## 「糸福」後継種雄牛の産肉性に関する QTL 解析及び効果検証

Analysis and effective verification of QTL to meat production which is successsor of sire "ITOFUKU"

## 渡邉直人・佐藤邦雄・藤田達男

#### 要旨

近年の家畜の育種改良には育種価が用いられるようになり、改良のスピードと正確性は著しく進展してきた。今回の研究では育種価を用いた改良よりもさらに効率的で精度の高い選抜を行うために(社)畜産技術協会附属動物遺伝研究所と共同研究により「豊後牛」の育種改良に応用可能な効率的で精度の高い DNA 育種手法の確立に取り組んだ。これまで行ってきた「糸福」の解析結果と合わせて「糸藤」及び「寿恵福」の解析を行った。

危険率 1%以下で有意であった QTL は、「糸藤」の家系解析では枝肉重量、ロース芯などで見つかった。

「寿恵福」の家系解析では各枝肉 6 形質に関して有意な QTL が検出されたが、今回特に注目したのは置換効果が 36.2kg と非常に高い枝肉重量に関する第 8 番染色体の QTL だった。

「寿恵福」の父牛である「糸福」やその他第7糸桜の血を引く他県の種雄牛の結果を総合的に解析した結果、この第8番染色体上のQTLは「糸福」の父牛である「第7糸桜」由来であることが判明した。

(キーワード:QTL、家系解析)

# 背景及び目的

家畜の育種改良は、従来から優良な遺伝子の蓄積 と不良な遺伝子の排除という手法によって進められ てきた。和牛においては、直接検定、間接検定によ る選抜によって、改良は著しく進展し、さらに近年 では育種価による評価法が加わり、和牛の能力は飛 躍的に向上したといわれている。しかし、これらの 手法では種雄牛の選抜毎に数年の期間と多額の経費 を要するため、より効率的で精度の高い選抜方法が 求められている。そこで、(社)畜産技術協会附属動 物遺伝研究所を中心とする研究グループに参加し、 同研究所との共同研究により、「豊後牛」の育種改 良に応用可能な効率的で精度の高い DNA 育種手法 の確立に取り組んできた。これまで進めてきた「糸 福」の半きょうだい家系を用いた量的形質遺伝子座 (以下 QTL)解析によって、枝肉重量と日増体量 に陽性効果のある QTL を第8番染色体に、BMSナ ンバーに陽性効果のある QTL を第 18 番、第 21 番 染色体に検出した。これらの QTL が「糸福」の後 継種雄牛である「糸藤」「寿恵福」等にどう引き継 がれているかを確認するともに、「糸藤」「寿恵福」 等の半きょうだい家系を用いて各 QTL の効果を検

証し、これらの遺伝子情報を取り入れた DNA 育種を実用化させ「豊後牛」プランド確立に資する。

#### はじめに

### 1. 形質について

遺伝学の世界では形質は質的形質と量的形質という 二つの形質に分けられる。

質的形質とは角の有無、毛の色、皮膚の色など不連続であり、はっきりと分類できるものである。 これは通常単一あるいは少数の遺伝子によって決定される。

これに対して量的形質とは身長や体重など連続する実数あるいは整数で表されるもので、通常多数の 遺伝子によって支配されている。

この量的形質を支配する遺伝子領域または遺伝子 座を QTL と言う。

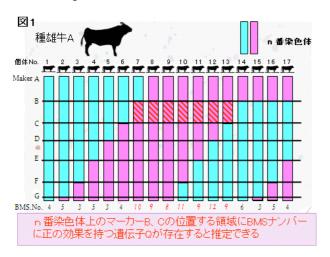
# 2.QTL解析について

QTL 解析とは複数の DNA マーカーの型判定を親子について行い、優れた表現型の伝わり方と相関のある DNA マーカーを検索し、QTL の位置を解明することです。

平成 21 年度試験成績報告書: 39(2010)

今回の遺伝子領域解析にはこの QTL 解析を用います。

図1にQTL解析の具体例を示す。



例えば、ある種雄牛 A とその後代肥育牛 17 頭が 居たとする。

この種雄牛と後代肥育牛のn番染色体をそれぞれA ~ GのDNAマーカーを用いて分断したとする。

N 番染色体は一対の相同染色体なので種雄牛 A から子に受け継がれるのは青かピンクのどちらか一本であるが、実際は組み替えが起こるのでその組み合わせのパターンは無限となる。

DNA マーカーにより受け継いだ遺伝子を検索した結果と、枝肉成績の BMS ナンバーを比較してみた結果、マーカー B と C の間の領域で種雄牛 A の相同染色体のうち、ピンク色の部分を受け継いだ肥育牛の枝肉成績が他の牛よりも高いことがわかると、マーカー BC の間の領域でピンク色の部分に BMSナンバーに陽性効果のある QTL が存在することが示唆される、というような結果になる。

#### 試験方法

大分県有種雄牛「糸藤」、「寿恵福」とその半きょうだい家系去勢肥育牛の脂肪組織由来の DNA サンプル、枝肉格付け情報、血統情報をそれぞれ 373 頭、467 頭分準備した。それらの DNA サンプルをそれぞれ 269 個、286 個の DNA マーカーを用いてPCR を行い、シーケンサーを用いて塩基配列を解析した。

その後、(社)畜産技術協会附属動物遺伝研究所が開発した「Hyper Genotyper」を用いて遺伝子型判定を行い、同じく同研究所が開発したソフト「Glissado」を用いて QTL の効果を検証した。

「糸藤」、「寿恵福」の血統及び解析に用いた肥育牛の基本情報を図2及び図3に記す。解析に用いた形質は枝肉重量、日増体量(DG)、ロース芯面積、バラ厚、皮下脂肪厚、BMSナンバーである。





#### 結果及び考察

始めに「糸藤」の家系での解析結果について報告 する。

解析は第1番染色体から第29染色体染色体まで くまなく各枝肉形質について行ったが、危険率1% 以下で有意差があったものだけを報告する。

枝肉重量に関与する QTL は第 14 番染色体(以下 Chr14)と Chr24 で検出された。

置換効果はそれぞれ 20.8 kg と 16.2 kg であった。 また Chr14 にはロース芯に関する QTL も見つかった。この効果は  $3.3 cm^2$  であった。

続いて「寿恵福」の家系での解析結果について。 寿恵福の解析は糸藤より 94 検体多い、473 検体 で行った。

枝肉重量に関する QTL は Chr6 の 93.5 センチモルガン (以下 CM)の位置で見られ、この領域を持っていた場合の置換効果は 14.9kg で遺伝的寄与率は 0.022 であった。この領域は危険率 1%以下で有意であった。

同様に枝肉重量に関する QTL は Chr8 と Chr14 で見られた。特に Chr8 の QTL は置換効果が 36.2kg と非常に高く、危険率も 0.1%以下だった。

DG に関する QTL は Chr8 番染色体上に見られた。 ロース芯面積に関する QTL は Chr2, Chr7, Chr8, Chr19, Chr22, Chr24 で見られ、置換効果はそれぞれ 2.1 から 2.9cm² だった。

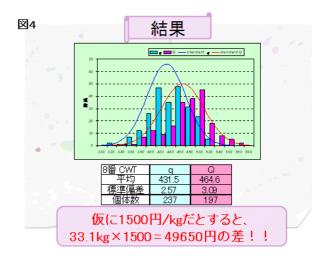
バラ厚に関する QTL は Chr14 で見られた。

皮下脂肪に関する QTL は Chr3, Chr10, Chr19 に見られた。

BMS ナンバーに関する QTL は Chr3, Chr19, Chr24 で見られたが、それほど効果は高くなかった。

今回は特に置換効果が高かった Chr8 の枝肉重量 に関する QTL に着目した。

寿恵福後代肥育牛で Chr8 の QTL を持っている個体と持っていない個体についてグループ分けを行った。(図4)

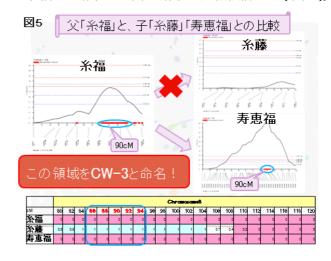


青の棒グラフで示した q が枝肉重量に関する QTL を持っていないグループ、ピンクで示した Q が持っているグループである。

それぞれの平均と標準偏差と取った結果、Qのグループはqのグループより 33.1kg 枝肉重量が多かった。

仮に肥育農家がそれぞれ q と Q を持っている牛を 2 頭肥育した場合、素牛購入価格が同じで全く同じように肥育したとすると、仮に枝肉の単価が 1500円だとすると 33.1kg×1500円でおよそ 5 万円の収入差が生じることになる。

過去の試験研究で行った「寿恵福」の父牛である「糸福」の結果と今回の結果を比較検討した(図5)。



グラフは「Glissado」の解析結果であり、横軸が 染色体の位置を示し、赤の太線は有意差が認められ たところである。縦軸はF値を示している。

# 平成 21 年度試験成績報告書: 39(2010)

その結果、「糸福」でも Chr8 の 90CM 付近に枝肉 重量に関する QTL が確認されており、それが寿恵 福に受け継がれていることがわかった。

一方、同じく「糸福」の息牛である「糸藤」にはこ の領域は受け継がれていなかった。

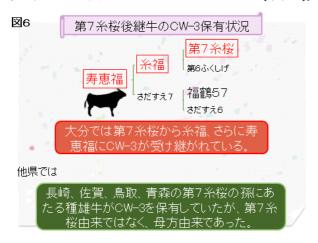
Chr8 をさらに詳しく見てみると「糸藤」ではおよそ 104cM ~ 108cM の位置で組み換えが起こっており、枝肉重量に効果がある QTL 領域があると思われる 86 ~ 94CM 付近を受け継いでいないことがわかった。

「寿恵福」では組み換えは起こっておらず、「糸福」から枝肉重量に効果がある QTL をもつ側の遺伝子をすべて受け継いでいた。

この枝肉重量に効果がある QTL 領域を「CW-3」と命名した。

大分県も参加している(社)畜産技術協会附属動物遺伝研究所を中心とした研究グループで他県と連携して解析した結果、寿恵福が保有していた CW-3は「糸福」の父である「第7糸桜」由来であることが判明した。

他県では長崎、佐賀、鳥取、青森の「第7糸桜」 の孫にあたる種雄牛が CW-3 を保有していたが、これらは寿恵福と違い第7糸桜由来ではなく、母親の 方の祖先から受け継いでいるものだった(図 6)。



H21 年度に当試験場で直接検定を行った、寿恵福 後継種雄牛候補の CW-3 保有状況を調べたので報告 する(図7)。

X 7 MS name	MS054	MS065	AG3799	AG0669	MS075	MS042	MS051	8202M	MS081	MS087	MS091	MS071	810SW	MS028	
一対の相同染色体		_			· <b>W</b> -	W-3(Q	)tō	ある:	经	F					
					_		_						_		_
寿恵福	140	264													
寿恵福	142	250	174	213	165	280	270	150	111	121	138	216	276	171	q
teroo		001		010		000	070					01.1	00.	004	
植588	140	264											284		
植588	142	250	1/4	213	165	280	270	150	m	121	138	216	276	205	Jq
吉福	140	264	150	221	172	200	272	160	1.07	105	100	202	279	171	10
吉福	144	264										216			
0.18	11-1-1	204	100	200	170	200	200	100	121	121	100	1210	270	171	14
植592	122	264	164	213	165	288	270	152	127	121	130	216	nd	201	1
植592	142							150					nd	205	
7,000															
孝寿恵福	140	264	158	221	173	288	272	160	107	135	130	214	nd	nd	la
孝寿恵福	122	264	164	213	165	272	270	150	125	121	128	202	nd	nd	
勝義	144	264	158	209	175	288	266	138	121	125	122	202	278	1.71	
勝義	142	250	174	213	165	280	270	150	111	121	138	216	276	171	q
松平		248								135	nd	nd	nd	nd	
松平	142	250	174	213	165	280	270	150	111	121	nd	nd	nd	nd	a

これら 6 頭のうち CW-3 領域を保有していると確実に言えるのは「孝寿恵福」のみだった。この牛は CW-3 の遺伝子診断のみならず、直接検定の成績も良好であったため種雄牛候補として選抜しました。

また、現在の段階では途中で遺伝子組み換えが起こっており、CW-3 を受け継いでいるとは言えない「吉福」などの牛も、仮に新たな DNA マーカーを開発し、CW-3 の存在領域を MS065 から MS081 まで絞り込むことが出来れば、CW-3 を受け継いでいると言えるようになる。

そこで今後も動物遺伝研究所及び他県と連携しつ つ引き続き CW-3 の調査を行っていく。

今後も経済形質に関する QTL 解析を行い、DNA 育種を活用して種雄牛造成を行っていく。