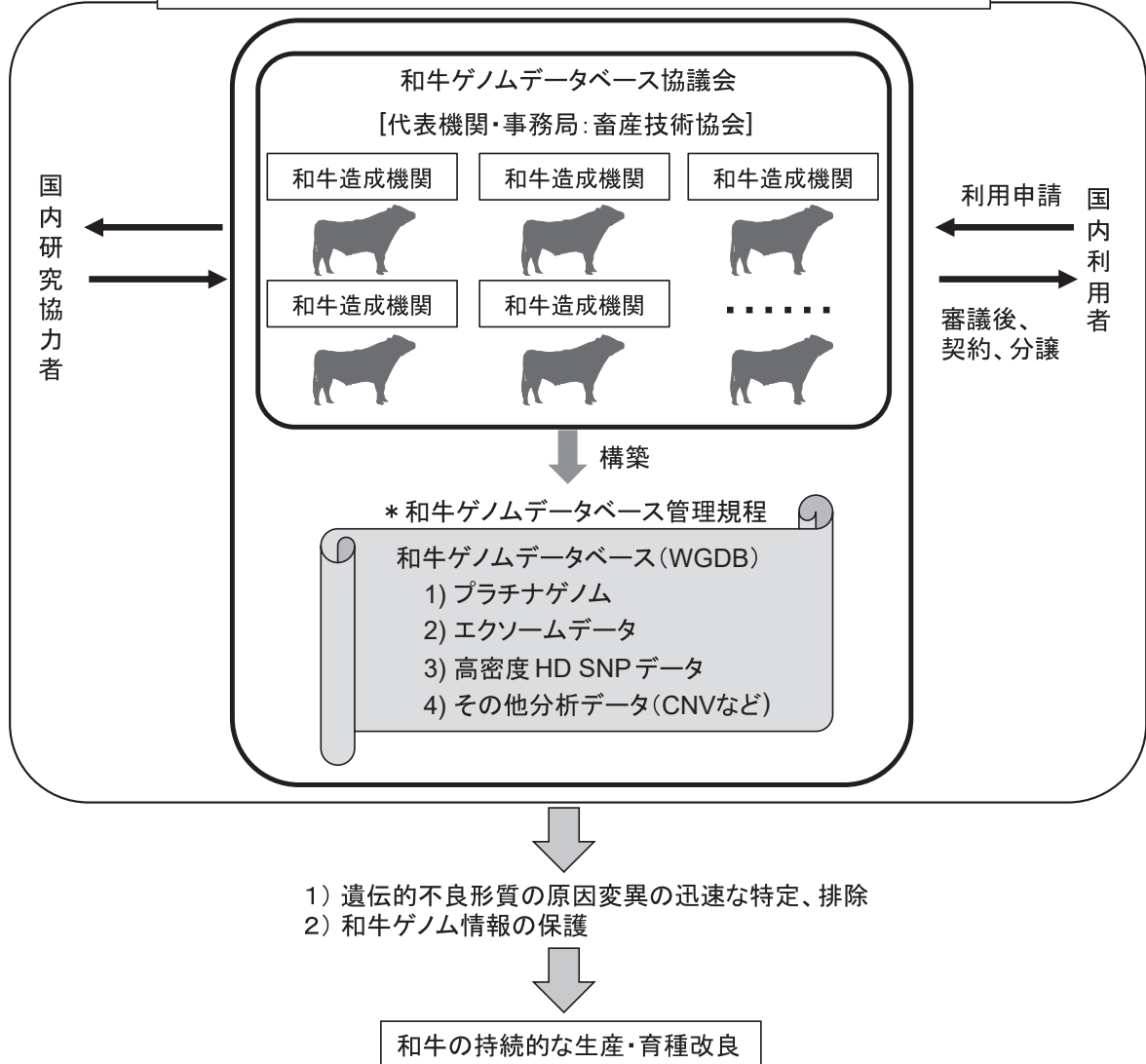
A) 和牛のゲノム情報の保護と利活用

[黒毛和種: 我が国の重要な遺伝資源]



B)

和牛ゲノムデータベースの構築、国内における利活用の仕組み



---

崎県肉用牛改良センター、福島県農業総合センター畜産研究所)が主体となり、共同研究機関や民間牧場の協力も得て進められたものである。また、和牛生産阻害因子解明プラットフォームコンソーシアム(畜産技術協会、東京大学、北里大学、東京農業大学、岐阜県、兵庫県、鳥取県、鹿児島県、島根県、家畜改良事業団、家畜改良センター、琉球大学)とご指導いただいた国枝哲夫先生、稲葉睦先生、農林水産・食品産業技術振興協会高橋秀之先生に深謝する。

渡邊 敏夫. (2016). 黒毛和種経済形質のゲノム育種価評価. *The journal of Animal Genetics*, 44, 3-10.

### <引用文献>

- (社)全国和牛登録協会. 2007. これからの和牛の育種と改良:改訂版.
- Daetwyler, H. D., Capitan, A., Pausch, H., Stothard, P., van Binsbergen, R., Brondum, R. F., . . . Hayes, B. J. (2014). Whole-genome sequencing of 234 bulls facilitates mapping of monogenic and complex traits in cattle. *Nat Genet*, 46, 858-865.
- Genomes Project, C., Abecasis, G. R., Altshuler, D., Auton, A., Brooks, L. D., Durbin, R. M., . . . McVean, G. A. (2010). A map of human genome variation from population-scale sequencing. *Nature*, 467, 1061-1073.
- Nomura, T., Honda, T., & Mukai, F. (2001). Inbreeding and effective population size of Japanese Black cattle. *Journal of Animal Science*, 79, 366-370.
- 佐々木 慎二 (2020). 和牛ゲノムデータベース協議会の立ち上げ(研究レポート), 畜産技術, 10月号, 42-46.
- Sasaki, S., Watanabe, T., Ibi, T., Hasegawa, K., Sakamoto, Y., Moriwaki, S., . . . Suzuki, Y. (2021). Identification of deleterious recessive haplotypes and candidate deleterious recessive mutations in Japanese Black cattle. *Scientific Reports*, 11, 6687.
- VanRaden, P. M., Olson, K. M., Null, D. J., & Hutchison, J. L. (2011). Harmful recessive effects on fertility detected by absence of homozygous haplotypes. *J Dairy Sci*, 94, 6153-6161.



## (2) ウシゲノム研究の歩みと 今後の展望

公益社団法人 畜産技術協会附属動物遺伝研究所 元所長 杉本 喜憲

公益社団法人畜産技術協会附属動物遺伝研究所・元所長の杉本喜憲氏、並びに同協会の御厚意により、我が国のウシゲノム研究黎明期から現在に至る道程について、畜産技術 2016年10月号～12月号に掲載された記事を再掲させて頂くことにより、御紹介させていただきます。

- 1回目 解析用ツールの開発から始まったウシゲノム研究
- 2回目 黒毛和種経済形質のゲノム解析
- 3回目 黒毛和種不良因子のゲノム研究：その光と影



# 解析用ツールの開発から始まった ウシゲノム研究

公益社団法人 畜産技術協会附属動物遺伝研究所 元所長 杉本 喜憲

動物遺伝研究所は来年2017年の3月に閉鎖することになりました。24年間の長いような短いような期間でしたが、黒毛和種に関する研究にまともに取り組んだ初めての研究機関だったと思います。その使命は、黒毛和種の不良因子のコントロールと産肉性等の経済形質の育種に役立つDNA情報の開発・実用化でした。閉鎖に当たって動物遺伝研究所はその使命をどの程度果たすことができたのか判断できるようにここに記録を残したいと思います。閉鎖されたからといって黒毛和種に関する研究も途絶えるわけではなく、更に発展した形で継続されることは間違いありません。この24年間、ご支援いただきました国・道県を始め関係者の方々に感謝いたします。

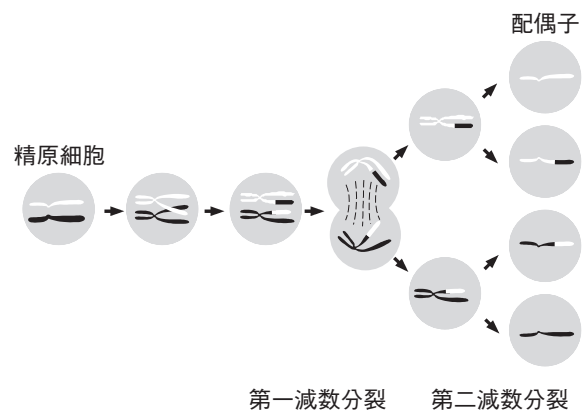
## 1. 1993年4月：動物遺伝研究所の始まり

1993年4月に畜産技術協会附属動物遺伝研究所の開所式が執り行われました。農林水産省から畜産局長が主賓で挨拶するなど今から考えると国の力の入れ方がわかります。家畜改良センターの敷地を借用した2階建て2,000平米の研究所でした。研究費は日本中央競馬会の畜産振興費で賄われ、申し分ありません。当研究所に与えられた最初の課題は、DNAマーカー情報を用いるウシの個体識別・親子判定手法を確立することでした。DNAマーカーは、個体によってDNA配列が異なるもので、個体識別・親子判定に役立ちます。1993年当時は公表されたDNAマーカーは少なく、お互いの位置関係を示すDNAマーカーで、作成されたウシゲノム地図は存在していませんでしたが、これは後で何とかなる問題と割り切りました。

## 2. ウシゲノム地図の作成とは

ウシゲノム地図は減数分裂で起こる染色体の組換え（交差）を利用して作ります。哺乳動物の有性生殖では減数分裂の過程で組換えを起こし、親の2本の染色体（父と母由来）から1本の染色体だけの配偶子が作られます。配偶子の持つ染色体は、父由来・母由来・組換え体(2種)の4種の内のどれかです(図1)。

(図1) 減数分裂による精原細胞からの配偶子生成



異なる染色体に位置するDNAマーカー同士や同じ染色体でも距離が離れていれば、互いに独立に遺伝するので組換え頻度50%となります。同じ染色体に位置するマーカーは近接しているとマーカー間の組換え頻度は50%より小さくなります（共に遺伝する：連鎖という）。組換え頻度をそのまま遺伝距離とし、cM(センチモルガン)単位で表示します。マーカー数が増えてくると同じ染色体に位置するマーカー同士は連鎖グループを形成することになります。連鎖関係にあるDNAマーカー同士の片方は個体識別・親子判定には使えません。

地図作りに必要なものは、遺伝子型が多い（多型性が高い）多数のウシDNAマーカーと、産子200-300個体からなるウシ全きょうだい家系です（父方半きょうだい家系でも良いのですが、2倍の規模が必要です）。遺伝子型が多ければ親から子への伝わり方が正確に分かります。連鎖を知るには400-600回くらいの組換えを調べる必要があるのです。

当時、米国農務省が数百万ドルの経費をウシ・ブタ・ヒツジのゲノム地図作成に投入したというニュースがあり、我が国ではつくばの畜産試験場とSTAFF研究所でブタゲノム研究がスタートしたばかりでした。

### 3. 個体識別・親子判定のためのDNAマーカー

どのようなタイプのDNAマーカーを開発すべきか？その頃、マイクロサテライトでヒトゲノム連鎖地図作りが報告されるなど、マイクロサテライトの将来性を感じていました。当研究所には畜産関係の研究者らからなる運営協議会があり、研究への助言などを行っていました。1993年の最初の会議では研究の年度計画として、私はCAの2塩基繰り返し

返し構造を持つマイクロサテライトを開発して個体識別・親子判定の系を作ると報告しました。その理由として、ウシのゲノムライブラリー（ウシゲノムの200-300塩基対断片を集めたもの）からCAリピートをプローブにすれば容易にクローニングできること、一般的にマイクロサテライトは多型性が高いこと、ゲノムに数十万種存在すること、DNAシーケンサーで型判定ができることなどを挙げました。これに対し、各委員からマイクロサテライトだけでなく他のDNAマーカーなども調べたらどうかという助言が出ましたが、助言を聞きながらマイクロサテライトに固執したことに当時の農水OBの所長は驚いたそうです。実際、全ゲノム解読が進む2004年頃までマイクロサテライトは最も役に立つDNAマーカーでした。

黒毛和種からヘテロ接合率が高く、父権否定率の高いマイクロサテライト部位を10-12ヶ所見つけてくれば、全国の黒毛和種150万頭、黒毛和種種雄牛1,500頭を識別できるはずでした。ウシのゲノムライブラリーからCAの繰り返し数が12回以上のマイクロサテライト113種を得、DIK001からDIK113と名付けました。DIKは動物遺伝研究所で開発したことを意味します（後には3桁では足りず、4桁となり、世界中の研究者がDIKマーカーを使うこととなりました）。得たマイクロサテライトを黒毛和種40頭集団で遺伝子型を型判定し、ヘテロ接合率と父権否定率の高いマイクロサテライトを12種選びました。40頭集団での12種のマイクロサテライトの遺伝子型の分布を見る限り互いに独立に遺伝しており、連鎖関係は無いと考えられました。表1に個体識別・親子判定システムのまとめを示します。

表1に示す12種のマイクロサテライトは3

種類の蛍光色素を使い、PCR生成物のサイズを変えることでDNAシーケンサーの1つのレーンで同時に遺伝子型判定できるようにしています。ヘテロ接合率から個体識別できる個体数は $3.2 \times 10^7$ 、父権否定率から区別できる種雄牛頭数は $1.6 \times 10^4$ でした（この後述べるように12種のマイクロサテライトはゲノム連鎖地図に位置付けられ、互いに異なった染色体に存在することがわかりました）。

DNAマーカーによる個体識別・親子判定手法についての問い合わせがありました。私どもも本当に識別できるのか試してみたいという気持ちで、依頼された親子判定を実施しました。結果を返してからしばらくしてある県から連絡があり、私どもの結果を基に訴えを起こされた、種雄牛の精液ストローを送るから親子判定をしてもらいたいとのことでした。研究者を騙すなど赤子の手をひねるようなものです。この件以来用心深くなったと思います。

#### 4. 1994年7月：プラハで開催された国際動物遺伝学会

個体識別・親子判定手法の確立の次に、(1)黒毛和種の遺伝病の原因を解明し、遺伝子診断できるようにする、(2)黒毛和種のDNA情報を利用した産肉性などの経済形質の育種手法を確立する、を見据えていましたので、マイクロサテライトによるゲノム連鎖地図作りを急がねばなりません。マイクロサテライトのマッピング（ゲノム上の位置を決めること）にはウシの産子200-300個体で構成する全きょうだい家系のDNAが必要です。どうすれば良いのか？

1994年の4月に米国農務省肉畜研究センター（リーダーはDr. Beattie）と国際共同研究体（BovMap：リーダーはオーストラリア

(表1) 12種のマイクロサテライトで構成した個体識別・親子判定システム

このシステムは、 $3.2 \times 10^7$ 頭の個体識別を可能にし、 $1.6 \times 10^4$ 頭の種雄牛について親子判定が可能です。

標識 蛍光	DNA マーカー	染色体*	PCR生成物 (bp)	ヘテロ 接合率	父権 否定率	遺伝子 型数
HEX	DIK089	4	82-98	0.65	0.48	8
	DIK102	15	123-163	0.68	0.62	5
	DIK097	12	192-212	0.9	0.58	9
	DIK020	10	230-254	0.7	0.41	8
FAM	DIK023	11	85-109	0.83	0.67	10
	DIK069	3	142-164	0.68	0.54	10
	DIK010	24	185-201	0.68	0.56	9
	DIK024	1	229-251	0.78	0.58	11
TET	DIK106	8	95-123	0.7	0.68	13
	DIK068	28	145-220	0.88	0.57	10
	DIK039	19	194-220	0.6	0.45	10
	DIK096	9	246-256	0.83	0.38	7

のDr. Hetzel) は、別々にウシゲノム地図の論文を発表しました。その夏、チェコスロバキアのプラハで開催された国際動物遺伝学会でこの2人に会いました。黒毛和種由来のマイクロサテライトのマッピングをしたいとの提案に、Dr. Hetzelは快諾してくれたのでBovMapに入り、マッピングパネルである全きょうだい家系のDNA（21個体識別・親子判定手法の確立の次に、(1)黒毛和種の遺伝病の原因を解明し、遺伝子診断できるようにする、(2)黒毛和種のDNA情報を利用した産肉性などの経済形質の育種手法を確立する、を見据えていましたので、マイクロサテライトによるゲノム連鎖地図作りを急がねばなりません。マイクロサテライトのマッピング（ゲノム上の位置を決めること）にはウシの産子200-300個体で構成する全きょうだい家系のDNAが必要です。どうすれば良いのか？

1994年の4月に米国農務省肉畜研究センター（リーダーはDr. Beattie）と国際共同研究体（BovMap：リーダーはオーストラリアのDr. Hetzel) は、別々にウシゲノム地図の論文を発表しました。その夏、チェコスロバ

キアのプラハで開催された国際動物遺伝学会でこの2人に会いました。黒毛和種由来のマイクロサテライトのマッピングをしたいとの提案に、Dr. Hetzelは快諾してくれたのでBovMapに入り、マッピングパネルである全きょうだい家系のDNA (21た (これはこれで正しい選択であったと後に分かりました)。

おそらくこのプラハでのウシゲノムに関するワークショップは最もエキサイティングだったと思います。これからウシゲノム研究で何かが起こると期待でたいへんな熱気でした。4月に発表された2つの地図はまだまだ貧弱な道具立てでしたが、先頭を切っていたベルギーのDr. Georgesを始めとする研究者達の報告に心を揺さぶられました。

## 6. 連鎖地図作成の黎明から発展まで (1997年春まで)

連鎖地図を有用なものにするため、(1)多型の高いDNAマーカーであるマイクロサテライトを多数開発する、(2)マーカー間の空隙を埋める、(3)連鎖グループを染色体に対応させる、(4)蛍光in situ ハイブリダイゼーション (FISH) で染色体の方向を決めるなどが必要です。私たちはDr. Hetzelが率いるBovMapに加わり、マイクロサテライトの開発と位置付け (マッピング) を行ってきました。1997年の春、2つのグループはそれぞれ第2世代のウシ連鎖地図を発表しました。BovMapの703個のマイクロサテライトからなる地図のサイズは3,567cMと大きく、しかも252個の正確な位置が決まっていない。多くの機関が参加しているBovMapの地図にはマーカーの型判定エラーが多く含まれており、やり直すことが事実上できなかったのは致命的でした。一方、Dr. Beattie率いるUSDA-MARCの1,236個のマイクロサテライ

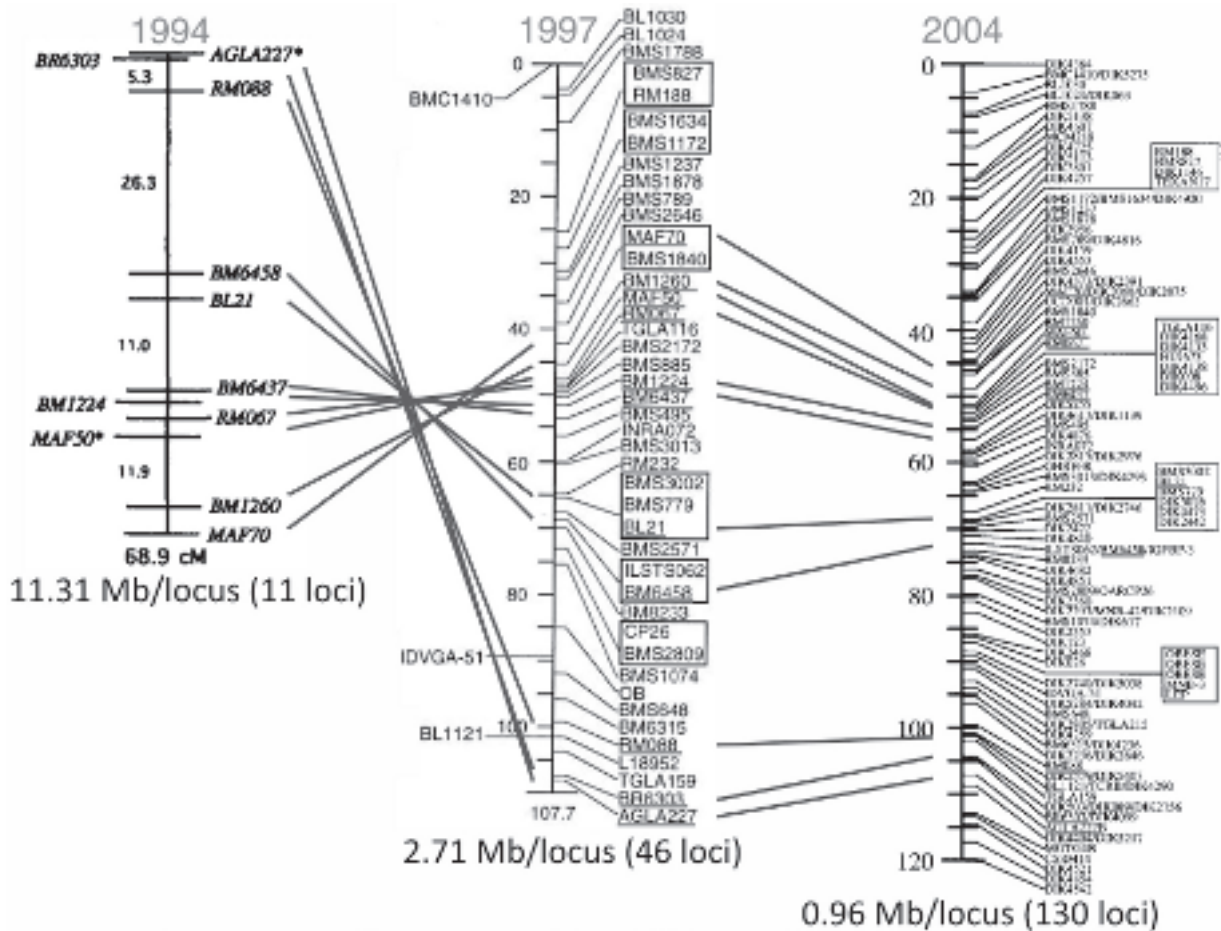
トからなる地図のサイズは2,990cMであり、これまで想定されていた3,000cMに近い。USDA-MARCは、エラーを厳しくチェックしながら地図作りを行いました。論文中で「自分たちが行ったような大規模なマーカー開発で地図を改良することは近未来には無いだろう」と述べています。彼らの連鎖地図のDNAマーカーは平均して多型性が低く (< 60%)、マーカー間隔が10cM以上のものが14% (177/1220) も存在するため、マーカーアシスト選抜には不十分であるにもかかわらず、USDA-MARCの地図はウシゲノム解析のゴールデンスタンダードとなって、遺伝病や経済形質のマッピングに世界中で使われました。

## 7. 高密度連鎖地図から物理地図への道 (1997年から2005年)

私たちもUSDA-MARCの地図を使って遺伝病や経済形質のマッピングを行い、10ヶ所ほどの領域に辿り着きました。マッピングした領域をさらに狭め、マーカーアシスト選抜へ発展させるには多大な努力が必要でした。明らかにUSDA-MARCの地図の高密度化がなされるべきでしたが、各国の動きは鈍く、国際的に連携してマーカー開発することになりませんでした (国際動物遺伝学会、2000年夏、ミネアポリス)。その1つの理由は、もはやマイクロサテライトのDNAマーカー開発だけでは論文として評価されないことでした。

私はこの問題を解決するため、2000年頃にマイクロサテライトの大規模な開発を決断しました。誰もやらないのなら自分でやるしかありません。マイクロサテライト濃縮ライブラリーから1万クローンを拾い、約700種の新規マイクロサテライトを開発しました。こ

(図2) ウシ染色体4番のゲノム連鎖地図



1994年のUSDAによる第一世代の地図では11 マーカーで構成されていました。1997年には向きが変わり、46 マーカーとなりました。第三世代では130 マーカーに増やしました。マーカー名にDIKとあるのが動物遺伝研究所開発のマイクロサテライトです。

のプロトコルで実験を繰り返せば2,000種のマイクロサテライト開発ができることがわかりました。同時に、USDA-MARCのリーダーになっていたDr. Kappesにマッピング用の全きょうだい家系DNAを送ってもらい、マイクロサテライトのタイピング結果をUSDA-MARCに送り、地図に載せることにしました。研究員達に協力してもらいました。最終的に3,802種のマイクロサテライトからなる第三世代のShirakawa-USDA連鎖地図を作成することができました(2004年)。図2にその一部であるウシ染色体4番のゲノム連鎖地図を示します。

また、物理地図作成を始めることにしまし

た。ゲノム連鎖地図はマーカー間の組換え頻度から求められた遺伝的な距離ですが、物理地図はDNAの長さに則してマーカーや遺伝子を並べた地図です。そこで、物理地図作りに威力を発揮する放射線照射雑種細胞(Radiation hybrid: RH)パネルを作成しました。並行して、ウシで発現している遺伝子断片を約7,000種の遺伝子断片を分離しました(2001年)。最終的に、ネバダ大学と共同で、RHパネルにマイクロサテライト3,216種と遺伝子断片2,377種を位置付けた合計5,593種からなるウシ物理地図SUN-RH地図(Shirakawa-University of Nevada Radiation Hybrid 地図)を完成しました(2004年)。この頃は14名の

研究員、10名の研究補助員を抱えていましたからできたことと思います。

これらの地図はウシ全ゲノム解読の基盤となりました。USDA-MARCはウシ全ゲノム解読のため、統合地図を作成することを始めました。

私たちのShirakawa-USDA連鎖地図とウシ物理地図SUN-RH地図の全データの提供も依頼され、提供しました。他機関のRH地図のデータも加えた統合地図が作られていきました。

## 8. 2009年4月：ウシゲノム解読へ

USDA-MARCはウシゲノム解読のための国際コンソーシアムを立ち上げることを決め、第1回の会議を2000年1月のバンクーバーで開催する連絡がありました。ウシゲノムを解読できれば、ゲノム研究の様相が激変し、そのメリットは計り知れない。そのためにはヒトゲノム解読に成功した研究機関のノウハウが必要です。コンソーシアムでは、ウシゲノム解読へ向けて次のようなことを決めることになっていました；(1)解読の対象にヘレフォード種雄1頭を選び、そのBACライブラリー(約150kbのDNA断片を含むクローンで構成)をオークランド小児病院のDr. Dejongが作成し、必要機関に配布する(私たちにも配布されました)；(2)ヒトやマウスで経験豊富なブリティッシュ・コロニア大のDr. Marraが中心になって、フィンガープリントでウシBACの整列化を行う；(3)テキサスBaylor 医科大ヒトゲノムシーケンシングセンターのDr. Gibbsが中心になって、全ゲノムを対象にショットガンシーケンシングを行い、ゲノムの3倍長分の配列を決める；(4)参加機関は基金を拠出し、様々な品種のウ

シDNAを提供する。私たちも参加したかったのですが、周囲の反対が強くて諦めました。

Dr. Marraのフィンガープリントでは、各BACクローンを制限酵素で切断し、ゲル電気泳動を行うとクローン毎に特徴あるDNAのバンドパターンを示します。BACクローン同士でオーバーラップしている部分は、そのフィンガープリントも重なりますので、この重なりを利用してBACクローンをつなぐことができます(整列化するという)。整列化されたBACクローン集団の染色体への位置付けを正確に行うため、前述の統合地図が使われました。

たくさんの研究者の努力と巨額の資金を使ってウシゲノムのドラフト配列が完成し、ついに2009年4月のScience誌にウシゲノム解読の論文が掲載されました。コンソーシアムに参加していなかった私たちの貢献も正当に評価され、共著者として扱われました。

## 9. ウシゲノムの解読後：ポストゲノムの時代の始まり

ヒトゲノムの解読については、2001年2月のNature誌に掲載されました。この頃からゲノム研究分野で半導体の微細加工技術を活用した重要な発明が相次ぎました。

1つ目は、次世代シーケンサーの発明です。1回に解読できる長さは当初30bpに過ぎませんが、解読数は数千万から数億なのでゲノムサイズである30億bpに届きます。解読される個体数が増えると配列の違いであるSNP(一塩基多型)マーカーが大量に開発されることになりました。2つ目は、大量のSNPのタイピング技術です。これによりSNPタイピングのコストが下がり、かつ、迅速になりました。ウシでも50K(5万)SNPを搭載したチップが市販されました。

3つ目は、ゲノムの必要な領域だけを解読する技術です。タンパク質をコードしているエクソン領域や特定の数Mb（数百万bp）領域を効率よく読めます。特にエクソン領域を濃縮して読むエキソーム解析は重要な方法になりました。

この小論の次回は黒毛和種産肉性などの経済形質の解析に新しい技術がどのように使われたかも紹介します。

# 黒毛和種経済形質のゲノム解析

## 1. 1993年9月: 岐阜安福の死亡

動物遺伝研究所が開所した半年後に岐阜の安福が死亡したというニュースが全国紙に掲載されました。享年13歳5ヶ月で約4万頭の子を作り、岐阜県に一大産業を興したとのこと、驚きました。まず、牛に名前が付いていたということ、種雄牛1頭で飛騨牛ブランドができあがったということ。黒毛和種の実力を実感できる破天荒なニュースと思いました。

## 2. 1994年9月: 肉用牛ゲノム研究の始まり

1994年4月にスウェーデンのDr. Andersonらが、Science誌にブタの産肉性などの量的形質(QTL)をマッピングしたという報告がありました。解析に用いたのは大ヨークとイノシシの全きょうだい200頭からなる家系でした。ブタもウシ同様の貧弱なゲノム地図しかないにもかかわらずQTLマッピングに成功したのです。1994年7月にプラハで開催された国際動物遺伝学会でDr. Andersonやホルスタイン種のミルク生産性をマッピングしていたDr. Georgesらから、さらに刺激されました。帰国して、農林水産省畜産局家畜生産課の担当課長補佐らに、世界で何が行われているかについて報告しました。すると、ある日突然巨額の研究費が降ってきました。

日本中央競馬会畜産振興事業から肉用牛ゲノム研究に関わる事業費を獲得してくれました。国は豊かでした。

1994年10月から始まる新規事業のため、担当補佐は黒毛和種の種雄牛造成を行っている県などに参加を呼びかけ、9月に農水省で説明会を開きました。事業の目的は、黒毛和種経済形質のDNA育種手法を開発することでした。去勢産子8頭からなる後代検定家系をDNAマーカーのマイクロサテライトでタイピングして脂肪交雑・枝肉重量など産肉性をDNA情報で改良するというものです。参加機関は14道県と家畜改良事業団でした。このコンソーシアムの参加機関にはDNAシーケンサーなどの機器を提供し、マイクロサテライトのタイピングについて研修し、産肉性の連鎖解析を行うという真に贅沢な、かつ、向こう見ずなものです。この時の驚きは、北海道に通知していなかったにもかかわらず説明会に出席していたことです。さすがです。

黒毛和種の産肉性に関するゲノム研究が始まってみると、参加機関すべては種雄牛造成においてお互いライバル関係にあり、共同研究に欠かせない成果の共有は極めて困難なことがわかりました。規模の小さい後代家系を解析しますので、得られた結果の信頼性は再現性にありましたが、年2回の会議ではある染色体領域にある産肉性QTLを検出したというような秘密のベールに隠された報告が相次ぎました。これは大変厄介な問題でした。



時間はかかりましたが、コンソーシアム内で情報を共有できるようにしていきました。

後代検定家系解析では信頼できる結果を得ることが困難なことに気づき、屠場で特定種雄牛産子をサンプリングして規模の大きい父方半きょうだい家系解析を始めようと提案しました。複数の県はそれに応え、父方半きょうだい200-400個体規模の解析を始めました。参加機関のDNA育種に対する熱意はたいへんなものでした。しかし、当時のDNAマーカーの少なさ、間違いのあるゲノム連鎖地図、DNAマーカーであるマイクロサテライトをタイピングする煩雑さなど、この進め方で良いのかどうか確信が持てませんでした。折しも、打合せに訪ねた鹿児島県肉用牛改良研究所では所長に、「職員の溝下が家庭を犠牲にして無理をしている。こんなことをやらせていて成果は出てくるのか？」と厳しく言われる始末でした。これは何としても成功させなければならぬぞと思いました。

### 3. 1998年秋：大規模家系で枝肉重量QTLのマッピングに成功

1997年にUSDA-MARCからGold Standardとなる正確でマーカー数の多いゲノム連鎖地図が発表され、産肉性QTLの解析は加速されました。鹿児島県の担当者だった溝下主任研究員は、ついに、1998年秋、基幹種雄牛の半きょうだい家系解析で、後にCW-1と呼ぶ枝肉重量QTLを染色体14番に位置付けました（種雄牛名は伏せられていましたが）。そして研究員の溝口は兵庫県と共同で脂肪交雑QTLであるMarbling-1を染色体21番に発見しました。大規模な家系解析で何かが分かりそうでした。一方、産子8個体の後代検定家系解析は依然として続いていました。私はこの家系の解析は努力の割に報われていないと

思い、1999年秋に後代検定家系の解析は止め、大規模な半きょうだい家系解析への移行を研究員達に相談しました。驚くことに皆反対しました。「こんなに頑張ってきたのだから、続けて結果を出したい」と。そこで、QTLを検出した染色体14番と21番に絞って、黒毛和種で共通に存在する優良なハプロタイプ（DNAマーカー型をつないだ染色体断片）を明らかにする実験を2000年3月まで続けることにしました。しかし、明確な結果は出ませんでした。ゲノム全体でも1,200マーカーしかない1997年の状況ではとても無理な話でした（2016年現在は777,000マーカーが使えます）。

これで方針は変わり、大規模半きょうだい家系を使った産肉性QTL解析へ力を集中できることになりました。得られたDNA情報は後代の種雄牛選抜に有用と思われましたので、コンソーシアムのメンバーは積極的に屠場で産子を集め、マイクロサテライトのタイピングを行いました。

### 4. 2005年：採卵性QTL解析への挑戦

北海道士幌町にある全農ETセンターでは受精卵を販売しています。2005年頃、ETセンターの青柳所長から、(1)採卵性の善し悪しは血統によって偏っている、しかし、(2)枝肉形質解析のような父方半きょうだい家系を作ることはできない、何とかありませんかと相談を受け、採卵性QTLに挑戦することとしました。黒毛和種雌の採卵記録付きのDNAサンプルを得たところ、当然のことながら父方半きょうだい家系が構成できるほど特定種雄牛に偏っていません。当時、ヒト生活習慣病などの解析で、ゲノム全体の多数のマーカーを使って、健常群と疾病群間のマーカー

遺伝子型の偏りを調べるゲノムワイド関連解析 (GWAS) が始始めていました。ヒトでは500K (50万種) のSNPチップが2001年には市販されていましたが、ウシではありません (ウシの50Kは2007年に市販)。ヒトと比べ黒毛和種集団では組換えの歴史的な蓄積が少ないから、もっと少数のマイクロサテライトでできるのではないかと予想しました。そのためShirakawa-USDAゲノム連鎖地図の3,802種のマイクロサテライトから1,073種のマイクロサテライトを選びました。

GWASの最初は躓き、試行錯誤の連続でした。まず、個体毎の採卵成績のバラツキが大きいため、どんな表型値が信頼できるかわかりません。2つ目はマイクロサテライトのタイピングエラーは思ったより致命的だったことです。そこで体制を整え、最も信頼できる研究補助員がマイクロサテライトをタイピングすることにしました。解析の対象として、初回から5回以上連続の採卵記録のある個体約500頭から採卵数の上位および下位、各42頭を選びました。これは成功しました。翌年には採卵性に影響するGRIA1遺伝子のアミノ酸変異の決定まで行きました。GWASは役に立ったのです。しかしながら、マイクロサテライトを使うGWASは時間とコストがかかり過ぎ、おいそれと手掛けられる手法ではないこともわかりました。

### 5. 1998年から2012年：大規模家系による産肉性QTLマッピングのまとめ

産肉性のゲノム解析では、道県でそれぞれ基幹種雄牛の産子DNAを屠場で集め、200頭以上の父方半きょうだい家系を作成し、平均300種のマイクロサテライトのタイピングを行いました。複数の家系で繰り返し検出されたQTLは、信頼できるQTLであり、比較す

ることで領域を狭めることができます。この頃になりますと、会議での報告は随分とオープンになり、種雄牛名を出し、「検出したこのQTLは何県の種雄牛何々のQTLと同じと考えられる」ようになりました。2009年10月までに11年かけて33の父方半きょうだい家系、14,400個体をマイクロサテライトで解析しました。

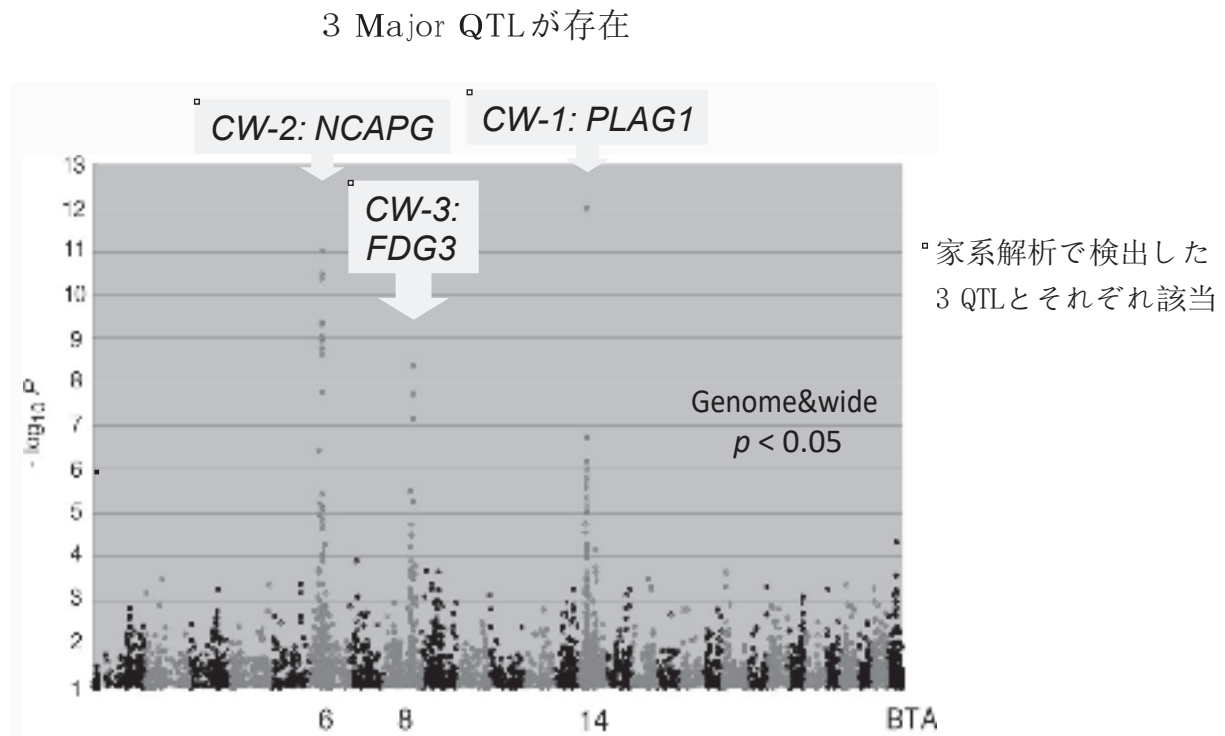
2007年12月に米国で50KのSNPチップが発売され、前章で述べましたゲノムワイド関連解析に進みますが、SNPのタイピングの容易さとコストパフォーマンスの良さに驚き、2008年に黒毛和種で使えそうな3,000種のSNPを選び、カスタムで製作してもらい、父方半きょうだい家系の解析に利用しました。2010年には正規に3K SNPチップが発売されました。SNPチップで解析した結果を含めると図1のように44家系、18,714個体となりました。

枝肉重量QTLでは、染色体14番のCW-1、6番のCW-2、8番のCW-3というそれぞれ効果の大きい3つのQTLが繰り返し検出されましたが、脂肪交雑では目立つQTLを検出できません。そこで、50K SNPチップを使ったゲノムワイド関連解析 (GWAS) の方法を脂肪交雑QTL検出に適用しました。芝浦と大阪南港の屠場で集めた肥育牛サンプル約4万頭から、成績の上位下位10%を抽出し、血統が偏らないようにした606頭のSNP型判定をしました。しかし、効果の大きな脂肪交雑QTLを検出できません。次に、枝肉重量QTLについて成績の上位下位502頭を使って解析したところ、CW-1, 2, 3の3QTLが出てきました (図2)。家系解析の結果と一致しています。すなわち、黒毛和種において脂肪交雑に影響するいわゆるメジャー遺伝子は存在しないこと、および、枝肉重量



(図1) 家系解析：和牛枝肉形質 QTL マップ

(図2) 枝肉重量のゲノムワイド関連解析



肥育去勢牛1,156頭を50K SNPチップでジェノタイピング、線形混合モデル（EMMAX）で解析。

には3つのメジャージーンが存在することがわかりました。しかし、GWASでは半きょうだい数が増えると構造化の問題が起きて精度が低下するため、黒毛和種ではこれ以上の解析はできないのです。

GWASによる産肉性の解析は限界に達しましたが、BOS1という660K SNPアレーを大量に購入していました。目下、使い道がありません。そこへ、鳥取県の田淵主任研究員からオレイン酸含量のGWASをやりたいという提案がありました。GWASでオレイン酸含量に関する有用な結果は出ませんでした。最終的に606頭のSNP型情報を得ました。これが後でゲノム選抜に役に立ちました。

黒毛和種産肉性遺伝子の特許化を目指して、2011年までにCW-1, 2, 3とMarbling-3の責任遺伝子を決めることまで進めました。では、それらのQTLは産肉性にどの程

(表1) CW-1, 2, 3の効果

CW-1, 2, 3の効果 - 1,156頭				
QTL	責任候補遺伝子	アレル置換効果 (kg)	P-value	Q頻度 (%)
CW-1	PLAG1	28.4	4.1E-14	75.4
CW-2	NCAPG	35.2	5.4E-12	20.0
CW-3	FDG3	48.3	7.9E-17	9.3

- ・ゲノム関係行列 (EMMAX)
- ・Pseudo-heritability:  $h^2 = 0.637$
- ・CW-1, 2, 3を固定効果とすると、 $h^2 = 0.408$
- ・CW-1, 2, 3で説明できる遺伝分散:  
(0.637-0.408)/0.637 x 100 = 36.1 (%)
- ・CW-1, 2, 3で説明できる全分散: 0.637 x 36.1 = 23.0 (%)

度の効果を持っているのか？ 枝肉重量の3つのメジャージーンの効果について、1,156頭で調べたところ、表1に示すように効果は大きいものの遺伝分散の36.1%、約3分の1しか説明できないことがわかりました。Marbling-3については、同じ1,156頭の集団での優良型の頻度は0.1%程度と低く、その

効果の評価はできませんでした。これでは統計遺伝学に基づいたBLUP法による育種価算定に勝てません。外部から常々言われていました「動物遺伝研のゲノム研究は遺伝病に役立つが、産肉性への貢献は全くない、統計育種であるBLUP法には適わない」の通りでした。何とかしなければ。

## 6. 2008年：ゲノム選抜への道のり

2008年に米国ではUSDAを中心に乳牛のゲノム育種価を算出しているという情報が入り、5月にAI事業体を含む関係者が集まり、10月の米国へ調査派遣を決めました。USDAとカナダは、BLUP育種価を持つ種雄牛8,000頭を訓練群とし、それらの50K SNP型情報からゲノム育種価予測式を立て、予測群である若雄のゲノム育種価を算出するというものでした（選抜済みの訓練群とこれから選抜する予測群のズレを補正するため搾乳牛群のSNPデータも後に加えられ、精度を向上させている）。この時のゲノム育種価とBLUP育種価の相関性は0.85ときわめて高いことが分かりました。2009年1月に米国ホルスタイン登録協会はそのホームページに種雄牛の育種価（EBV）と並んでゲノム育種価（GEBV）を掲載しました。「GEBVとは一体何なのか？」と国内の酪農関係者は驚きました。

私は、黒毛和種産肉性の解析で思うような成果が上がっていないこともあり、ゲノム選抜を考えました。しかし、米国と同じことはできません。黒毛和種の育種価評価された種雄牛の頭数は少なく、比較にもなりません。訓練群として肥育牛の成績を使うことしか可能性はないように見えました。しかし、肥育個体の産肉成績はBLUP育種価と比べ、表型値としての信頼性が貧弱に思え、到底使い物

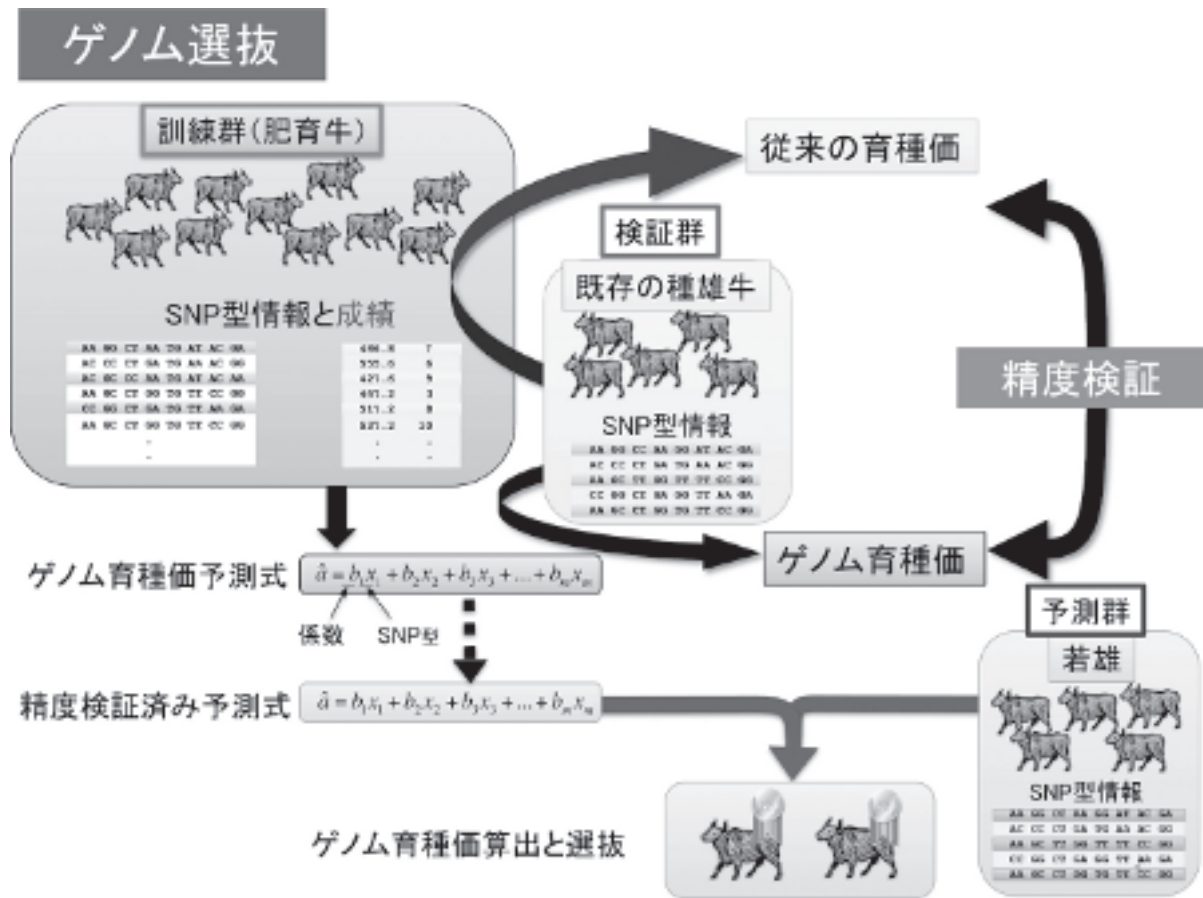
にならないように見えました。そういった状況のときに京都大学の祝前教授から50K SNP型情報を使わせてほしいという提案がありました。2009年12月に渡邊研究員と祝前教授を訪ね、産肉性能力をSNP型情報で予測するための打ち合わせをしました。その後の検討で産肉性6形質の内、枝肉重量がSNP型情報で説明できそうな様子でしたが、特に引きつけられるようなものではありませんでした。

2013年になって初めて期待できる結果が出ました。SNP型情報と産肉性6形質成績付きの芝浦・南港の肥育牛1,602頭を訓練群とし、検証群として鳥取県から提供された種雄牛の育種価とそのSNP情報を使い、血統情報の代わりにSNP情報を使うG-BLUP法でゲノム育種価を算出しました。産肉性6形質について相関性0.52–0.89のゲノム育種価が得られました。訓練群に鳥取県のデータを加えて2,555頭に増やしますと、相関性0.58–0.90となりました。参照群を増やすことでゲノム育種価とBLUP育種価間の相関性を改善できると確信しました。頼りない表型値でも数を増やせば使えるかもしれない。

## 7. 2013年11月：全国会議での方針転換

黒毛和種の肥育牛2,555頭からなる訓練群を使って、能力評価に希望が持てる結果を出しましたので、訓練群の規模を2万頭まで拡大することを考えました。11月に開催しました17道県の参加する全国会議で、「来年度から特定種雄牛産子からなる家系のQTL解析ではなく、ランダム集団を使うゲノム選抜に方針を変える」ことを打ち出しました。すでに来年度の予算も決まっている段階でしたので無理は承知でした。お金が無くなってしまった畜産技術協会に新たな負担を承知して

(図3) 黒毛和種で行っているゲノム選抜手法



ゲノム育種価を推定するため肥育牛からなる訓練群を構成します。それぞれの肥育牛はSNP型情報と産肉成績を持っています。SNP毎についてそのSNP型の成績への効果を係数で表したゲノム育種価予測式を作成します。この予測式はどの程度の正しいかを検証群で調べます。検証群は正確度0.95以上のBLUP育種価を持っている種雄牛からなります。この検証群のSNP型情報を調べ、SNP型を訓練群で作成したゲノム育種価予測式に代入し、ゲノム育種価を得ます。これらの育種価の相関性で予測式の精度検証をします。訓練群を増やすことで予測式の改善を図ろうとしています。最終目標は、予測群である若雄や繁殖雌牛の能力を正確に推定することです。

もらい、日本中央競馬会の畜産振興事業に応募し、2016年度までの事業費を確保しました。2013年12月にジェネティクス北海道の土門部長に説明し、さらに、2014年5月に岡山市と12月に熊本市で事業の説明会を開き、協力を依頼しました。家畜改良事業団・全農ET研究所も加わって、事業は加速しています。枝肉6形質について、ゲノム育種価とBLUP育種価間の相関性を0.85以上にするという目標達成は近付きました(図3)。

先行していた鳥取県で、後代検定中の若雄の脂肪交雑のゲノム育種価を出したところ、3頭に驚くほど高い予測値が出ました。検

定が終わって若雄の成績が出たとき、3頭ともほぼその予測が当たっていました。これに勇気づけられて鳥取県では県内の全繁殖雌牛3,000頭のゲノム育種価算出を実施しました。今や期待が先行している状況です。これから後代検定が終わるたびにゲノム育種価の正しさが検証されていくことになります。若雄の能力評価ができているのかどうかなど、これからやるべきことは山積しています。

2017年3月に動物遺伝研究所は閉鎖しますが、黒毛和種の育種に関係する皆様方によって、このゲノム選抜事業が継続発展していくよう願っています。

# 黒毛和種不良因子の ゲノム研究：その光と影

## 1. 不良因子のゲノム解析前夜： 生化学的な方法の限界

この連載の1回目に述べましたとおり、ウシの不良因子や経済形質のゲノム解析には正確なウシゲノム連鎖地図が欠かせません。このために相応しい地図は、1997年にUSDA-MARC（米国農務省肉畜研究センター）のDr. Beattieらが作成し、Gold Standardと評価されるほどでした。この地図によってウシゲノム解析は始まったと言えます。では、これ以前のウシの不良因子はどのようにして解明されてきたのでしょうか？そこでは専ら生化学的な方法が使われました。

黒毛和種におけるバンド3欠損症の原因変異解明はNOSAI山形（山形県農業共済組合連合会）の伴 顕 獣医師らの先覚的な仕事から始まりました。1994年頃山形県内の黒毛和種子牛に見られた貧血がきっかけになり、赤血球の成分分析からバンド3タンパク質の欠損が分かり、バンド3遺伝子の変異が検出されました。黒毛和種の血液凝固第XIII因子欠損症や、ホルスタイン種に見られた白血球粘着不全症（BLAD）・ウリジル酸合成酵素不全症（DUMPS）の原因変異の解明でも生化学的な方法が威力を発揮しました。

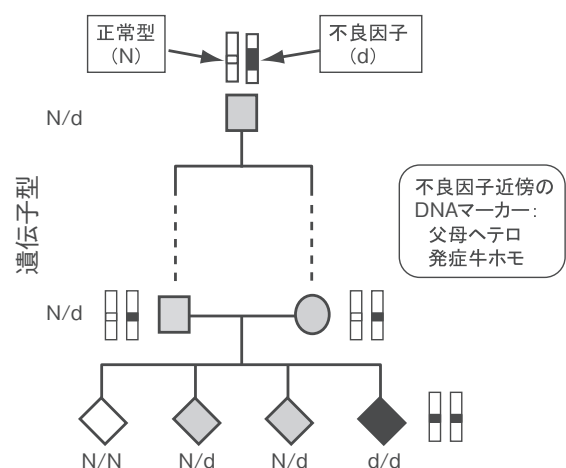
しかしながら生化学的な方法は万能ではありません。たとえば、腎臓にキサンチンが蓄積するキサンチン尿症（モリブデン補酵素欠

損症）は、キサンチン代謝に関係するキサンチン脱水素酵素ではなくモリブデン補酵素硫化酵素（その当時未知）の変異が原因でした。また、甚大な被害をもたらしていたと思われる腎尿細管形成不全症（クローディン16欠損症）などの解明には全く無力でした。モリブデン補酵素欠損症もクローディン16欠損症もゲノム解析の方法で解決しました（後述）。

## 2. 1996年：黒毛和種不良因子の ゲノム解析始まりと引き起こされた混乱

ほとんどの不良因子は常染色体性劣性遺伝病の原因変異です。図1に示しますように、不良因子が発生した始祖牛の後代の父親と母

（図1）不良因子の遺伝様式



不良因子を持つ始祖牛の後代同士を交配して発症牛が出るのが常染色体劣性遺伝病の典型的なケースです。性染色体に変異がある場合は、産子の雌に比べて雄に頻発します。発症産子の症状が同じでも、異なる不良因子が原因ならマッピングできません。稀に複数の遺伝子変異が原因となっている場合もあります。

親がその不良因子を保因すると、その産子は25%の確率でホモ化して発症します。つまり、原因変異の領域は、発症個体ではホモ接合体となり、その両親ではヘテロ接合体になっています。ゲノム解析では発症個体とその両親のDNAマーカー型を調べ、発症個体はホモ、かつ、両親ヘテロのDNAマーカーを探します。発症個体が多いほど、正確に原因変異の位置を決めることができます（マッピングと言います）。この考えでマッピングできれば、その不良因子は常染色体劣性遺伝病の原因になっていると言えます（図2）。

1996年頃から複数の県の担当者が、研究員（当研究所の研究員にはそれぞれ担当する道県を決めていました）と密かにDNAマーカーの型判定をするようになっていました。当然ながら遺伝病についてなかなか教えてくれません。岐阜県の小林直彦主任技師は、発症牛17個体と1997年のゲノム地図を使って不良因子をマッピングすることに成功しました（図3）。発育不全タイプ1とだけ研究所年報（平成9年度）に記載され、どの県がマッピングしたのかも、マッピングできた染色体も明らかではありません。岐阜県だけでなくどの県も風評被害を恐れていました。他県では承知のことでも隠すのです（この傾向は今でもあります）。

この不良因子、腎尿細管形成不全症（後に、クローディン16欠損症と呼ばれる）はDNAマーカーのBM9019への強い連鎖がありました。しかしながら、BM9019からその両隣のBMS4030とINRA119間の距離は10cM（1,000万塩基対）もありました。当時、岐阜県では2002年の全国和牛能力共進会のための雄牛選抜をしており、不良因子を保因していない若雄を選ぼうとしていました。ある日、岐阜県肉用牛試験場の中丸場長が候補若雄7-8頭

（図2）ゲノム解析の原理：常染色体劣性遺伝病のマッピング

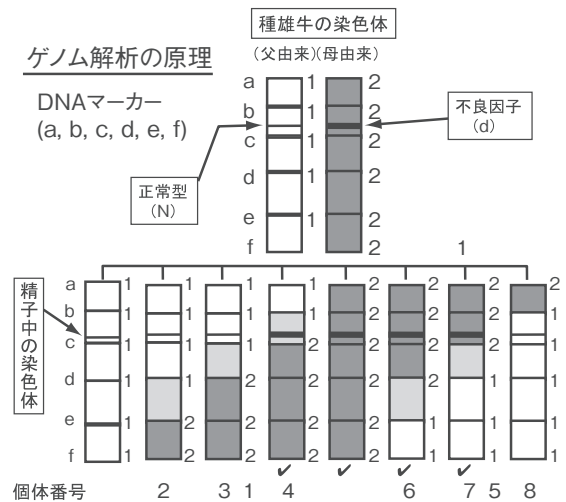
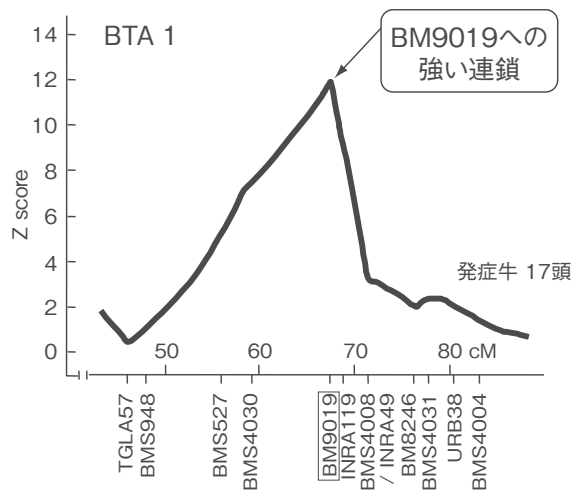


図2では、種雄牛の母由来の不良因子（d：正常な対立遺伝子をNとする）をDNAマーカーbとcの間に想定しています。個体4や5のように不良因子の近傍で組換えが起こるとDNAマーカーの遺伝子型だけでは保因かどうか判定困難です。個体4-7を保因としています。この中に母からも不良因子を受け取ってホモ化していれば、不良因子周辺のDNAマーカー遺伝子型は2の割合が高くなりますので、マッピングできるわけです。

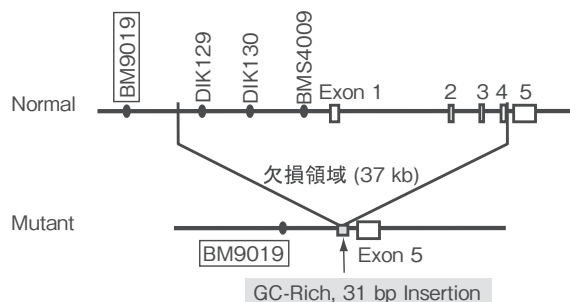
（図3）発育不全タイプ1（腎尿細管形成不全症）のマッピング



のDNAマーカー型判定結果を持ってやってきました。「試験場で保因か否かを判定しようとしたが、できなかったのでぜひ判定してください」ということでした。候補若雄の父は平茂勝でした。この父は不良因子と連鎖しているBM9019アレル（遺伝子型）と同じアレルをたまたま持っていました。私は、染色体組換えは1箇所以下という考えでハプロタ



(図4) 腎尿管形成不全症(クローディン16欠損症)の欠損変異



イプを予想し、若雄の保因か否かの印を付けていきました。中丸場長はその手書きのメモを「ありがとうございます」と言って持ち帰りました。遺伝子検査ができるようになって調べた結果と一致していたのでほっとしましたが、危ない判断でした。

### 3. 1998年2月：腎尿管形成不全症(クローディン16欠損症)の遺伝子診断法の確立

腎尿管形成不全症の原因変異の決定では、平野研究員が強運なところを見せました。この成果をまとめた論文を査読したUSDA-MARCのDr. Beattieは、「これはフェアじゃない」と言っていました。当時のゲノム解析用ツールでは、候補領域の1,000万塩基対を調べることは無理なため、BM9019周辺の10万塩基対(候補領域の1%に相当)からDNAマーカーを開発することにしました。

BM9019周辺の10万塩基対からDNAマーカーとしてDIK129・DIK130・DIK131(BM4009と同じでしたが、元のプライマー設計が良くなかったため扱いにくいので使っておらず再発見でした)を開発し、型判定したところ、3マーカーとも発症牛とその両親の間で親子関係が成り立たないことに気付きました。不良因子と関連する欠損アレルを想定すれば親

(表1) CL16欠損症診断と脂肪交雑育種価

平準化事業における脂肪交雑育種価(BMS No.)		
(1999)	(2005)	(2009)
P191: 3.87	P191: 3.87	P421: 3.90
P150: 3.47	P421: 3.86	P647: 3.79
P232: 3.10	P317: 3.79	P555: 3.77
P162: 2.96	P465: 3.42	P646: 3.64
P204: 2.93	P433: 3.14	P465: 3.42
P263: 2.78	P232: 3.10	P602: 3.34
P153: 2.74	P375: 2.98	P433: 3.25
P272: 2.70	P428: 2.88	P526: 3.03
P147: 2.58	P291: 2.85	P569: 2.99
P214: 2.56	P445: 2.70	P616: 2.97

保因牛、父または母の父が保因

保因牛は四角で囲み、父または母の父が保因の非保因産子である種雄牛には下線を引いています。

子関係が成り立ちます。近接している3マーカーすべてが欠損アレルを持つということはこの領域に欠損変異がある。その後の展開はスムーズでした。ここに37kbの欠損があり、新規遺伝子のエクソン1-4が含まれていました。配列を調べると京都大学の月田教授のグループが研究しているクローディンファミリーに属すると思われました。月田教授と連絡を取り、16番目のファミリーだからクローディン16(CL16)と命名しました。

しかし、正常と欠損変異を区別できる遺伝子診断法の確立は大変でした。この領域はGCリッチなためPCR増幅できないのです。平野は、考えられるかぎりのPCRプライマーを試しました。農水省の家畜生産課担当補佐からは毎日のように「未だか」「未だか」の電話がありました。表1に示しますように当時の家畜改良事業団のトップテン種雄牛の内、脂肪交雑育種価上位4頭が保因なため、能力を落とさずに後継種雄牛をどうやって作るかは大問題でした。ようやく間に合ったようです。遺伝子診断ができれば、不良因子を持っていない後代を選抜できます。このような選抜は脂肪交雑の能力に悪影響は無かったようです。

その半年後にヒトの遺伝病の原因として

Paracellin 1 (CL16と同じ遺伝子)の変異がScience誌に掲載されるという出来事がありました。岐阜県内の行政的な対応のため1年間発表を見合わせていたところでした。研究者にとって成果がメジャーな雑誌へ掲載されることは名誉なことです。周囲の理解を得て投稿しましたが、やはり2番煎じ扱いされました。もう一つの残念なことは、特許の権利を放棄したことです。当時は研究成果を個人の特許にするのはいかなるものかというような風潮でした(なんとその直後に風潮は変わり、論文発表より特許化となりました)。

#### 4. 1998-2016年：連続した不良因子の解明と現在までの成果

クローディン16欠損症に続いて、ウガンダ出身のAgaba研究員と鹿児島県肉用牛改良研究所の山口主任研究員は、チェディアック・ヒガシ症候群(CHS)を解明しました。2015番目のヒスチジンがアルギニンに変わるミスセンス変異でした。診断法が確立したので大々的な遺伝子検査を実施できるはずでしたが、鹿児島県は致死的な変異ではないという理由で結局2年間引き延ばしてしまいました。この間、情報の無い他県に変異が広がったかもしれません。

渡邊研究員は大分県のキサントシン尿症(モリブデン補酵素欠損症)の原因変異を突き止めました。大分県では過去に2回発症が頻発し、その都度交配の調整で凌いできましたが、3回目には対処できなくなり、京都大学と私たちに不良因子解明を依頼したのです。渡邊は、キサントシン尿症をマッピングして劣性変異であることを明らかにし、このキサントシン尿症はII型であり、ショウジョウバエのma-1変異株と同じII型であることを突き止めました(ショウジョウバエでは眼の色が栗色に

なるだけ)。さらに渡邊は、米国エモリー大学のFinnerty教授らによるハエma-1遺伝子の部分配列決定を知り、教授から配列情報を提供していただきました。この情報を基に未知のMolybdopterin cofactor sulfurase(MCSU)遺伝子を決定し、257番目のチロシン欠失となる3塩基欠損変異がキサントシン尿症II型の原因であることを示しました。褐毛和種の軟骨異形成性矮小躯体症は熊本県にとって厄介な不良因子でした。1997年に熊本市で開催した講演会で、熊本県の佐藤敬明研究参事が、竹田研究員と行った不良因子のマッピングを報告したとき、聴衆から喜びの声があがりました。この不良因子について岡山大学の国枝教授らと競争していましたが、進展しません。東京の武蔵境で開催された畜産学会への途中で国枝教授と会い、共同研究を持ちかけました。熊本県の収集したサンプルと九州東海大学の収集したサンプルを併せ、竹田が獅子奮迅の活躍をしました。同じ遺伝子に2種類の変異を見付け、竹田はこの新規の遺伝子をLimbinと命名しました。褐毛和種の主な2系統のLimbinにそれぞれ異なった変異があったのです。Limbinの隣にヒトの低身長などの症状を示すEllis-van Creveld syndromeの原因遺伝子EVCがありました。数年後にヒトでEVC様の遺伝病の原因としてLimbinが同定され、LimbinはEVC2と名前が変えられたのは残念なことでした。

県にとって大学は不良因子をあからさまに宣伝する困った存在でしたが、動物遺伝研は県の意向を尊重してくれるという違いがありました。しかしながら、難題に立ち向かうには大学と協力した方が良いに決まっています。Limbinの研究はその模範例になりました。2001年1月に、それまでの和牛の不良因

子解明の功績が認められ、私たちは、NOSAI山形・東京大学・岡山大学などと2000年度の畜産大賞を頂きました。

**表2**にその後も含め、和牛の不良因子診断法をまとめています。ホルスタイン種の横隔膜筋症も入れました。ほとんどは劣性変異ですが、マルファン症候群は優性変異、受胎障害はANXA10の寄与が大きい量的形質(QTL)でした。

マルファン症候群以降は、次世代シーケンサーやSNPチップが活用され、解析技術が大きく改善されました。また、県の不良因子に対する姿勢も変化が見られます。最近のバーター症候群タイプ1（胎膜水腫として発見）では、鳥根県の行政・農協・NOSAIの組織的な協力を得て、症例発覚から2年も立たないうちに診断法が完成してサーベイでき、発症予防の体制を整えました。

宮崎県の前肢帯筋異常症（FMA）は大分県のキササンチン尿症と似た経緯を辿っており、2回の交配調整で克服できず、ゲノム解析となりました。岡山大学大学院生の秋山君が15塩基対というとても短いエクソンを見逃すこと無く変異を発見しました。現在、指定遺伝的不良形質に指定され、発症予防の取り組みがおこなわれています。

**5. 2012年からの試み：SNP型情報から不良因子を検出**

全ゲノム配列の解読、大量のSNP型判定システムの確立、エクソーム解析というタンパク質をコードする部分だけを濃縮して解読する技術などゲノム解析のツールは急速に改善されてきました。しかしながら、ヒト遺伝病においても解明されるのは3割程度に留まっています。同じ有害な変異が個体によって異なった影響を与えること、および、同じよう

(表2) 和牛の不良遺伝子診断法

◆ 不良因子 (ほとんど劣性)	◆ 原因遺伝子 (ほとんどエクソンの変異)
バンド3欠損症	SLC4A1 (稲葉ら, 1996)
第13因子欠損症	F13A (小川ら, 未発表)
チェディアック・ヒガン症候群 クローディン16欠損症 (タイプ1&2)	CHS1 (Agabaら, 2000) CL16 (平野ら, 2000 & 2002)
モリブデン補酵素欠損症	MCSU (渡邊ら, 2000)
軟骨異形成性矮小軀体症	LIMBIN (竹田ら, 2002)
横隔膜筋症	HSP70 (杉本ら, 2003)
眼球形成不全症	WFDC1 (国枝ら, 2009)
マルファン症候群 (優性)	FBN1 (平野ら, 2012)
前肢帯筋異常症 (FMA)	GFRA1 (国枝ら, 2012) IARS
IARS異常症	(平野ら, 2013) FGD3 (高須賀ら, 2015) SLC12A1
骨格粗大症 = CW-3	(佐々木ら, 2016) ANXA10
バーター症候群タイプ1 (BAS1) 受胎障害 (QTL)	(佐々木ら, 2016)

困んだ12種の不良因子の解明に動物遺伝研は関わりました。原因遺伝子の次の括弧は論文の先頭著者名と発行年です。前肢帯筋異常症の論文は投稿予定です。

な疾病が異なる遺伝子の変異で起こるという2つの問題があります。ヒトの場合と比べ、ウシの診断情報は貧弱なため解明できる確率はもっと低いでしょう。また、ヒトでもウシでも胚や胎児(胎子)の時期に流産するケースでは、解析のためのDNAサンプルが入手できないので全く無力です。

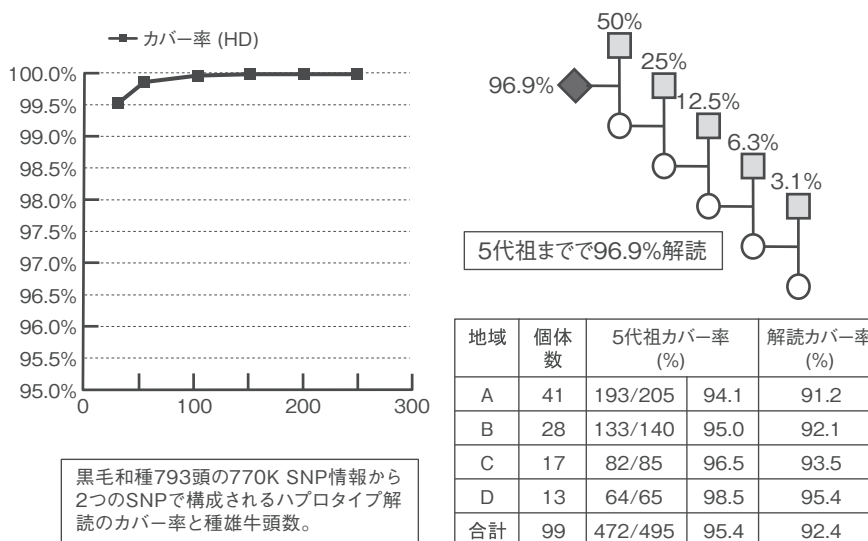
2012年にUSDA-ARSのDr. VanRadenらは、ホルスタイン種などの乳用種約10万頭のSNP型情報を使って、有害な変異の検出を報告しました。SNP型情報でハプロタイプを再構成し、健常牛集団にホモ接合体がない場合、そのハプロタイプは有害な変異を含むという解析です。HH 1・HH 2など5種の致死性変異を検出しました。HH1は胚死滅を引き起こすAPAF1の変異でした。佐々木研究員は、同様な手法で黒毛和種について解析しました。黒毛和種の健常集団4,843頭のSNP型情報を使って**表3**に示すように7つの有害変異領域を見つけました。

領域番号1と2はクローディン16欠損症の変異そのものでした。領域番号4は骨格粗大症の原因変異を含み、領域番号5はIARS異常症の変異でした。IARSの変異は子牛損耗

(表3) SNP型情報による有害変異候補領域

領域番号	染色体	領域 (Mb)	ハプロタイプ長 (kb)	ハプロタイプ構成 SNP数	ハプロタイプ頻度	ホモ接合個体数 (4,843頭中)		原因遺伝子 (疾病名・表現型)
						期待値	観測値	
1	1	72.5-73.0	504	10	4.9%	11.8	1	CL16 (CL16欠損症)
2	1	75.3-76.8	1,548	21	4.9%	11.5	1	?
3	4	70.6-71.4	777	6	4.5%	9.9	0	(子牛損耗)
4	8	68.8-81.3	12,495	157	4.6%	10.2	0	FDG3 (骨格粗大症)
5	8	82.6-88.9	6,286	85	5.2%	13.0	0	IARS (IARS異常症・胚死滅)
6	10	29.7-34.1	4,406	54	5.0%	11.9	0	?
7	17	67.5-74.9	7,460	115	4.5%	9.7	0	(胚死滅) 未発表 (胚死滅)

(図5) エクソーム解析の解読カバー率



だけでなく、授精記録の解析から授精後30-60日で胚の死滅ももたらしていました。領域番号7は新規の胚死滅原因変異でした。領域番号3と6はそれぞれ子牛損耗と胚死滅の原因変異を含んでおり、その解明を進めているところです。

## 6. エクソーム解析による遺伝子多様体データベースの構築

SNP型情報による有害変異の探求で痛感したのは、SNPのような点の情報だけではなく、線の情報であるDNA塩基配列と変異の頻度情報までレベルアップする必要性でした。人工授精の普及しているウシの集団なら予め要

となる種雄牛のゲノム構造を調べ、すべての有害な変異を網羅することで、流死産や子牛損耗を未然に防ぐことができるかもしれません。ほとんどの有害な変異はタンパク質をコードするエクソン領域に検出されていますので、エクソンすべての1つ1つの塩基配列を解読するエクソーム解析を行い、黒毛和種の変異を網羅した遺伝子多様体を作ることになりました。頻度情報を正確にするにはできるだけ多数の種雄牛のエクソーム解析が必要です。図5にエクソーム解析の解読カバー率の推測を示します。

図5の左側では隣り合った2つのSNP間をすべて解読するのに必要な種雄牛頭数を推測し

ています。100頭程度でほぼ完璧に解読できそうです。右側に菱形の任意の個体の解読率を示しています。任意の個体の配列には、父の配列が50%含まれ、母の父の配列は25%含まれます。父系5代祖まで解読すると任意の個体の96.9%まで分かることとなります。私たち動物遺伝研はコンソーシアムを構成する道県等に歴代の種雄牛の凍結精液の提供をお願いしました。提供して頂いた中から後代数の多いものなどを条件に500頭を選びました。その500頭での5代祖までの解読カバー率を4県の若雄99頭について調べましたところ、92.4%と予測できました（2015年時点）。時が経てば6代祖、7代祖も情報が得られますので、カバー率は上昇するでしょう。

2015年から佐々木は東京大学の鈴木 穰教授らと種雄牛500頭のエクソーム解析を進めています。2016年度中に解読は終わり、2017年度には遺伝子多様体データベースの構築まで進みます。すでに、種雄牛96頭のエクソームデータが得られた段階で、表3の領域番号7の胚死滅の原因となる遺伝子(投稿準備中)の変異が解明できました。これからも、収集しています10,000頭の授精記録や300頭の死亡子牛サンプルを使って有害な変異が明らかになって行くことを期待しています。

## 7. 最後に

3回の連載を動物遺伝研の年代記にしようと書いてきました。主として黒毛和種で成功裡に終えたことが中心です。連載に含まれていないホルスタイン種の繁殖性や乳房炎抵抗性の研究には、日本ホルスタイン登録協会北海道支局の山下部長らと全農ET研究所の青柳所長から協力を頂きました。また、民主党政権下の事業仕分けで動物遺伝研の存続が難

しくなってきた際、青柳所長を始め心配してくださった方々にこの場をお借りして御礼申し上げます。これを契機に存続を懸けて農林水産技術会議の競争的資金獲得に臨み、そのおかげで研究の集大成ができたと思います。今年度末の動物遺伝研閉鎖については、私自身年も年ですし、所期の目標を何とか達成した上、渡邊・佐々木という良き後継に恵まれ、申し分ありません。残念なことにTPP対策と称して私どもの獲得した基礎研究費は2016年度に一律の削減となり、政権が変わっても依然として険しい将来が待っているようです。引き続き研究を展開していくため皆様のご協力を切に願います。この連載をお読みになり、ウシゲノム研究はこれから何を目指して何を成し遂げようとしているかご理解頂けたら幸いです。

## (3) 牛ゲノミック評価の生産現場での活用による生産の合理化

一般社団法人 家畜改良事業団 専務理事 松尾 昌一

### はじめに

我が国の畜産は新たな国際化の時代を迎えており、資源に恵まれない我が国が海外と競争していくためには技術で品質による差別化や生産性の向上等を図っていく必要がある。家畜改良事業団（以下「事業団」）は日本中央競馬会の畜産振興事業（以下「JRA事業」）の支援を受け、これらの課題への対応に有効なゲノミック評価（以下「G評価」）の実用化とその利用推進に取り組んできた。以下、その一端を紹介する。

### 1. 家畜改良増殖上のG評価技術の意義

技術の発展は、どの分野・どの技術でも連続的に改善、改良されていくものであろうが、時々革新的な技術が現れ、当該技術が利用されるだけでなく、生産体系や制度等の仕組みにも大きな変容をもたらす場合がある。

家畜改良増殖の分野でもこれまで多くの技術革新が起こっている。家畜の遺伝的能力の評価技術について言えば、H4年にBLUP法アニマルモデルによる乳用牛の遺伝的能力の評価が始まり、それまでになかった信頼度での遺伝的能力の評価を可能とした。そのBLUP法から約20年を経て、G評価技術が実用化された。G評価は個体ごとの遺伝的能力をより高い信頼度で、かつ生後すぐにでも推定できる点で、従来のBLUP法を超える革新的な技術と言える。

### 2. 牛G評価の実施状況

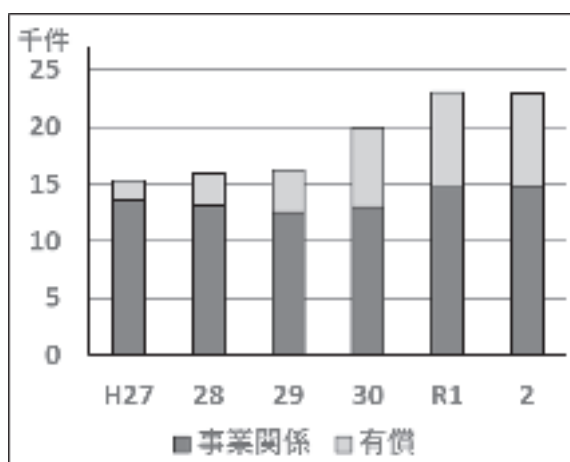
#### (1) 乳用牛におけるG評価

乳用牛の場合、後代検定や牛群検定等の改良事業が全国統一的に行われてきた経緯やインターブル（国際評価）に国として参加する必要もあって、遺伝的能力評価は（独）家畜改良センター（以下「NLBC」）が実施することとされている。

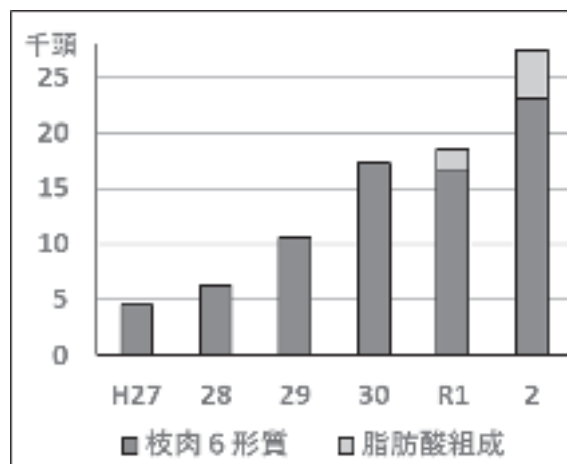
我が国の乳用牛のG評価はH25年11月にNLBCが未經産牛のG評価を開始し、H29年からは検定済種雄牛、若雌牛、経産牛のG評価を開始した。

乳用牛のG評価に必要なSNP検査は事業団の家畜改良技術研究所が担っている。図1に、事業団が実施した乳用牛のG評価のためのSNP検査件数を示した。これは各年度に新規にG評価を実施した頭数を意味する。新規にG評価された乳用牛頭数は、補助事業によるものを含め、R2年度には約2万3千頭と

(図1) 乳用牛のG評価のための新規SNP検査件数



(図2) 家畜改良事業団における肉用牛の新規G評価頭数



なっている。

## (2) 肉用牛におけるG評価

肉用牛のG評価についてはH20年代の前半から関係機関・団体や道県が実用化に向けた研究に取り組み始めた。肉用牛の場合、種雄牛造成が道県・団体ごとに行われており、そのための産肉能力検定も遺伝的能力評価も道県・団体別を実施している。

肉用牛G評価の実施頭数は公表数値がないので、事業団が実施した各年度の新規評価頭数（事業関係を含む）を図2に示した。H30年頃から評価依頼が急速に増加し始め、R2年度には約2万7千頭となっている。

## 3. 肉用牛G評価の実用化

### (1) 枝肉6形質と脂肪酸組成

事業団では、それまでの調査研究を踏まえ、H24年度からのJRA事業「SNP活用効率的肉用牛生産技術開発事業」(H24～H26)で枝肉6形質のG評価に取り組み始めた。事業3年目には一定の成果を得たが、育種改良への利用については慎重さが求められたため、枝肉6形質のG評価が実用レベルにあるかを検証すること等を内容とする「肉用牛ゲノミック評価検討事業」(H27～H29)に取り組んだ。

最終年度のH30年1月に検証委員会を開催し、外部の専門家に客観的に評価してもらい、「枝肉6形質のG評価は実用レベルにある」との評価を得た。

また、別途に取り組んでいた「乳肉用牛増頭等生産システム高度化推進事業」(H29～R1)において、脂肪酸組成のG評価を実用化し、R元年9月から雌牛のG評価の受託を開始した。

### (2) 肉用牛G評価の正確度の確保

G評価は、血統情報、SNP情報及び表型値を有する多数の個体群（リファレンス集団あるいは参照集団と呼ばれる）のデータを用いて計算される。G評価は従来の育種価より正確度が高いと言われるが、G評価の手法を使えば何でも正確度が高くなるということではない。リファレンス集団は大きいほどいいが、高い正確度を確保するためには、血統情報は通常5代祖まで、SNP情報は1万頭分以上、表型値は数万頭分の情報が必要である。

量だけでなく質的にも、血統情報は間違いがないこと、SNP情報は1頭当たり数万個、表型値は客観的・正確に測定されたデータが求められる。また、多様な個体を評価するためにはリファレンス集団に系統的な偏りがなく、各系統・分集団を網羅していることが重

要である。さらに、新しいリファレンスデータが逐次追加される必要がある。これらの条件を満たして始めて、G評価の正確度は確保されると言える。

事業団では、枝肉6形質を例にとれば（R3年6月評価時点）、血統情報は5代祖まで330,044頭、表型値記録は52,465頭分、うち13,931頭はSNP情報を持っている。SNP検査はLIAJ custom\_50vl（XTチップ）を開発し、1頭当たり約5万個のSNP型を直接検査し、うち39,428個をG評価に用いている。リファレンスデータとして後代検定の候補牛（年間約30頭）と調査牛・同期牛（年間約4,000頭）を定期的に追加し、検証を行いながら古いデータは削除している。後代検定の調査牛は23道県の委託団体に無作為交配で生産してもらい、全国11か所で肥育してもらっている。

### （3）評価形質の拡充

枝肉6形質や脂肪酸組成のG評価の実用化などの事業成果を積極的に公表したこと等によりG評価への関心が高まるとともに、評価形質の拡充が求められた。

このため、県の畜産主務課や試験場を対象とした情報交換会、研究者や農協、生産者等を対象とした検討会を開催し、G評価のニーズ及びシーズ（必要なデータの所在先や最新の研究動向等）の把握に努めた。G評価への期待が高まるにつれ、現場ニーズは表型値の測定やDNA試料を収集することが難しい形質になってきた。

これらを踏まえ、H30年度からのJRA事業「肉用牛ゲノム情報活用推進事業」において、発育や飼料利用性等のG評価に向けたSNP情報や表型値等の収集に取り組んだ。しかし、飼料利用性等については10県の畜産試験場の協力も得て取り組んだが、有効な個体情報を十分に収集することが困難であった。一方、

生時体重などの発育形質についてはリファレンス集団の拡充等が課題として残った。

残った課題に対応し、また現場ニーズに対応した新たな形質のG評価の実現に向け、R3～R5年度のJRA事業として、以下の3事業による取組を開始した。

「肉用牛改良形質情報収集強化事業」においては、前事業で課題として残った年間数千頭規模の個体情報を収集する仕組みをつくり、現場ニーズの高い発育関連形質（生時体重、期間DG等）の実用化を図る。また、表型値を客観的な数値で計測することが困難であった牛の“気質”などの形質をICTで得られる数値化されたデータを用いることによってG評価の対象にできるかを追求する。

「牛肉の食味指標の遺伝的評価研究開発事業」においては、牛肉を食べた時の性質を表わす食味指標（食感、味、におい）のG評価の実用化を目指している。

「乳用牛の新たな改良手法開発事業」においては、乳用牛改良にかかる関係機関・団体と連携し、暑熱耐性などのG評価の実用化に取り組んでいるところである。

## 4. G評価技術獲得の意味

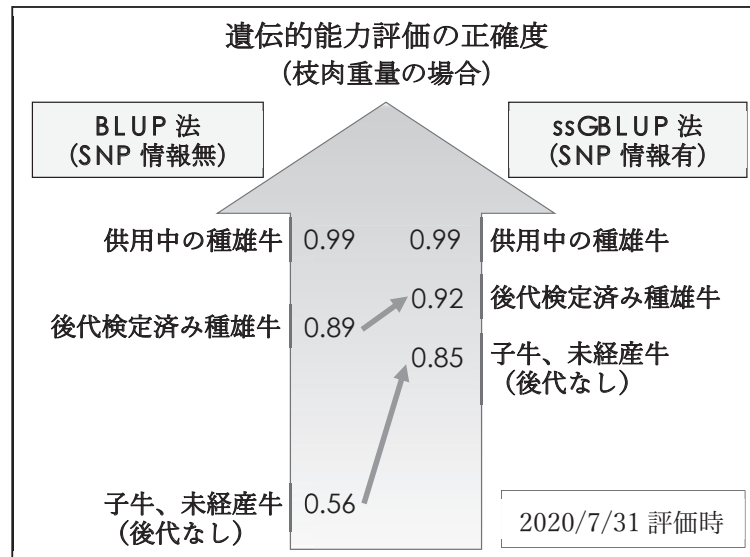
### （1）G評価の特質

G評価の特質は、前述した正確度が確保されていることを前提にすれば、次のようなことと言える。

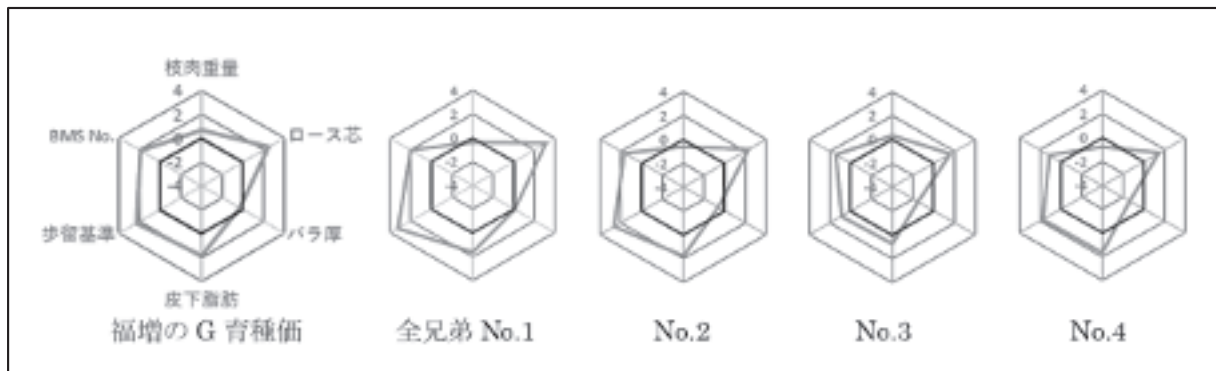
①G評価は従来のBLUP法による育種価評価にSNP情報を追加しているため、より正確度が高い（**図3**）。後代の成績が十分にあり供用牛では従来法と同じ程度の正確度だが、後代検定成績（15～30頭分）が揃った段階ではG評価の方が数ポイント高い。注目されるのは、後代の成績のない子牛では



(図3) 遺伝的能力評価の正確度



(図4) 種雄牛「福増」を父とする全兄弟の枝肉6形質のG育種価の例



従来法に比べ正確度が格段にあがることである。

- ②このため、G評価は生後すぐにでもかなりの正確度（従来法での後代検定済み種雄牛の正確度に近い）で育種価が推定できる。従来の育種価では自分の最初の産子の成績が出るのは5歳くらいで、産子1頭の成績を入れても後代の成績なしのG評価の正確度に及ばない。
- ③G評価は各個体のSNP情報が反映されるので、全きょうだいでも1頭ごとに育種価が算出される（従来の育種価では両親平均なので全きょう代いは同じ値）。**図4**は受精卵移植で生まれた4頭の全兄弟の枝肉6形質のG育種価の例である。BMS、歩留基

準値、ロース芯面積の育種価が高いという父の特徴を受け継ぎ、お互いに似通っているが、1頭ごとに異なる。

- ④正確度が高いので、両親のG育種価の平均（PA）で産子の能力がある程度予測可能である。**図5**はBMS No.のPAと産子のBMS No.（表型値）の関係を示している（両親ともSNP情報をもつ457頭の去勢牛のデータ）。飼料や肥育期間等の環境の影響はあるが、相関係数が0.59と、一定の相関がみられる。PAの高い産子はBMS No.も期待できるということである。図をみると、BMS No.のPAが3以上になるような交配をすれば、ほとんどの産子はBMS No.が8番以上（5等級）になることを示している。

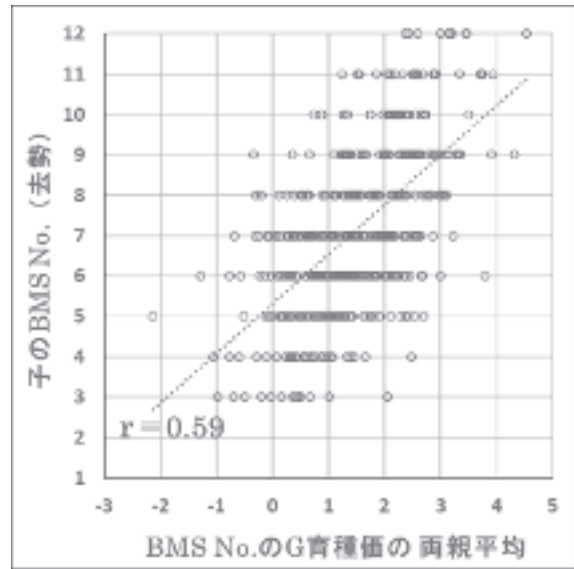
## (2) G評価技術獲得の意味

上記の特質が何を意味するのかを肉用牛を例に考えてみる。

- ①正確度が高いので選抜の精度が格段に向上することになり、今まで困難であった遺伝率の低い形質（ある程度の遺伝率は必要）でも改良できる可能性がでてきたことを意味する。
- ②生後すぐにでも育種価がわかるので、5、6歳まで待たなくても次世代繁殖牛を取る雌牛の選定が早期にでき、かつ産まれてきた雌子牛のうちどの牛を繁殖向けに残すかの選抜が可能になった。これは雌牛からの改良が可能になったことを意味する。これまではあれもこれもを種雄牛の能力に頼っていたが、例えば、繁殖牛群の発育形質の能力を高めておけば、BMSの育種価の高い種雄牛を交配することにより、肥育期間を短縮しても高い肉質等級になる可能性の高い肥育素牛が生産できる。
- ③全きょうだいでも個体ごとの育種価がわかるので、全きょうだいの中からより能力の高い繁殖向け雌牛を選抜することが可能になったことを意味する。
- ④両親のG育種価平均（PA）で産子の遺伝的能力がある程度予測できるということは、産子の遺伝的能力をある程度コントロールできるということの意味する。PAを計算しながら交配する種雄牛を選べば、望む形質の遺伝的能力の高い肥育素牛を得ることが可能になる。**図5**がその例である。また、PAを見て肥育素牛を揃えれば、遺伝的能力に応じた合理的な肥育が可能になる。

ただし、G評価自体の正確度が十分に確保されていないならば、これらのことは意味をなさない。

(図5) BMS No.のG育種価の両親平均 (PA) と子の表型値との関係



## 5. ゲノミック評価の活用例

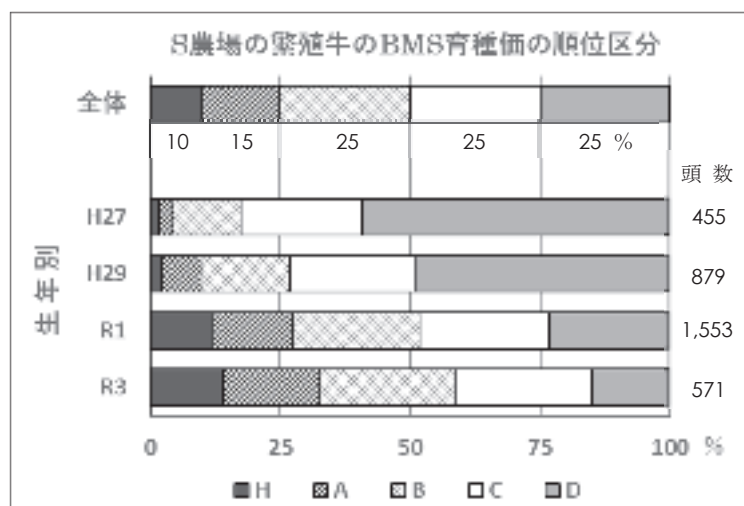
以上のようなG評価の特質から、G評価を活用することによって、これまでできなかった、より合理的な酪農・肉用牛生産が可能になる。

### (1) 優良更新牛の確保

乳用牛を例にすると、更新牛は能力が高い牛から取りたいが、従来の育種価が判明するのは1産目の泌乳成績が出てからで、2産目を産む頃になる。優良牛からは確実に更新牛を取りたいので性選別精液を使いたいですが、経産牛での性選別精液の利用は受胎率の心配があるという問題があった。

G評価の利用で子牛時に遺伝的能力が高いことが判明すれば、未經産牛からでも更新牛が取れる。未經産牛であれば性選別精液の受胎率の問題は小さく、雌子牛であれば初産でも難産の心配も小さい。世代間隔を短縮でき、改良速度が向上する。更新牛を取らない牛ではF1生産やETによる和子牛生産を行い、副産物収入を増やす道が開ける。

(図6) S農場の繁殖牛のBMS No.のG育種価の生年別順位区分



## (2) 優良な繁殖牛群の整備

肉用牛では、繁殖牛の産肉能力をみるには産子の肥育成績をみる必要があるが、自分が出荷した子牛の肥育成績を繁殖農家が知ることはまずない。このため、遺伝的な産肉能力を見てあらかじめ更新牛を取る牛を選んでおくというよりも、何産かさして子出しの良さや飼い易さ、血統などがいい牛が雌子牛を産んだら更新牛にするという対応が多く、計画的に遺伝的能力に優れた繁殖牛群を整備するという考えは少なかった。

しかし、雌牛のG評価を行い、能力の高い牛を繁殖向け牛の生産牛とし、形質ごとのG育種価をみて、伸ばしたい形質あるいは劣っているのを改良したい形質等に適した種雄牛を選定して交配すれば、望ましい能力の子牛が生産できる。産まれた子牛はG評価で遺伝的能力を確認し、繁殖向けに育成する牛を選抜すれば効率的に優良繁殖牛群を整備できる。

事業団では、G評価の結果は形質ごとのG育種価とともに、全体の中のどの辺りの水準にあるかがわかるように、HABCDの順位区分を示している。HABCDは全評価牛のうち全国の繁殖牛集団に近い3年～7年前生まれの

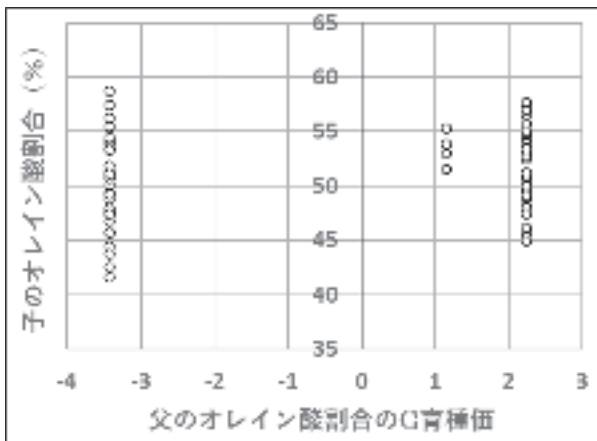
雌牛集団（基準集団）にあてはめたときに上位からそれぞれ10%、15%、25%、25%、25%の範囲に位置していることを示している。図6は、大規模経営体S農場（1つの肉用牛産地に匹敵する）の繁殖牛における生年別のBMS No.のG育種価の順位区分である。S農場ではH29年秋からG評価を実施しており、その後、G評価をうまく活用することにより短期間にG育種価の上位牛の割合が増大している。肉用牛産地においても地域全体での取組によって、地域で生産される肥育素牛全体の評価の向上は可能であろう。

## 6. さらに高度な生産体系の提案

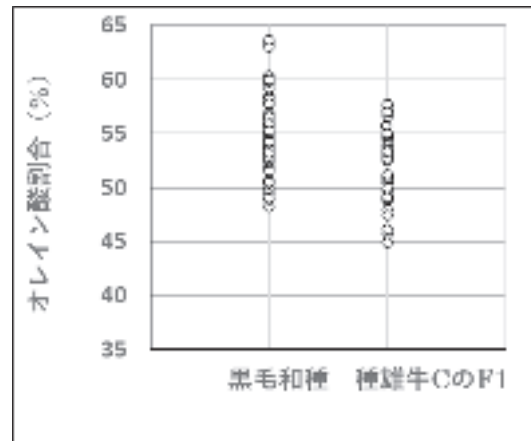
G評価実施の目的は遺伝的能力を知ることではなく、G育種価を生産性や品質の向上、経営の合理化に活かすことである。

このような考えから、R2年度からのJRA事業として「肉用牛の高度生産体系確立・普及事業」に取り組んでいる。本事業は、G評価を中心に他の技術も組み合わせて、より合理的な肉用牛の生産体系を提案するとともに、実証データを収集・分析・提示してその普及を図るものである。初年度が終わったば

(図7) K農場が出荷したF1の父のオレイン酸割合のG育種価と子の表型値の関係



(図8) T畜産が出荷した黒毛和種と左図の種雄牛CのF1産子のオレイン酸割合



かりで実証データ収集の途中であるが、いくつかを紹介する。

### (1) 交雑種牛肉の差別化

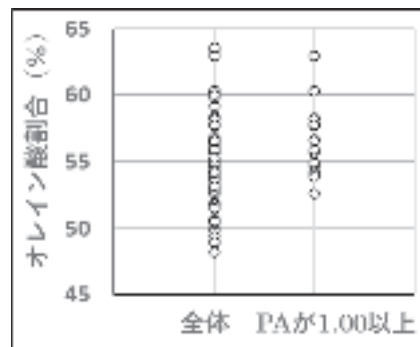
本事業の協力農家（K農場）がR2年度後半に出荷した交雑種（去勢：73頭）の脂肪酸組成を測定した。父牛ごとの産子のオレイン酸割合をみると（図7）、父のG育種価によって差があることがわかる（産子数の少ない父牛もいるので、追加収集中）。また、図8に示したが、オレイン酸割合のG育種価が高い種雄牛CのF1産子と別の協力農家（T畜産）が出荷した黒毛和種（去勢：76頭）のオレイン酸割合を比較すると、F1でも黒毛和種並みのオレイン酸割合の産子も多い。なお、T畜産は脂肪の質に関心を持っており、出荷牛のオレイン酸割合（平均55.0%）は一般的な黒毛和種のオレイン酸割合（53%前後）より高い。

これらのデータは、オレイン酸割合のG育種価の高い種雄牛（G育種価が5.0を超える種雄牛もいる）を使えば、ほとんどが和牛並みの脂肪酸組成になり得るF1子牛を生産し、差別化することが可能なことを示している。

### (2) ブランド力の向上

T畜産がR2年度に出荷した黒毛和種（去勢：76頭）の脂肪酸組成を測定し、枝肉成績

(図9) T畜産出荷牛全体とオレイン酸割合のPAが1.0以上の産子のオレイン酸割合



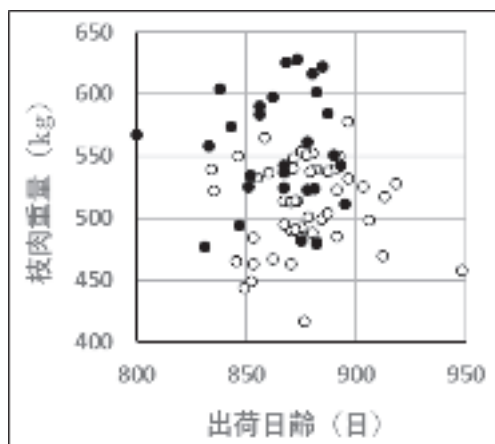
を提供してもらった。図9に示したように、去勢牛のオレイン酸割合は48%から63%までに分布していた。このうちオレイン酸割合のG育種価の両親平均（PA）が1.00以上の牛だけを抽出すると7割近くが55%以上であった。

地域全体で、あるいは一貫経営でPAが一定以上になるような交配を行えば、オレイン酸割合のブランド基準（例えば55%）をクリアする可能性が高い肥育素牛を生産できることを示しており、基準合格率向上・安定出荷によるブランド力の強化につながる。

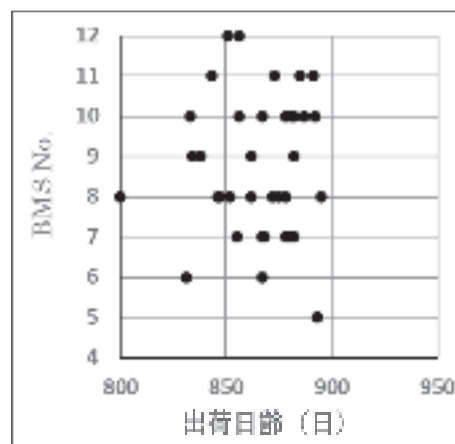
### (3) 肥育期間の短縮

T畜産の出荷牛の出荷日齢と枝肉重量の関係をプロットし（図10）、枝肉重量のPAが25.0以上の牛を抽出（黒塗り）すると、30か月齢未満でもほとんどは枝肉重量が500kg以上になっていた。さらに、黒塗りした枝肉重

(図10) T畜産の黒毛和種の出荷日齢と枝肉重量の関係（黒塗は枝肉重量のG育種価のPAが25.0以上）



(図11) 左図の黒塗（枝肉重量のPAが25.0以上）の牛の出荷日齢とBMS No.



量のPAが25.0以上の牛のBMS No.をみると(図11)、7割以上はBMS No.8以上（5等級）で、残りも5以上（4等級）であった。

これは、枝肉重量のPAが一定以上になるような交配を行えば、肥育期間を短縮しても枝肉重量が500kg以上になり得る肥育素牛を生産できること、しかもサシも十分にはいることを示している。あるいは、肥育素牛の枝肉重量のPAが分かり、PAの高い牛だけで1牛房に入れる牛群を編成すれば、発育の遅れた1、2頭が牛房に残って牛舎の回転率を下げることはなく、合理的な肥育が可能になる。

## 7. 肉用牛G評価Web情報提供サービス(G-Eva<sup>®</sup>)

H29年秋頃から、G評価を経営改善に有効に利用してもらうためには、最新の評価値の提供とともに、G育種価を加工分析できるソフトの提供が必要と考え始めた。構想を練るのに時間を要したが、事業団独自の取組として、肉用牛G評価ゲノミック評価Web情報提供サービス(G-Eva<sup>®</sup>)を立ち上げ、R2年12月から運用を開始した。

G評価をより有効に利用しようと思えば、最新の評価値を知るとともに、自分の牛群の

G育種価の推移や全国レベルとの比較、能力ランキング順への並び替え、ある種雄牛を交配した場合の産子の能力のシミュレーションなどが必要になる。G-Eva<sup>®</sup>は、事業団のG評価を実施した牛について、最新の評価値の提供と上記を可能とするソフトを無償で提供するWebサービスである。手に入れた革新的な『G評価』というツールを経営改善に活かしてもらいたいとの思いである。

## さいごに

事業団がR3年6月末までにG評価（枝肉6形質）を行った雌牛のうち繁殖に用いられていると推定される牛は4万頭強である。他の機関・団体の実施分を含めると、子取り用めす牛（約63万頭）の1割近くはG育種価を有していると思われる。また概ね5歳以上の雌牛の従来法による育種価判明率は約5割とされている。

できるだけ多くの牛、特に若い雌牛の育種価が判明し、他の技術とうまく組み合わせることによって酪農・肉用牛生産の生産性や品質の向上等が図られ、我が国の畜産が成長していくことを願っている。

## (4) 「我が国の畜産業の将来に向けた家畜育種の課題と展望」

～ 持続可能な畜産を目指したゲノム育種 ～

国立大学法人 東北大学 大学院農学研究科 動物遺伝育種学分野 准教授 上本 吉伸

### 1. 従来の家畜育種

家畜の育種改良の対象となる多くの形質は、増体量や乳量など、表現型が連続的な値をとる量的形質である。量的形質を対象にした家畜育種では、個体間の遺伝的な似通い度合いと表現型値との関係から、各個体の遺伝的能力である育種価を予測する。ゲノムとは、すべての遺伝情報を示す概念であり、その遺伝情報が書き込まれた物質をDNAという。ゲノム情報が明らかになってくる前は、個体間の血縁関係をもとにメンデルの法則から遺伝的な似通い度合いの期待値を求めてきた。そして、その期待値をもとに育種価を予測し、育種価を指標とした選抜を実施してきた。最良線形不偏予測 (BLUP) 法 (Henderson, 1973) は、形質に関与する個々の遺伝子の働きを総合的にとらえることで、効果の小さな多数の遺伝子 (ポリジーン) により支配されると仮定し、育種価を予測する方法である。ゲノム情報が未知の場合、BLUP法は非常に有効な遺伝的能力評価法であり、家畜育種の現場において、現在でも最も有効な手法として用いられている。

### 2. 家畜ゲノム情報の蓄積

1990年に開始されたヒトゲノムプロジェクト

トにより、DNAの全塩基配列 (ATGCのならば) が明らかにされ、2003年にヒトゲノムの解読宣言がなされた。そこで培われた解読技術を活用し、家畜のゲノム解読が実施され、個体間の特異的な塩基配列の違い (多型性) が塩基配列上に多数存在することが明らかとなった。このようなDNAレベルでの多型性を識別できる指標がDNAマーカーである。DNAマーカーにより、これまで未知であった遺伝子座や対立遺伝子がDNAレベルで識別可能となった。DNAマーカーの種類は、一塩基多型 (SNP) などの塩基置換を伴うものや、マイクロサテライトマーカーなどの構造多型がある。特にSNPは、個体間で一塩基のみ異なる変異であり、遺伝子上や遺伝子以外の領域などゲノム上の至るところに存在し、ウシゲノムでは、約8,400万SNPがデータベースに登録されている (HayesとDaetwyler, 2019)。

家畜育種で利用するゲノム情報は、DNAマーカーである。そのため、DNAマーカーの塩基配列上の位置や対象形質との関連性など、各種ゲノム情報を詳細に解析しデータベース化する研究が行われてきた。DNAマーカーは、目的となる形質に直接影響を与えるものとただの目印に過ぎないものがある。そのため、DNAマーカーと対象形質との関連性を調査しないとどのDNAマーカーが影響を与えるのか判断できない。特に、実際に表

現型値と関連性を示すDNAマーカーを量的形質遺伝子座 (QTL) という。家畜集団において、統計的な手法によりDNAマーカーと表現型値との関連性を調査し、QTLを特定するための研究が世界中で行われてきた。

日本では、ウシゲノムは社団法人畜産技術協会附属動物遺伝研究所、ブタでは独立行政法人農業生物資源研究所 (現：農研機構) および農林水産先端技術振興センター (STAFF、現：JATAFF) が中心となり実施してきた。ゲノム解読、DNAマーカーのデータベース化、遺伝病の原因変異の探索、QTLの探索、など日本における家畜ゲノム情報の整備は、JRA畜産振興事業がこれまでに多大な貢献をしてきたことは言うまでもなく、現在においても家畜ゲノム研究を行う上で必要不可欠な事業となっている。

### 3. ゲノム情報の利用

家畜ゲノム情報を育種改良へと応用することが次の課題である。DNAマーカーを家畜育種に利用するためには、対象形質に対して大きな効果をもつDNAマーカーを直接選択するマーカーアシスト選抜法と、ゲノム上の多数のDNAマーカーを同時に選抜指標とするゲノミック選抜法がある。マーカーアシスト選抜法は、QTLもしくはQTLの近傍にあるDNAマーカーを指標に、優良な対立遺伝子をもつ個体を選抜し、望ましい集団を作出する方法である。しかし、量的形質の多くが効果の小さな多数の遺伝子によって影響を受けることがゲノムレベルで明らかとなってきたことから (Yangら, 2008)、たとえ形質に関与する一部のQTLが明らかになったとしても十分な改良効果は期待できない。そのため、ゲノミック選抜が注目された。

遺伝的能力評価で用いる育種価は、実際の遺伝子座が未知であるためポリジーンを仮定している。一方、形質に関与するすべてのQTL効果の総和をゲノム育種価といい、すべてのQTLが既知の場合にのみ得られる。マーカーアシスト選抜のような特定のDNAマーカーを用いた選抜とは異なり、全ゲノムを多数の染色体断片に分割し、各染色体断片内にあるDNAマーカーをすべて用いて個体のゲノム育種価を予測することをゲノミック評価といい、この評価値を指標に選抜する手法をゲノミック選抜という。また、ゲノミック評価により得られた評価値を一般に推定ゲノム育種価という。量的形質の多くがポリジーンによって影響を受けることがゲノムレベルで明らかとなっていることから、全染色体断片を指標とすることでポリジーン効果を考慮できる。そのため、量的形質の遺伝的背景を考慮できるゲノミック選抜が有効な選抜方法として考えられた。

ゲノミック選抜は、HaleyとVisscher (1998) がその有効性を報告し、2001年にMeuwissenらにより初めて理論的な検証が行われた。ゲノミック選抜を行うためには、全染色体断片を網羅的に識別できるDNAマーカーが必要となる。近年、多数のSNPを一度に遺伝子型判定できる実験手法が開発され、DNAマーカーの中でも特にSNPが用いられるようになった。例えば、ウシ集団の場合、2008年アメリカに本社があるIllumina社より高密度SNPチップが販売された。高密度SNPチップは、マイクロアレイを用いることで一度に数万SNPの遺伝子型判定が可能である。現在、数千から数十万SNPが配置された高密度SNPチップは、ウシ集団以外にも様々な畜種で市販されている。そのため、これらの高密度SNPチップを利用することで、ゲノミック選

抜が実施可能となった。

#### 4. ゲノミック選抜の活用

ゲノミック選抜では、SNP遺伝子型と表現型値を持った集団(ここでは資源集団という)の情報を活用し、選抜対象個体からなる集団(表現型値を持たずSNP遺伝子型のみをもった集団であり、ここでは選抜集団という)の推定ゲノム育種価を求める。推定ゲノム育種価は、BLUP法を拡張させた手法であるゲノミックBLUP (GBLUP) 法などを用いる。BLUP法では、個体間の血縁関係から得た遺伝的な似通いの期待値をもとにポリジーン効果を得ていたのに対し、GBLUP法では、遺伝的な似通いをDNAレベルで求め、ポリジーン効果を得る。ゲノム上の多数のSNPを利用することで、減数分裂時に生じる組換えを考慮することができ、その結果、個体間の似通い度合いをより詳細に得ることができる。

家畜育種において、遺伝的改良量(=子の値-両親の平均値)を増加させることが最も重要である。遺伝的改良量を増加させる方法として、選抜圧の増加、育種価予測精度の向上、世代間隔の縮小がある。特に、育種価予測精度の向上および世代間隔の縮小がゲノミック選抜にて期待されている。例えば、乳用牛であるホルスタイン種において、日本では2017年2月より、ホルスタイン種の推定ゲノム育種価を家畜改良センターにて公表されている。後代検定前の候補種雄牛について推定ゲノム育種価で選抜することで、世代間隔の縮小が図られる。また、肉用牛である黒毛和種では、枝肉6形質および脂肪酸組成2形質に関する推定ゲノム育種価の評価サービスを家畜改良事業団が実施している(2021年7月現在)。後代検定用候補種雄牛を推定ゲノ

ム育種価により選抜することで、より確実に有力な種雄牛の選抜が期待できる。また、乳用牛および肉用牛において、ゲノミック評価を様々な形質や集団において応用していく研究もなされてきており、これらについてもJRA畜産振興事業が大きな貢献を果たしている。このように、現在ではゲノミック評価が現場レベルで実施されており、ゲノム情報を活用した家畜育種が実用化段階へと着実に進んでいる。

#### 5. ゲノム育種の将来

ゲノム情報を用いた家畜育種を今後より効果的に進めるためには、①推定ゲノム育種価の予測精度向上、②胚の段階でのゲノミック選抜、③ゲノム編集の有効利用、などが今後の課題として考えられる。

①について、ゲノミック選抜をより有効に行うためには、推定ゲノム育種価の予測精度を向上させることが重要となる。推定ゲノム育種価の予測精度に影響を与える要因として、対象形質の遺伝的構成(QTL数、遺伝率など)や予測方法(予測モデル、SNP数、用いる資源集団の規模、資源・選抜集団間の遺伝的関係など)がある。特に、予測精度は、資源集団の個体数に非常に大きな影響を受ける(Daetwylerら, 2010)。そのため、従来の後代検定により得られた育種価を超える予測精度で遺伝的能力評価を行うためには、数万頭以上の大規模な資源集団が必要となる。現状で実施しているゲノミック評価は、肉用牛では枝肉形質、乳用牛では牛群検定で得られる形質のような、多数の個体で測定可能な形質が主な対象形質となっている。今後、新たな育種目標が定まった場合、この個体数の問題がゲノミック選抜において大きな課題とな



る。現在、スマート農業が生産現場の課題を解決するための手段として大きく期待されている。スマート農業は、ロボット技術やICT等の先端技術を活用し、超省力化や高品質生産等を可能にする農業であり、センサーやロボットによる自動化を行うことで、少ない人員で生産性を高めることが可能となる。畜産分野では、カメラやセンサーを活用した生体データ（繁殖機能や栄養・健康状態等）のモニタリングにより個体管理を行う方法などが実用化されてきている。ここで収集されたデータは膨大な量となるが、ビッグデータ解析により従来では得られないような新たな知見が得られる。例えば、日々の生体データを各個体で得ることができれば、その日々の変動から、個体の健康状態などこれまで知ることができなかった新たな情報を多数の個体で得ることができる。このようなカメラやセンサーなどを用いて、機械的に定量評価していく技術をハイスループットフェノタイピング法という。これらスマート農業から得られる新たな情報は、ゲノミック選抜の新規形質として大きな可能性を秘めている。

②について、HaleyとVisscher（1998）は、胚の段階でのDNAマーカーを用いた選抜を提案した。着床前の胚の段階でSNP遺伝子型判定を行い、ゲノミック選抜により高能力個体胚を選抜し、肺移植を行えば、世代間隔をより短縮化できる。また、子牛を育てる必要がないため、研究室レベルで実施できる。実際の例として、乳用牛の遺伝的改良の場合、従来の改良法の30～40倍、ゲノミック選抜の15倍以上のスピードで遺伝的改良量が得られることが期待されている（Houら, 2018）。この方法では、胚の段階でSNP遺伝子型判定をいかに高精度で行えるかが課題となる。実際には、胚盤胞期からバイオプシーにより細胞

を得てDNA抽出を行う。得られる細胞数が多いと十分なDNAが得られるが着床率が大きく減少してしまうため、実際には少量の細胞しか得ることができない。一方、少量の細胞では十分なDNAが得られないことから、一般には少量DNAをゲノム増幅し、DNA量を増やした後にSNP遺伝子型判定を行う。このとき、ゲノム増幅による塩基配列のエラーが生じるため、実際に生まれる子個体から得られた推定ゲノム育種価とは若干異なる評価値となる（Fujiiら, 2017）。したがって、高精度でのゲノム増殖法が確立されれば、胚段階でのゲノミック選抜がより現実的となる。

③について、QTL上の優良な対立遺伝子に直接人為的に改変できれば、個体を選抜する必要がなく、短期間で望ましい個体を作成できる。このように、ゲノム上の特定領域について、その特定部位で切断できる制限酵素を用いて、置換、挿入、削除を行う技術をゲノム編集という。ゲノム編集の利点として、対象となる領域を正確に改変でき、放射線や化学物質などの自然界で起こりうる塩基配列の変化と変わらないのが特徴である。一方、対象領域に似た配列が他の領域に存在している場合、その領域も編集（オフターゲット効果）してしまう可能性があることから、改変精度の向上が課題であった。2012年にJinekらは、CRISPR-Cas9という遺伝子改変法を報告し、どの種においても非常に簡単に特定領域の改変が可能となり、医学・生命科学研究に革命をもたらした。そのため、ゲノミック選抜により量的形質の改良を行いつつ、ゲノム編集技術により効果の大きなQTLの改良や遺伝病などの質的形質の改良を行うことで、より短期間に望ましい集団を作成可能となった。例えば、Jenkoら（2015）は、20世代のゲノミック選抜にゲノム編集を加えるこ

とで、最大4.12倍の選抜反応が得られることをシミュレーションにより報告している。また、Ikedaら（2017）は、黒毛和種において、虚弱子牛症候群を引き起こしているIARS異常症の原因遺伝子（IARS遺伝子）を改変する試みを報告し、オフターゲット効果なしで改変できたことを報告している。ゲノム編集は、従来の遺伝子組換えとは異なり、人為的または自然発生的に改変されたのか識別できない。そのため、人為的改変の有無の表示など、倫理上の問題が今後の課題となるが、手法自体は大きな可能性を秘めている。

## 6. 今後の育種目標

以上より、ゲノム情報を活用した家畜育種を行うためには、ハイスループットフェノタイプング法を活用した表現型値の測定や、胚の段階でのSNP遺伝子型判定による選抜の早期化など、ゲノミック選抜を最大限に活用しつつ、効果の大きなQTLや遺伝病・質的形質の原因変異をゲノム編集により改変することで、より効果的な育種改良が期待できる。このように、選抜システム自体はほぼ成熟してきており、各実験技術の諸問題を解決していく一方で、今後は対象形質の選定へとシフトしていくことが求められる。

家畜の育種改良は、必要とする望ましい能力をもった家畜を作り出すことにある。そのためには、「どのような能力をもつ集団を作出するのか」という目標、すなわち、育種目標を立てなければならない。次に、育種目標を達成するために改良すべき形質（目標形質）を選定する。この目標形質は、時代のニーズに限らず家畜として常に必要な能力（例えば、生産性や繁殖性など）と、時代のニーズに合わせた能力（例えば、肉用牛の脂肪交雑など）

がある。育種目標は、常に10年、20年先の市場動向や社会情勢を見越して決める必要があり、判断を誤ると大変な事態に陥る。そのため、今後の畜産の将来を見据えた育種目標と、それを達成すべき目標形質の設定を今から考える必要がある。

現在、地球温暖化や気候変動は、地球上の環境や生態系に深刻な影響を及ぼすとともに、気象災害の増加・激化により、農林水産業や農村地域の生活に甚大な被害をもたらしている。例えば、世界の平均気温は、直近で100年間に平均0.73℃上昇（気象庁HP, 2020）している。このような状況で、乳用牛では暑熱下で乳量が下がるという結果が報告されており（TaoとDahl, 2013）、地球温暖化が畜産に大きな影響を与えている。また、地球温暖化により、熱に弱い菌が高温環境に適応すれば、生体防御反応が効かず、既存の抗菌薬も効かない菌が拡大する恐れがある。現在、家畜に対する抗菌薬の添加により、薬剤耐性菌の増加が懸念されている。実施に、薬剤耐性菌による死者数は、2050年にはガンを抜いて1位となることが予測されており（Review on Antimicrobial Resistance, 2014）、薬剤耐性菌に対する対応も大きな課題となっている。

2015年9月の国連サミットにて、「誰一人取り残さない」持続可能で多様性と包摂性のある社会の実現のため、2030年を年限とする17の国際目標（SDGs）を全会一致で採択された。また、2050年までに温室効果ガスを実質ゼロとするカーボンニュートラルへの挑戦を掲げた。一方、国内では、2015年12月のパリ協定を受けて、2016年5月に閣議決定された地球温暖化対策計画では、2030年度に2013年度比で26%削減を掲げ、2020年度の臨時国会において、菅総理は2050年までに温暖効果

ガス排出を全体としてゼロにすると所信表明演説で宣言した。これにより、温室効果ガスの抜本的排出削減へ向けた取り組みが国内外で加速化している。

我が国における温室効果ガス排気量のうち、約2.8%が農林水産分野であり、そのうち、約20%が反芻家畜によるメタン排出量となっている（農林水産省HP, 2018）。一方、世界全体でみると、温室効果ガス全体の約14.5%が畜産分野由来であり、そのうち約44.1%が反芻家畜による（FAO, 2017）。このことから、特に海外では、畜産分野における温室効果ガス排出量は大きな問題となっている。これを受け、培養肉や植物由来タンパク質である植物肉などの代替肉について注目が集まっている。植物肉は大豆ビーフなど植物由来の原料に肉の味を再現した代替肉であり、培養肉は動物の細胞を培養することで肉の食感や味を再現した代替肉である。米国コンサルティング会社のATカーニーによると、世界の代替肉の食肉市場は、2040年で1兆ドル以上に達し、食肉市場の半分以上が代替肉（培養肉が約35%、植物肉が約25%）によって占められると試算されている。そのため、家畜の細胞を用いた培養肉の研究が国内外で進んでいる。2013年オランダ・マーストリヒト大学にて世界初の培養肉ハンバーグがつくられ、1個当たり研究費込みで約3500万円要していた。しかし、2020年には、米国イート・ジャスト社の培養肉チキンナゲットがシンガポール国内で販売許可され、レストランにて1皿約1800円で提供された。このように数年のうちに価格破壊が起こっていることから、培養肉をはじめとした代替肉が、近い将来に大きな市場シェアを占めていくことが予想される。

近年の家畜生産は、大規模集約化すること

で、生産性を高めコストを下げ、国際的な競争に対応してきた。一方、その弊害として、飼料を海外へ依存せざるを得ない。今後、地球温暖化により海外の飼料作物の作付け状況が大幅に減少する場合、これまでの対応は難しくなってしまう。一方、土地に立脚した環境配慮型の家畜生産は、生産性が低くコストがかかることから、従来の方法だけでは継続が困難である。また、生産性が高く、コストが低く、かつ、環境負荷も低い代替肉の台頭により、環境配慮型の家畜生産はさらに困難な状況になると予想される。一方で、牛などの反芻家畜は、ヒトの食料と競合しない草などのセルロース資源を飼料として利用でき、作物が育たない環境においても放牧生産可能である。そのため、土地資源の保全と活用の両立を図り、国土保全に係る地域産業として貢献できることから、環境配慮型の家畜生産は今後も重要となる。そのため、環境配慮下での生産性の向上が持続可能な畜産における今後の大きな課題であり、スマート農業によるコスト削減、飼料管理技術の高度化、放牧地活用や自給飼料生産技術の向上、などが重要となる。また、環境に配慮・適応した家畜育種が、重要な育種目標となり、これまでに蓄積してきた育種手法が、持続可能な畜産にも貢献できると考える。

## 7. 家畜育種の将来にむけた課題と展望

持続可能な畜産を目指し、環境に配慮・適応した育種目標を設定する場合、メタン削減のような長期的な環境配慮型目標とともに、温暖化下での生産性の向上にむけた目標形質（耐暑性、抗病性、飼料利用性など）のような中期的な環境適応型目標についても取り組みが必要である。これら目標については、上

記で示した育種手法を積極的に活用することでより効果的な育種が可能となる。

メタン削減における方策として、従来は特に乳用牛において、メタン削減への取り組みが行われてきていたが、その多くがルーメン内微生物制御や飼料・栄養管理などの環境要因へのアプローチであった。しかし、乳生産における様々な手法によるメタン削減の最大可能量を推定したところ、育種改良による効果が最も高いことが報告された (Knappら, 2014)。また、メタン排出量は、飼料、個体自身の遺伝的能力 (ホストジェネティクス)、ルーメン内微生物叢の違い、の3つの要因の相互作用による影響が重要であることが報告された (Roehleら, 2016)。これにより、従来考えられていなかったウシにおけるメタン排出量の遺伝性が示唆され、その育種改良に関する研究が行われ始めた。このように、従来の手法とともに、新たに考えられるようになってきたホストジェネティクスルーメン微生物叢の相互作用の解明なども大きな課題となってきている。

時代のニーズに合った目標形質が選抜対象となった場合、特定の高性能個体が選抜されることから、対象集団の遺伝的多様性を低下させる大きな要因となってしまう。これは、選抜後の集団には表現型値の斉一性が求められるため、遺伝的能力評価値で選抜する限り仕方がない。一方、時代の変化に柔軟に対応するためには、育種素材となる基礎集団の遺伝的多様性が高いことが重要となる。このような矛盾した問題を解決するためには、同一品種内に複数の分集団が存在していることが望ましい。この場合、各分集団内で特徴的な対立遺伝子頻度の変化が起こったとしても分集団間で独立していることから、全集団では対立遺伝子頻度の変化は少ない (Kimuraと

Crow, 1963)。黒毛和種においては、生産地域で分集団が構成されていたが (Hondaら, 2002)、脂肪交雑の選抜により一部の種雄牛が多く使われるようになってきたことから遺伝的多様性が危惧されている (Nomuraら, 2001)。このような問題に対応するためには、目標形質自体を多様化させることで、分集団化させていくことが望ましい。各組織が持続可能な畜産を目指し、脂肪交雑以外の新たな目標形質を設定し、独自に選抜を行えば多くの分集団が作出される。このような目標形質の多様性がひいては遺伝的多様性につながると考える。

これまでの議論からも、育種目標を設定することが非常に大事であることが理解してもらえたと思う。また、育種目標を設定し実行していくためには、これまで示した技術に精通している必要があり、統計学を駆使した統計遺伝学と直接DNAなどを扱う分子遺伝学の両分野について十分に理解して研究や改良業務を行える人材が求められる。しかし、現状では、統計遺伝学を主体とした動物遺伝育種学を教える研究室が片手で数える程に数が減ってしまっている。また、十分に理解して研究や改良業務を行える人材が不足し、対応に苦慮している組織も多く見受けられる。筆者の研究室からも様々な組織から人材供給を求められるが、それに答えきれていないのが現状である。もちろん筆者が統計遺伝学の面白さとその有用性を学生に伝えきれていないことも一因ではあるが、一度縮小した分野に必要な人材を確保し育成するには長い時間がかかることを改めて実感している。このような家畜育種を理解して研究や改良業務を行える人材育成については、筆者の課題の一つである (最も悩ましい課題ではある) が、公的機関や企業などと共同研究を通じ、実際の育

種現場での問題を肌で感じてもらえれば人材育成も達成できると信じている。そのため、産官学の強い連携はこれまで以上に重要であり、持続可能な畜産に対する育種目標の達成のみならず、人材育成という点においても重要であると考えている。また、これら事業の実施において、JRA畜産振興事業からの後押しを期待したい。代替肉など、畜産業自体の存在意義が問われる現在において、将来に向けた持続可能な取り組みが重要であり、各組織間の強い連携を期待するとともに、解決に向けたアプローチを共に実行していきたい。

#### <引用文献>

- Daetwyler, HDら. 2010. *Genetics* 185, 1021-1031.
- FAO. 2017. <http://www.fao.org/publications/card/en/c/I8098EN/>
- Fujii, Tら. 2017. *J. Reprod. Dev.* 63, 497-504.
- Haley, CS, Visscher, PM. 1998. *J. Dairy Sci.* 81, 85-97.
- Hayes, BJ, Daetwyler, HD. 2019. *Annu. Rev. Anim. Biosci.* 7, 89-102.
- Henderson, CR. 1973. In: *Proc. of the Anita. Breeding and Genet. Symp. in Honor of Dr. Jay L. Lush.* pp10-41.
- Honda, Tら. 2002 *Anim. Sci. J.* 73, 445-452.
- Hou, Zら. 2018. *J. Anim. Sci. Biotech.* 9, 90.
- Ikeda, Mら. 2017. *Sci. Rep.* 7, 17827.
- Jenko, Jら. 2015. *Genet. Sel. Evol.* 47, 1-14.
- Jinek, Mら. 2012. *Science* 337, 816-821.
- Kimura, M, Crow, JF. 1963. *Genet. Res.* 4, 399-415.
- Knapp, JRら. 2014. *J. Dairy Sci.* 97, 3231-3261.
- Meuwissen THEら. 2001. *Genetics* 157, 1819-1829.
- Nomura, Tら. 2001. *J. Anim. Sci.* 79, 366-370.
- Review on Antimicrobial Resistance, 2014. <https://amr-review.org/>
- Roehe, Rら. 2016. *PLoS Genet.* 12, e1005846.
- Tao, S, Dahl, GE. 2013. *J. Dairy Sci.* 96, 4079-4093.
- Yang, Jら. 2010. *Nat. Genet.* 42, 565-569.

# (1) 和牛改良の過去から未来へ

公益社団法人 全国和牛登録協会 専務理事 穴田 勝人

### 1. 和牛の経済形質

家畜の経済形質に共通していることは、人々に経済的な価値をもたらすということである。ところが、その経済的な価値は、国民の社会生活状況や食文化に影響を受けるため、国によって、あるいは地域によっても多少異なっている。さらに、家畜は飼育環境の影響も大きく受けることから、その地域の気候や風土にも適したものでなければならない。このように家畜の経済形質は、国民生活上の要求と飼育されている地域の環境適応性の要求とを同時に満たしていくことで向上させていくことができる重層的な構造となっている。そして、前者は主に遺伝的改良による部分が大きく、後者は飼養管理の改善による部分が大きいと考えられている。

和牛は、古来より日本の国民生活と農業とともに歩んできた日本固有の農用家畜（いわゆる農用牛）であり、飼育されてきたその地域における生産と利用との立地条件に最も適合するように改良されてきた歴史を持ち、日本独特の発展を遂げてきた家畜である。本会は1948年（昭和23年）3月3日に和牛生産者の意思によって運営される民主的な登録団体として発足したが、当時の和牛に要求された経済形質は、主として米麦作主体の農業経営形態と、牛肉の需要との二元的要因によって

要求された形質から始まっている。つまり、役利用上からの要求では、牽引能力あるいは耕起能力などで、肉利用上からの要求では、産肉能力すなわち、発育能力、増体能力、飼料利用性、肥育性（仕上がり能力）、歩留、脂肪交雑、脂肪の質、色、硬さ等々に関するものであった。その後、日本は高度経済成長期を迎え、工業化が進み、和牛は農用牛から肉用種としての転換が迫られたのである。和牛はここから新たに肉用種としての歩みを始めることとなるが、その後も関係者の皆さんの並々ならぬ努力の結果で、今や和牛は世界に誇れる肉用種となり、世界一美味しい牛肉をつくる品種として海外からも高く評価され、日本固有の知的財産と言われるまで発展してきた。このように、和牛の特筆すべき能力として産肉能力が存在することは確かであるが、改めて、家畜の基本的な能力である種牛能力や生来具備する能力を十分に発揮できる機能的な体型等が、生産性の更なる向上につながることで、これからの新たな改良重点目標となっている。

和牛は、国民生活上での要求を満たすため、1つの品種の中で数々の経済形質の改良を進めてきたが、このことは、そもそも和牛にこのような多様な潜在能力（遺伝的多様性）が備わっていて初めて成し得た改良の成果であり、今回は、この多様な経済能力について、時代の変遷とともにどう変化し、どう改良が

(表 1) 日本最古の蔓牛

名称	造成地	造成者	年代	特色
竹の谷蔓	岡山県新見市(旧阿哲郡)	浪花千代平	1830年代	体格大, 乳房良, 強健, 連産, 長命, 角色良, 性質温順
ト蔵蔓	島根県仁多郡	ト蔵甚兵衛	1855年頃	同上
岩倉蔓	広島県庄原市(旧比婆郡比和町)	岩倉六右衛門	1843年	性質良, 角, 顔, 長命, 連産, 体躯, 乳房良
周助蔓	兵庫県美方郡香美町(旧小代村)	前田周助	1845年	長命, 連産, 強健, 資質良

全国和牛登録協会編. 2007.これからの和牛の育種と改良(改訂版)

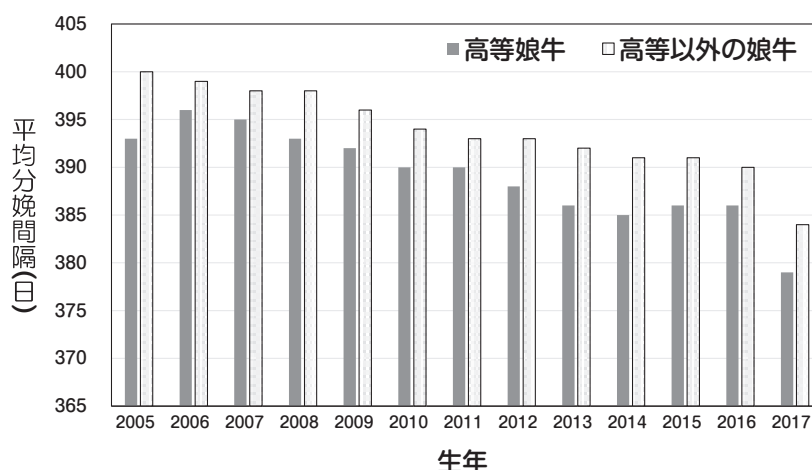
進められてきたのか今後の改良の方向性も見据えながら、順を追って見ていくこととする。

## 2. 種牛能力について (1935年頃~現在)

種牛能力は、家畜の経済形質の中でも、最も基本的能力として位置づけられ、繁殖能力や哺育能力あるいは強健性や性質など含め、繁殖牛として求められる総合的な能力を指すものである。種牛能力は、古来より様々な手法をとりながら改良されてきたものであるが、基本的な考え方としては、極端に悪いものを集団から除外し、一定レベル以上の能力を持ったものを集団内に保留し、集団全体の平均レベルを徐々に上げていくという考え方であった。これは、種牛能力についての遺伝率が低いこともあり、種牛能力の改良に対して、極端に強い選抜圧をかけて1世代で大きな遺伝的改良量を求めていくことはできないためである。また、和牛集団は個々の農家の飼養する雌牛の集合体であり、極端な選抜淘汰は不可能で、何世代にもわたって漸次平均レベルを押し上げ、遺伝的に斉一性のある集団にしていく性質のものである。また、種牛能力の改良には、1つの選抜指標に限定した選抜を実行することも難しく、外貌審査や自身の実績値、そして血縁関係のある個体も含めて総合的に判断しながら選抜していくことが重要である。一方で、このゆるやかな改良手法とは少し趣を異にする手法で種牛能力の

改良を牽引してきたものが存在する。それは「蔓(つる)」あるいは「蔓牛」と呼ばれるものである。和牛がまだ品種として成立する以前の1850年前後のことであるが、中国地域の山間地には蔓(系統)と呼ばれるものが存在していた。蔓とは、特定の優良形質に關与する複雑な遺伝因子が相当程度にホモ化された集団として位置づけられ、蔓牛とはその蔓に属し、その蔓の特色を備えているものであると定義されている。この時代、日本では、まだ近代的な遺伝学は発達していなかったが、当時の繁殖者が優れた鑑識と経験を持ち、一定不変な選抜淘汰を励行するとともに、血縁関係を十分に考慮しつつ、ある場合においては極端な近親交配をし、さらに生産された個体を見て交配関係を考え、多くの犠牲を伴いながらも蔓や蔓牛が当該地域で成立し、守られてきたのである。その結果、蔓牛は優良牛の代名詞となり、蔓に属するものは経済価値も高く評価され、一時、蔓造成が盛んとなった。しかしながら、当時の蔓には明確な基準がなく、繁殖者個人の能力に依存し、有名無実となった蔓も多数見られた。そのため、全国統一の登録事業がスタートする1945年前後に、改めて、兵庫、岡山、広島、鳥取、島根県等の中国地域を中心に発達していた蔓を調査し、新しい蔓を造成するための教本としたのである。その時、整理されたものが表1に示す4つの蔓であり、いわゆる日本最古の蔓と呼ばれているものである。

(図1) 高等登録牛の娘牛の分娩間隔



蔓は共通して種牛能力に優れており、このことが経済価値を高めたのである。とくに種牛能力のなかでも、一生涯に多数の丈夫な産子を残してくれる長命連産性のような繁殖能力を重要な価値ある経済形質として捉え、優秀な個体の選抜と交配、現在で言うところの系統内交配によって優良な遺伝子をホモ化させ、蔓の造成が行われていたのである。

このように蔓の造成においては、積極的に種牛能力のなかでも繁殖能力の改良を進めていく手法も取られたが、登録制度上では、個々の農家の飼育する雌牛に対して極端な選抜淘汰は不可能であるから、最低限の繁殖能力が備わっているもののみが登録牛になれるという考え方を基に、基本・本原登録において、雌牛では、授精された状態（受胎している状態）で審査を受審することとなっている。つまり、登録制度の礎がここに形成されている。登録するという事は繁殖に供用することであるから、繁殖能力があることを確認した上で、審査標準に基づく外貌審査を実施し、一定レベル以上の経済能力を備えたものを合格としている。さらに、登録制度の中では、とくに優秀な繁殖能力を持った個体を積極的に確保するため、基本・本原登録の上に、高等

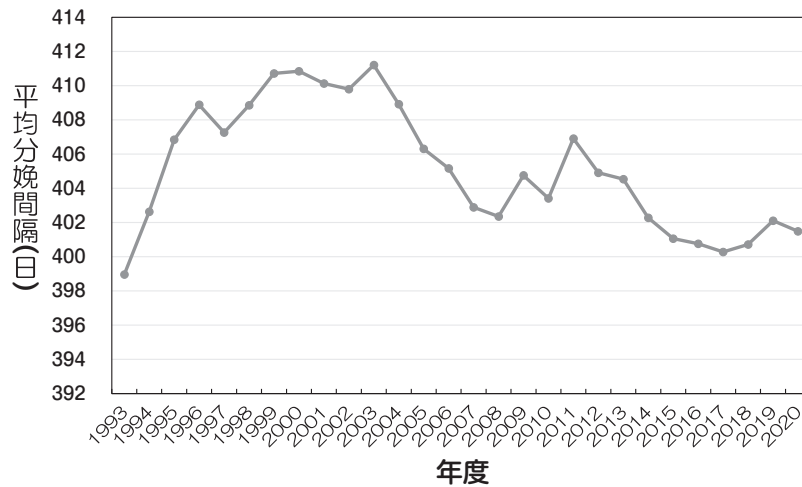
登録という登録制度を設けている。高等登録は、基本・本原登録牛に対する後代検定の意味合いが含まれており、実際の繁殖能力を確認することとしている。現在の高等登録の繁殖能力に関する資格条件としては、初産月齢が28ヵ月以内、3産以上し平均分娩間隔が400日以内、流死産は1回以内とされている。ここで、優秀な繁殖能力を備えた高等登録牛の改良成果を確認するため、図1に高等登録牛の娘牛と高等登録以外の娘牛との分娩間隔の比較をした結果を示した。

高等登録牛の娘牛の平均分娩間隔を調べてみると、高等登録牛以外の娘牛よりも、総じて平均分娩間隔が約5～7日程度短い値を示している。高等登録である母牛の優秀な繁殖能力が少なからず娘牛に伝わっているものと考えている。これも長い間、高等登録が積み上げてきた改良成果と言え、このような形で和牛は選択登録制度を採用することで、登録事業を通じ繁殖能力の改良を何世代にもわたり推進してきたのである。次に、黒毛和種全体で見た場合の平均分娩間隔について、最近どのように推移してきているかを図2に示す。

全国の平均分娩間隔は、1995年頃からはばらくの間一時的に長くなったが、最近の傾向と



(図2) 全国の平均分娩間隔 (黒毛和種)



(表2) 分娩間隔の遺伝的パラメーター

遺伝分散	永続的環境分散	繁殖農家分散	残差分散	遺伝率	反復率
271.7	196.6	364.7	3525.5	0.062	0.107

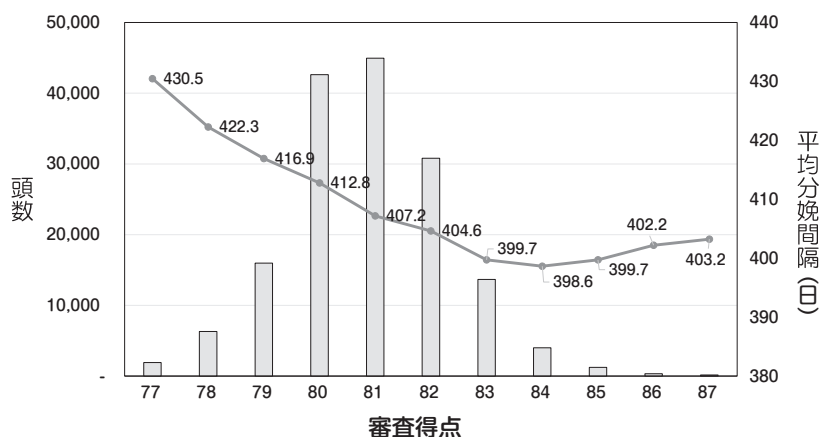
しては、あまり大きな変化は見られない状態が続いている。産肉能力優先の和牛改良が進められてきた結果とも考えられるが、和牛は本来1年1産できる能力を備えた家畜であるとするならば、もう少し積極的に繁殖能力の改良を試みていく必要がある。そのため、協会では、年2回分娩間隔の育種価評価を実施しており、繁殖能力の遺伝的改良に努めているところである。最新(令和3年4月)の分析では、平成2年10月から平成30年9月までに登録審査を受審した繁殖雌牛を対象として、2産以上の産歴がある1,561,659頭の雌牛の記録を用いて育種価評価を行った。なお、その分娩間隔の遺伝的パラメータを表2に示す。

分娩間隔の育種価評価にあたっては、繰り返し得られるすべての産次の記録を用いる反復率モデルを採用している。表2の永続的環境分散は、子宮環境や後天的に獲得した個々の雌牛に特有な効果による分散で、同じ雌牛から繰り返し得られる記録の似通いから遺伝と繁殖農家の分散を除いたものである。この

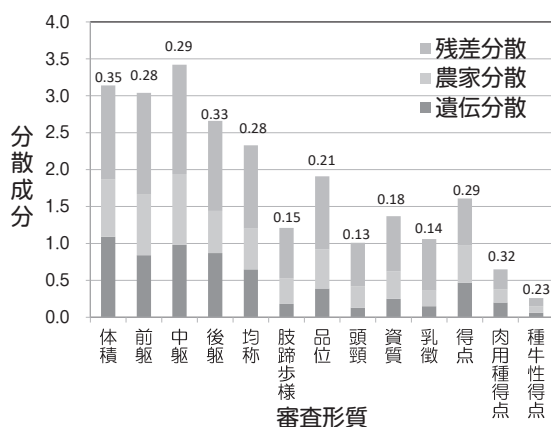
ように、分娩間隔については、長らく自然選択を受け、繁殖農家の分散や残差分散が大きいため、遺伝率は0.1より低い値となっている。遺伝分散も少なからず存在しているが、まだ積極的な繁殖能力の遺伝的改良にはたどり着いていない。

そのため、協会では、生産性の高い集団づくりに向けて、2012年度に種牛能力の改良に重点を置いた審査標準に改正した。さらに確実な種牛能力の遺伝的改良を図っていくため、これら審査関連形質と繁殖形質との関連について、JRA畜産振興事業を利用し、審査関連形質と繁殖形質との関連を調査した。その結果、分娩間隔実績値と審査得点とは好ましい関係(図3)が見られた。現在、遺伝的能力の高い個体を効率的に選抜し、遺伝的改良速度を上げるために、次のJRA畜産振興事業を活用し、ゲノム全域にわたって網羅的に繁殖能力と関連するSNP情報を探索し、それらを活用した種畜選抜の手法を検討している。

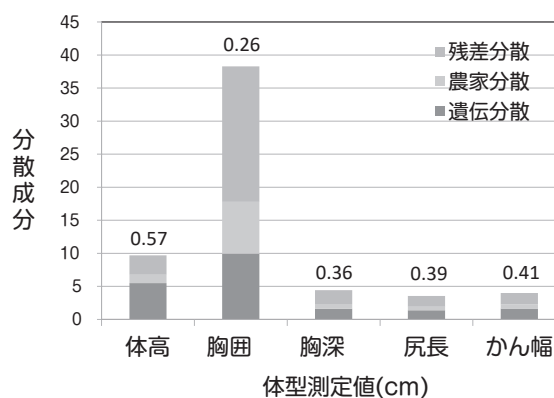
(図3) 審査得点と平均分娩間隔の関係



(図4) 審査形質の遺伝率



(図5) 体型測定値の遺伝率



### 3. 発育能力および増体能力 (1965年頃~現在)

1965年頃には日本は高度経済成長期を迎え、工業化が進んでいく中で、和牛は、農用牛から肉用牛へと用途の変更が迫られた。ここで和牛に求められた肉用牛としての能力は、発育能力、増体能力が中心となるが、家畜の経済的な性格の用途変更は世界的に見ても例がなく、大きな混乱を招きかねなかったが、関係者全体の理解と協力を得て、和牛は10年あまりのうちに、日本独特の肉用種完成宣言がなされた。ここでは、審査標準の改正とその周知徹底が大きな鍵を握ることとなった。漸次、審査標準の改正を重ねながら、段階をおって発育、体積の比重を大きくし、これらの遺伝的能力の改良を進めていったので

ある。また、その後も、発育能力、増体能力の改良は進んでいくこととなる。ただし、品種としての斉一性の概念は崩さず、効率的な生産性の高い牛肉生産の在り方として、日本の飼育環境に適したサイズであるべきとされた。このように発育能力、増体能力の改良において、審査標準に基づく外貌審査の果たす役割は大きかった。この選抜方法の優れている点は、登録牛全個体が審査標準に基づく審査を受け、審査成績(観察値)を持っている点である。これが和牛登録制度の特徴でもある。外貌から発育能力や増体能力を判断しているのである。ここで一度、外貌審査の遺伝的部分を確認しておく。現在の審査形質の遺伝率(図4)と体型測定値の遺伝率(図5)を次にまとめる。

審査形質においても体型測定値においても

(表3) 直接検定法年度別成績一覧

年度	H22	H23	H24	H25	H26	H27	H28	H29	H30	R1	
頭数	206	232	200	190	204	187	195	182	200	176	
DG	1.12	1.15	1.15	1.14	1.1	1.12	1.17	1.16	1.19	1.17	
体高	123.5	124.5	124.8	124.9	124.2	124.9	125.9	125.8	125.4	125.5	
σ	0.31	0.65	0.67	0.69	0.51	0.75	1.00	0.92	0.88	0.94	
胸囲	167.8	169.0	170.3	168.8	168.6	168.9	170.2	170.8	170.9	170.8	
胸深	60.9	61.4	61.4	61.3	60.8	61.4	61.7	61.7	61.4	61.5	
尻長	47.9	48.1	48.5	48.3	48.3	48.6	49.0	49.1	48.7	48.9	
かん幅	42.7	43.1	43.3	43.2	43.1	43.4	43.8	43.9	43.7	43.9	
体重	388.7	399.6	403.7	399.1	395.6	399.1	411.8	411.8	412.5	409.8	
σ	0.06	0.39	0.40	0.28	0.23	0.33	0.61	0.56	0.67	0.61	
摂 取 量	濃厚飼	-10.5	-12.1	-15.3	-24.5	-19.2	-28.3	-17.1	-17.1	-18.3	-24.4
	粗飼料	-2.4	-2.2	4.0	-10.5	-0.4	9.1	12.1	7.0	-6.0	-5.6
	CD		3.1	-2.1	-0.8	-0.2	1.3	-1.0	-1.1	-3.4	-0.5
	TDN	3.8	0.9	3.0	-5.2	0.6	-5.7	-0.8	-7.0	-9.0	-15.8

遺伝率が中程度と比較的高い推定値が得られている。このことは、観察値に基づく個体選抜でも、ある程度改良の成果が得られることを示している。さらに重要な点は、和牛は、繁殖牛として供用する場合、必ず登録審査を受審しなければならず、この段階で、外貌審査によって一定の篩いかけられる点である。極端に発育能力や増体能力の劣る個体は、将来和牛集団に望ましくない遺伝子を残す可能性があるため、登録審査には合格しない。また、登録審査において外貌審査をすることは、登録牛全頭が審査得点を持つことと等しく、能力を表す客観的な評価値が全頭得られることは、和牛改良上、非常に重要な点である。これらの審査標準に基づく合理的な選抜が功を奏し、和牛集団内における雌牛側からの発育能力や増体能力の遺伝的改良が進んだのである。

さらに、これに続いて、発育能力および増体能力の改良については、種雄牛における産肉能力検定法（1968年施行）のうち直接検定法の役割も非常に大きかった。人工授精の普及により和牛改良における貢献が非常に大きくなった種雄牛については、とくに厳しい選抜を重ねながら、改良が進められてきた。その1つの選抜として、直接検定法が挙げられ

る。直接検定法とは、生後6～7ヵ月齢の種雄牛候補について、112日間（16週）の発育能力、増体能力、飼料利用性を調査するものであり、この成績に基づいて一定の選抜がかけられる。とくに検定期間中のDG（一日当たりの増体量）については、重要な種雄牛の選抜指標となっていた。なお、最近の直接検定では、種雄牛の発育能力や増体能力についての改良が進んできたこともあり、DGの全国平均（表3）としては、概ね1.1kg/day程度で安定しており大きな変化はない。このようにして、日本独特の肉用種となった和牛は種雄牛側からの発育能力や増体能力の遺伝的改良も進められたのである。

#### 4. 産肉能力（1990年頃～現在）

和牛の産肉能力については、大きく肉量と肉質の能力に分類される。肉用種としては、動物性タンパク質としての供給が主な役割であり、和牛には、まず、発育能力や増体能力が求められ、産肉能力の中で肉量が求められた。一方で、和牛の肉質については概して本質的に優れており、ばらつきがあったものの、全体としては良好なレベルであり、当時は、今とは枝肉格付規格は異なるが、今の格付で

というような最上クラスのBMSNo.12を求めていくものではなく、中程度以上のもので揃えることを目標としていた。しかし、1991年牛肉輸入自由化に伴い、一層の脂肪交雑の改良が求められ、肥育期間が長期化し、より高いレベルの肉質が求められることとなる。ここで、産肉能力の遺伝的改良を考える時に重要なことは、前述の発育能力や増体能力とは根本的に異なり、観察値（枝肉成績）は屠畜しなければ得られない情報であるという点である。つまり、効率良く遺伝的改良を進めていくためには、発育能力や増体能力とは別の改良手法をとらなければならないことを示しているのである。

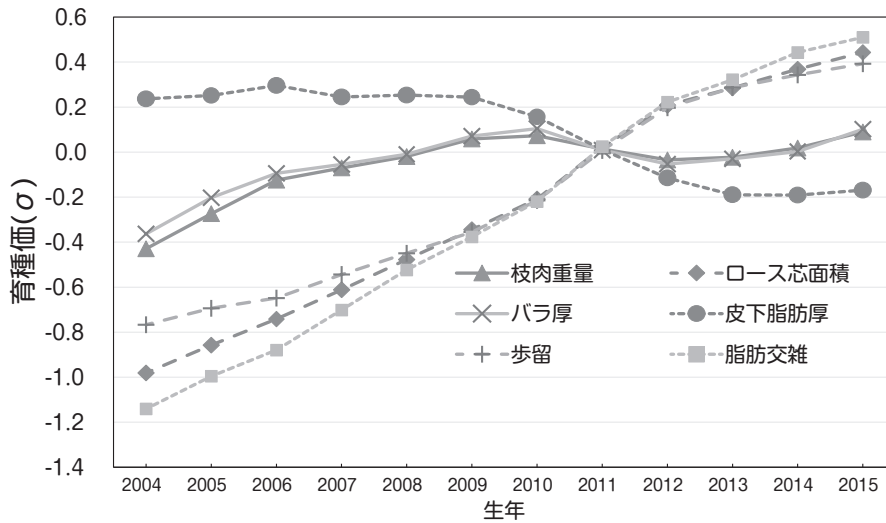
当初は、外貌から肉質を予測できないかと同様な調査研究がなされ、資質の良いものが肉質も良いという考え方があったが、実際にはあまり強い相関関係は見られず、外貌審査による選抜だけでは思い通りの結果が得られなかった。なお、種雄牛については、産肉能力検定法（1968年施行）のうち間接検定法という後代検定の手法がとられていた。種雄牛の後代の枝肉成績を調査し、その後代の成績に基づき種雄牛の遺伝的能力を推定して、種雄牛の選抜を図ろうというものであった。確かに、間接検定法において優秀な種雄牛が選抜されたことは間違いがないが、間接検定法における課題は、母牛の能力について考慮されていない点であった。したがって、間接検定法では成績が良かったにも拘わらず、実際の現場の成績は悪かった、あるいはその逆の結果が出ることもあり、限られた半きょうだい平均による選抜は、正確度の点において十分なものではなかった。さらに、間接検定法で好成績を残す種雄牛造成というものは、父牛側に注目してきた結果、半分の影響力を持つ母牛（種雄牛造成用雌牛）の選抜が産肉能力

に関して強い選抜になっていないこともあって、選抜強度は不十分で、高能力を持つ種雄牛造成の確率もあまり高くなかった。その課題を解消するため、次に考えられた手法は、後代の枝肉成績に注目して種雄牛造成用の母牛を選抜することであった。ただし、ここでも本牛の記録ではなく、少数の後代の記録であり、結果としては遺伝的能力の高い雌牛を効率良く選抜していくには及ばなかった。

しかしながら、アニマルモデルBLUP法による育種価評価の導入により、和牛の産肉能力改良は飛躍的に進むこととなった。アニマルモデルBLUP法による育種価評価は、集められたすべての後代の枝肉成績、肥育情報そして肥育牛から遡れる血統情報を利用し、種雄牛も雌牛も同時にかつ正確に、遺伝的能力が評価されるという非常に効率良いシステムであった。このアニマルモデルBLUP法は世界中の家畜育種に応用され急速に広まっていったが、和牛においては世界の中でもいち早くこの新たな手法を取り入れることに成功したのである。これは、和牛には、登録事業上蓄積されてきた全血統データをフルに利用できるメリットがあったことと、将来を見据え育種価評価体制（情報収集体制）の準備を進めてきたためである。当時、和牛は、国際競争時代を迎え、海外からの輸入牛肉に置き換えられてしまうのではないかとという危機感もあり、非常に厳しい時代であったが、この手法のお陰で、急速に産肉能力の遺伝的改良が進められ、和牛が世界でも認められる肉用種として一気に駆け上っていく1つの要因となった。

現在、産肉能力に関わる育種価評価については、45道府県52地域に及び、評価に用いられた肥育牛頭数は約581万頭、育種価評価された種雄牛は延べ約8万頭、繁殖雌牛は約

(図6) 供用中雌牛育種価の年次推移



(表4) 全共を通じての枝肉成績の推移

全共	第6回 大分	第7回 岩手	第8回 岐阜	第9回 鳥取	第10回 長崎	第11回 宮城	平成28年度 全国※
頭数	123	150	186	179	175	183	
月齢	23.7	23.5	23.4	23.4	23.5	23.6	29.1
枝肉重量(kg)	429.0	418.6	412.6	434.3	446.4	482.5	492.7
コース芯面積(cm <sup>2</sup> )	47.6	51.5	51.7	54.0	58.3	66.4	61.2
バラ厚(cm)	6.8	7.5	7.1	7.4	7.6	8.7	8.0
皮下脂肪厚(cm)	2.8	2.2	2.3	2.2	2.4	2.3	2.5
歩留(%)	72.3	73.9	73.6	73.9	74.3	75.8	74.3
脂肪交雑(BMSNo)	6.1	7.1	6.3	6.6	6.6	8.3	6.9
MUFA(%)				57.1	57.6	54.4	

※平成28年度日本食肉格付協会 黒毛和種去勢牛の平均

510万頭、そのうち地域内供用中雌牛は約30万頭とされており、育種価判明率については52.9%となっており、期待育種価まで含めると約8割の和牛が同一基準で評価された選抜指標を持っていることとなり、これらを活用することによって、正確度と選抜強度が高まり、雌牛集団の産肉能力の遺伝的改良については図6のとおり急速に進んだ。同時に、年次毎の格付成績は毎年成績が向上し、まさに遺伝的改良の成果と飼養管理技術の向上の成果である。

また、これまでの全国和牛能力共進会（以下「全共」という。）の結果で見る枝肉成績(表4)についても結果が向上してきていることがわかる。全共肉牛の部では、1966年開催の

第1回全共以来、出品牛の出荷月齢は24ヵ月齢未満と設定されており、和牛の潜在的な産肉能力がどこまで備わっているかを見極めていく意味があって設定されているものであるが、2017年開催の第11回宮城全共の結果には著しい産肉能力の改良成果が見られ、ほとんどの形質において、同時期の去勢肥育牛の一般出荷である約29ヵ月齢の平均枝肉成績を上回るレベルを実現したのである。一方で、実際の現場では、経済価値のことを考えると29ヵ月齢以上までは肥育しなければならないという意見も根強い。では29ヵ月齢以上の肥育牛と比較して何が足りないのだろうか。1つには、MUFA（一価不飽和脂肪酸）や水分含量の差が影響しているのではないかと

考えられる。MUFA割合が高いものは、融点が低く、脂肪の口溶けがよく、風味も良いとされるが、一般的に若い月齢の枝肉は、脂肪の質がやや白っぽく固めであると言われる。また、肉の締まりが良いものは、保水性が良く、多汁性に富むとされるが、一般的に若い月齢の枝肉は、ドリップが多く、水分含量が多いとも言われる。それでは、これらを実際に測定してみて、比較していくことから始めたいということで、光学測定機器を用いたMUFAや牛肉の一般成分の測定を狙いとし、JRA畜産振興事業を活用してそれぞれの検量線を作成し、現在では、枝肉市場において非破壊かつ迅速に、そして多くの測定値が得られる体制を整えることができたところである。

まだその他にも29ヵ月齢以上の枝肉との差は考えられるが、こういった課題を1つ1つ可能な限り数値化し、一般出荷牛と比較して遜色ないレベルにまで到達できることを示すことができれば、肉量・肉質レベルを落とさず、肥育期間の短縮、ひいては効率的な牛肉生産が可能となると考えている。今後もさらに追究していくことが重要である。

## 5. 飼料利用率 (2010年頃~)

飼料利用率については、和牛改良が始まった当初は、栄養価の低い飼料でも十分に食い込み、発育、増体し、繁殖にも供する能力があるという意味合いが強かった。また、飼料要求量（1kg当たりの増体に要する飼料摂取量）という考え方もあったが、その数字によって選抜をしていく程度のものでもなかった。

また、和牛産肉能力検定法が導入された当時は、わが国の飼料基盤を考慮し、飼料利用

性が重視されたが、残念ながら今日では忘れられているようである。しかしながら、今後の世界の食料生産を考えれば、極めて重要な経済形質として重視すべき能力である。現在は、飼料利用率を表す能力の指標として、余剰飼料摂取量(RFI)を示している。RFIとは、飼料利用率の効率を表す1つの指標で、一定の増体を保ったなかでの飼料効率に関する能力を表すものである。現在、直接検定牛についてはRFIの育種価評価を実施しており、改めて種雄牛選抜の重要な指標として活用しなければならない。また、飼料利用率の改良を進めていく上では、その観察値が重要となってくるが、現在、和牛における飼料利用率に関するデータは、かなり限られたデータしかなく、種雄牛の直接検定法で得られた成績か、あるいは現場後代検定法等において独自に収集されている肥育牛の飼料摂取量のデータしかないのが実態である。飼料利用率の能力情報収集の場の確保も極めて重要である。

また、直接検定法において算出されるRFIの育種価評価を実施しているものの、産肉能力などと比較すると、まだまだ記録を持つ個体が少ないこともあり、選抜指標としての利用は今後の課題とされている。したがって、現在、JRA畜産振興事業を活用して、飼料利用率（RFI等）に係るゲノム情報を活用した評価法の検討および改良に資する調査を行っているところである。直接検定法におけるRFIの種雄牛育種価が、実際その後代の肥育時における飼料利用率にどの程度影響を及ぼすのか等、当該事業を活用しながら、データ収集と検証作業を進めているところである。

## 6. これからの和牛改良

和牛の経済形質である、種牛能力、発育能

力と増体能力、産肉能力、飼料利用性においてそれぞれの改良の経過を見てきたが、発育能力や増体能力、産肉能力の改良が進み、一定レベルまでそれぞれの能力が到達したことを考えると、これからの和牛改良において重要になってくるのは、種牛能力や飼料利用性などの生産性に関わる能力である。さらには、産肉能力の中でも、脂肪の量（脂肪交雑）ではなく、脂肪の質（MUFA）に関する遺伝的改良である。とくに、産肉能力については、MUFAも含めた食味性等に係わる形質の改良にシフトしていく必要がある。そのため、和牛はこれらの改良の方向性に向かって進んでいくべきであり、また、これらの改良の成果を実証展示する場として、2022年に第12回鹿児島全共を開催する。「和牛新時代 地域かがやく和牛力」という改良上の目標を第12回鹿児島全共の開催テーマに掲げ、平素の改良事業に取り組んだ成果として、生産者はもちろんのこと、一般消費者まで含め、広く国民の皆さんにも、このような新たな和牛の価値観について情報発信しつつ、新たな和牛の価値観構築につなげていきたいと考えている。これまでの全共においても、改良成果の実証展示に向けて、JRA畜産振興事業の助成をいただいていたところであり、また、これらの新たな和牛の価値観の構築作業を始めて行く段階においても、JRA畜産振興事業の支援をいただいております、これら含めて、改めてこの場をお借りして感謝申し上げます。

さて、今後の課題としては、まだ残されているものも多数ある。例えば、MUFAを和牛改良目標としていくためには、MUFAのデータ収集体制と育種価評価体制を効率的に構築していくことが急がれる。現在の枝肉格付規格の中に盛り込まれれば、偏りなく格付成績とともにデータ収集が可能となるが、現

段階では各道府県単位かつ枝肉市場単位でデータ収集に取り組まれているところである。そして、このデータ収集体制から育種価評価体制の構築に結びつけ、種牛の選抜にまでその利用を推進していきたいと考えている。和牛の脂肪の質は、他の枝肉形質と同じように中程度の遺伝率が推定されており、遺伝的改良が可能な形質であることがわかっている。現在、脂肪の質については、27道府県で育種価評価が実施されており、肥育牛延べ頭数303,174頭から育種価評価された種雄牛は延べ16,334頭、県内供用中雌牛は83,262頭となっており、推定育種価判明率は15.6%である。第12回鹿児島全共では、第7区脂肪の質評価群という新たな区を設定しており、この区への出品取り組みを足掛かりとして、各県における脂肪の質育種価評価体制の整備と、これからの一層の改良推進を図っていただきたいと考えている。

次の課題は、牛肉の一般成分（水分、粗タンパク質、粗脂肪）の測定とその応用である。まずは、牛肉の栄養に係わる基礎的情報を把握していくことから始めたい。牛肉の一般成分については、JRA畜産振興事業により収集した枝肉582サンプル（6-7肋骨間のリブローズ約1cm程度）について、独立行政法人家畜改良センターにおいて理化学分析を実施していただいた。そのうち、BMSNo.6以上の一般成分を表5に示した。牛肉の一般成分におけるバランスは、食味性にも強く影響を与えるものである。とくに、粗タンパク質と粗脂肪含量のバランスは重要な基礎的情報であろう。表5によると、BMSNo.10以上になると粗脂肪含量は平均的に50%以上となっているが、一方で粗タンパク質は10%程度まで減少していることがわかっている。粗脂肪含量の多さは、まさに脂肪交雑改良の成果で

(表5) BMSNo.別ロース芯断面における牛肉一般成分の平均値 (n=582)

BMSNo.	6	7	8	9	10	11	12
水分(%)	42.6	41.3	39.3	38.4	36.9	35.7	32.3
粗タンパク質(%)	13.8	13.3	12.5	12.3	11.2	11.1	9.8
粗脂肪(%)	43.0	44.8	47.8	48.7	51.3	52.9	57.5

もあるが、その反面、ロース芯内の粗脂肪含量の増加は粗タンパク質の減少を意味し、うま味成分と関連があるアミノ酸（グルタミン酸）や核酸物質（イノシン酸）などは減少する傾向を示している。従来から粗脂肪含量が30～40%程度の牛肉（粗タンパク質では13～16%程度と推定）で、うま味が最も強く表れている傾向があるとも報告されており、過度の粗脂肪含量の増加は食味性への悪影響が懸念される。したがって、今後、和牛の食味性の改良を進めていくにあたっては、脂肪の質のみならず牛肉の一般成分についても配慮しておくことが必要である。

さらに、一般成分の利用においては、新しい形での利用の可能性もある。つまり、同じBMSNo.（目視による評価）でも粗脂肪含量（光学測定値）には幅があり、これを交雑脂肪の形状との関連で見ると、同じBMSNo.の中では、粗脂肪含量が少ない方が小ザシになる傾向が見られる。これは、ロース芯表面の見目の交雑脂肪の形状というよりも、ロース芯内の粗脂肪含量から判断する交雑脂肪の程度を反映する新たな肉質評価の視点となり、食品としての評価上重要となろう。

脂肪の質（MUFA）や一般成分（水分、粗タンパク質、粗脂肪）の測定値の他にも、呈味成分と言われるアミノ酸や核酸物質、グリコーゲンやグルコースなどの測定とデータ収集にも関心が高まっている。今後は、今の和牛の肉量、肉質レベルを一定レベル以上に保ちながら、幅広く食味性に関する知見を累積し、和牛の特色を再認識していく流れをつ

くっていくことが必要である。多様な消費者ニーズに応えていくためにも、改めて和牛肉の多様な価値観を再認識することが重要である。現行の枝肉形質は、ゲノミック評価に頼らずとも、1990年代に入って構築されてきた効率的な種牛の評価法や選抜交配法が十分に機能していると考えられるべきであり、今後は、新たな和牛の価値観にかかわる形質の数値化に必要な手法や選抜交配手法などに改良努力をシフトしていくことが求められている。

また、飼料利用性については、現在、JRA畜産振興事業を活用し、RFIの遺伝的能力評価についてDNA情報を活用した評価精度の向上を図り、選抜指標としての活用を検討している。また、直接検定法を終了した個体について、飼料利用性にかかわるゲノム解析等を行うとともに、後代肥育牛における飼料の利用性との遺伝的関連性について検証作業を進めているところである。

最後に、産肉能力の遺伝的改良が進んできた一方で、産肉能力優秀な特定系統の種雄牛に供用が偏り、集団の有効な大きさの減少が喫緊の課題として挙げられている。今、地域の特色ある牛づくりを取り戻すことが大事であり、JRA畜産振興事業を活用し、黒毛和種牛審査標準による種畜選抜を受けた繁殖雌牛についてゲノム構造分析を行うとともに、特定のゲノム構造を有するグループ毎に生涯生産性に関連する形質の調査を行い、遺伝的多様性を維持しながら、生涯生産性に優れた個体を選抜することとしている。つまり、今後は、和牛集団全体としての遺伝的多様性に



配慮しながら、和牛が潜在的に備えている多様な能力を考慮した形で遺伝的改良を効率的かつ効果的に進めていかなければならない時代となっている。一方で、昨今では個々の個体についても産肉能力（枝肉6形質）のゲノミック評価がもてはやされており、利用方法を誤れば遺伝的多様性の減少や近交係数の上昇等をより加速させてしまうのではないかと危惧される。

さらに、ゲノミック評価において注意しなければならない点は、正確度に関する情報である。つまり、その評価モデルの中において正確度が高いように見えても、ゲノミック評価に係わる情報（用いられたデータや分析モデル等）が未確認の状態では、比較すべき基準があいまいであると言わざるを得ず、その場合のゲノミック評価は半ばブラックボックスから算出された単なる数値でしかなく、結果として改良上の効果は極めて薄いと考えられる。したがって、ゲノミック評価においては、改良対象形質をよく精査し、まずは同じデータや同じ分析モデルを用いた中で、得られた評価値の特徴をよく確認しながら、検証作業を進めていくことが肝要である。

また、育種改良の原則は、いつの時代でも投資に見合う改良量が得られるかどうかことが重要であり、例えば、産肉能力（枝肉6形質）については、既に、関係者の長い年月の改良努力のお陰で、極めて少ない投資で大きな改良を達成してきたことは前述したとおりである。したがって、産肉能力（枝肉6形質）のゲノミック評価において、投資に見合う成果を得ようとする時、そのコストを無視することは改良の基本原則に合わないと考えられる。和牛集団全体の現状の改良レベルを考えて、ゲノミック評価の信頼性や実用性をよく吟味し、改良が遅れている形質や改良が急が

れるが測定値が得にくい形質等に対しての効果的な利用を検討していくべきであり、わが国の食料生産を担う和牛にとって必要な形質は何かを真摯に見直し、今一度、改良目標との整合性を精査することが必要な時期になっているのではないだろうか。遺伝的多様性にも配慮した改良目標の設定と、その目標達成に向けたゲノミック評価の応用が肝要である。

# (2) 「乳牛改良30年の歩みと 将来への取り組み」

～ 後代検定とNTPから始まった乳牛改良、そしてゲノミック選抜に期待すること ～

一般社団法人日本ホルスタイン登録協会 北海道支局登録部改良課 審査役 河原 孝吉

### 1. フィールド方式の後代検定から 改良が始まった

ホルスタインの泌乳能力と体型を総合的にバランスよく改良するための選抜指数、それも日本独自の指数を作りたいとの現場からの要望を受け、開発に着手したのは28年前の1993（平成5）年のことであった。まずは開発のきっかけとなった改良に対する当時の機運から探ってみたい。乳牛の後代検定は1980年代当時、国の種畜牧場による「乳用種雄牛後代検定事業」や道県の施設を活用した「優良乳用種雄牛選抜事業」が進められていた。一方、民間団体を中心に北米から種雄牛を生体輸入して一般供用する手法、いわゆる導入育種法も行われていた。国が実施するステーション（検定場）方式の後代検定は後代検定済種雄牛と海外からの導入種雄牛の評価成績を直接比較することが難しかった。酪農先進国では当時すでにフィールド（牛群検定農家）方式の後代検定を行い、一般供用種雄牛と新たに選抜された後代検定済種雄牛を遺伝的レベルで直接比較することができた。1984（昭和59）年から開始した「乳用牛群総合改良推進事業」はステーション方式による既存事業に加え候補種雄牛を民間の家畜人工授精団体からも公募できるようにし、さらに牛群検定の場を活用したフィールド方式の後代検定が

仕組みられた。

この事業では後代検定成績として泌乳能力の育種価を公表する予定であったが、ホルスタインは泌乳能力だけでなく、体型形質も改良しなければならないとの要望が北海道の酪農関係者の間から出ていた。そこで関係団体が協力し北海道単独の補助事業「種雄牛体型後代検定実験開発事業」を1985（昭和60）年から3年間の計画で実施し、牛群審査データの活用、後代検定娘牛体型調査の実施方法、線形式体型形質の審査法（線形審査法）および体型の遺伝評価手法を確立し、それをもって体型に関しても全国規模の後代検定の実施を要請した。牛群審査は日本ホルスタイン登録協会（以下、登録協会）の通常業務として専門の審査委員が酪農家に出向き、牛群内の経産牛（5歳未満）を一括審査する方法であり、これを応用した体型調査手法を確立したことで体型における後代検定が可能となった。実を言うと小職がこの業界に就職してから最初の仕事がこの事業の中で体型の遺伝評価システムを開発することであった。体型における後代検定の仕組みは全国規模の「体型形質に係る乳用種雄牛評価の技術的検討会」に引き継がれ十分な検討が行われた後、1988年の第1期後代検定済種雄牛から泌乳能力と体型の両方の育種価を用いて選抜する体制が整えられた。

## 2. 後代検定の次は 総合指数の開発

後代検定システムの整備が進む中、泌乳能力と体型の目標値は家畜改良増殖目標の改正に基づいて定期的に見直されてきたが、それらの目標に到達するための選抜方法や後代検定済種雄牛を序列づけする基準については何も決められていなかった。乳牛の選抜手法の中でも選抜指数法は複数の形質を効率よく改良する手法として欧米で広く利用されていた。米国のTPI (Total Performance Index)、カナダのLPI (Lifetime Performance Index) のように泌乳能力と体型の両方を考慮し種雄牛を序列できる日本独自の指数を望む酪農関係者の声が高まるようになった。そこで、家畜改良事業団（以下、LIAJ）が実施主体となり、1993（平成5）年度から2年間の計画で地方競馬全国協会からの補助を受け「総合的遺伝的能力評価基礎情報整備事業」が仕組み、登録協会はこの事業のうち「乳牛の総合的遺伝評価のための基礎分析業務」を受託した。

そこで、酪農先進国並みの泌乳能力に到達することを改良の重点目標とし総合指数の開発が始まった。泌乳能力は乳タンパク質量と乳脂量が同程度の速度で改良する重み付けとし、乳量には乳成分率の低下を抑制するため僅かな負の重みを付加した。体型形質は生産寿命と最も係わりの深い乳房の形質（乳房成分）を集中的に改良することにした。総合指数の開発はその後、畜産振興事業団からの助成による「乳用牛総合的経済形質改良促進事業（実施主体：LIAJ）」に受け継がれ、さらに検討が加えられた。1996（平成8）年1月30日に開催された「乳用牛総合的経済形質改良促進事業検討会」において日本初の総合指

数が正式に承認され、統一名称はNTP (Nippon Total Profit Index) に決定した。種雄牛のNTPは1996（平成8）年3月、雌牛のNTPは同年9月に公表された。

日本独自の選抜指数を目指して開発されたNTPであったが、米国のTPIやカナダのLPIと異なる重みに違和感を持つ酪農関係者もいた。例えば、乳量に対する負の重みは乳量の少ない種雄牛を上位にランクされるように見えろとか、家畜人工授精団体からは精液の販売面で不利になる等の指摘を受けたこともあった。乳タンパク質量の遺伝分散は非常に小さく、乳タンパク質量と乳脂量を同程度の速度で改良するには乳脂量の約5.6倍の重みづけが必要であった。しかし、重みだけを見た酪農関係者から「重みづけのバランスが悪い、乳タンパク質ばかり改良している」等と非難を受けたこともある。様々な機会に指摘箇所を説明し、最終的には何とか多くの関係者から理解が得られたものと思っている。

## 3. 生産寿命の改良と 機能的体型の研究

NTPは酪農を取り巻く経済情勢や最新の知見を取り込み幾度かの見直しが行なわれた（表1）。1997（平成9）年度から5年間、日本中央競馬会畜産振興事業（以下、JRA事業）により「乳用牛生涯生産性向上技術研究開発事業（実施主体：LIAJ）」が実施され、登録協会はその事業の委託を受けて生産寿命の延長と体型形質の関係を研究した。高能力を維持しているにも関わらず体型上の問題で飼養管理や搾乳管理に支障があるために淘汰せざるを得ないことは酪農家にとって不本意なことである。このように生産寿命や在群期間に影響を示す体型形質のことを機能的体型と呼ぶ。登録協会では線形形質データの詳細な研

(表1) 総合指数 (NTP) の重み付けの変遷

公表年月	産乳成分			耐久性成分			疾病繁殖成分		
	乳量	乳脂量	乳タンパク質量	乳房成分	決定得点	肢蹄	体細胞スコア	泌乳持続性	空胎日数
1995年7月	-16.2	8.6	50.2	15.0	10.0				
2000年2月	-16.2	8.6	50.2	8.9	7.9	8.2			
2001年8月	-7.9	9.8	57.2	8.9	7.9	8.2			
2003年8月		20.3	54.8	21.3		3.8			
2010年2月		19.4	52.6	20.4		3.6	4.0		
2015年8月		26.6	43.4	11.7		6.3	-4.0	2.0	-6.0

究を行い、特に乳房や肢蹄の形状が生産寿命や在群期間に対して影響する部位であることを明らかにした。その成果は2000（平成12）年のNTP改正に反映され、肢蹄をNTPに加えた。

登録協会は2002（平成14）年度から2年間実施したJRA事業「乳用牛体型能力向上対策事業（実施主体：LIAJ）」においてNTPの見直しのための研究を委託され、その成果は2003（平成15）年のNTP改正に反映された。2004（平成16）年度には2年間の計画でJRA事業の「乳用牛改良国際化対応総合推進事業（実施主体：LIAJ）」、さらに2006（平成18）年度には3年間の計画でJRA事業の「乳用牛改良体制強化対策事業（実施主体：LIAJ）」から委託を受け、NTP等の見直しに関連する研究を進めた。それらの成果は2010（平成22）年のNTP改正に役立った。具体的にはNTPの構成成分を大きく産乳成分、耐久性成分および疾病繁殖成分の3区分とし、生産寿命の延長に影響を及ぼす体細胞スコアをNTPに加えた。

NTPは国の家畜改良増殖目標に従って泌乳能力の改良を重視した指数であるが、生産寿命の改良を重視した第二の指数を望む声が高くなるようになった。そこで登録協会は2009（平成21）年度から2年間の計画で実施した「乳用牛国際競争力強化促進事業（実施主体：

LIAJ）」から委託を受け長命連産効果を開発し2011年から種雄牛の序列に使用した。

#### 4. 泌乳能力の改良と近交係数の上昇

輸入精液については1983（昭和58）年の家畜改良増殖目標の改正により輸入解禁となっていたが、2003（平成13）年のインターブル参加で、MACE評価値（国際遺伝評価値）の公表により輸入精液の育種価の信頼度が上昇した。同時に後代検定事業も軌道に乗り国内種雄牛は急速に改良されるようになった。2000年代後半には泌乳能力や体型形質においてインターブル評価の上位にランクインする国内種雄牛が増加した。優秀な種雄牛の供用により雌牛集団も急速に改良されるようになったが、一方で近交係数の顕著な上昇、繁殖成績の低下および生産寿命の低迷が顕在化した。ホルスタインに現れたこれらの問題は日本だけでなく世界的な傾向を示した。

乳牛集団の近交係数の上昇には泌乳能力や体型の急速な改良が影響した。泌乳能力や体型の遺伝的改良に寄与する系統は限られており、そのような系統から生産された種雄牛を多くの雌牛に交配し続けると数世代後には近交係数が上昇する。近交係数の急激な上昇は近交退化の誘発、劣性遺伝子が関与する遺伝性疾患の発症、さらに集団の遺伝的多様性が

喪失する。そのため、集団の維持には近交係数をなるべくゆっくり上昇させる交配法が効果的である。わが国の乳牛集団における平均近交係数の上昇速度は1980年代で+0.09%/年であったが1990年代には+0.26%/年に上昇した。登録協会は近交係数の上昇速度を抑制するため各種情報を酪農現場に提供し近交係数レベルが6.25%（おじめい交配やいとこ交配）を超えない交配を推奨し、2000年代と2010年代には近交係数の上昇をそれぞれ+0.13%/年と+0.15%/年に抑制できた。登録協会は2008（平成20）年度から2年間、JRA事業「国産種雄牛生産強化推進事業（実施主体：LIAJ）」から委託を受け「国産種雄牛の効率的データ収集手法等確立事業に係る乳用牛近交係数上昇要因分析事業」を実施した。この事業では近交係数上昇の原因となった種雄牛の特定ならびに近交退化量の推定など有益な成果が得られた。

近交係数の上昇速度を抑制しても近交係数レベルは確実に上昇を続け2017（平成29）年には平均近交係数で6.25%の基準を上回った。そのため基準レベルを7.20%に引き上げたが2020（令和2）年生まれの集団で7.0%に到達し、この調子で近交係数が上昇すれば2021（令和3）年には基準が超過することから、新基準を検討する時期に来ている。世界ホルスタイン・フリーシアン連盟（以下、WHFF）は国際連合食糧農業機関（FAO）の勧告に基づき近交係数の上昇基準を世代当たり1%以内（年当たり0.25%）とし、2015年から近交係数の上昇を監視している。近交係数の上昇を過度に抑制する交配は優れた種雄牛の供用を回避する頻度を増やし改良の遅滞を招き易い。泌乳能力の改良を進めるうえで現状の基準は厳しすぎるとの意見もある。わが国の近交係数の監視基準は今後WHFFが推奨する基

準も含め具体的な方策が検討されるだろう。

## 5. 泌乳能力の急速な改良と繁殖成績の低下

30年前の1990（平成2）年当時、牛群検定の305日平均乳量は約7,800kgであったが、その後の遺伝改良の推進と飼養管理技術の発達により2020（令和2）年には平均で約9,800kgとなり、その差は30年間で約2,000kgになった。一方、1990年代後半以降、泌乳能力の向上とは逆に繁殖成績の低下が顕著になった。泌乳能力の急速な改良により最近までの飼料給与技術では現状の経産牛のエネルギーを補うことができず、常に泌乳能力の向上を追いかけてながら栄養管理等の技術改善が求められ、これが繁殖成績低下の原因と考えられている。NTPの見直し等の研究で泌乳能力と繁殖成績との間には-0.50程度の遺伝相関が推定され、泌乳能力のみで選抜すれば間接的に繁殖成績が低下することがすでにわかっていた。そこで、登録協会では（独）家畜改良センター（以下、NLBC）から委託された「ホルスタイン種の泌乳持続性を組み入れた新たな総合指数の開発及びその改善に係る基礎分析」の中で、泌乳能力と繁殖成績を同時に改良できるNTPの研究開発に着手した。繁殖成績に関与する形質は何れも遺伝率が低く0.03から0.13の範囲にあったが、その中で選抜反応が比較的期待できたのは空胎日数であった。NLBCは2008（平成20）年に泌乳持続性、2014（平成26）年には受胎率と空胎日数の育種価を公表したことから、登録協会はそれを待って空胎日数と泌乳持続性を組み入れたNTPを2015（平成27）年に発表した。なお、NLBCと登録協会は2016年度以降も研究協定「総合指数（NTP）及び長命連産効果の改善に係る分析」を締結し、NTPの見

直し等の研究を進めた。

繁殖成績でもう一つ気になるのは近交係数の上昇により北米地域で相次いで発見された胚死減遺伝子である。登録協会はSNP（一塩基多型）情報を利用しHH1からHH6という名称の胚死減遺伝子6種類の国内における保因頻度を監視している。特にHH1とHH2の遺伝子がホモ化した胚は受胎後60日前後で早期流産を起し経済損失が大きい。わが国のホルスタイン集団における保因頻度は6種類のうち5種類まで減少しているが、HH5だけは未だに上昇が認められる。幸いにもJRA事業「乳用牛の新たな改良手法開発事業(実施主体：乳用牛改良推進協議会)」の乳用牛改良推進協議会において検討され、2021（令和3）年8月には登録協会からこれら胚死減遺伝子の保因情報を提供することになった。繁殖成績の更なる向上につながることを期待している。なお、繁殖成績の遺伝的趨勢は近年、低下傾向が抑制され空胎日数はむしろ短縮に向かい始めている。

## 6. 生産寿命に影響する大型化の問題

乳牛の生産寿命は酪農関係者の努力にもかかわらず低迷が続いており、牛群内の平均産次数は最近10年程を見ても上昇の兆しが見えない。生産寿命とは雌牛の経済価値や管理の容易さ等を考慮して酪農家が淘汰を決める寿命のことである。NTPを利用した改良は泌乳能力だけでなく生産寿命に影響する機能的体型等の改良も同時に進めた結果、表型的には寿命の停滞が認められるも遺伝的趨勢では上昇が確認されている。その原因としては生産寿命に関連する形質の遺伝率が低いことである。酪農家に気に入られ長く牛群に残したい雌牛は、それぞれの牧場の飼養形態や経営

方針で異なり、例えば泌乳量や乳質が優れた個体であったり、他の牧場では泌乳能力よりも機能的体型や繁殖性を重視するなど様々なことから、それが生産寿命の遺伝率が低い原因と考えられる。そのため、生産寿命の延長が期待できる潜在的素質が改良されても遺伝率が低いことから、酪農経営や酪農経済の状況が生産寿命の短縮の方向に作用すれば、表型的には生産寿命の低迷から脱却できないと考えられるのである。

一方、生産寿命を短縮させる影響として解決していない負の要因が存在する。近年になり問題視されているのはホルスタインの大型化である。体格の大型化を抑制できれば生産寿命の改良速度がさらに上昇する可能性があり、登録協会は2017（平成29）年度から2019（令和1）年度に実施したJRA事業「乳用牛DNA情報による長命連産性向上事業」の中で、生産寿命の延長が期待できる体のサイズの指標として「ホルスタイン雌牛の推奨発育値」を公表した。また、適切な体の大きさに選抜するために体のサイズ指数を開発した。この事業ではロボットやパーラー搾乳および放し飼い牛舎など飼養形態の多様化に適応した改良を推進するため同時に肢蹄指数も研究開発した。これらの指数は生産寿命の更なる延長を推進するため近い将来NTPに組み込むことを前提に研究を継続している。なお、国の補助事業である「持続的生産強化対策事業（実施主体：乳用牛群検定全国協議会）」では2019（令和1）年度から5年間の計画で搾乳ロボット適合性指数の開発が進められている。

## 7. 耐病性の遺伝評価の研究が始まった

疾病は生乳生産量を低下させ、治療費が増

える等の理由で生産寿命の短縮につながる。耐病性は疾病の種類にもよるが概ね遺伝率が0.1以下と低く選抜が難しい形質とされていた。そのためひと昔前までは飼養管理技術等の改善によって予防する他なかったが、最近ではSNP検査の普及に伴いゲノミック育種価の活用が可能になったことで選抜反応量（改良量）が期待できるようになった。また、正確な疾病記録の入手は一部の限られた農場の情報に限られるが、SNP検査の普及によりゲノミック評価法を活用して疾病の遺伝評価が可能になった。

臨床型乳房炎、ケトーシス、胎盤停滞、子宮内膜炎、第四胃変位、乳熱（低カルシウム血症）および各種の肢蹄病等は、発症頻度が比較的高く生産寿命に影響を及ぼす疾病と言われるが、SNP検査の導入後も疾病に関する遺伝的な研究はほとんど行われなかった。そこで、登録協会では2020（令和2）年度から3年間の計画でJRAの助成を受け「乳用牛生産性長命連産性の遺伝改良研究事業」を実施している。この事業では全国の農業共済組合の協力を得て酪農経営に重大な影響を及ぼす疾病を調査し、遺伝的改良を目的としたゲノミック育種価の推定手法の開発を行う。最終的には幾つかの疾病を組み合わせた耐病性指数を開発し将来のNTPの見直しに利用したい。耐病性指数の活用は優良な後継牛確保に貢献するとともに、獣医診療費等の経費削減にも波及効果を期待している。

## 8. 地球環境の変化と効率性に対応した改良

温室効果ガスの影響による夏季の平均気温の上昇に対応するため、NLBCは2021（令和3）年8月の遺伝評価から暑熱耐性を公表した。この指数を実用化したのはオーストラリ

アに次ぎ日本が2番目となる。海外において暑熱耐性の遺伝評価に二の足を踏むのは遺伝率が非常に低く乳量との間に負の相関が存在することが原因らしい。むしろ米国の暑熱地帯では暑熱耐性の強化よりも扇風機やシャワーの方が泌乳量を下げることなく飼養できると考えているようだ。しかし、わが国の場合は大掛かりな設備投資ができない酪農家も多く、遺伝改良と飼養管理の両面から暑熱対策を行う必要があるかもしれない。なお、暑熱耐性の評価手法は2021（令和3）年度から実施されるJRA事業「乳用牛の新たな改良手法開発事業」において詳細な検証が行われるであろう。

生産コストの低減は家畜における究極な改良目標かもしれない。飼料効率が遺伝的な形質であることはすでに1990年代に欧州の研究者が報告していたが、牛群検定の中では乾物摂取量を正確に測定できないため、各国とも長期間にわたり育種価を推定するに至らなかった。転機は一般酪農家にもSNP検査が普及してからであり2015年に豪州において飼料節約量（Feed Saved）という育種価が公表されたのが始まりである。昨年から今年にかけて北米でも飼料節約量の遺伝評価が始まった。限られた研究牧場で乾物摂取量等を正確に測定しデータ収集できれば、ゲノミック評価法を活用してSNP情報を持つ個体の飼料節約量の育種価が推定できる。飼料効率の改良により生産コストを低減するだけでなく、過剰に浪費される糞尿やメタンガスの削減にも役立つと考えられる。持続可能な酪農が世界的に注目される中で低炭素酪農への取り組みや行動が求められているが、飼料効率の改良はその具体的な対策になり得るものである。わが国も飼料効率の改良を進めるための検討を始める時期が来ていると考えられる。

## 9. ゲノミックスの活用方法を探る

欧米の酪農先進国は2009年から2011年にかけて後代検定からの脱却を図り、ゲノミック選抜へと移行した。わが国は2010（平成22）年から7年間の計画でJRA事業「高能力乳用牛選抜システム開発事業（実施主体：LIAJ）」を実施し、種雄牛のSNP検査とゲノミック評価手法の研究を進めた。2013（平成25）年には農水省畜産振興課家畜改良推進班、登録協会、LIAJ、（一社）ジェネティクス北海道、（株）十勝家畜人工授精所およびNLBCの連名で「SNP検査及びゲノミック評価の実施方針」を決めた。登録協会はLIAJ家畜改良研究所の遺伝検査部（群馬県前橋市）にSNP検査を委託するとともに2年間の計画で国の事業である「多様な畜産・酪農推進事業のうち家畜改良対策推進（新しい評価手法の確立対策）」を実施し、雌牛のSNP検査を進めるとともにSNPデータの管理団体としてSNP情報の管理とゲノミック評価値の公表に着手した。8月にはSNP検査の申込み受付を開始し、同年11月にはNLBCから最初のゲノミック育種価が公表された。（独）農畜産業振興機構の助成による「牛群検定システム高度化支援事業」では、牛群検定農家の未経産牛を対象にゲノミック評価を実施し、現在でも毎年約1万余頭の未経産牛をSNP検査している。

公表開始当初はゲノミック評価に使用した参照集団が小さいため育種価の信頼度が低迷を続けていたが、海外種雄牛のSNP情報をNLBCが入手し約1万頭規模の参照集団を利用できるようになり、2017（平成29）年以降に公表されるゲノミック育種価の信頼度が上昇した。しかし、参照集団の規模は欧米諸国

と比較するとまだ十分とは言えず、特に新規に輸入される海外種雄牛のSNP情報を増やす対策を継続する必要がある。乳用牛群検定全国協議会が実施する「畜産生産力・生産体制強化対策事業」の中でLIAJが毎年数十頭程度の輸入精液をSNP検査していたが、2020年度からは登録協会が実施するJRA事業「乳用牛生産性長命連産性の遺伝改良研究事業」において海外種雄牛のSNP検査を年間数百頭規模で実施している。ゲノミック育種価は2017（平成29）年2月には年4回から6回に2018（平成30）年8月からは年12回に公表回数を増やしたこともあり、SNP検査頭数は毎年増加を続け2021（令和3）年2月には未経産牛3.5万頭以上のGPI（ゲノミック血統指数）がNLBCから公表された。2021（令和3）年5月末には本会が管理する雌雄のSNP情報が12.8万件を超えるまでになった。

一方、北米のゲノミック育種価は日本よりも参照集団が大きいいため信頼度が若干高く、しかもゲノミック情報は70項目を超え日本と比較して情報量が格段に多い。その結果、北米にSNP検査を依頼し遺伝情報を求める酪農家が増加し、国内で牛群検定や体型審査の記録を持ちながらSNP情報だけが海外に流出する状況が顕著になりつつある。そこで、わが国もゲノミック選抜を応用した乳牛改良を進めるためにLIAJは2019（令和元）年度から3年間の計画でJRA事業「乳用牛ゲノミック情報活用促進事業」を実施した。この事業ではモデル農家に協力を要請し、未経産牛のゲノミック情報を活用した乳牛改良システムを開発し、その有効性についても検証する。SNP検査の普及はゲノミック選抜による乳牛改良の促進に役立つので今後も強力に推進していく必要がある。



## 10. どうしたらゲノミック選抜に移行できるか

インターブルの上位にランキングされる国内種雄牛が増加した時期もあったが、酪農先進国がゲノミック選抜に邁進する中、上位にランキングされる国内種雄牛の頭数は減少した。それとともに、国内のホルスタイン集団では海外種雄牛を父に持つ雌牛割合が上昇を続けており、2020（令和2）年には登録雌牛のうち海外種雄牛を父に持つものが約57%を占めるまでになった。このような状況下、国内種雄牛の選抜でもゲノミック育種価を使用するようになり、例えば2018（平成30）年生まれの種雄牛と父牛および母牛の世代間隔は各々約3年と2.5年に短縮したが、それらの種雄牛を一般供用するには未だに後代検定に頼る状況にある。北米における雌牛と父牛の世代間隔は5年以下に短縮されたが、わが国ではゲノミックヤングブルの輸入精液を考慮しても平均6.8年もあり、北米との差が縮まらない。

後代検定候補種雄牛はゲノミックの活用により信頼度が向上したことから、当初185頭の候補種雄牛が2015（平成27）年には160頭、2018（平成30）年には140頭まで減少し、調整交配による検定農家の負担が軽減された。それにも関わらず調整交配率は年々下降しているのがわが国の後代検定の実態である。その理由の1つに、140頭の中でゲノミックヤングブルとして精液を販売できる優秀な種雄牛はほんの僅かであり、ほとんどは後代検定終了時まで待機させ種雄牛の選抜を先送りしていることが挙げられる。むしろ待機種雄牛はゲノミックヤングブルとして精液を配付した中で最も優秀なものだけで良いはずである。北米では家畜人工授精団体自らが周辺の

牧場と協力して大規模な中核育種集団を造成し種雄牛を生産・選抜するシステムが作られていると聞く。わが国において中核育種集団の造成を計画するとしたら、今後NLBC等の公的牧場の役割は大きいと考えられる。

幸いにも2021年度から3年間の計画でLIAJが事務局となりJRA事業「乳用牛の新たな改良手法開発事業」がスタートした。この事業は乳牛の改良に関係する国内の団体が参集して乳用牛改良推進協議会を設立し、遺伝評価や後代検定などの専門に分かれて今後の乳牛改良の体制について議論する。後代検定法から早く脱却してゲノミック選抜法の体制を構築し、国内種雄牛のシェア拡大に挑むことが今後もわが国の乳牛改良が生き残る方法と考えられる。

## 11. おわりに

選抜限界とは遺伝的変異が消失し、乳牛であれば泌乳能力の育種価で序列づけしてもその差が小さく幾ら選抜しても反応（改良量）が得られない状態のことをいう。ホルスタインの泌乳能力は遺伝率と遺伝分散の大きさから、未だ選抜限界に至らず今後も選抜を続けることで十分な改良量が得られると考えられる。泌乳能力の改良はこの30年間に飛躍的に進んだが、その一方で改良スピードについて行けず、「乳牛の能力はこれくらいで良い」との意見を耳にする。それは最近に限ったことではなく平均乳量が7,000kgを超えた時も8,000kgを超えた時でもある。酪農家は後追いながら高能力牛群で生じる様々な問題点を解決し飼養管理や栄養管理技術の改善に取り組んできた。

ちなみに泌乳能力の改良を止めることを専門用語で「選抜緩和」というが、それを行う

---

とどうなるだろう。遺伝的恒常性という現象によって選抜の反対方向に戻ろうとする力が働くと言われている。それゆえ、泌乳能力を一定にする目的で選抜を緩和すべきでなく、乳牛の経済価値を維持するためには常に選抜を続けなければならない。ただし、あまり強い選抜は集団の多様性が急激に減少し選抜限界を早めることになるので、選抜手法についても研究が求められるであろう。今後はさらに高能力化した牛群を管理することになり、酪農家にも非常に高度な飼養技術が求められることが予測されるので、遺伝的改良だけでなく飼養管理技術のさらなる研究開発も期待したい。



# (3) 豚改良の過去から未来へ

国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構  
生物機能利用研究部門 生物素材開発研究領域 領域長 美川 智

## 1. はじめに

家畜の育種改良とは、いかに望むべき形質を発現する次世代を生産するかである。そのために種畜となる個体を選抜するが、過去では対象個体の見た目が重視された。しかしながら環境が変われば成績も変わるので、遺伝的能力のみを評価することが求められ、家畜育種学が発展した。遺伝的能力を育種価として表すことで選抜指数法が1940年代に導入され、さらに1963年にはHendersonにより表現型値と血統情報を用いるBLUP法が開発された。BLUP法が日本で普及するのはコンピューターの能力が向上した1980年代であった。

一方で、DNAの二重らせんの発見は1953年であり、DNAがタンパク質の設計図であるというセントラルドグマは1958年に提唱されている。1975年にはサンガー法によるDNA配列の解析が可能となり、次々と遺伝子の配列が解読された。この流れの中で、人類の共通財産として全遺伝子情報を解明しようとするヒトゲノムプロジェクトが始まった。一方、家畜では遺伝的能力は遺伝子配列の違いに起因するという考えから、育種改良への遺伝子情報の利用可能性が検討された。今回は、この遺伝子情報を用いた豚の育種改良法の開発について紹介する。

## 2. 欧米での家畜ゲノム解析研究の創成期

1991年、ヒトゲノムプロジェクトが開始されたまさにその頃、欧米諸国において家畜ゲノム解析研究の急速な展開が見られるようになり、日本でもその対応が求められた。当時の日本では、閉鎖群育種による系統豚が造成されていたが、手法としては、選抜指数法から制限付きBLUP法への移行期であり、育種の効率化が推進されていた。しかしながら、ヒトで様々な遺伝子の配列が明らかになるにつれて、豚を含む家畜の育種改良でも遺伝子

情報を利用することが期待された。

欧米では、DNAマーカーを用いた連鎖地図の作成と、量的形質遺伝子座(QTL)のマッピングが始まっていた。これらはF2家系を用いるが、豚では120頭以上のF2個体が必要であった。また連鎖地図上の位置を示すマーカーを200個以上開発する必要もあり、マイクロサテライトマーカーの開発が進められていた。

欧米は先行してQTLマッピングを進めていたが、1994年に、スウェーデンのAndersson博士のグループが、ヨーロッパ猪と家畜豚とのF2家系を用いて、家畜豚の早い成長と少な

い脂肪蓄積量に大きな影響を持つ遺伝子が第4染色体に集中していることを報告した。これにより家畜豚の生産性に影響を持つQTLを特定しようという流れが世界的に加速した。

### 3. 日本で家畜ゲノム解析研究の開始

欧米から約5年遅れたものの、日本中央競馬会（JRA）の特別振興基金「平成3年度農林水産ゲノム解析研究事業助成金」により、日本での豚を対象とした家畜ゲノム解析研究が開始された。そのためにSTAFF研究所が設立され、家畜衛生試験場、畜産試験場との間で、交流共同研究「家畜ゲノム解析研究」が立ち上げられた。

1993年には、STAFF研究所、家畜衛生試験場、畜産試験場の三者で、「家畜ゲノム研究チーム」が構成され、①遺伝子地図作成（染色体地図）、②遺伝子利用技術開発、③遺伝子機能開発の3つの課題に取り組むことになった。家畜ゲノム国際ワークショップも開催され、EUの豚遺伝子地図作成グループのリーダーであるArchibald博士が来日した。その後、毎年開催されることとなり、海外の最新情報に触れることができるようになった。

### 4. 連鎖地図の作成とQTLマッピング

1994年からJRA助成による「家畜ゲノム解析研究」は第2期となったが、畜産試験場でF2家系の作出と連鎖地図の作成が開始された。マイクロサテライトマーカーは日本で開発したもの以外に、USDA、EUで開発したものを共同利用することができた。

畜産試験場で作成したF2家系は、1頭の雄ゲッチングミニ豚と2頭の雌梅山豚からなり、F1個体は雄が2頭、雌が18頭であった。

143頭のF2個体を含む166頭を用いて、243個のマイクロサテライトマーカーからなるほぼ全染色体領域をカバーする連鎖地図を作成した。これはUSDA、北欧グループに次ぐ3つ目の地図であり、相互に補完しあうことによって解析を進展することができた。

この連鎖地図を用いてQTL解析を行うために、表現型のデータ収集も開始した。またQTL解析を正確なものにするためには高密度のマイクロサテライトマーカーを開発する必要があった。そのためには特定領域のゲノムDNAが必要となるため、大腸菌人工染色体（BAC）を用いたゲノムDNAライブラリーを作成した。BACライブラリーはQTLマッピングとともに、後の豚ゲノムプロジェクトにも貢献することとなった。

### 5. 生産形質を支配するQTLの単離

1998年から「家畜ゲノム解析研究」は第3期となり、畜産試験場のF2家系については、F2個体を増産した。F1個体は白色、中型で枝肉成績もほぼ均一であったが、F2個体は毛色や体格がバラエティに富んでおり、枝肉形質や繁殖形質などできる限りのデータを収集した。このF2家系を用いて解析した結果（F2：265頭）、10ヶ所に有意（ $P < 0.01$ ）な効果を有するQTLが検出された。その後、第1染色体の椎骨数、第4染色体の1日平均増体量、第7染色体の背脂肪厚に関するQTLに注目し、BACライブラリーを用いて近傍領域に新たなマーカーを開発し、QTLのファインマッピングを進めた。

同時期に、農林水産省の委託研究（1994～1998）において、畜産試験場以外にも8つの公設試において、それぞれ異なる品種の組合せによるF2家系が作出されており（表1）、

(表 1) 日本で作出された豚のF2家系

	P 世代		F1		F2
	雌 (頭数)	雄 (頭数)	雌	雄	
畜試	梅山豚 (2)	ゲッチングンミニ豚 (1)	18	2	265
岩手	ランドレース (1)	デュロック (1)	4	1	158
静岡	金華豚 (1)	大ヨークシャー (1)	4	1	122
群馬	ランドレース (2)	日本猪 (1)	5	2	127
鹿児島	バークシャー (1)	クラウンミニ豚 (1)	6	2	119
北海道	梅山豚 (2)	ランドレース (1)	7	1	138
宮崎 <sup>1</sup>	大ヨークシャー (6)	ランドレース (2)	戻し交配家系 (雄 199 頭)		
宮城	ランドレース (1)	梅山豚 (1)	7	1	246
愛知	梅山豚 (1)	ランドレース (1)	7	2	243
3 県 <sup>2</sup>	金華豚 (5)	デュロック (1)	21	6	528
徳島	大ヨークシャー (3)	日本猪 (1)	7	3	353

<sup>1</sup> 宮崎県は、先天性奇形（陰嚢ヘルニア）について戻し交配家系を用いて解析した。

<sup>2</sup> 静岡県、千葉県、神奈川県 of 3 県で 1 つの家系を作出した。

オールジャパン体制でQTLマッピングが開始された。

## 6. QTLに位置する遺伝子の単離

2001年からの「家畜ゲノム解析研究」（第4期）では、それまでのQTLのファインマッピングをもとに原因遺伝子の単離に取り組み、産肉性に関連する有用遺伝子として、椎骨数と背脂肪厚をターゲットとした。当時、遺伝病では原因遺伝子が解明された例はあったが、量的形質の遺伝子単離に成功した例はほとんどなかった。

椎骨数のQTLは第1染色体に検出されており、日本国内で作出された複数のF2家系を統合的に解析した結果、約2.5Mbの範囲を候補領域としてBAC整列地図を作成した。BACクローンから詳細にマイクロサテライトマーカーを開発した際に、300kbにわたって椎骨数の多い西洋品種豚で多型マーカーが存在しない固定された領域を見出した。これ

は椎骨数を増やす対立遺伝子が人為的に選抜されたことを示唆しており、その後の分子生物学的な解析によって、NR6A1遺伝子が椎骨数QTLの責任遺伝子であることが証明された。

## 7. 肉質に関するQTLの単離とDNAマーカー育種

日本では欧米と異なり豚肉をテーブルミートとして食することからも、産肉性に加えて肉質が重要視されていた。しかしながら、枝肉形質とは異なり、環境要因が多く関与するため肉質のQTLは検出が困難であった。そこで農林水産省の委託研究では、1999年からより大規模なF2家系を作出した（表1）。

静岡県、千葉県、神奈川県 of 3 県は合同で、金華豚とデュロック種からなる約500頭のF2個体を含むF2家系を作出しており、肉質関連形質では、特に効果の大きいものとしてクッキングロス、シェアバリュー（肉の柔らかさ）、筋肉内脂肪含量、遊離アスパラギン

酸に関するQTLを検出した。徳島県では、日本猪と大ヨークシャーを用いた353頭のF2を含むF2家系を作出し、肉質をターゲットとして解析した結果、肉色、pH、筋繊維タイプ、筋肉内脂肪含量、皮下脂肪の脂肪酸組成に関連するQTLを検出した。また岐阜県では、遺伝的に高い筋肉内脂肪含量を示すデュロック種雄豚を用いて実験家系を作出し、筋肉内脂肪含量に関する2つのQTLを検出した。

2002年からは検出されたQTL情報を用いて実際に豚を選抜しており、金華豚とデュロック種のF2家系では、と体長、筋肉内脂肪含量、シェアバリューについて、DNAマーカーを用いた選抜でF3個体での効果を実証した。さらには商用集団作出のためにデュロック種と金華豚のF1個体をデュロック種に戻し交配し、金華豚由来の肉の柔らかさに関するQTL（第6染色体）を持つ個体を選抜した。3世代にわたって戻し交配を続け、最終的には家系内交配により基礎集団とした。これはフジキンカと命名され、金華豚の肉の柔らかさと特徴的な脂肪の風味に特徴がある（2010年）。同様に、徳島県では、日本猪に由来する肉色（第6染色体）、保水性（第15染色体）に関連するQTLをデュロック種に導入した阿波とん豚が作出された（2013年）。岐阜県では、デュロック種内で筋肉内脂肪含量に関連する2つQTL（第7、第14染色体）を選抜したポーノブラウンが作出され、通常の約2倍の6%という値を示している（2010年）。

## 8. 豚の抗病性育種に向けた研究

2004年からは、JRA畜産振興事業「家畜抗病性ゲノム解析研究」によって、豚の免疫関

連遺伝子の解析が始まった。これまでは、豚等の家畜の育種目標は、繁殖性や産肉性のような、直接生産性に影響する形質の改良が重視され、一定の成果を収めてきた。一方で、家畜の生産性に影響する要因として、細菌、ウイルス等に対する感染抵抗性、すなわち抗病性があげられる。実際には、肺炎や下痢等の日和見感染症が最大のものと考えられており、飼養中の斃死による損失のみならず、抗菌剤等の防疫費も大きなコストとなっている。

抗病性については、病原体の認識、サイトカイン等によるシグナル伝達等の差異が影響しており、集団内にある程度の多様性を維持して、様々な疾病に対応していると考えられている。そこでまず、豚の主要組織適合抗原複合体であるSLA領域の塩基配列解析を行い、多型性の高い領域をハプロタイプとして分類し、各種免疫学的指標との関連解析を行った。

SLAの全領域は、セントロメアを挟んで2.35Mbの大きさであった。複数の個体を比較すると、含まれる遺伝子の数（重複数）が異なり、また発現している遺伝子にも違いがあった。異なるSLA領域（ハプロタイプ）を区別するために、SLA領域全体に64個のマイクロサテライトマーカーを配置して、その多型を解析することによって集団内でのハプロタイプの判別法を開発した。静岡県と協力して飼養集団内でのSLAハプロタイプを調べたところ、デュロック種では6種、大ヨークシャー種では7種、金華豚では11種のハプロタイプがあった。それらとワクチン接種時の抗体価上昇との関係を解析した結果、それぞれの集団において特定のハプロタイプをヘテロで持つことで抗体価の上昇に効果があった。興味深いことに、これらの上昇効果を持つ多くのハプロタイプも、ホモ化した場合に

はその効果は抑制された。これらのことから、豚においてもSLA領域は、抗病性に大きく関与していることが示唆され、抗病性育種の可能性が示唆された。

免疫形質についての遺伝解析では、総白血球数や貪食能について有意なQTLを検出しており、またマイコプラズマ性肺炎については、病変をスコア化することによってQTL解析を行い、2009年にはファインマッピングにより肺炎抵抗性に関与するゲノム領域を第2染色体上に特定した。さらに日和見感染に重要となる自然免疫系の遺伝子多型の解析を進めた結果、Toll様受容体（Toll-like receptor; TLR）ファミリーに属する遺伝子について、下痢や肺炎、またワクチン接種後の抗体価に関連する遺伝子多型を明らかにしている。一早く豚の抗病性に取り組んだこれらの成果は、現在、商用集団での抗病性向上のための技術として大きな注目を浴びている。

## 9. 豚ゲノム解読

この間、2000年にはヒトではゲノム概要解読が終わり、2003年には完全解読が宣言された。のべ15年間で費やされ、その費用も30億ドルと莫大なものであった。しかしながらその間の技術革新はめざましいものであり、多くの生物種のゲノムプロジェクトがすでに始まっていた。

家畜の中では牛が最初の解読対象となり、豚は遅れて2003年9月に国際コンソーシアムが設立された。ヒト、マウス、牛のゲノム解析研究が進行する間に、哺乳類では種によって染色体の数やゲノム構造が異なるが、ゲノム全体で見ると遺伝子の並びが似ている領域がモザイク状に組み合わさって位置していた。そこでヒトと豚との比較遺伝子地図が作

成された。そのために用いられたのがRHマッピング法で、日本においても2000年までにRHパネルを開発し、ヒトと豚の遺伝子の共通領域を増幅するPCRプライマーを用いて、比較遺伝子地図の作成を進めた。

国際協力によって、豚の連鎖地図やヒトとの比較遺伝子地図の情報から、各染色体上に位置するBACクローンを単離して整列させ、塩基配列解読の材料とした。日本は染色体ごとに整列されたBACクローンの塩基配列解読を分担し、イギリスのサンガー研究所が情報処理により全ゲノム配列として公開した。2009年11月に概要解読完了の報告がされた。

豚のゲノム配列は4つの塩基（A、G、C、T）の並びであって、それだけではどこが遺伝子かはわからない。ゲノムDNA解読が目されるが、遺伝子がどこに位置するかという情報があって始めて利用が可能となる。そこで農業生物資源研究所とSTAFF研究所は、遺伝子から転写されたmRNAを解析した。様々な組織からmRNAを調製して全長をDNAに変換し（完全長cDNA）、網羅的な解読を行った。その結果をゲノムDNA配列と照合することにより、遺伝子が位置する場所と、エクソン・イントロン構造が明らかになった。日本の解析により19,000個以上の遺伝子配列が明らかとなった。

## 10. ゲノム情報を利用した育種改良 ～遺伝子多型の蓄積～

2007年度からは、JRA畜産振興事業「ゲノム解析技術を活用した家畜等育種強化事業（豚の高精度育種マーカー実用化研究事業）」が開始された。豚のゲノム解読が国際コンソーシアムによって進められ、また日本による完全長cDNA（発現遺伝子）解読により、豚の遺伝子の配列が次々と明らかになった。



畜産においては、経済形質に関連する遺伝子多型を育種改良に用いることが目的であり、詳細な多型解析が次の目標となった。ゲノム配列はそのほとんどが遺伝子と遺伝子の間の領域であり、また遺伝子の中にもタンパク質をコードしないイントロンが多くを占める。

日本は世界に先駆けて、完全長cDNAを用いることにより、タンパク質をコードする領域を発見遺伝子として解読を進めてきた。よって肉質等の生産形質と密接な関連を有する遺伝子群について詳細なSNP(一塩基多型)探索を行い、生産形質との関連性解析により高精度DNAマーカーを開発することとした。

日本国内で飼養される代表的な品種(ランドレース、大ヨークシャー、デュロック、バークシャー)、およびハンプシャー、梅山豚、金華豚を用いて、脂質代謝・合成に関連する遺伝子、および免疫に関連する遺伝子について、SNPを開発した。脂質代謝・合成系遺伝子では168個、免疫関連遺伝子では150個についてデータベース化することにより、大学等での候補遺伝子解析に貢献した。

### 11. ゲノム情報を利用した育種改良 ～網羅的なSNP情報の蓄積～

豚のゲノムDNA解読の進行とともに、個体間の一塩基多型(SNP)の開発が同時に進められた。SNPはゲノム上での数が多く、マイクロサテライトマーカーより型判定(ジェノタイピング)を自動化しやすいため、形質との関連性解析に用いるDNAマーカーとして国際的に期待された。2008年には約8,500のSNPがデータベースに登録されていたが、次世代シーケンサーによるSNP開発が急速に進展し、2010年には50万以上と増大した。SNPのジェノタイピング法の開発も進められ、ヒト、マウスに続いて、家畜においても

一度に6万ヶ所のSNPをジェノタイピングできるSNPアレイが販売され、一般的に使用可能となった。これによりゲノム上に均等に配置したSNPをマーカーとして用いて、多くの個体の形質データとの関連性を解析することにより、経済形質に影響を有するゲノム領域を特定するゲノムワイド関連性解析(GWAS)が可能となった。QTLの単離はF2家系での連鎖解析から集団内での関連性解析へと移行し、解析対象は商用集団となり統計育種によって改良が進められている育種集団そのものとなった。

### 12. ゲノムワイド関連解析を用いた 遺伝子マーカーの開発

日本においてもSNPの解析系を整え、2010年からのJRA畜産振興事業「豚ゲノム育種手法高度化事業」においてデータ取得を開始した。系統造成でのデュロック種集団を解析対象とし、13の形質データを用いて、1,000頭規模の解析を行った。その結果、背脂肪厚、1日平均増体量、胸囲、管囲、体長に関連するSNPが検出されており、これらSNPの近傍にある遺伝子についてさらに多型解析を進めて遺伝子マーカーを開発した。

注目されるものとしては、レプチン受容体遺伝子の多型が、背脂肪厚、1日平均増体量、胸囲に関連性があった。FIT2遺伝子の多型は筋肉内脂肪含量、BMP2遺伝子の多型は1日平均増体量、生時体重に、CCBE1遺伝子の多型は1日平均増体量、CADM2遺伝子の多型は90kg検定時体重(日齢補正)、その他に、体長に関連するSNP(MARC0092223)、1日平均増体量に関連するSNP(ALGA0049421)が検出されている。これらについては「形質との関連解析により開発した、豚の6形質に関連するDNAマーカーとその判別系」とし

(表2) 豚の6形質に関連するDNAマーカー

遺伝子	染色体	形質
LEPR	SSC6	背脂肪厚、胸囲、1日平均増体量
FIT2	SSC17	筋肉内脂肪割合
CCBE1	SSC1	1日平均増体量
CADM2	SSC13	90kg検定時体重(日齢補正)
BMP2	SSC17	1日平均増体量
MARC0092223	未決定	体長
ALGA0049421	SSC8	1日平均増体量

特許第 6424027 号より

て特許登録(第6424027号)されている(表2)。

### 13. 相関解析に有用な 遺伝子多型の開発

2013年からはJRA畜産振興事業「遺伝子解析等を活用した生産性向上・育種改良推進事業(豚経済効果関連遺伝子の多型開発・解析事業)」において、1日平均増体量を中心に商用の西洋品種でのGWASに取り組んだ。SNPアレイには、西洋品種とアジア系品種の間で認められるSNPも搭載されていたが、品種内での遺伝的多様性を検出するには、それらは不向きであった。よって主要品種内において、エクソン領域に位置するSNPを開発して利用することにより、効率的な解析を目指した。1日平均増体量への関与が示唆される約3,000の遺伝子について、アミノ酸置換やスプライシング異常を引き起こす合計6,000のSNPを開発して解析に利用した。1日平均増体量の他にも成長形質、枝肉形質のデータを用いて関連性解析を行った結果、体長、管囲、背脂肪厚、体高などで有意なSNPが検出されており、目的とした1日平均増体量に関しては、第1染色体の2つの遺伝子、第15染色体の1つの遺伝子がDNAマーカーとして利用できることが判明した。

### 14. 氾濫するQTL情報 ～霜降りの改良に利用可能な QTLはどれか～

世界的に育種改良が加速化した結果、産肉性や繁殖性の成績が急速に向上した。その結果、国産豚肉は輸入豚肉との価格競争にさらされ、多様化する消費者ニーズに対応するために、高い品質と安全性に加えて高付加価値を持つ国産豚肉が必要という考えにいたった。そこで2015年・2016年に実施したJRA畜産振興事業「ゲノム情報活用育種改良推進事業(豚改良へのゲノム情報の活用高度化事業)」では止め雄となるデュロック種での筋肉内脂肪含量の改良に取り組んだ。

2015年には豚で登録されているSNPは8,200万に及んでいた。世界的に解析が進められたQTL情報はデータベース(Animal QTL database, QTLdb)にまとめられ、1万3千が登録されていた。ただしQTLが検出された集団(品種、交雑家系の組合せ)は様々であり、目的とするデュロック種で利用可能かどうかは不明であった。つまりQTL情報は膨大にあるが、対象とする集団が変わると育種に利用可能なものは異なるということであった。

世界的に蓄積されたQTL情報をいかに迅

速に有効利用するかであるが、実際には対象とする集団での効果の検証が第一歩となる。QTLdbには筋肉内脂肪含量に関連した255のQTLが登録されており、論文等で示されている実験系を精査した結果、デュロック種での利用可能性が示唆されたのは119であった。これらQTLの近傍の遺伝子情報、SNP情報を収集し、国内のデュロック種での多様性を解析し、最終的に10の領域の60のSNPを用いて3つのデュロック種集団で関連性解析を行った。その結果、第6染色体の2ヶ所、第12染色体の1ヶ所に有効なSNPマーカーが開発された。

### 15. SNP情報の大規模収集 ～ゲノミックセレクションの 可能性～

農林水産省の委託研究においても、繁殖性、飼料利用性などについてGWASが実施された。その結果としては、メジャーなQTLとともに効果の小さな多数のSNPが検出されている。これらは統計育種においてポリジーン効果として扱われているものに近いものと考えられる。実際に、メジャーなQTLが占める遺伝分散は小さく、それ以外の多数の小さな効果を見逃すことはできない。

GWASで検出されたSNPのほとんどは、表現型を支配する原因SNPと連鎖不平衡にあるものである。連鎖不平衡が認められる領域は集団によって異なるが45kb～200kbとも言われており、マーカーとしたSNPと原因SNPとの関係から集団によっては効果が逆転することもある。理想的にはマーカーSNPの近傍を詳細に解析して原因SNPを特定すればよいが、数が多いだけに現実的ではない。

我々がQTLマッピングを進めている頃、Meuwissenらが高密度遺伝子マーカーの存在を仮定したゲノミックセレクションの理論

を提唱している（2001年）。当時は大きな効果を有するQTLをいかに発見するかに興味もたれ、ゲノム全体に位置する効果の小さなQTLに注目した研究者は少なかった。しかしながら、ゲノム全体の高密度SNPのジェノタイピングが可能になってからは、遺伝的能力の大部分は効果の小さな多数の遺伝子に支配されていることが明らかになり、ゲノミックセレクションが実用的な手法として利用できるかが検討されるようになった。

家畜でのゲノミックセレクションでは、SNPアレイに登録された個々のSNPについて訓練群を用いて表現型に対する効果を与えることが基本となる。実際には様々な改良が加えられているが、ゲノミックセレクションが有用であることは、乳牛においてまず示された。よって論理的には豚でも利用できることになるが、世代間隔の短さ、種畜の多さが課題となる。これらは連鎖不平衡を示す領域の大きさに影響するので、個々のSNPの効果が集団を超えて共通とは言えない。豚でのゲノミックセレクションには、乳牛以上に高密度なSNPアレイが必要となり、また世代間隔が短い再検証する時期も早くなると考えられる。

### 16. これからのゲノム情報を用いた 豚の育種改良

当初の家畜ゲノム解析研究は経済形質に関連するQTLを検出し、それを利用して育種改良を加速化することを目的とした。しかしながらより多くのゲノム情報を得ることができるようになった結果、それだけでは不十分であり、多数の遺伝子の効果を取り入れることが必要と判断されるようになった。実際にSNPアレイが利用できるようになり、その方向は確かなものとなったが、当初の方向性と

---

はまったく異なるものである。

DNA情報を利用する分子遺伝学にとっては複雑な統計処理を加えることが必要となったのだが、統計遺伝学から見ると従来の手法にSNP情報を加えるという応用的な研究であった。その点で、これまで別々に進んでいた2つの研究分野が統合されることになった。唯一の課題はSNPアレイのコストであるが、世界的に普及するにつれて大幅に低下している。

現在では、育種改良にSNP情報を利用することは認知されるようになりgenomic BLUP (GBLUP) 法として実用研究が進められている。ただしSNP情報を加えた育種価をゲノム育種価と呼んでいるが、その正確度を見てもまだ改良すべきところは多い。SNPに相加的効果の他に優性効果も与える他、エピスタシス効果も考慮することも必要である。またゲノムインプリンティングを示す遺伝子も多数存在することからこれらもモデルに組み込む必要がある。

もっとも日本の豚育種改良で検討が必要なことは表現型のデータ収集であり、これは以前から変わらない。日本のように多数の系統が存在し、それぞれに育種目標が異なると、全体的な解析は不可能となり、コストが大きくなる。このような状況では訓練群を用いないsingle-step genomic BLUP (ssGBLUP) が有利になると考えられる。

ようやく豚育種改良へのゲノム情報の利用が現実的になったところだが、あくまで純粋種での話である。実際の肉用豚は三元交雑で生産されており、その理由は雑種強勢を利用するためである。様々なゲノム解析のための手法が揃った今、雑種強勢の解明への取り組みも世界に先んじて着手すべきではないだろうか。



# 3 家畜の防疫衛生の取組みの これまでとこれから

公益社団法人 中央畜産会 衛生指導部 参与 小倉 弘明

## 1. 家畜の防疫衛生のはじまり

我が国の体系的な防疫衛生の取組みのはじまりは、近代的畜産の創成期、明治のはじめまでさかのぼる。防疫衛生の取組みは一義的に家畜の所有者が責任をもって行うべきものであるが、技術的な限界とその被害の大きさから、どの国でも法律制度、組織を作りその取組みを主導している。我が国でも明治4年に牛疫の侵入防止のために出された太政官布告にはじまり、明治29年には獣疫予防法が制定され、戦後の家畜伝染病予防法に基づく取組みにつながっていく。

一方、研究分野については、明治24年、農商務省農務局仮試験場に獣疫研究室が設置され、大正10年には獣疫調査所として独立、以後、農林省家畜衛生試験場、(独)動物衛生研究所、(国研)農研機構動物衛生研究部門と名称、組織が見直されながら我が国の家畜衛生研究を担い、今年(令和3年)で100周年を迎える。

## 2. 戦後の防疫体制の整備と 組織的な自衛防疫のはじまり

国内での伝染性疾病の発生をみると、牛疫、口蹄疫などの最重要疾病は戦前の段階で制圧され、戦後、昭和20年代には、炭疽、結核、ブルセラ症、馬伝染性貧血、ひな白痢などが

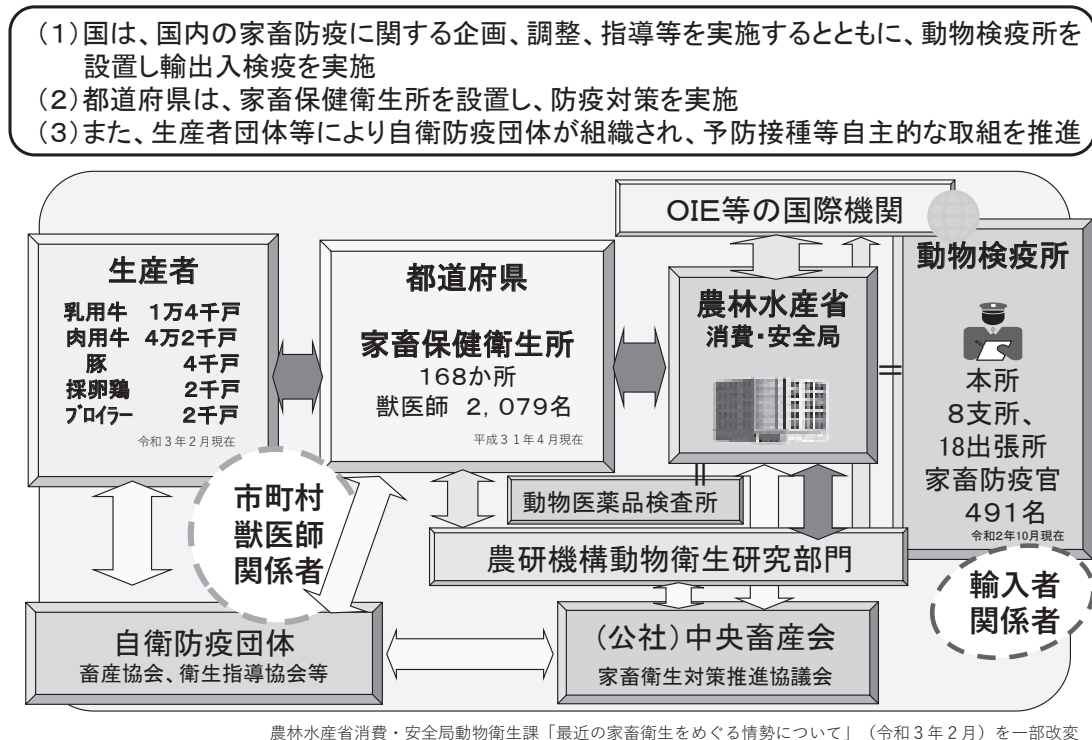
広く浸潤し、日本脳炎や豚コレラ(当時)の繰り返しの流行や流行性感冒(イバラキ病)、ニューカッスル病の流行もみられていた。このような中で、現行の家畜伝染病予防法の制定、都道府県家畜保健衛生所の整備など、制度的、人的な体制整備が進められ、定期的な検査による摘発淘汰やワクチン接種により昭和30年代半ばからの畜産の拡大を支えていくことになる。

そして、昭和40年代はじめには、畜産の飼養規模が大規模化する中、豚コレラやニューカッスル病の大流行が起きる。高性能の豚コレラ生ワクチンやニューカッスル病生ワクチンの開発、供給が行われるが、その接種の体制として、法に基づき都道府県が実施する枠組みだけでは不足する。このため、昭和46年には家畜伝染病予防法も改正され、家畜の所有者やその組織する団体による自主的措置、いわゆる自衛防疫とそれに対する行政の支援が明記される。これも受け都道府県に生産者団体、市町村等からなる自衛防疫団体として家畜畜産物衛生指導協会が設立され、予防注射、衛生指導が推進される。昭和56年には全国組織として後に(公社)中央畜産会と合併する(社)全国家畜畜産物衛生指導協会も設立され、これにより、ほぼ現在の防疫衛生推進体制が整備される(図1)。

また、この昭和40年、50年代、馬関係では、41年、42年に馬鼻肺炎による流産が流行、さ

(図1)

## 日本の家畜防疫衛生体制



らに、46年から47年にかけては馬インフルエンザが発生し関東を中心に感染が拡大、競馬開催も中止となる。47年には日本中央競馬会(JRA)が事務局となって今日まで続く国と軽種馬の関係団体による軽種馬防疫協議会が設立され、この年実用化された馬インフルエンザワクチンの接種などが競馬関係団体の支援も受け各地の家畜畜産物衛生指導協会とも連携して推進される。また、一時は年間1万頭近い摘発があった馬伝染性貧血については、なお年間数百頭の摘発が続いていたが、昭和53年には寒天ゲル内沈降反応が開発、法定化され、以後清浄化されていく。さらに、平成元年には国、現農研機構動物衛生研究部門、JRAで構成される馬防疫検討会も立ち上げられ、当時生産地で流行していた馬伝染性子宮炎の清浄化など馬の伝染性疾病の診断、予防の技術面での検討をけん引していくことになる。

### 3. 30年前からの主な出来事、疾病清浄化の取組と食品の安全性確保

今から30年前、平成のはじめには、戦後の課題であった結核、ブルセラ症、馬伝染性貧血、豚コレラ、ニューカッスル病や新たな疾病への対応も都道府県による地道な摘発淘汰の取組みやワクチンの開発、組織的接種の取組みもあってあらかた解決の方向は見えてきていたが、その一方で、国際的な人、物の流れの増大や飼養規模の大型化を背景に新たな課題が出始める。豚のオーエスキー病や牛のヨーネ病が拡がりを見せはじめ、豚の呼吸器病など生産性を阻害する慢性の疾病、日和見感染症対策の必要性が言われる。また、サルモネラや大腸菌O157での食中毒の発生への対応が必要となり、馬関係では生産地での馬伝染性子宮炎の清浄化や海外で流行していた馬ウイルス性動脈炎の侵入防止が課題となっ

(表1)

## 平成のはじめ以降の家畜衛生上の主な出来事

平成	3年	ワクチンも用いたオーエスキー病清浄化対策開始
	5年	豚繁殖・呼吸障害症候群（PRRS）の国内浸潤確認
	8年	豚コレラ撲滅対策開始 豚流行性下痢（PED）の流行 大腸菌O157による食中毒続発
	12年	92年ぶりの口蹄疫の発生
	13年	国内初のBSEの確認
	16年	79年ぶりの高病原性鳥インフルエンザの発生
	19年	豚コレラ清浄国宣言 馬インフルエンザの流行
	22年	口蹄疫の大規模発生 馬伝染性子宮炎の国内清浄性確認（馬防疫検討会）
	23年	農場HACCP認証制度開始
	25年	豚流行性下痢（PED）の全国的流行
	29年	馬伝染性貧血の国内清浄化承認（馬防疫検討会）
	30年	26年ぶりの豚熱の発生、発生拡大
令和	2年	高病原性鳥インフルエンザの発生多発

ていた頃になる（表1）。

### (1) オーエスキー病清浄化対策とPRRSの浸潤

オーエスキー病は、昭和56年に国内で初めて感染が確認され、養豚主産地を中心に感染が拡大していた。当初、十分な支援対策も準備されないまま発生農場の飼養豚の淘汰などが指導され、結果、防疫対応の前提になる情報すら十分に集まらない状況となっていた。そのような中で、原因も不明で診断法も確立されてなかった頃とはいえ、昭和のおわりには、現在養豚衛生上の大きな課題となっている豚繁殖・呼吸障害症候群（PRRS）の侵入を許し、平成5年によく侵入を確認した時にはすでに全国に浸潤していた。オーエスキー病の対策は、平成3年には、現在の対策の原点になる衛生管理の徹底を基本とし、ワクチンも利用した地域ぐるみの清浄化対策が牛肉関税財源を活用した支援対策とともに策定される。以後、行政の指導の下、自衛防疫

団体が中心となり、地域協議会の開催、出荷種豚の検査、ワクチン接種等の取組みが行われ、その後多くの家畜衛生上の出来事がある中、清浄化が進められていく。

### (2) 豚コレラ撲滅対策

養豚で大きな被害を与えてきた豚コレラも、昭和40年代の家畜衛生試験場（現農研機構動物衛生研究部門）での生ワクチンの開発と自衛防疫団体による組織的なワクチン接種により、平成4年を最後に発生が見られなくなっていた。国際化の進展で生産コスト低減を迫られる生産者サイドからの声も受け、平成8年度から5か年の計画で撲滅対策が開始される。対策は、衛生管理とワクチン接種を徹底しつつ清浄性確認を進め、万一の発生に備えた家畜防疫互助基金も作り、ワクチン接種を段階的に中止して清浄化を達成しようというもの。対策開始後、野外にウイルスがいる様子もなく順調に進展するかと思われた



が、ワクチン接種中止の予定が迫るにつれ、生産者から接種継続の要望が出されるようになる。背景には、過去の悲惨な発生体験とその不安を解消したワクチンの性能への信頼があった。全面中止に向け、成功の条件と言われていた、生産者の合意、国・農場段階でのバイオセキュリティ強化、診断・防疫体制の整備、経営支援策の整備といった課題への対応が続けられた。しかしながら、大方の生産者の理解を得たと言える状況には至らず、予定されていた平成12年の全面中止は見送られ、原則中止、県知事の許可がある場合のみ接種という暫定的な措置が取られる。その後も生産者の理解を求める取組みが続けられる中、平成16年にワクチン株と近縁のウイルスの感染事例の対応にあたった鹿児島県から、発生時の防疫を円滑に進めるためにも早期に全面中止すべきとの提言を受ける。これも契機として、国の審議会で防疫指針の検討が開始され、接種継続を求める生産者も参加した技術検討会も開催されて、万一の発生時の経営再開にも配慮した対応や迅速な殺処分が困難な場合のワクチン使用も内容とする防疫指針が策定された。これにより平成18年4月以降は予防的なワクチン接種は全面中止され、1年後の19年4月には、豚コレラの清浄国となったことを宣言するとの最終報告が国際獣疫事務局（OIE）に行われた。この一連の対応の中で、自衛防疫団体は、組織的なワクチン接種に加え、万一の発生に備えた互助基金やワクチン備蓄の仕組みも担い、豚コレラの撲滅に大きな役割を果たしている。

### （3）畜産物の安全性確保

畜産物の安全確保は畜産生産の大前提であり、自衛防疫団体の名称も、設立当時、家畜衛生の究極の目標は畜産物の安全性確保だとし、家畜畜産物衛生指導協会と名付けられ

たと聞く。平成のはじめには鶏卵のサルモネラ汚染による食中毒が問題となり、平成8年には病原性大腸菌O157による食中毒が社会問題となって、生産、流通、加工の各段階での衛生対策の徹底が課題となる。さらに、生産現場では、飼養規模の大型化で様々な病原体が常在化し生産性の低下が問題となる一方で、残留、薬剤耐性菌の問題で抗菌性物質の適正使用も求められるようになっており、衛生管理の重要性は増していき。そのような中、危害要因を分析（HA）し、それを防止するための特に重要な工程（CCP）を継続的に監視・記録するHACCPの考え方を取り入れた管理方法の検討が国ではじめられる。平成14年には畜種ごとに整理された生産段階における衛生管理ガイドラインが策定され、21年には農場HACCP認証基準を公表、以後、中央畜産会で、国、日本中央競馬会畜産振興事業（以下、「JRA事業」と略記。）の支援も受けて認証のしくみが検討され、24年には14農場がはじめて農場HACCP認証を受けた。その後、審査員の養成や審査技能の向上、事業推進上の課題の調査・検証や制度の普及も続けられ、令和3年の夏の段階で中央畜産会が認証した認証農場は322農場、推進農場は延べ472農場とその取組みは着実に広がってきている。

## 4. 平成のなかば、越境性の重要疾病の相次ぐ発生と緊急防疫体制の整備

### （1）平成12年の口蹄疫の発生

平成9年3月、日本と同じく清浄国で豚肉の大輸出国でもあった台湾で、380万頭の豚を処分するという口蹄疫の大規模な発生が起きる。日本でも水際の検疫強化だけでなく、国内の監視強化、防疫演習などが展開されている。そして平成12年3月、日本でも92年ぶ

りとなる発生をみる。昭和40年代に、英国での大規模流行を踏まえ防疫演習を繰返し実施し、防疫対応の基本となる海外悪性伝染病対策要領が策定され、家畜衛生試験場の診断体制も整備されてきていた。この発生では、牛での症状も少なく、6万検体にも及ぶ膨大な数の抗体検査で清浄性確認が行われ、関係者の尽力やその病勢もあり結果的に宮崎、北海道の4件の発生で終息、秋には清浄国に復帰した。発生終息後、原因として疑われた輸入粗飼料を検疫の対象とするなどの家畜伝染病予防法の改正、生産者、関係事業者も含め関係者が一体となって防疫を進めるための大臣名の指針の作成、豚コレラ撲滅対策で開始された防疫互助基金への口蹄疫の追加などが行われる

## (2) 平成13年のBSE発生

BSEは昭和61年に英国で確認され、感染頭数も年々増加、平成8年には人の変異型クロイツフェルト・ヤコブ病と関連する可能性が発表され、数万人規模の被害が出るとの論文も出て、日本も含め世界的に不安が高まる。平成13年、海外での発生拡大や国際機関のリスク評価の動きも踏まえ日本でも清浄性確認のためのサーベイランスを強化した矢先に発生が確認され、牛肉消費、枝肉価格は大きく減少、低下する。国の危機管理意識が不足していたために発生したと受け止められ、厳しい批判を受けながら飼料規制やと畜場での危険部位除去（SRM）や20か月齢以上の牛の全頭検査、生産サイドでの死亡牛の全頭検査など安全のための対策や消費者の安心感を増すための対策が実施され、加えて関係事業者の経営支援も大規模に展開される。そして一連の対応の検証を踏まえ食品安全基本法の制定や農林水産省消費・安全局、食品安全委員会の設置も行われる。また、この間、平成14

年6月には、牛海綿状脳症特別措置法も制定され、すでに実施されていた対策に加え、牛の個体識別制度の導入などが一括して規定され、翌年には家畜伝染病予防法も改正され、現在に続く飼養衛生管理基準の策定や重要疾病の防疫指針策定が規定される。BSEは、行政組織や飼料の生産利用のあり方も大きく変えながら、平成21年の36頭目を最後に国内で確認されなくなり、25年にはOIEから無視できるBSEリスクの国として認定されている。

## (3) 平成16年の高病原性鳥インフルエンザの発生

高病原性鳥インフルエンザは、古くから家禽ペストとして知られていたが、平成9年に香港で人への感染、死亡事例が確認され注目を集める。15年には東南アジアでも流行、16年の1月には、国内でも79年ぶりに発生し、新型インフルエンザの出現の懸念もあって社会的な関心を集める。前年に策定されていた防疫マニュアルを基本に対策が進められたが、出荷が制限された鶏卵の補償など飼養規模の大型化に伴う新たな課題が浮上する。さらに、3例目となった京都での発生では、届出の遅れもあり感染鶏や感染鶏肉が出荷され、カラスの死亡事例も確認されるなど影響が拡大する。はじめて自衛隊の派遣を受け、12府省庁の関係閣僚による食への不安や新型インフルエンザ対策を含む緊急総合対策の取りまとめがされるなど、家畜疾病への政府をあげての対応の契機ともなる。その後の法改正では、届出義務違反などへのペナルティーの強化、移動制限に伴う損失への支援などが盛り込まれる。また、この一連の発生対応の中で予防的なワクチンの使用を求める声が上がったが、ワクチンは見えない流行を招くおそれがあるとして備蓄するにとどめ、他の先進国と同様に徹底した殺処分と経営支援策の

充実とともに、防疫上の制限も最小限とする取組みが行われている。海外のいくつかの国ではワクチンが使用されはじめ、人への感染もみられ、渡り鳥による伝播と北方圏の営巣湖沼でのウイルスの定着で世界が今もこの脅威と向き合い、国内では令和2年秋以降、かつてない規模で発生をみるようになった。

#### (4) 平成22年の口蹄疫の発生

平成22年4月、宮崎県で口蹄疫の発生が確認された。確認の遅れもあり、発生は拡大、5月半ばには殺処分の待機頭数が6万頭を超え、国内では初めてとなるワクチンが使用された。牛、豚の処分頭数はワクチン接種家畜8万7千頭も含め30万頭、総理大臣を本部長とする政府対策本部も設置され、防疫作業参加者は県、畜産関係者、自衛隊、警察など全国からの応援も含め約16万人にのぼる。4か月にわたる防疫対策が展開され、防疫対策展開中に特別措置法も制定されて、ワクチン接種家畜の予防的な殺処分やその補償が規定された。防疫、畜産経営対策費用は600億円、県経済への影響は2,350億円と推算されている。翌年4月には、一連の対応を検証していた口蹄疫検証委員会の提言や当時発生していた高病原性鳥インフルエンザの発生状況も踏まえて家畜伝染病予防法が改正され、特別措置法の内容に加え、入国者への対応強化や農場での消毒施設の設置、発生に備えた埋却場所の確保などの規定や、口蹄疫など重要伝染病へ特別手当金の交付や移動制限の補償措置の対象拡大などが規定されている。また、この検証委員会では、早期発見の必要性や防疫措置に習熟した獣医師の確保の必要性が指摘され、中央畜産会がこの年からJRA事業の支援を受けて民間獣医師への研修事業を開始し、さらに25年からは、法改正も受け、地域の自衛防疫対応の強化のため検討会、研修会

の取組みも開始している。

### 5. その後、高病原性鳥インフルエンザ、豚熱の再発など

平成19年8月には馬インフルエンザが競走馬施設で発生、ワクチン接種により発症率は低かったものの、輸送競馬が主流になる中、全国の競馬場、生産地、乗馬関連施設でも発生し、競馬も一部開催が中止され、国体の馬術競技も中止される。また、高病原性鳥インフルエンザの発生は初発以降数シーズン続き、さらに平成25年、26年には豚の流行性下痢（PED）が全国的に流行した。このPEDの発生の拡大要因については、豚の移動、家畜や飼料の運搬車両が疑われバイオセキュリティの面ではまだまだ課題が多いことが明らかになった。中央畜産会では、JRA事業の支援も受け、このような状況を受けて改正された飼養衛生管理基準の普及やPEDの再流行防止のための消毒活動やワクチン接種の支援を緊急的に実施したのに続き、29年からは清浄化が大詰めを迎えているオーエスキー病や生産性阻害の大きな要因となっているPRRSも含めた養豚分野での防疫対策の強化を主要県で展開している。

そして、30年には26年ぶりに豚コレラの発生が確認される。野生いのししでの感染も確認され、以後、野生いのししでの感染拡大に起因する形で養豚場での発生も拡大した。元年秋には豚へのワクチン接種も開始され、法改正により豚コレラは“豚熱”に改められた。原因となっているウイルスは病原性も弱く、野生いのししの生息密度、範囲もかつてと異なり、国内での経験はない。野生動物を介した感染症の伝播の防止については、中央畜産会でもJRA事業の支援を受け26年から関係者とのネットワークづくりも含め取り組んでき

(表2)

## 家畜伝染病予防法の概要と改正

下線部は平成12年以降の主な改正、強化事項を示す。

- 1 総 則  
目的、定義、関係者の責務、特定家畜伝染病防疫指針の作成
- 2 家畜の伝染性疾病の発生予防  
届出、検査、注射等 畜舎等出入口消毒義務 飼養衛生管理基準
- 3 家畜伝染病のまん延防止  
届出、通行制限、と殺・殺処分、予防的殺処分(口蹄疫、ASF)、野生動物対応  
焼埋却(防疫員実施可)、消毒、移動・市場等制限)
- 4 輸出入検査  
輸入禁止、指定検査物(わら、乳など)、家畜防疫官の検査、質問、廃棄、関係者の協力
- 5 病原体の所持に関する措置
- 6 雑 則  
大臣指示、国の協力、防疫員の派遣、立入検査・報告徴収  
手当金(ペナルティ規定、越境性疾病への特別手当金)、経費負担(移動制限の損  
失も対象)
- 7 罰 則(届出、飼養衛生管理基準、輸出入検査違反等の罰則強化)

ていたところであるが、この豚熱の発生においても、豚熱野生いのしし対策として、当初の発生地である岐阜県、愛知県での経口ワクチン散布の実証事業を実施し、以後、国の企画調整の下、いのししの捕獲強化、経口ワクチンの散布の両面での対策が関係者を挙げて取り組まれている。

さらに、令和2年11月には、高病原性鳥インフルエンザが3年ぶりに発生、3年3月までに52事例の発生があり987万羽が処分された。そして、豚熱、高病原性鳥インフルエンザとも1万頭、50万羽を超える大規模農場での発生が見られており、その検証と対応が進められている。

### 6. 残された課題と自衛防疫の役割

国内の家畜衛生は平成のはじめ、一時、比較的静かな時期があったものの、国際的な人や物の流れの増大、飼養規模の大型化を背景

に、平成12年の92年ぶりの口蹄疫の発生以来、BSE、高病原性鳥インフルエンザの発生、そして豚熱の再発生も経験した。我が国周辺では、口蹄疫に加えアフリカ豚熱もまん延している。かつて畜産関係者の関心事項にすぎなかった家畜の防疫衛生は社会的な関心事項になった。これも背景に数次の家畜伝染病予防法改正で水際での検査体制も含め制度面も充実、国、都道府県、関係者をあげた緊急の防疫体制も整備、強化され、疾病発生を理由に経営を中断しなくてすむだけの経営支援対策も整備されてきており、あとは飼養衛生管理の徹底による発生防止が課題になる(表2、3)。

また、これら越境性の重要伝染病だけでなく、生産現場には、長く課題であり続けている伝染性疾病が発生している。牛のヨーネ病については、新たな検査法も開発され、定期検査の仕組みや移動牛の管理も定着し発生拡大は防がれているが、発生頭数が減少する様子はない。牛伝染性リンパ腫は、対策のガイド

(表3)

豚熱等重要疾病発生時の国の主な経営支援策

下線部は平成10年度以降疾病発生を契機に措置されたものを示す。

	発生農家	移動・搬出制限区域	区域外
家畜伝染病 予防法での 支援	<ul style="list-style-type: none"> <li>殺処分家畜等への手当金 患畜1/3 疑似患畜4/5</li> <li>同 特別手当金 患畜2/3 疑似患畜1/5</li> <li>焼埋費用交付金 1/2(県負担時4/5特交措置*)</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>農家に対する助成 売上減少額、掛かり 増し経費 国、県各1/2 (県負担4/5特交措置)</li> </ul>	
融 資	<ul style="list-style-type: none"> <li>家畜疾病経営維持資金の うち経営再開資金</li> </ul> <p>(地方自治体が利子補給、保証料軽減措置を行った場合は1/2特交措置)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>農林漁業セーフティネット資金、畜産特別資金ほか</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>同 経営継続資金</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>同 経営維持資金</li> </ul>
家畜防疫 互助基金	<ul style="list-style-type: none"> <li>家畜防疫互助基金支援 (事業推進、互助支援) 経営支援互助金 焼却・埋却等互助金</li> </ul>		

\* 特交措置は特別交付税措置を示す。自治体に特別な財政需要か財政収入減があり普通交付税の額が過少であると認められる場合に支給される。

ラインが示され高リスク牛の自主とう汰などの支援策も行われているが、発生届出頭数は4000頭を超えるまでになっている。その他にも飼養規模の大型化で課題となる乳房炎、牛の肺炎や下痢、地球温暖化の影響で発生地域の拡大も懸念される媒介昆虫によるウイルス性の異常産などの対策も必要になる。養豚分野では、PRRSに加えサーコウイルスなども広く浸潤、一部の経営では効果的な衛生管理システムの導入で高い生産性を実現しているものの、農家間の格差は大きく、全体としては大きな課題として残っている。

さらに、伝染性疾病対策に共通して、抗菌性物質の利用については、薬剤耐性菌問題が医療面も含め世界的な課題となり国のアクションプランも作られ、その慎重使用が求められており、この点でも生産農場での飼養衛生管理水準の向上が課題となる。

豚熱の再発や我が国周辺でのアフリカ豚熱

の発生を受け行われた、昨年（令和2年）の家畜伝染病予防法改正では、関係者の責務規定が新設され、家畜の所有者については、家畜の伝染性疾病の発生、まん延防止に第一義的な責任を有していることを自覚し、必要な知識を習得し、飼養衛生管理等を適切に実施するよう努めなければならないと明記された。また、豚熱や高病原性鳥インフルエンザの発生では、飼養衛生管理の不備が少なからず指摘されており、飼養管理基準の徹底のため、飼養衛生管理者の選定や指導のための国の指針や県計画の策定などの仕組みも規定され、合わせて飼養衛生管理基準も改正され、その普及と確実な実施が課題となっている。

この春、国連の持続可能な開発目標SDGsや国の2050年カーボンニュートラルの目標も受けて農林水産省で策定された「みどりの食料システム戦略」においては、持続的生産体制の構築の一つとしてICT機器を利用した事

---

故率の低減や疾病予防、革新的ワクチンや迅速かつ的確な診断手法による抗菌剤に頼らない畜産生産技術の開発も掲げられている。また、畜産局の持続的畜産物のあり方の検討会の中間とりまとめでも、これらの研究と合わせ飼養衛生管理基準の徹底や防疫体制の整備とともに、農場HACCPの推進や薬剤耐性菌対策も掲げられている。環境対応、持続可能な生産体制の構築は輸出拡大と並ぶ農政の柱と言われているが、畜産物の輸出拡大の大前提は国内の家畜の防疫衛生水準の維持、向上であり、それは持続可能な畜産物生産の実現にもつながっていく。

自衛防疫団体の全国組織でもある中央畜産会では、関係機関と共同で家畜衛生対策推進協議会も立ち上げ、国、関係団体、JRA事業の支援も受け、都道府県の自衛防疫団体と連携して、自衛防疫の推進や慢性疾病対策、重要疾病発生時の防疫支援体制の整備等の取組を行い、国内の防疫衛生水準の維持、向上の一翼を担っている。戦後の課題であった多くの疾病は清浄化されるかコントロール下にある。令和2年に発生があった家畜伝染病（法定の25疾病）は、豚熱、高病原性鳥インフルエンザ以外では、流行性脳炎、ヨーネ病、腐蛆病の3疾病のみであり、平成のはじめの課題だったオーエスキー病の清浄化対策も野外ウイルスが確認されているのは1県のみと大詰めを迎えている。畜産物の安全確保面では、制度が始まって10年の農場HACCP認証の取組みも定着、その対策の柱の一つとされるまでになった。

防疫衛生は、国民消費者の信頼を得ることが不可欠な我が国畜産の振興の基盤となる。生産現場には依然課題はあるが、これまでの取組みにより我が国の防疫衛生水準は世界でもトップレベルにある。研究開発の進展にも

期待しつつ、国、都道府県の企画調整と指導の下、伝染性疾病対策に一義的な責任を有しているとされる生産者とその組織する団体である自衛防疫団体も責任を持ってその推進を図っていく必要がある。



# 4 AI、IoT等を活用した畜産新技術の これまでとこれから

学校法人 東京理科大学 理工学部 経営工学科 教授 大和田 勇人

## 1. はじめに

AI（人工知能）とIoT（Internet of Things）を含むICT（情報通信技術）は今や畜産のスマート化を支える技術となっている。AIは1956年のダートマス会議に端を発し、その後紆余曲折はあったが、ディープラーニングと呼ばれる機械学習で実用化の段階まで至っている。一方、IoTは省電力消費デバイスや通信技術の発達によって、あらゆるものがインターネットにつながるような状況を生んでいる。この両技術が統合され、内閣府が進める未来社会Society5.0を実現する方向へ官民一体となって動き出しているが、畜産においてもこうした流れの中でスマート化に資する機器や技術が国内外で開発されており、まさにグローバルな競争下で日進月歩の進展を見ているのが昨今のICT畜産技術といえよう。ここでは、現在進展しているスマート技術を述べた上で、スマート化をさらに加速させる画像処理AIや今後の畜産技術が焦点を当てるべき環境・動物福祉問題について述べる。

## 2. センシング技術の活用による スマート畜産

スマート畜産の基本は家畜の個体情報を集めることであり、その際センサーを利用してデータの収集と活用を行う。具体的には、加速度、気圧、温度等を取得できるセンサーデバイスを個体に装着して個体データを常時収集した後、そのデータを無線通信で牛舎内サーバやクラウドに送信して一括管理し、個体情報をPCやスマホでいつでもどこでも見られるようなシステムがIoTによるスマート畜産である。そこでは、目視による個体行動の観察を中心とした経験的判断からセンサーデータによる客観的な判断への移行が重要なポイントになっている。特に、飼育頭数が増

大傾向にある酪農業では、従来の経験に基づく飼養管理では限界があり、IoTによる効率的なシステム運用管理を目指す必要がある。

各種センサーの中で広く使用されているのが加速度データである。これは個体の活動量を求めるのに使われ、なんらかのアルゴリズムで活動量をスコアづけした後、高活動量の個体は発情の可能性、逆に低活動量のものは疾病の可能性が示唆される。活動量は時間とともに変化することから、スコアはグラフとして表示されることが多く、どの時間帯に発情（あるいは疾病）の徴候が認められるかわかるようになっている。さらに、どのタイミングで人工授精すればよいかをアドバイスすることで受胎率の向上が期待される。

このとき、どのようなスコアづけが最良か、



また人工授精適期をどのようにアドバイスするかについては画一的な方法はなく、市販されているシステムによって様々である。ただし、最近では機械学習による方法で性能向上を実現しているものが多く見受けられ、発情・疾病に関わるデータをより多く収集・蓄積することで、アドバイスの精度が向上するような配慮がなされている。

加速度センサーは上述の他にも、歩行、横臥、採食、反芻などの行動パターンを自動的に分類する際に利用されている。個体の動きを数値化し、一定間隔でその変化を捉え、間隔ごとにどの行動を示したかを機械学習で分類することで、1日あたりの各行動の時間割合を図示することができる。これによって、個体のちょっとした行動変化を常時観察せずとも把握することが可能になる。こうした変化が発情・疾病兆候と相まってスマホ等に通知・図示することができれば、スマート機器ならではの経営改善にもつながる効果的な飼養管理を実現することが期待される。

さらに、加速度センサーは個体の位置推定にも使われ始めている。牛舎内に受信機を複数設置し、受信強度を測定することで個体のおおよその位置を求めることができる。技術的には三角測量が基本だが、事前の機械学習によって障害物等を考慮した位置推定が可能になっている。また、LEDを備えたデバイスも開発されており、位置推定と同時に個体が容易に見つけられるようになっている。なお、位置推定にはGPSの活用が一般的な解決手段であるが、電池消費が激しいのが難点であり、屋内では上記のアプローチが現実的と考えられる。

加速度センサー以外では、臍内に挿入する体温センサーによる分娩監視がある。生理現象による臍温の低下を把握するために、温度

データを数分単位でクラウドに送信した後、分娩徴候の可能性が示唆されるとメールで連絡がくるようになっている。これにより、監視時間と分娩リスクを大幅に減らすことができる。

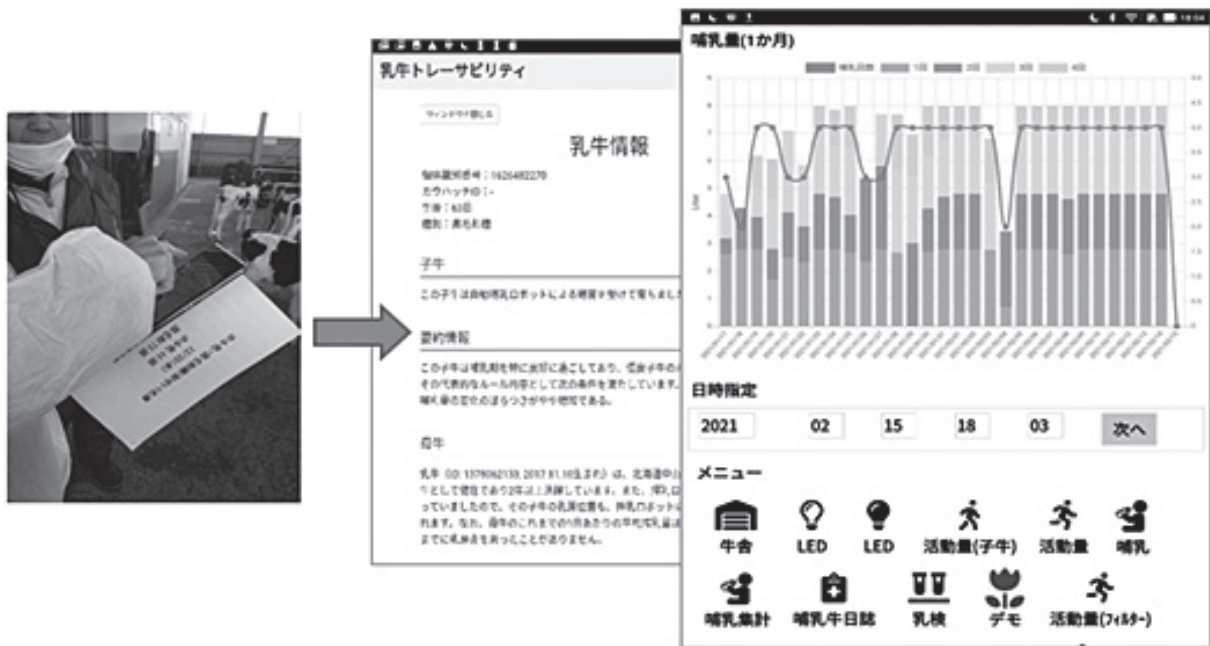
スマートデバイスは個体の装着が基本であるが、最近では非侵襲性を目指した非装着型のものが見受けられるようになった。具体的には、通常の可視光カメラに加えて、赤外線センサー、超音波センサーなどで、距離や温度を計測するデバイスを活用し、物体検出や温度計測を行う。こうしたセンサーのデータからは個体の活動量を求めることが可能で、加速度センサーの代わりになりうる。たとえば、EuroTier2021（ドイツ農協協会主催の国際専門展示会）でAnimal Welfare Awardを受賞したCalf Monitoring Systemはカーフハッチにいる子牛の活動量をハッチに取り付けた赤外線センサーでスコアづけしている。非侵襲で子牛の健康管理に役立ち、さらには動物福祉にも貢献するという点が評価されている（詳細は資料4を参照されたい）。

スマートデバイスは欧米を中心に開発されてきたが、最近では国産も増えてきている。その開発事例や導入ガイドは資料5に記載されているので、参照されたい。

### 3. 搾乳・哺乳ロボットで得られるデータの活用

乳牛の個体管理に搾乳・哺乳ロボットから得られるデータを活用することは非常に重要である。ロボットは労働力不足解消の切り札と考えられているが、一方で前節のスマートデバイス同様、発情や疾病に関わる貴重なデータを提供する。搾乳ロボットからは搾乳量に加えて、乳汁の電気伝導度やSCC、さらにDeLaval社の生乳分析器（Herd Navigator）

(図1) タブレットPC上での子牛の要約情報や哺乳履歴の閲覧



ではプロゲステロン、LDH、BHBなどが自動で収集される。プロゲステロンは発情検知や妊娠鑑定の指標になるもので、その数値を監視することでより効果的に繁殖管理を実現することができる。また、LDHは乳房炎、BHBは潜在性ケトシスの検知に有用で、疾病の早期発見による迅速な対応・処置が可能となる。1で述べたIoTが個体の体外から得られる情報と考えれば、搾乳ロボットで得られるものは体内情報であり、両者を組み合わせAIの解析結果で得られるアドバイスを活用することで、発情・疾病検知のさらなる高精度化を実現することが可能となる。

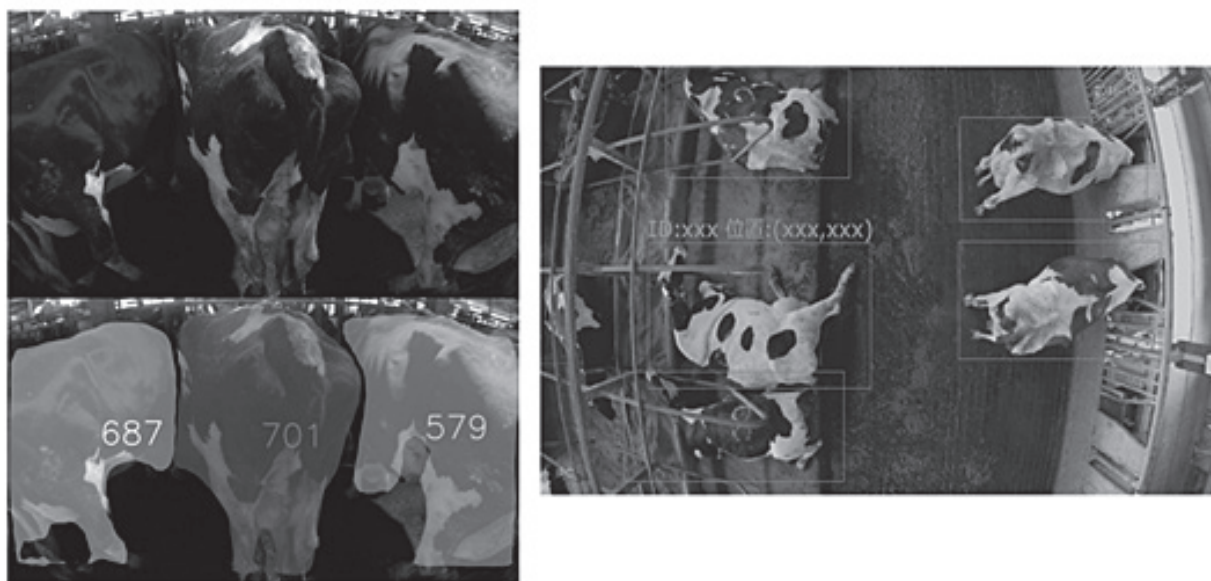
一方、哺乳ロボットはケージ飼いと群飼いに分けられる。ケージ飼いは個別に哺乳量と哺乳速度を自動計測する。哺乳量の上限は1回あたりと1日あたりに対してそれぞれ設定され、1日の哺乳回数（最大8回）も設定可能である。こうした設定は1日単位でプログラムすることができ、哺乳量を徐々に増やしていき、途中で安定させ、最後は徐々に減らすプログラムが典型例として提供されてい

る。計測されたデータはクラウドに送られ、スマホに表示される。図1の右側にあるグラフは1日単位で回数ごとに色分けして哺乳量をグラフ表示したものである。このような情報は、たとえば子牛出荷時にQRコードを付けて関係者に示すことが可能で、子牛のこれまでの発育状況を確認するのに有効である。

群飼い対応のものとしては、Calf Feederによる哺乳の他に、濃厚飼料摂取量や飲水量を個体IDから個別に計測する機器が開発されている。また、水飲み場の後方30cm程度が体重計になっており、手間をかけることなく体重の推移を把握することができる。これらのデータもクラウドに送られ、濃厚飼料と飲水量の推移を見比べることで、濃厚飼料への餌付けがうまくいっているかや、疾病等を示唆する異常が見られるか確認することができる。たとえば、肺炎等の場合飲水量は減少し、下痢の場合は飲水量が増えるなどの徴候がわかる。

搾乳・哺乳ロボットは労働力軽減だけが注目されがちであるが、自動でリアルタイムに

(図2) ディープラーニングによる画像からの個体識別



左側はスマホからの画像（上）に対して、個体識別したもの（下）。右側は天井からのカメラ画像で個体識別したもの。

飼養管理にまつわるデータを取得できるため、これを活用しない手はない。PCやスマホといった情報機器を積極的に活用し、データの見方やさらに一步進んだ解析を学び、そうした情報を農業従事者同士で共有していく姿勢が重要と思われる。このあたりは、海外での運用事例が参考になろう（資料1、2、3）。

#### 4. 画像・映像によるスマート化の加速

画像・映像解析はAIが最も本領を発揮する対象であり、自動運転を始め、様々な分野で試行されている。

畜産への応用はこれからといえるが、人による行動観察にとって代わるものとしてカメラによる常時監視が挙げられる。たとえば、広範囲に監視可能なパンチルトズームカメラによる個体識別、移動軌跡、活動量、乗駕行動検知、BCSなどは現状のAIでも十分実現可能などころまで来ている。また、機械学習によるセマンティックセグメンテーションと呼ばれる技術を利用すると、個体が複数映っ

ていても個体領域ごとに識別することが可能である。図2はこうした技術の一例を示したものである。

さらに、サーモカメラによる熱画像の解析で破水等の分娩徴候を捉えることも可能で、活動量計と組み合わせて分娩時期を予測する試みも行われている。また、動物の関節等に着目し、その質点の位置がどのように変化しているか追跡しポーズを推定するシステムDeepLabCutが公開されており、これを使うと跛行を発見して、蹄病の早期発見につながる。

画像解析は拡張現実技術と組み合わせるとさらに威力を発揮する。NEDAP社はスマートグラス（ウェアラブルカメラとディスプレイがついた眼鏡）を使って、目の前にいる個体を識別し、データベースにある個体情報を眼鏡上のディスプレイに表示する。これにより、現場でハンズフリーの状態で見ることができ、その場での判断や遠隔にいる獣医師等との対話による処置が可能になる。最近注目を集めているローカル5Gはこのような利用を加速させるものと期待される。

## 5. 環境・動物福祉問題を考慮した持続可能性に向けて

EuroTier2021では省力化のような技術開発だけでなく、畜産における動物福祉が社会的に受け入れられているかが課題であることが指摘されたが、まさに畜産業の長期的な発展と持続可能性のために環境問題と動物福祉問題を同時に解決することが極めて重要である。動物福祉と持続可能性に対する高い要求は、畜産物製造業者や農家にとって大きな課題だが早期に対策できればチャンスでもある。EuroTier2021でイノベーションアワード金賞を受賞したCowToiletはこのような目標に沿ったもので、乳牛の自発的な排尿により、尿を糞から分離して回収するシステムである。化学肥料の代替として尿を活用することにより、農業の持続可能性に対する新たな一歩となると考えられる。EuroTier2021およびCowToiletの詳細は資料4に記載されている。

## 6. おわりに

搾乳・哺乳ロボットはほとんどが海外製であり、日本におけるこの分野の遅れは否めない。一方、AI・IoTの開発競争はこれからの感があり、今後国際競争力のある製品が登場するものと期待される。一方で、農業従事者による先進技術の活用や大学研究機関・畜産団体との連携も重要である。ヨーロッパでは関係各所から上がってくるデータを連携する体制が確立されており、農家へのアドバイスやサービスを展開している。こうした支援体制が畜産新技術の発展・普及を促進させていくものと考えられる。

### <資料>

- 1 ドイツ、デンマークにおけるAI、IoT等活用畜産先進モデル調査結果報告セミナー資料、公益社団法人 畜産技術協会、平成31年2月28日。
- 2 イスラエル・セルビア共和国、スウェーデンのAI、IoT等活用畜産先進モデル調査結果報告セミナー資料、公益社団法人 畜産技術協会、令和2年3月3日。
- 3 スマート畜産調査普及事業、事業報告書、一般社団法人 全日本畜産経営者協会、令和2年3月。
- 4 スマート畜産海外先進モデル調査事業、令和2年度報告書、公益社団法人 畜産技術協会、令和3年度3月26日。
- 5 スマート酪農機器導入ガイド、監修 池口 厚男、DAIRYMAN 臨時増刊号、令和3年5月1日。



# 5 「飼料生産利用における課題と対応」

～ 多様な環境リスクに対応したライグラス品種育成 ～

一般社団法人 日本草地畜産種子協会 常務理事 元村 聡

## 1. はじめに

輸入粗飼料価格や穀物価格の変動に影響されない安定した畜産経営を実現するうえで、優良品種の利活用等による飼料作物の単収向上や作付け拡大を通じた飼料増産は極めて重要です。

また本年5月に農林水産省から公表された「みどりの食料システム戦略」においては、SDGsや地球環境に配慮しつつ、農林水産業の生産力向上と持続性の両立を実現する新しい食料システムを構築することが急務であるとされています。このようなシステムを構築するためにも、輸入飼料に依存するのではなく国内で粗飼料を生産し、家畜の体を通して農地にたい肥を還元することで、耕種農業とも連携したリサイクルの仕組みを作っていくことが重要です。

これらのことから、自給飼料の果たすべき役割は今後益々大きくなると見込まれ、優良な飼料作物品種を育成し、普及させていくことが今まで以上に重要となっています。

一般社団法人日本草地畜産種子協会は、草地・飼料作物に関するわが国で唯一の全国団体として、飼料作物種子の増殖や検査・証明、飼料作物優良品種の普及、飼料作物に係る技術・研究開発、飼料の生産・流通・利用に関する普及・啓発、放牧の推進など、飼料基盤に立脚した畜産振興を目的とした様々な事業を実施しております。このうち特に飼料作物に係る技術・研究開発については、JRA畜産振興事業による助成を頂き、多様な環境リスクに対応した作付けや利用を可能にする新品種育成等に取り組んで参りました。

本稿では、現在実施しているライグラス類の品種育成を中心に、当協会の取組についてご説明をいたします。

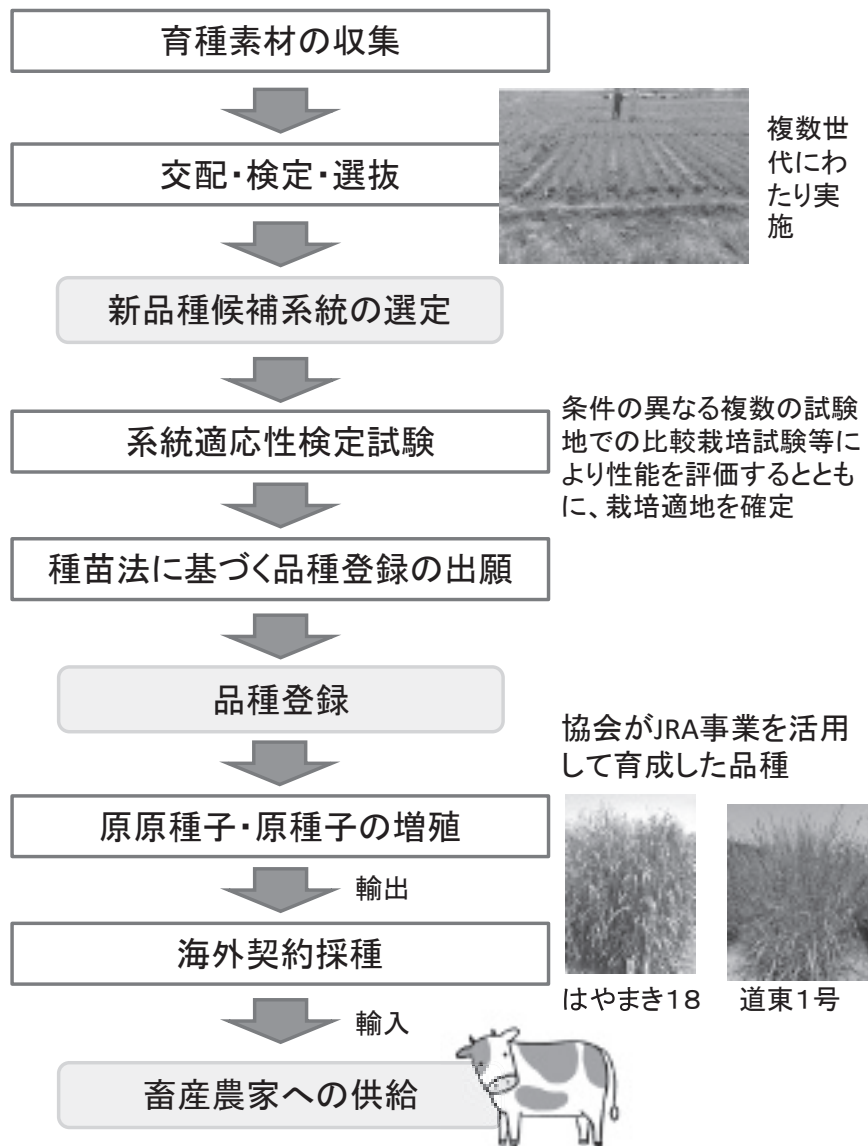
## 2. 国内育成品種利用の意義

わが国では、大家畜用の飼料としてイタリアンライグラス、オーチャードグラス、チモシー、ペレニアルライグラス、トウモロコシ、飼料イネなど様々な種類（草種）の飼料作物が利用されています。畜産経営の安定を図るうえで、これらのうちどの草種を利用するか

にとどまらず、一つの草種の中でも利用体系及び気候条件等に最も適した品種を選んで利用することが重要です。

わが国は国土が南北に長く、地域によって夏期の高温・多雨、冬期の低温・積雪等様々な気候条件下にありますが、国内の試験研究機関等ではこのようなわが国の気候等自然条件に適した優良な品種が育成されており、これら国内育成品種を利用することが良質の粗

(図1) 飼料作物新品種種子が畜産農家に届くまで



飼料を高収量・低コストで生産することに繋がります。

なお、わが国は雨が多く、特に牧草種子の収穫時期が梅雨に重なること等から、良質の種子を低コストで生産することが困難です。このため国内育成品種の品種特性を維持しつつ効率的に増殖するため、原種の生産までを国内で行い、一度輸出して海外の採種適地で市場流通用種子を大量に増殖し再輸入して利用する、いわゆる海外契約採種が行われています(図1)。

### 3. イタリアンライグラスのいもち病

イタリアンライグラスは、東北南部から沖縄県まで広く栽培されているイネ科牧草です。再生力があり作りやすい上、栄養価が高く、生草、サイレージ、乾草でも使え、牛のし好性も良い草種です。栽培面積の約7割を占める約4万ヘクタールが九州で栽培され、温暖地から西南暖地の主役の飼料作物で、畜産農家にとって不可欠な草種といえます。

西南暖地ではイタリアンライグラスを10月以

(表) いもち病罹病度 (1～9:甚) と収量性 (kg/a)

区分	品種名	いもち病罹病度	年内草収量	春一番草収量
小発生年	はやまき18	1.2	44.3	74.9
	A	3.6	45.0	71.6
	B	2.6	47.1	72.6
大発生年 (2016)	はやまき18	3.8	21.4	69.8
	A	7.0	3.5	49.5
	B	7.0	5.8	56.6

注1) 九農研・9月播き 注2) 小発生年は、2012, 2014, 2015各年の平均

降に播種し、翌年春から1～2回収穫する利用体系が一般的です。イタリアンライグラスの播種を9月中に行うことができれば年内収穫による収量確保が可能ですが、従来品種をこの時期に播種した場合、いもち病の発生により枯死してしまうという問題がありました。

また、イタリアンライグラスとエンバク極早生品種を混播で早播きし、年内にエンバクを主体に出穂期で収穫し収量を得るとともに、翌春はイタリアンライグラスをほ場の後作に合わせて1回～3回ぐらい収穫する栽培法があり、一度の播種作業で収量が得られるため省力栽培になるなどのメリットがあります。

しかし、エンバク極早生品種との混播は、イタリアンライグラスがエンバクに覆われ蒸れやすいため、さらにいもち病の発生リスクが高まります。

#### 4. いもち病抵抗性品種の開発

2005年にイタリアンライグラスのいもち病抵抗性品種第1号として「さちあおば」が品種登録されました。その後、抵抗性を強化した「ヤヨイワセ」や「Kyushu1」も開発されましたが、これらの品種はいずれも極早生であることから、日本草地畜産種子協会では栽培面積の多い早生で抵抗性を高めた品種の育成を目指しました。選抜に際しては、いもち

病抵抗性遺伝子のDNAマーカーを活用して効率を高めました。

こうしてできたのが、早生種では唯一いもち病抵抗性“強”を持たせた「はやまき18」です(表)。2017年から種子の販売も始めました。

さらに、JRA畜産振興事業により2017年から2019年に、「はやまき18」とエンバクの混播試験を行いました。より現場の実態に近づけるため、鹿児島県肝付町にある飼料生産専門のコントラクター、(株)肝付アグリとの協力により大規模生産ほ場で作型と品種の組み合わせを試験しました。

その結果、エンバクとの早播き混播でもイタリアンライグラス「はやまき18」はいもち病の発生もなく、翌春も他の早生種と同様に収穫できることから、エンバクを主体とした年内収穫と合わせて高収量が確保できました。

同社の鶴田健一氏からは、「いもち病を気にせず9月に播種できるので、全体の作付け期間を延ばせる」と好評を頂きました。

#### 5. さらなる特性の付与

##### ①いもち病抵抗性の強化

いもち病は播種期の気温が高温になると発病しやすいことが知られています。地球温暖化による気温の上昇は今後も続くものと見込まれ、より高度ないもち病抵抗性品種の育成





(写真1) 「はやまき18」のほ場

が必要と考えられました。このため当協会では、「はやまき18」のいもち病抵抗性をさらに強化した「JFIR-21」の育成を2019年に完了しました。幼苗の接種試験では、抵抗性強化が確認されました(写真1、2)。

今後はさらに、「JFIR-21」の収量性や耐倒伏性を高めた実用品種の育成を行うこととしています。

#### ②いもち病抵抗性・低硝酸態窒素系統の育成

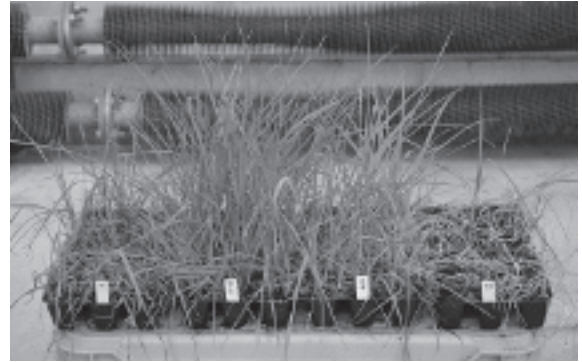
畜産経営の大規模化・1戸当たり飼養頭数拡大に伴うほ場への家畜糞尿の多投入により、イタリアンライグラスへの硝酸態窒素蓄積が問題となっています。硝酸態窒素蓄積は牛の粗飼料への嗜好性低下をもたらすだけでなく、過度の蓄積によって牛の健康被害を生じます。

このため、いもち病抵抗性に加えて硝酸態窒素が蓄積しにくい低硝酸態窒素特性を付与した系統「JFIR-22」を開発しました。

本系統は、品種化を目指して普及対象地域である九州での病害・生産力検定試験に着手しています。

## 6. ペレニアルライグラス新品種の育成

ペレニアルライグラスは、世界的に利用されている牧草で、栄養価、再生性などに優れ



(写真2) いもち病接種試験では「はやまき18」(右から2番目)より「JFIR-21」(右から3番目)の方が抵抗性が高いことがわかる

ることから、短草利用による放牧に最も適しています。

冷涼温和な気候に適し、北海道内でも道北・道央地域を中心にペレニアルライグラスの利用が拡大してきました。しかし、極端な高温や低温には適さず、越冬性が他の牧草よりも劣ることから、越冬条件の厳しい土壤凍結地帯の道東地域では栽培が推奨されてきませんでした。

2008年ごろから飼料高騰を一因に、道東地域でも放牧を交えた経営への機運が高まりました。しかし、道東地域で推奨されている越冬能力の高いチモシーやメドウフェスクなどの草種は、チモシーは秋の再生草量で、メドウフェスクはし好性で放牧草としては課題が残ります。そんな中、道東地域でも越冬性リスクを承知のうえで高品質でし好性に優れるペレニアルライグラスを栽培する農家もあり、高い越冬性を持つペレニアルライグラスの育種が望まれていました。

2008年、道内酪農関係者から日本草地畜産種子協会に、道東地域でも栽培可能なペレニアルライグラスの新品種の育成を強く要請されました。

## 7. 越冬性品種の開発

酪農家の協力のもと、道東の経年草地で生存していたペレニアルライグラス200個体を収集し、普及対象地とした道東の根室管内別海町に選抜試験地を新設し、越冬性の改良を主眼に収集した個体を素材として選抜を繰り返しました。そして、2015年までに越冬性の要因となる雪腐大粒菌核病抵抗性が付与された「道東1号」を育成しました。2017年から種子の販売も始めました（写真3）。

さらに、JRA畜産振興事業により2017年から2019年に、道東の根室管内中標津町と十勝管内足寄町で「道東1号」を使った現地実証試験を実施し、放牧酪農を行う足寄町の農家では既存草地に「道東1号」を追播利用することで乳量の増加を実証しました。

試験を実施した足寄町の佐藤牧場は、20ヘクタールの放牧地に5月から10月の間、経産牛約40頭を放牧しています。2017年8月までにペレニアルライグラスを半分の10ヘクタールに追播し、非追播区との乳量差を調べました。この結果、1日1頭当たり平均0.6キログラムの乳量差が確認できました（図2）。このことは、搾乳牛100頭規模の経営では年間約100万円の収益増加に相当します。

## 8. さらなる越冬性の強化

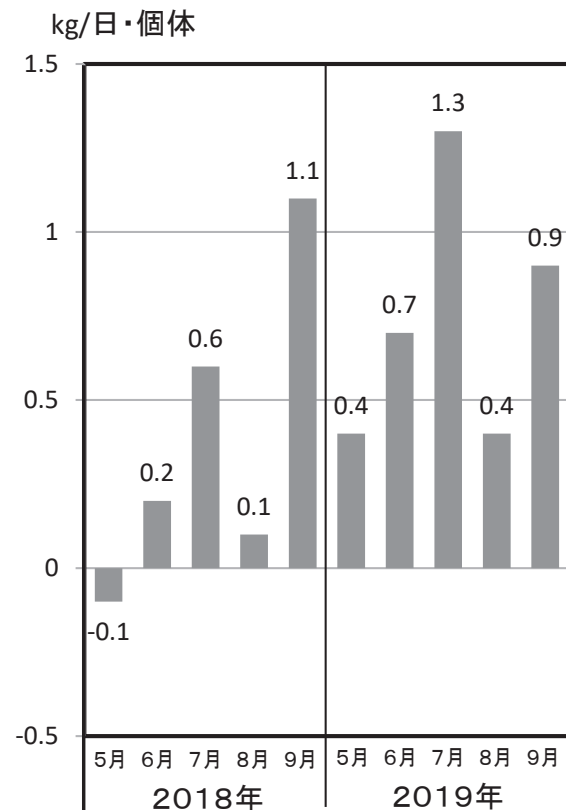
越冬性は主に雪腐病抵抗性と耐凍性が関与しており、地域により発生する雪腐病菌や凍結の状況は異なります。「道東1号」は雪腐大粒菌核病抵抗性の特性が付与されているものの、土壌凍結深が深くなる厳寒な年では、凍害により越冬が十分でない事例が見られました。また多雪地帯の道北や道央地域では雪腐黒色小粒菌核病への抵抗性が越冬性の1要因となっています。

従って、雪腐大粒菌核病抵抗性のさらなる



(写真3) ペレニアルライグラス「道東1号」追播草地で休息する放牧牛

(図2) 各月における乳量差の推移



※2年間の全平均乳量差は0.6kg/日・頭

向上を図るとともに、新たに耐凍性や雪腐黒色小粒菌核病抵抗性等の越冬性関連要因を改良することが重要です。

このため、当協会では道東だけでなく、道北及び道央地域でも選抜を進めるとともに、より厳しい越冬性選抜の方法を検討しながら、全道で安定的な収量及び越冬性を示す高

度越冬性系統の育成を進めています。

北海道で酪農経営の持続的な安定化を図るためには、道内の草地の植生を改善し、良好な維持管理による高品質飼料生産が不可欠です。北海道大学では、2018年度から2020年度にJRA畜産振興事業の助成を受け、道東でのペレニアルライグラス種子の追播による草地簡易更新技術の開発を北海道立総合研究機構と共同で進めました。その結果、土壤凍結地帯でチモシー主体放牧地へのペレニアルライグラス追播時期や播種量等の導入技術を確認し、2020年度北海道農業試験会議成績会議で「指導参考事項」として認定されました。追播導入の効果は、年による変動が大きいいため、2021年度からは、同じくJRA畜産振興事業の助成を受けて、秋の草地利用状況や気象データからの冬枯れリスク評価に基づきペレニアルライグラスを追播することにより、草地におけるペレニアルライグラス被度を安定維持するための追播高度化技術の開発に取り組んでいます。これにより当協会が進める新品種育成と簡易更新技術が車の両輪となり、ペレニアルライグラスの放牧利用を通して、道東を含めた全道で安定した酪農経営に寄与することを目指しています。

## 9. おわりに

地球温暖化の進展に伴い、これからも異常気象の発生頻度が高まっていくことが危惧されており、飼料作物に対してこれまで以上の耐暑性、耐干ばつ性、病害抵抗性等が求められるものと考えております。このような中で当協会では、JRAに助成を頂きDNA解析技術の活用を含む様々な手法を活用しつつ、新たな課題に対応した飼料作物品種の開発を進めて参りました。

また、それ以外でもJRAの助成による飼料稲の採種技術やタンパク質含有量を高めるための技術等を確認するための調査、飼料稲や子実用とうもろこしで農薬を安全に利用するための残留試験、放牧畜産物の高付加価値化のための調査・研修及び放牧畜産認証基準の見直し、ドローンを活用したライグラス種子の急傾斜地等への追播技術及び水稻立毛中水田への播種技術の実証等に取り組んできたところです。

これらの取り組みを通じて、飼料基盤に立脚した畜産の振興による食料自給率の向上と国土の保全を推進し、もって、我が国畜産の発展と国民生活の向上に寄与するという協会の使命を果たせるよう、引き続き皆様のご支援を賜りますようお願い申し上げます。

# 6 畜産環境保全技術における課題と対応

一般財団法人 畜産環境整備機構 畜産環境技術研究所 研究統括監 道宗 直昭  
一般財団法人 畜産環境整備機構 顧問 羽賀 清典

## 1. 畜産環境の現状と課題

畜産経営に起因する苦情発生戸数は、平成2年（1990年）には3,443戸あったが、令和2年（2020年）では1,386戸と半分以下に減少している（図1）。しかし畜産農家戸数あたりの発生率は0.8%から2.0%へと2倍以上増加し、個々の畜産農家にとっては重大問題となっている。苦情内容の中では悪臭関連が半分以上を占め、畜産業が付近住民と協調していくためには悪臭問題の解決が重要である。次いで水質汚濁関連が20数%あり、とくに硝酸性窒素等の排水基準（図1）の達成が課題である。

家畜排せつ物の処理・利用技術としては、堆肥化技術が主要技術となっており、牛、豚、鶏の各畜種とも排せつ物の90%近くを堆肥化処理している。平成11年（1999年）施行の家畜排せつ物法の基本方針に沿って、堆肥化施設等の整備が進み、令和元年（2019年）には管理基準適合農家の施設整備率は100%に達した。堆肥化施設は整備されたが、生産された堆肥の利用促進を図る必要が出てきて、耕種ニーズに即した堆肥の品質向上が重要な課題となっている。

以上の現状を踏まえると、畜産環境に関する当面の技術的課題は、堆肥の生産と利用技

術、悪臭ならびに水質などの畜産環境問題への対応技術が重要となっている。畜産環境整備機構では畜産環境技術研究所を中心に、日本中央競馬会（JRA）の事業を活用し、堆肥、悪臭、水質の3つの技術的課題などに取り組み、成果を上げてきた。

## 2. これまでの畜産環境保全技術

概ね最近10年間に実施されたJRA事業の概要について述べる（図1）。

### 1) 堆肥化関連技術

「高肥料成分堆肥調製利用技術開発普及事業（平成22～24年度）」を実施し、「堆肥のリン酸、カリの肥効を考慮した施肥設計－考え方とシステムの操作手順－」（44頁）と「高肥料成分ペレット堆肥の調製と安定貯蔵に関するマニュアル」（32頁）を発行した。堆肥中のリン酸とカリの肥効率を簡易に推定する方法を開発し、肥効率に基づいた施肥設計による作物栽培試験を行い、施肥設計の有効性を検証した。堆肥及び鶏ふん焼却灰を用いて、通常の堆肥に比べて高肥料成分のペレット堆肥を調製する技術を開発し、その貯蔵条件と成分変動を明らかにした。

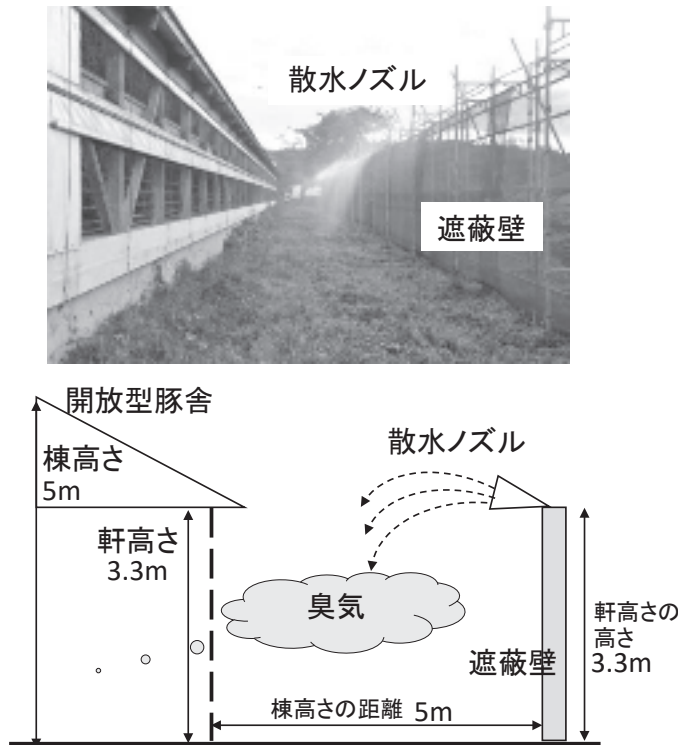
「高機能型異種堆肥造粒物の調製・混合利用技術の開発普及事業（平成29～令和元年度）」を実施し、「家畜ふん堆肥の簡易造粒・

(図1) JRA事業における畜産環境に関する課題の変遷 (令和3年6月現在)

年度	平成19年度	20年度	21年度	22年度	23年度	24年度	25年度	26年度	27年度	28年度	29年度	30年度	31年度	令和2年度	3年度	4年度	5年度	
JRA事業における畜産環境に関する課題	悪臭防止技術 水質汚濁防止技術 堆肥化技術				畜産排水中の硝酸性窒素低減技術開発普及事業 家畜排せつ物の低コストエネルギー・副産物利用技術開発普及事業 高肥料成分たい肥調製・利用技術開発普及事業		BMP(農道管理手法)活用畜産悪臭苦情軽減技術開発普及事業 持続的な畜産経営確立のための環境対策等調査事業		硝酸性窒素等規制強化対応高度浄化処理技術開発普及事業 堆肥利用の困難な馬ふん燃焼利用調査事業	硝酸性窒素等規制強化対応高度浄化処理技術開発普及事業 堆肥利用の困難な馬ふん燃焼利用調査事業	畜産臭気防止量適管理手法を用いた畜産臭気苦情軽減技術開発普及事業 高機能型異種堆肥製造粒物の調製・混合利用技術の開発普及事業	畜産臭気防止量適管理手法を用いた畜産臭気苦情軽減技術開発普及事業 高機能型異種堆肥製造粒物の調製・混合利用技術の開発普及事業	畜産臭気防止量適管理手法を用いた畜産臭気苦情軽減技術開発普及事業 高機能型異種堆肥製造粒物の調製・混合利用技術の開発普及事業	畜産臭気防止量適管理手法を用いた畜産臭気苦情軽減技術開発普及事業 高機能型異種堆肥製造粒物の調製・混合利用技術の開発普及事業	畜産臭気防止量適管理手法を用いた畜産臭気苦情軽減技術開発普及事業 高機能型異種堆肥製造粒物の調製・混合利用技術の開発普及事業	畜産臭気防止量適管理手法を用いた畜産臭気苦情軽減技術開発普及事業 高機能型異種堆肥製造粒物の調製・混合利用技術の開発普及事業	畜産臭気防止量適管理手法を用いた畜産臭気苦情軽減技術開発普及事業 高機能型異種堆肥製造粒物の調製・混合利用技術の開発普及事業	畜産臭気防止量適管理手法を用いた畜産臭気苦情軽減技術開発普及事業 高機能型異種堆肥製造粒物の調製・混合利用技術の開発普及事業
畜産環境をめぐる状況	耕種農家による肥料の過剰利用 畜産環境への対応(悪臭、水質)			畜産環境への対応(悪臭、水質)	真堆肥等の放射性セシウム汚染	畜産排せつ物堆肥活用による農地地力回復等技術開発普及事業 牛由来堆肥被災地水田施用実証等事業		硝酸性窒素等の排水基準改定		硝酸性窒素等の排水基準改定	堆肥施用による被災地の畑地・水田の地力回復等効果の持続性追跡調査事業		硝酸性窒素等の排水基準改定	畜産環境への対応(悪臭、水質) 堆肥利用の拡大		硝酸性窒素等の排水基準改定	硝酸性窒素等の排水基準改定(予定)	
硝酸性窒素等排水基準	900mg/L					700mg/L			600mg/L				500mg/L					
苦情戸数	2,541戸	2,433戸	2,192戸	2,185戸	2,004戸	1,862戸	1,970戸	1,751戸	1,604戸	1,532戸	1,559戸	1,480戸	1,491戸	1,386戸				

(図2) 遮へい壁の上部に散水ノズルを設置して豚舎臭気を低減  
(出典：畜産悪臭苦情軽減技術の手引き、令和2年)

開放型豚舎



配合利用技術に関する手引き」(110頁)を発行した。肥料成分や肥効が異なる牛・豚・鶏の畜種別堆肥を簡易・低コストに造粒調製する技術を開発した。化学肥料を使用せず、畜種別の造粒堆肥を混合利用する施肥設計及び作物栽培試験を実施し、化学肥料や従来の有機農家の慣行施肥法と比べて同等かそれ以上の収量を得た。

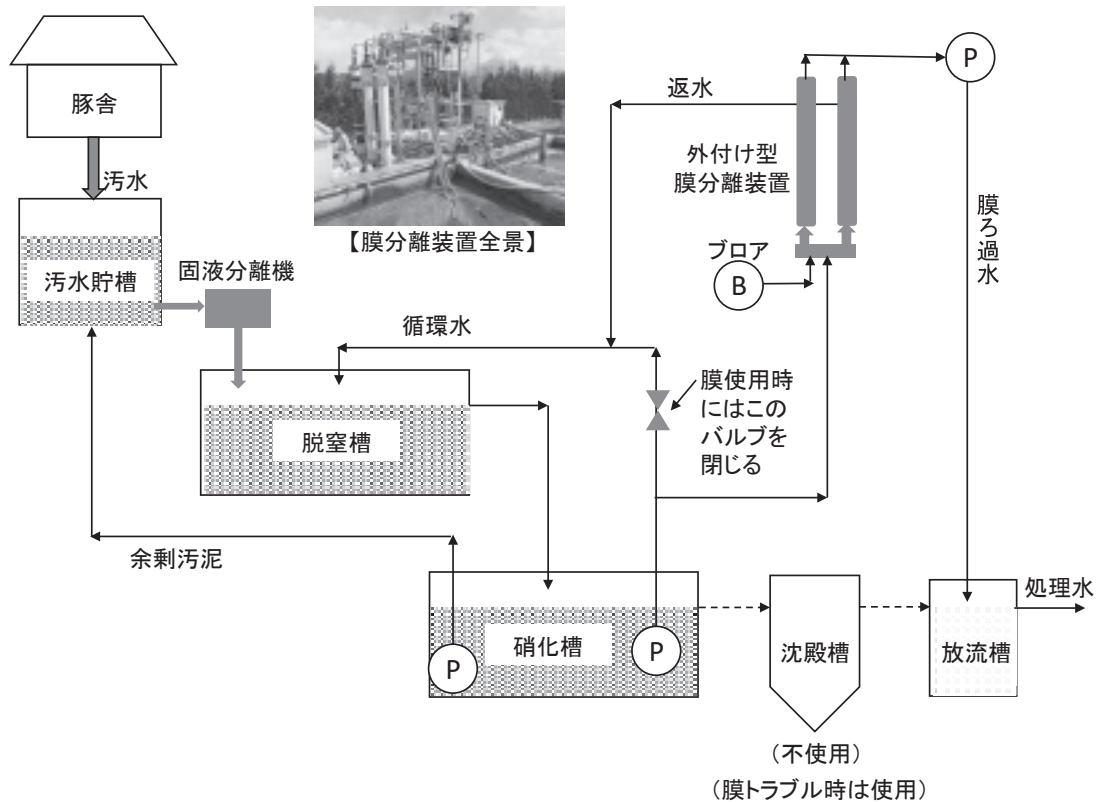
2) 悪臭防止関連技術

「BMP(最適管理手法)活用畜産悪臭苦情軽減技術開発普及事業(平成26~28年度)」を実施し、「日本型悪臭防止最適管理手法(BMP)の手引き」(61頁)を発行した。畜舎等から発生する臭気を防止するために、畜舎内のダストを植物油混合の乳化液のミスト噴霧で1/3に低減し、畜舎換気の臭気をヤシガラハスク等の材料を用いたバイオフィルターで長期にわたり低減するとともに、畜舎の軒高さの遮へい壁を畜舎から棟高さ分離れた位

置に設置することで畜舎から排出されるダストと臭気の拡散を抑制する技術を開発し、また、30種類の微生物資材の臭気低減効果を調査した。これらの開発した技術を活用し、米国の代表的なBMP(最適管理手法)を参考にしつつ、わが国独自の気象条件等を踏まえた日本型の悪臭防止のBMP(最適管理手法)を策定し、わが国の臭気対策の指標とした。

「日本型悪臭防止最適管理手法を用いた畜産悪臭苦情軽減技術開発普及事業(平成29~31年度)」を実施し、「畜産悪臭苦情軽減技術の手引き」(50頁)を発行した。前事業の畜産悪臭軽減のための基礎的な技術開発の成果をもとに、本事業では日本型悪臭防止最適管理手法による技術の実証を行った。畜舎の軒高さの遮へい壁を畜舎から棟高さ分離れた位置に設置した遮へい壁に散水ノズルを組み合わせるとノズルの粒径が200 $\mu$ m以上で豚舎臭気が低減できる(図2)、ヤシガラハスク

(図3) 既設プラントに外付け型膜分離装置を設置したフロー例  
(出典：畜環研式 膜分離活性汚泥法, 平成30年)



を主材としたバイオフィルターによって豚舎内臭気の不快臭の原因である低級脂肪酸やイオウ化合物が脱臭でき、養豚施設にマスキング型資材を散布することで不快度が軽減されることなどを明らかにした。さらに密閉縦型堆肥化装置などの堆肥化装置に設置された優良脱臭装置を調査し、これらの成果を手引き書として取りまとめ、畜産農家、関係団体、行政機関等に配布した。

### 3) 水質汚濁防止技術

「畜産排水中の硝酸性窒素低減技術開発普及事業（平成22～24年度）」を実施し、「畜産のための污水浄化処理施設窒素対応管理マニュアル」（88頁）を発行した。畜産農家の硝酸性窒素等（アンモニア性窒素×0.4+亜硝酸性窒素+硝酸性窒素の合量）の排水基準の改定を平成25年7月に控え、豚の飼養管理方式別、污水浄化処理方法別に硝酸性窒素等低減のための対処方法を示した。また、畜産

排水の硝酸性窒素等を測定するために、簡易測定キットを開発した。

「硝酸性窒素等規制強化対応高度浄化処理技術開発普及事業（平成27～29年度）」を実施し「畜環研式 膜分離活性汚泥法」（7頁）と「畜産污水の処理技術マニュアルー処理の基本から高度処理までー」（153頁）を発行した。高濃度で夾雑物が多い畜産の污水に対し、他分野の污水処理技術で開発が進んでいる膜処理技術を活用し、既存施設を活用しつつ低コストで効率的・安定的に処理する外付け型膜分離装置を開発して（図3）、処理水質を向上できる成果を得た。畜産污水の処理技術マニュアルには、従来の基本的な処理技術はもちろんのこと、新しい高度処理技術として本事業の成果である膜分離活性汚泥法や窒素除去対応活性汚泥法のほか、リン除去法、色度除去などの技術が収録されている。

「畜産污水の発生・浄化における軽労型窒

素低減システムの開発・普及事業（平成30～令和2年度）」を実施し「確実な養豚污水处理を目指して－硝酸性窒素等の低減化に向けた簡易水質推定法と浄化性能向上技術－」（35頁）を発行した。この冊子を活用することによって、簡易な方法で豚舎排水の水質を推定することができる。誰でも簡単に購入できるデジタル糖度計、ポケット型のpH計、EC（電気伝導度）計を使って豚舎から出る汚水の量、BOD（生物化学的酸素要求量）濃度、全窒素濃度、アンモニア性窒素濃度を簡易に推定することができる。浄化処理水の硝酸性窒素等濃度を推定するためには、pH計とEC計を用いる方法を考案した。以上、水質を簡易に測定し、その測定値を浄化処理装置の運転管理に生かし、硝酸性窒素等の低減に向けた確実な養豚污水处理ができる。

#### 4) 放射性セシウム汚染対策

東日本大震災によって放射性セシウムに汚染した堆肥が発生し、その対策事業に取り組んだ。

「家畜排せつ物堆肥活用による農地地力回復等技術開発普及事業（平成24～26年度）」を実施し「家畜排せつ物堆肥を用いた天地返し後の地力回復と農産物への放射性セシウムの移行」（40頁）を発行した。東日本大震災の原発事故による放射性セシウムによって汚染された農地を天地返しし、その農地へ堆肥を多量施用することにより、黒ボク土では2年、褐色森林土では1年で地力が回復することを実証した。また、地力回復後の園芸作物栽培においてミネラルバランスの調整、化学肥料による養分調整を行った施肥設計により堆肥多量施用の悪影響が回避できること、暫定許容値以下の放射性セシウムを含む堆肥を施用しても生産物へ移行しないこと及びカリウムや吸収抑制剤の添加により放射性セシウ

ム吸収抑制効果が見られた。これらの成果については、印刷物として福島県をはじめ近隣の各県の行政、試験研究機関へ配布し、説明会において十分な理解を得た。

「牛由来堆肥被災地水田施用実証等事業（平成25～26年度）」を実施し「暫定許容値（400ベクレル/kg）以下の牛ふん堆肥の水田施用調査」（47頁）を発行した。放射性セシウムによって汚染された被災地の水田において、食用品種及び飼料用品種に対し低汚染堆肥、非汚染堆肥、化学肥料（無堆肥）を施用した結果、放射性セシウム濃度は、堆肥施用区では食用品種の精玄米が1.3～2.5ベクレル/kg現物、ワラが5.2～12.7、飼料用品種の粃米が4.6～6.3、ワラが11.1～16.7であり、いずれも化学肥料区よりも低い値であった。食用品種の屋内ポット試験で、非汚染土壌を用いて、堆肥の汚染度別（非、低、中、高）による放射性セシウムの精玄米への移行を調査した結果、いずれの区においても精玄米の放射性セシウムは検出限界以下であり、堆肥からの移行は認められなかった。これらの結果から、400ベクレル/kg以下の牛ふん堆肥を施用しても、安全な米や稲ワラ等の生産に問題のないことが実証された。福島県ではこの結果をパンフレットにして県内の農家に配布した。

「堆肥施用による被災地の畑地・水田の地力回復等効果の持続性追跡調査事業（平成28～29年度）」を実施し「堆肥施用による被災地の畑地・水田の地力回復等効果の持続性追跡調査事業成果報告書」（57頁）を発行した。天地返し後の畑地や水田へ暫定許容値以下の家畜排せつ物堆肥を継続して施用した際の地力回復効果並びに放射性セシウムの作物への移行抑制効果の持続性について、平成24～26年度に続いて追跡調査を行った。天地返し後、牛ふん堆肥の多量施用で地力を回復させた農



地において、土壌のセシウム濃度は無堆肥区に比べて高くなる傾向はあったが堆肥による影響ではないこと、野菜（10品目）のセシウム濃度は非常に低く、堆肥区と無堆肥区で差はないこと、飼料作物（2品種）では、堆肥施用により土壌中の交換性カリ含量が高まり、土壌からのセシウムの吸収を抑制できたこと、水田への堆肥施用は水稻の生産物のセシウム濃度を低下させる効果が見られた。これらの成果を印刷し生産者等の関係者に配布した。

#### 5) その他の畜産環境関連事業

「家畜排せつ物の低コストエネルギー・副産物利用技術開発普及事業（平成22～24年度）」を実施し「メタン発酵消化液の濃縮・改質による野菜栽培利用マニュアル」（86頁）「堆肥発酵熱の回収・利用技術の実例集」（34頁）を発行した。メタン発酵処理システムの低コスト化を目指した消化液の調製・利用技術開発・普及事業では、バイオガスで発生する熱を利用したメタン発酵消化液の濃縮及び、リン酸、カリ、アンモニア等の肥料成分を含む液肥の調製技術を開発し、消化液の運搬及び排水処理コストの低減を図るとともに、消化液を利用した調製液肥の野菜等への施用効果を明らかにし、利用マニュアルを作成した。堆肥発酵熱を回収し、ヒートポンプを用いてより高温に転換などし、この熱源を堆肥の水分調整等に利用する技術の開発・普及事業では、吸引式堆肥発酵槽で得られた発酵熱をクロスパイル式熱交換器及びヒートポンプで回収し、その熱を戻し堆肥槽に送り、戻し堆肥を乾燥する実証試験を行った。戻し堆肥の乾燥により副資材の消費量を約3割低減することをねらいとした施設設計によるコスト計算を行った。

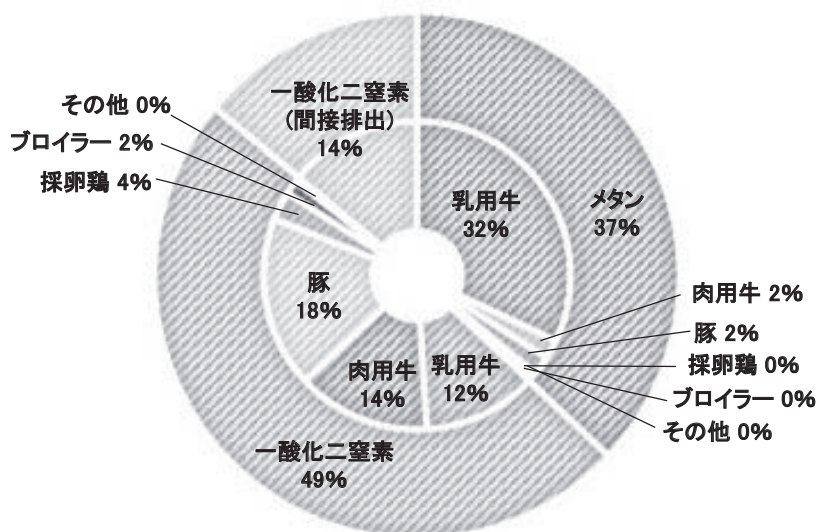
「堆肥利用の困難な馬ふんの燃焼利用調査

事業（平成27～29年度）」を実施し「馬ふん燃焼利用マニュアル」（47頁）を発行した。稲ワラ混合馬ふん堆肥とウッドシェーブ混合馬ふんをペレット化し、ロータリーキルン式燃焼炉で燃焼温度を変えながら燃焼試験を行い、ダイオキシン類を含む燃焼ガス成分、燃焼灰成分を測定し、馬ふんペレットが熔融しにくくダイオキシン類の発生の少ない最適燃焼条件を把握するとともに燃焼熱による利用可能エネルギーを推定した。また、燃焼灰の有害重金属が少なく肥料成分が多いことを確認した。本成果を馬ふん燃焼利用マニュアルとして取りまとめ、関係者に配付するとともに、説明会を開催した。

「畜産分野における地球温暖化緩和技術の調査普及事業（平成29年度）」を実施し「畜産分野における地球温暖化緩和技術レビュー報告書」（136頁）を発行した。畜産分野における平成27年度の温室効果ガスの発生量は、家畜の消化管内発酵から約730万トン（二酸化炭素換算）、家畜排せつ物処理から約630万トンと算定した。日本全体の温室効果ガス発生量は13億トン以上に上るので、畜産からの温室効果ガス発生量はその1%程度にしかない。家畜別の内訳については、**図4**に示すようにメタンが37%、一酸化二窒素が49%であり、メタンの発生源のほとんどは乳用牛である。一酸化二窒素の発生源は乳用牛と肉用牛と豚だが豚がもっとも多い。報告書では延べ324件の内外の関連文献をレビューし、温暖化緩和につながる温室効果ガス発生制御技術について多くの情報を提供している。巻末には、それら温暖化緩和技術のうち技術面・コスト面ですぐに取り組める9つの事項が示されている。

「持続的な畜産経営確立のための環境対策等調査事業（平成28～30年度）」を実施し「持

(図4) 家畜排せつ物の処理利用における家畜別のGHG排出量 (平成27年度)  
 (出典: 畜産分野における地球温暖化緩和技術レビュー報告書, 平成30年)



持続的な畜産経営確立のための環境対策等調査事業成果報告書」(188頁)を発行した。持続的で安定的な畜産経営を確立するためには、高機能畜産排水処理施設導入と活用が必要であり、設備投資の軽減を図るためには、畜産中古機械の活用が必要である。そのため、排水処理については、高機能畜産排水処理施設導入の手引きを作成し、酪農及び養豚排水処理の先進10事例の調査を行った。中古機械については、畜産中古機械活用の手引きを作成し、中古機械導入に対する調査アンケート(平成29年)を行うとともに、酪農及び肉牛関係の中古機械活用の9事例の調査を行った。酪農、肉牛、養豚農家100戸のアンケート結果では、中古機械を導入したことがあると回答した農家は68%に上り、また、導入したことがない32%の農家の中でも47%が中古機械に関心ありと回答したことから、関心度の高さがうかがえた。

以上の事業成果として発行したマニュアル・手引き・報告書類は、畜産環境整備機構畜産環境技術研究所のホームページに、すべてPDFファイルとしてアップされており、自由に閲覧することができる。

### 3. これからの畜産環境保全技術

これからの畜産環境保全技術として、現在進行中の事業の概要について述べる(図1)。家畜排せつ物処理技術及び処理施設設計マニュアルの作成のために「畜産環境対策技術総合設計基準調査普及事業(平成31年度から3年間)」を実施している。現在使われている畜産環境関係の技術マニュアルは、平成11年頃の家畜排せつ物法施行時のものである。その後年数が経過し、家畜飼養規模の拡大、飼養方式・技術開発の進展、給与飼料の改善・多様化、家畜能力の向上、新たな家畜排せつ物処理技術の導入等、大きな変化がみられる。そのような情勢に対応して、堆肥化、汚水処理、悪臭防除の処理技術ならびに処理施設の規模算定等を収録する新訂マニュアルを作成する事業を進めている。

堆肥化関連技術として「混合堆肥の利用拡大普及事業(令和2年度から3年間)」を実施している。令和元年10月に肥料取締法が改正され、堆肥と化学肥料を混合した混合堆肥が届出のみで生産できるようになり、堆肥を

使った肥料の開発利用がより一層見込めるようになった。そのため、混合堆肥の肥効特性を明らかにし、それに基づいた施肥設計の確立と作物栽培による検証を進めている。

悪臭防止関連技術として「畜産臭気の不快度軽減技術開発普及事業（令和2年度から3年間）」を実施している。本事業では、新たに開発した各種の悪臭苦情軽減技術により畜産農家での実証試験等を行い、その成果及び優良事例について畜産技術者及び生産者への説明会を開催し、苦情の発生している農家における悪臭苦情の低減とその悪臭苦情軽減技術の普及を図ることを達成目標としている。

水質汚濁防止関連技術として「畜産污水浄化施設のAI支援型リモート管理技術開発・普及事業（令和3年度から3年間）」を実施している。養豚農家の污水浄化処理施設の多くは、勘に頼った施設調整を行っており、適正管理が実現されているとは言いがたい状況にある。そこで、污水浄化施設における水質データを遠隔から収集し、AI技術により高度な解析を行い、遠隔操作によって污水浄化施設を制御する高度管理技術システムの構築を進めている。そのことによって、養豚排水の硝酸性窒素等の濃度を安定的に低下させる技術の開発と普及につなげる。

# 7 馬に関する畜産技術

公益財団法人 全国競馬・畜産振興会 事務局

## はじめに

我が国においては、馬は、平成30年の推計で、7万5千頭余が飼養されている。うち、頭数の統計が明らかなものとして、サラブレッド＝軽種馬＝競走馬が43210頭、ペルシュロンなど大型の重種馬4978頭、ポニーなど小格馬562頭、木曾馬など在来馬1562頭となっている。乗用馬については、平成22年の16147頭が調査の最後となっている。

JRA畜産振興事業（以下、「JRA事業」と略記。）では、経済的価値や飼養頭数が大きい競走馬や乗用馬を中心に、防疫や生産、利活用についての助成が行われている。本稿では、2014年度（平成26年度）以降、2020年度までに採択、実施された馬に関する事業のうち主要なものについて紹介する。

事業の最も大きな柱は、感染対策である。経済動物である家畜の飼養にとって、防疫対策、とりわけ感染症対策は最も重要である。感染の三要素として、病原体、感染経路、宿主の三つが挙げられるが、宿主への対策としては、ワクチンの使用による抵抗力の付与が効果的である。

ワクチンは、国の試験研究機関や民間企業において、研究、開発、市販されており、畜産振興事業では、JRAが実施する対策と役割分担しつつ、馬インフルエンザをはじめとする重要な感染症のワクチンについて、接種費用の半分を毎年助成し、接種の促進を図っている。

また、海外からの感染経路を遮断するためには、輸入馬に対する検査が重要であり、JRA事業では、輸入繁殖牝馬等について、馬伝染性子宮炎に対する検査費用の助成を毎年行っている。

このほか、馬の感染症に関して、関係者の専門性の向上のための講習会の開催、現状把握のための実態調査など、必要な体制整備に対して助成を毎年行うとともに、最近では、感染症の検査や治療薬の開発に対しても助成を行っている。

第二は、馬の生産技術の向上である。我が国の馬の過半を占めるサラブレッドでは、人工的な手段によるサラブレッド生産が禁止されているため人工授精や受精卵移植は行われていない。このため、馬の生産全体としては、これら技術の発展は他国と比べて遅れているが、最近乗用馬を中心に他の畜種と同様、これらの技術を生産に活用する動きが活発化している。このような中で、JRA事業でも、乗用馬生産について、受精卵移植や人工授精への取り組みに対する助成を行っている。

第三に、馬の多様な利活用である。馬について、競馬や競技用乗馬などのほか、多様な利活用が活発化しており、JRA事業では、震災を契機とした子供とのふれあい、障害者や高齢者のための乗馬や流鏝馬、馬追などの文化活動に関する調査、馬搬やホースワークなど、環境に配慮した草地の回復や林業への馬の利活用などに対して助成を行っている。

(表 1)

ワクチン接種スケジュール	1 歳			2 歳			3 歳以降		
	1~3月	5~6月	11月頃	5~6月	11月頃	5~6月	11月頃	11月頃	
馬インフルエンザ	●	○	○	○		○	○	○	
日本脳炎	●	○		●	●	●	●		
破傷風	●	(○)		○		○			
	育成馬等予防接種推進事業（JRA事業）で対応						競馬主催者での対応		

● 基礎免疫（2回接種）・・・4週間以上の間隔を空けて2回接種。

○ 補強接種

3種混合ワクチンを接種。

基礎免疫の2回目の接種から概ね3ヵ月後に接種。3種混合ワクチンを接種するのが望ましい

## 1. 感染症対策

### 1-1 ワクチン接種に対する助成

#### ア事業の背景

ワクチンは、感染症の予防に用いる医薬品で、病原体から作られた無毒化あるいは弱毒化された抗原を投与することで、体内の病原体に対する抗体産生を促し、感染症に対する免疫を獲得する。

ワクチンは感染症予防において最も重要かつ効率的な手段であり世界各国でワクチンの予防接種が行われている。ワクチンはとくに抗生物質の効かないウイルス性の感染症に効果がある上、細菌性の感染症で増大している薬剤耐性菌への対策の関係上、予防医学において特に重視されている。（ウイキペディアより引用）。

家畜全般については、飼育頭数の拡大が進む中で、ワクチンは感染病対策には欠かせないものとなり、その重要性が一層高まっている。また、抗生物質は耐性菌の出現などから残留規制が厳しくなり、ワクチンの需要が増大している。

馬についても様々な感染症がある。馬インフルエンザのように一旦発生すると爆発的に

流行する伝染病から、破傷風のように単発的にしか発生しないものの、発症すると命を落とす病気まで、色々な種類がある。

馬も集団で飼養管理されていることから、伝染病が流行しやすい飼養形態になっている。馬で発生する伝染病はウイルス性のものが多く、ウイルスに直接効く薬は馬では今のところないことから、予防が重要であり、監視伝染病の中でも馬インフルエンザ、日本脳炎および破傷風については、古くからワクチンが実用化されている。

#### イ事業内容

このような中、競走馬については、国や国の研究機関、JRA等の競馬関係組織で構成する軽種馬防疫協議会では、馬インフルエンザ、日本脳炎、破傷風の三種について、ワクチン接種を奨励している。

これを受けて、JRA事業では、経済的影響の大きい競走馬及び乗用馬について、上記三種に加えてゲタウイルスのワクチンについて、接種促進のため、費用の半分を助成する事業を中央畜産会、県畜産会を通じて毎年実施している。競走馬についての三種ワクチンの接種プログラムは表1のとおりであり、育成段階にある馬については、一歳、二歳の秋まではJRA事業、それ以降についてはJRA等

(表2)

	接種頭数	目標達成率
競走馬 3種混合ワクチン予防接種（基礎接種）	15,700 頭	110.6%
競走馬 3種混合ワクチン予防接種（補強接種）	10,559 頭	85.8%
競走馬 日本脳炎ワクチン予防接種（追加接種）	2,770 頭	72.9%
競走馬 2種混合ワクチン予防接種（基礎接種）	174 頭	27.6%
競走馬 馬インフルエンザ追加接種	11,592 頭	97.4%
競走馬以外の乗用馬及び農用馬 馬インフルエンザワクチン接種	6,071 頭	74.0%
繁殖牝馬 馬鼻肺炎ワクチン接種	16,066 頭	100.4%
乗馬施設登録乗馬クラブ所属乗馬 3種ワクチン接種	4,919 頭	100.0%

の競馬主催者で対応する。

ゲタウイルスワクチンについては、2歳の5～6月の段階で、日本脳炎ワクチンとの混合ワクチンが接種されている。

競走を終えて牧場に戻った繁殖牝馬については、感染力の強い馬インフルエンザのワクチン接種に対して助成している。

サラブレッド以外の農用馬、乗用馬等については、乗馬クラブ所属の乗用馬を除き、感染力の強い馬インフルエンザワクチンについて、助成の対象としている。

乗用馬については、競技用馬や競走馬と同一の施設で繋養されたり調教されたりすることがあることから、現在では、乗馬施設登録された乗馬クラブの乗用馬に対して、3種類のワクチン接種に対して助成を行っている。

このほか、繁殖牝馬については、流産のリスクを減らす観点から、馬鼻肺炎ワクチンの接種について、助成の対象としている。

#### ウ実施状況

接種に要する予防液購入費や獣医師手当の2分の1を、中央畜産会・各県の畜産協会を通じて、あるいは全国乗馬倶楽部振興協会を通じて助成している。補助率はワクチン接種経費は2分の1、そのほかの事務的経費はおおむね定額となっている。

直近の（要更新）2021年3月終了事業の接

種実績は表2のとおりである。

#### エ今後の課題

ウイルスの遺伝子は少しずつ変化し、そのことが積み重なった結果、抗原性の変化が生じ、常に遺伝子が変わったウイルス株が出現している。そこに、ワクチンが使用されることによって、馬体内で産生される抗体の圧力から逃れる変異株が選択されて、流行の中心に置き換わる。

したがって、ワクチンの効果を維持するためには、常に流行株とワクチン株との抗原性について調査し、必要に応じてワクチンに含めるウイルス株を変更する必要がある。馬インフルエンザの場合、日本では、1972年の使用開始からこれまでに5回、株の組成が変更されてきた。また、我が国は毎年海外から馬を輸入しており、2007～2008年の流行以降にも、毎年のように欧州および北米からの輸入馬からウイルスが検疫中に動物検疫所により摘発されている。

したがって、常に日本のワクチンの抗原性が、欧州や北米大陸などの最新の流行株に対応しているか否かをチェックし、ウイルスが日本の馬群に侵入した場合に備える必要がある。

また、ワクチンの接種率についてみると、競走馬については一定の高い水準を維持しているが、乗用馬については、一定の乗馬クラ

ブ所属馬以外の乗用馬については、助成の対象となっておらず、接種状況も把握されていない点は今後の課題と考えられる。

### (参考)

出典は以下の文献である。

中央畜産会発行 馬感染症シリーズ

農研機構動物衛生研究部門 ウェブサイト

一般社団法人日本獣医師会 家畜疾病総合情報システム

## 1 ワクチンに関する法制度

動物用ワクチンは、医薬品、医療機器等の品質、有効性及び安全性の確保に関する法律（薬機法）によって規制されており、農林水産大臣の許可や承認を受けたものでなければ製造販売をしてはならない。

承認を受けるには、ワクチン発見の経緯や製造用株の安全性、作出方法、安定性、安全性、薬理試験、臨床試験などの結果を添付して申請しなければならない。

また、ワクチンの販売業者は、獣医師からの処方箋の交付や指示を受けた者以外にワクチンを販売してはならない。

現在、日本で民間企業により製造、市販されている馬用ワクチンは、2018年の国家検定で合格したものが6種類となっている（すべての動物用合計では148種類）。

## 2 ワクチン接種対象の感染症

### ①馬インフルエンザ

#### 特徴

馬インフルエンザは、A型インフルエンザウイルスによる馬の感染症であり、届出伝染病に指定されている。馬から馬への飛沫感染で急速に拡大し、1～3日の潜伏期間の後、高熱、激しい乾性発咳、多量の鼻汁等の症状を呈するが、2～3週間で回復する。本疾病

は、流行すると競馬開催の中止など大きな経済被害の原因となるため、国際獣疫事務局（OIE）のリスト疾病に指定されている。

### ②破傷風

破傷風は、破傷風菌がつくる毒素によって起こる致死性の病気で、届出伝染病に指定されている。

破傷風菌は芽胞をつくって土壌や水中に生息しており、傷口から体内に侵入し、感染・増殖した菌が産生する神経毒により病気が起こる。動物間での感染は起こらないため病気の発生は散発的で、馬では年間1～4件程度、牛で年間数十例発生している。

### ③日本脳炎

日本脳炎ウイルスによって起こる日本脳炎は、「流行性脳炎」として家畜の法定伝染病に指定されている。蚊がウイルスを媒介し、吸血によって家畜や人への感染が起こる。

日本脳炎ウイルスは馬と人では脳炎を起こす。脳炎を起こした馬では、発熱だけで回復する例もあれば、麻痺（まひ）や興奮を示し、重症の場合は死亡することもある。

### ④ゲタウイルス病

本病は1978年にわが国の競走馬群に初めて発生し、ゲタウイルスの感染による発熱、発疹および浮腫がみられる。わが国では、イエカやコガタアカイエカ、キンイロヤブカの媒介でウイルスが伝播される。

### ⑤馬鼻肺炎

馬鼻肺炎は、馬ヘルペスウイルス1型および4型の感染によって起こる疾病の総称で、馬の届出伝染病に指定されている。馬鼻肺炎は、わが国の馬群内で最も頻繁に発生しているウイルス感染症で、主な症候は呼吸器疾患、神経疾患、および流産で、呼吸器疾患では発熱、鼻汁漏出、下顎リンパ節の腫大が、神経疾患では歩様異常、起立不能などが見られる。

流産は妊娠9か月以降の妊娠後期に突発的に生じることが特徴である。

### 1-2 馬伝染性子宮炎の検査に対する助成

馬伝染性子宮炎については、予防方法がなく、水際対策が中心となっている。現在、(公社)日本軽種馬協会を通じて、3年単位の事業(事業費は3年間で3千万円程度)として、国内で初めて供用する繁殖牝馬及び海外からの輸入繁殖牝馬、感染疑いがある繁殖牝馬に対して、PCR検査にかかる費用の一部を助成している。

検査は、北海道や東北、千葉、九州の軽種馬団体や農協が牝馬から採材し、競走馬理化学研究所に送付して行っている。検査頭数は、令和2年度3月末に終了した1年間についてみると、初供用牝馬が1300頭程度、感染疑いがある牝馬が260から280頭程度が対象となっている。

### 参考

#### 馬伝染性子宮炎

テイロレラ属の細菌感染によって起こるウマ科動物に特有の性感染症で、届出伝染病に指定されている。

本菌の感染部位は生殖器に限局され、発熱などの全身症状は示さない。感染した雌馬は子宮内膜炎や頸管炎を発症して滲出液を流出し、繁殖雌馬では受胎率が低下する。また感染後に保菌馬となることが多い。

本病はワクチンによる予防はできない。そのため、感染馬および保菌馬を交配に供さないことが最も効果的な予防策である。

1977年にイギリスで大発生し、その後わが国を含む世界中の主要な馬産国で発生が確認された。1996年にはわが国で1頭の種雄馬を介しての流行が発生し、摘発頭数は23頭に増

加したが、PCR検査の試験的導入、届出伝染病への指定、保菌馬の摘発とその淘汰により、2010年の馬防疫検討会本会議で清浄化が確認された。

### 1-3 飼養管理体制整備に対する助成

我が国全体の馬の飼養管理体制の整備を図るとの観点から、馬病性鑑定技術者の養成に必要な講習会、獣医師の診療技術向上のための実習、馬飼養関係者の知識向上のためのテキストやハンドブック作成、馬の移動やワクチン接種歴を記録するための馬の手帳作成、飼養衛生管理の実態を把握するための馬獣医療に関する調査等様々な取り組みを、(公社)中央畜産会を通じて全国及び都道府県段階で毎年実施している。事業費は直近の2020年度事業で46百万円(助成額42百万円)である。なお、以下の実績数字も2020事業年度のものである。

#### (全国段階)

#### ①馬飼養衛生管理技術講習会の開催

馬特定疾病等に対応できる馬病性鑑定技術者を養成する講習会を1回実施。受講者12名

②馬診療等実践的な獣医知識等に係る馬飼養臨床実習を2回開催。受講者のべ26名

#### ③馬獣医療に関する実態調査の実施

飼養実態やワクチン接種状況等に関する実態調査を飼養管理者を対象に実施。

#### ④馬飼養管理衛生テキスト作成

毎年、鼻肺炎、馬パラチフスなどテーマを変えてテキストを作成するほか、飼養衛生管理基準(馬編)、毎年の馬感染症研究会講演要旨集を作成して馬関係者への普及啓発を実施。

#### ⑤馬の健康手帳の作成・配布

馬の移動、ワクチン接種等の記録を記載する馬の健康手帳を飼養管理者等に配布。



**(都道府県段階)****①馬飼養衛生管理技術地方講習**

家保、県庁、競馬・乗馬関係者等を対象に、JRA職員等を講師として、飼養衛生や感染症等に関する講習会を開催。

**②馬飼養衛生普及検討会**

都道府県段階で、先進地の臨床診断技術、飼養衛生管理対策等を普及するための検討会を開催。

**1-4 感染症検査、治療薬開発等に対する助成****①馬ウイルス性動脈炎検査用抗原の開発**

この事業は、平成28年度に、(一般財団法人)日本生物科学研究所を通じて単年度で実施された事業（助成額3百万円）である。

馬ウイルス性動脈炎については、わが国は、海外からの輸入馬について、検査を行い、陰性のものに限って輸入を認めている。この抗体検査を行うにあたって、検査労務の負担軽減を図る観点から、タンパク質遺伝子組換え技術で開発された抗原を利用できるようにするため、カルタヘナ法に基づく手続き（第二種使用等拡散防止措置）に必要な

- (1) 組換え体不活化確認試験法の確立
- (2) 組換え体遺伝的安定性試験
- (3) 遺伝子組換え微生物の増殖性に関する試験

を実施し、それに基づいてカルタヘナ法に基づく申請手続きを行うとともに、さらに抗原供給の安定性を試作製造により確認した。

本事業では、最終的に遺伝子組換え技術で開発された診断用タンパク質抗原を動物検疫の場面へ供給することを目的としており、本事業の成果を踏まえ、平成30年度中に最終的な目標が達成されている。

**参考****馬動脈炎ウイルス**

馬属特有の伝染病であるが、現在、我が国は本病の清浄国。主に種雄馬の精液中の馬動脈炎ウイルスEAVが交配あるいは人工授精で繁殖雌馬に感染し、発症した雌馬の鼻汁に排出されるウイルスの飛沫によって伝播する。欧米では発生報告がある。

臨床症状は、発熱、元気消失、食欲不振から、鼻汁漏出、下顎リンパ節の腫大、四肢の下脚部冷性浮腫、下痢、発疹、陰嚢腫大など様々な症状がみられる。一般に、発症後2週間程度で回復する。妊娠馬では約50%が流産する。

日本に輸入されるすべての馬は、動物検疫所において、血清学的検査が実施されている。わが国においても既に不活化ワクチンが開発され、不測の事態に備えて備蓄されているが、幸いなことにこれまで使用されたことはない。なお、特異的な治療法はなく、症状に応じた対症療法を行う。

**②馬鼻疽の新規診断法の開発**

本事業では、馬鼻疽について、現在の血清診断法（補体結合反応）では、潜伏感染を確実に検出できないことを踏まえ、新規の診断法として、鼻疽菌特異的タンパクを抗原としたイムノブロット法を鼻疽にかかった潜伏感染馬の血清を用いて開発することで、高感度の診断法開発を目指すものである。

イムノブロット法は、実験的に特定のタンパク質を検出する手法で、タンパク質をナイロンなどの膜に写し取り（ブロットし）、その後、に標識した特異抗体でタンパク質の存在を検出するものである。

## 参考

### 馬鼻疽

鼻疽菌を原因とする人獣共通感染症だが、主として馬科動物の伝染病である。症状は、急性型では、発熱、膿様鼻汁、鼻腔粘膜の結節・潰瘍、肺炎、皮下リンパ管の念珠状結節・膿瘍・潰瘍などがみられ、慢性型では、微熱を繰り返し徐々にやせていく。わが国での発生はなく、中近東、アジア、アフリカ、中南米の一部の国で発生がみられる。

感染動物の鼻汁や膿に含まれる菌が馬同士の接触により直接、もしくは環境材料に付着して間接的に感染する。

有効なワクチンはない。わが国は本症の清浄国であることから、その予防には汚染地域から導入される動物の輸入検疫が最も重要である。

### ③馬関節用薬品の開発

ポリ硫酸ペンタサンナトリウムは、木質成分の1つであるヘミセルロースを原料とする医薬品の有効成分で、ヒトや動物の関節炎の症状を抑える効果、膀胱の炎症を抑える効果、血液の凝固を抑える効果などの様々な効果があることが知られている。

ヒト用医薬品としては、1949年に欧州で抗血栓症治療薬として開発され、1996年には米国で間質性膀胱炎治療薬として、2017年には欧州で膀胱痛症候群の治療薬として承認・販売されている。さらに動物用医薬品としては、豪州で馬および犬の関節炎治療薬として、国内では犬の骨関節炎症状改善薬として販売されている。

このような中で、本事業は、北海道大学により、2018年から3か年で、ヘミセルロースから抽出されるポリ硫酸ペンタサンを馬の関節炎治療薬として実用化するための研究開発

事業として実施された。

具体的には、小動物での効果確認、モンゴル国で発症馬及び運動負荷をかけた馬への投与、国内で関節鏡手術実施馬及び発症馬に投与し、効果を確認する内容となっている。

## 2. 馬の生産技術

### はじめに

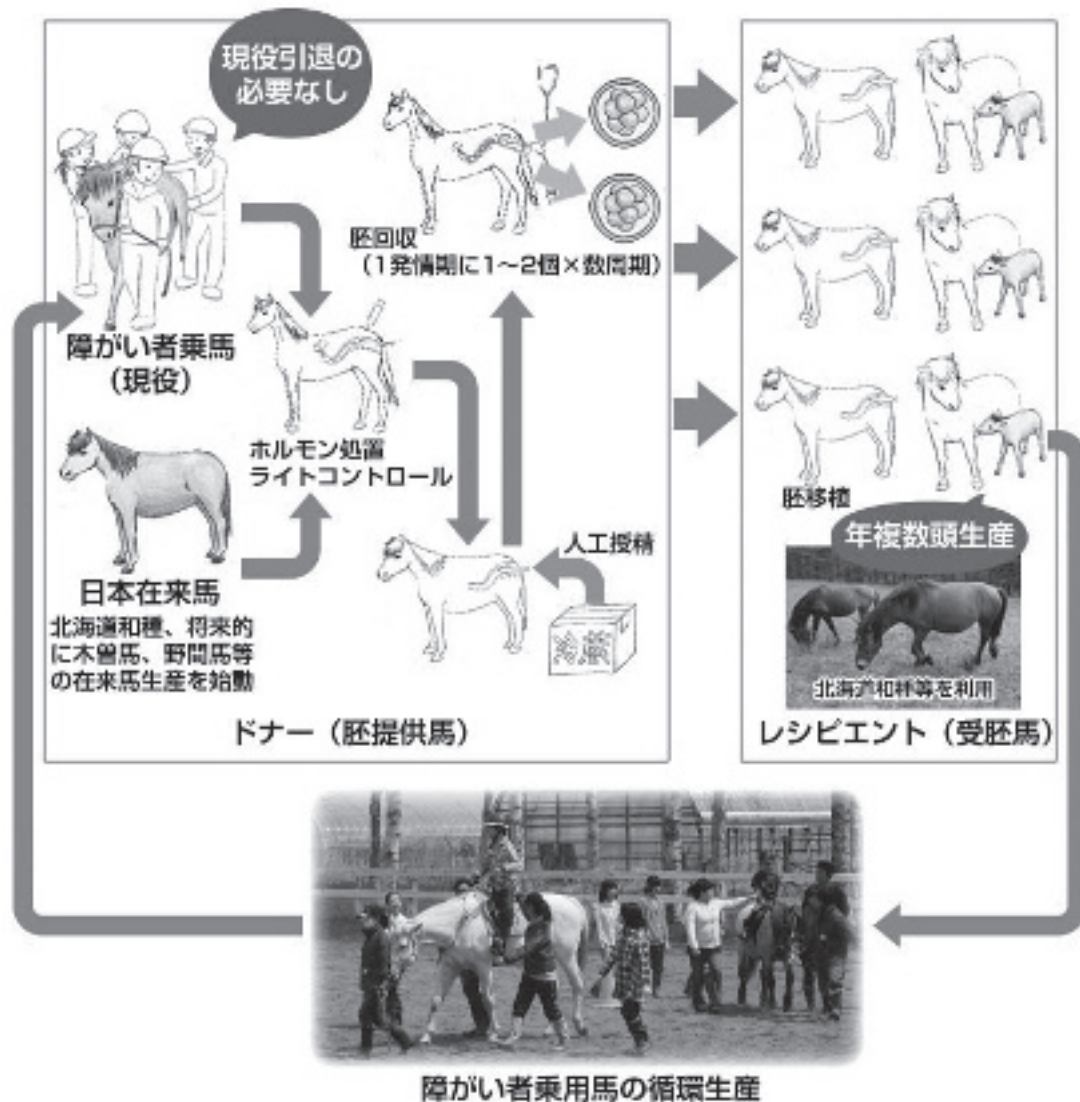
家畜の繁殖に関する技術は、1920年代以降、人工授精技術を基礎に発展し、1960年代には体内受精卵移植技術、1980年代には体外受精卵移植技術が普及し、国内で広く利用されている。現在では、性判別技術やOPU技術（生体卵胞卵子吸引技術）なども実用化され、さらなる普及が期待されている。

人工授精技術は、雄畜の精液を凍結保存後、人工的に子宮内に注入して妊娠させる技術で、生殖器感染性疾病の蔓延予防に有効であり、さらに優良な雄畜を多くの雌畜に交配することが可能である。

体内受精卵移植技術は、雌畜へのホルモン処理により複数排卵を促し人工授精を行った後、複数の受精卵を採取し、これらを受卵家畜の子宮に移植して産子を得る技術で、優良な雄と雌から優良な遺伝形質を持った子畜を多数生産することが可能である。牛の場合であれば、ホルスタイン雌牛に黒毛和種の受精卵を移植して子牛を生産することが可能である（酪農家の収入源）。

体外受精卵移植技術は、生体又はと体の卵巣から採取した未成熟卵子を、体外で培養して成熟させ、体外受精して受精卵を生産し、これらを受卵家畜の子宮に移植して産子を得る技術で、優良な雌畜から多くの卵子を確保できるとともに、枝肉成績等が優れたと体由来

(図)



の家畜生産が可能である。

また、OPU技術は、生体から直接未受精卵子を回収する技術で、1頭のメスから複数回採卵できる。性別判別技術は、精液や受精卵段階で雌雄判別する技術である。

これに対し、わが国の馬の多くを占める競走馬では、サラブレッドの登録に関する世界共通のルール作りのために設けられている国際血統書委員会において、人工授精、胎児移植その他あらゆる人工的な手段によるサラブレッド生産が禁止されている。その理由としては、伝統的に自然妊娠で生産されること、競馬の規定で人工的な方法で生まれた馬を競

走から排除していること、遺伝子的悪影響の可能異性もあること、産業界や国際取引に与える影響が大きいこと、大多数のサラブレッド団体が禁止の継続を支持していること、血統の多様性が失われることが挙げられている。

我が国の競馬や生産者団体も、人工授精解禁には反対の意思統一をしている（JAIREのHPより）。

このような中においても、最近、乗馬を中心に、ウシなど他の畜種と同様、受精卵移植や人工授精、AIによる分娩管理、凍結精液の利用促進などの技術開発への取り組みや、そのための研究開発事業が始められている。

## 2-1 障がい者乗馬や在来馬の受精卵移植と人工授精

本事業は、国立大学法人帯広畜産大学が、平成29～令和元年度の3年間で取り組んだ事業（助成額72百万円）である（なお、令和2年度以降もさらに3年の事業に取り組んでいる）。

障がい者乗馬は、心身に障がいを持つ人のためのリハビリテーションとして、100年ほど前にイギリスで始まった。体のバランス感覚が向上し、高い視線で自分の周りの環境を把握できるなど、様々なメリットがあるとされている。

我が国でも帯広市などで障がい者乗馬への取り組みが行われているが、指導者や施設の不足のほか、障がい者乗馬に適した体高130-140cm程度のおとなしい性格の馬が不足しているという問題がある。

しかも、馬は季節繁殖性を有し、かつ妊娠期間が11ヶ月と長く、また、1分娩に1頭の子馬を出産するため、牛や豚などの家畜と比較すると生産効率が低い。

本事業ではおとなしいフランスの乗用種コネマラポニー種雄馬の凍結精液を利用し、ドナーとなる北海道和種雌馬に人工授精し、その雌馬の子宮から、受精卵を洗浄・回収し、同じ大きさの雌馬（レシピエント）の子宮に移植し、複数頭の生産を試みた。

その結果、2019年4月10日に、日本では24年ぶりとなる、受精卵移植による子馬が誕生した。

残った課題としては、発情が同期化された良好なレシピエントが必要であり、凍結保存が難しい現状においては、受精卵が得られたとしても、受精卵移植が失敗に終わることがあり、後継事業で研究が続けられている。

## 2-2 人工授精の普及定着

我が国の乗馬用の競技馬については生産頭数、生産技術とも欧米に劣後しているが、その理由の一つが、先述したように、人工授精や凍結精液、受精卵移植技術の研究の発展が遅れ、受胎率が低い水準にとどまっていることにある。

平成29年にフランスからの凍結精液の輸入が解禁されたことを受け、わが国も海外からのトップクラスの雄の精液を輸入し、凍結精液による人工授精や受精卵移植を行うことで、競技馬の改良を進めることができるようになった。

本事業では、（公社）日本馬事協会が実施主体となり、乗馬の生産や調教が盛んな遠野市に輸入精液の温度管理に必要な液体窒素タンクを設置し、子宮深部注入技術習得のための研修会を開催するとともに、フランスからの輸入精液の輸入と国内産牝馬への種付けにより、乗馬の用途ごとに基幹となる優秀な繁殖牝馬を3年間毎年生産する事業（助成額40百万円）を実施した。

## 2-3 AIカメラによる分娩監視

馬や牛は母や子が出産時の事故で死亡することが多く、畜産農家にとって事故による損失回避は重要な課題である。他方、分娩監視は、深夜に至るまで何度も畜舎を見回るといった過酷な労働を強いられる。このような分娩監視を省力化するため、これまでも様々な取り組みがなされてきた。たとえば、出張先や外出先、自宅から、夜間でも、複数同時、獣医師との情報共有、連絡等ができるような監視カメラを畜舎に設置し、自宅や事務所、獣医師のパソコンやテレビ、スマートフォンと接続するなどである。

また、膣温センサを用いた分娩時刻予知も

行われているが、温度センサを膣内留置することへの衛生面の懸念から、最近では、体表温の変化で分娩時刻を推定する機器が開発され、実用化されている。

本事業では、国立大学法人鹿児島大学が事業主体となり、平成30年度から令和2年度までの3年間、助成額1億1900万円で、馬房に熱検出カメラを設置し、撮影した動画で対象馬を追跡して行動量及び動線の変化を確認した。その結果、分娩日には、移動距離、加速度分散、平均速度が前日、前々日に比べて有意に上昇した。分娩時から1時間前までは、1から2時間前と比べて、移動距離等が上昇した。このようなデータを解析して、最終的に分娩時期を予測するプログラムを開発した。また、分娩時期を特定したのちに、飼養者等の携帯電話に連絡するシステムをあわせて開発した。

本事業は、データの積み重ね不足等が原因で、分娩の予測精度が低く、直ちに実用化につながることはなかったが、さらなる研究の積み重ねによる実用化の道が開けることが期待される。

### 3. 馬の多様な利活用

近年、馬の利活用が多角的な広がりを見せている。馬と子供や障がい者とのふれあいや福祉、教育、また、馬追い、流鏝馬といった観光、地域振興面での活用、さらには、草原の回復や林業における輸送手段としての活用などである。畜産振興事業では、このような取り組みや調査について助成を行っている。

#### 3-1 被災地支援（馬とのふれあい）事業

平成23年3月11日に発生した東日本大震災

は、被災地の住民並びにその子供達にも大きな心の傷を負わせた。そこで、(公社)全国乗馬倶楽部振興協会では、被災地の住民や子供を明るく元気にするため、乗馬施設・教育機関・福祉団体等が連携して、東北や関東の乗馬施設が中心となって、平成23年から6年にわたり、被災した市民や子供たちを対象に馬とのふれあいを実施した。(なお現在では、全国乗馬倶楽部振興協会が、JRAからの交付金を直接受けて事業を実施している)

#### 3-2 馬の多様な利活用推進検討事業

(公社)全国乗馬倶楽部振興協会では、平成26~28年度に、先述した多様な馬の利活用の状況や課題について、取りまとめて整理することで、それぞれの分野間での連携を図るとともに、将来的には、需要にあった馬の生産・供給ができる体制につなげるための事業を実施した。

具体的には、馬を用いた観光・地域振興、治療・ホースセラピー等各分野における活用状況に関する実態調査に取り組みとともに、各分野の関係者における情報交換を行い、馬事振興を図る上での課題・隘路があるのかを検討する事業を行った。

#### 3-3 南部駒によるシバ草原の再生

公立大学法人岩手県立大学が、平成28年度~30年度に実施した事業である。

岩手県安比のシバ草原は1000年以上も草原として維持されてきたと考えられている。しかしながら近年、牛馬の放牧の停止により急速に森林化が進み、シバ草原は質的、量的に縮小している。他方、農耕馬は、農業機械の導入等によりその役割を終え減少しつつある。

本事業は、このような中で、農耕馬を放牧することでシバ草原の再生可能性を検討する

---

事業である。

今回、農耕馬を借用して森林化した草原に放牧したところ、シバの植被率を放牧地内で14%程度増やすことができた。

また、あわせて、農耕馬の利用継続に必要な収入源となりうるホーストレッキングの可能性を検討するため、ホーストレッキング及びガイドの育成研修を実施した。

また、本事業の後継事業として、平成31年度から令和2年度までの2年間、助成額2百万円で、安比高原のホーストレッキングの継続、農園での馬耕、公園での除草など馬の活動の場に関して様々な可能性が検討された。

なお、令和元年から2年においても、ほぼ同内容の事業を実施し、一定の成果が得られている。

### 3-4 在来馬等の里山での活用（馬搬）

（一社）馬搬振興会で、平成29年度～30年度に実施した事業である。

山林で伐採した木材を馬を使って運び出す馬搬は、無理に山を削るような作道を行うことなく木材を搬出することが可能で、また、機械を使わないためCO2を排出しない技術である。

しかしながら、昭和40年代より、林業でも機械化がすすみ、馬搬は衰退の一途を辿り、現在では、馬搬の技術者は全国でも数えるのみとなった。しかしながら、環境配慮の観点や、伝統的知識を活用した小規模林業技術の見直しへの関心が全国で高まり、馬搬を行いたいという個人や団体、地域が年々増加している。

このような中、本事業は、馬搬技術の継承と振興を図るため、馬搬に用いる在来馬の草地放牧や育成、調教（5頭）及び馬を取り扱う技術者（馬方）の育成（8名）を行うとともに、広く馬搬に関する国民の理解を得るためのシンポジウム（1回）と学習会（3回）を開催し、200名の参加を得た。



公益財団法人  
全国競馬・畜産振興会