

新たな脂肪交雑責任遺伝子の同定、効果の判定および育種への応用の検討

Identification of new gene responsible for marbling, and consideration of application to determine the effect of breeding

渡邊直人¹⁾、藤田達男

大分県農林水産部家畜衛生飼料室¹⁾ 京都大学、日本ハム(株)
中央研究所、家畜改良事業団、BIG 研究所

要 旨

近年、種雄牛造成は「育種価」を用いて進められてきた。育種価とは種雄牛及び雌牛の産子の枝肉成績から遡って、その能力を数値で示したものである。この方法により育種改良のスピードと正確度は飛躍的に向上した。しかしながら育種価を用いた手法で選抜強度は上がったものの、産子の能力にばらつきは生じてしまう。なぜなら共通の父母から産まれた子供は、育種価は同じであっても、各々が受け継いだ遺伝子は異なるからである。(メンデルアン・サンプリング)

そこで 2005 年に京都大学との共同研究で発見した脂肪交雑責任遺伝子 EDG1+166 に続く、第二第三の脂肪交雑責任遺伝子を探索した。

新たな脂肪交雑責任遺伝子として ED-1736、TT-652、MB1-22220、C2-5354 を発見した。ED-1736 は遺伝子型が TT のものは GG より育種価が 0.47、TT-652 では TT 型が CC 型より 0.56、MB1-22220 では AA 型が GG 型より 0.31 優れていた。

近年発見した C2-5354 では糸福後代 217 頭で TT 型が CT 型より 0.39 優れており、糸治後代 195 頭の解析では CT 型が CC 型より 0.25 優れていた。

キーワード (脂肪交雑責任遺伝子、種雄牛造成)

【背景及び目的】

2005 年、京都大学の研究チームは脂肪交雑能力の高い大分県産種雄牛「糸福」の体細胞クローン牛と能力の低いホルスタイン種の DNA 材料を用いて脂肪交雑責任遺伝子の一つである ED+166 を発見した。この ED+166 遺伝子を用い、肥育牛の遺伝子型判定と解析を行った結果、実際の枝肉成績で GG 遺伝子型を有している個体は AA 個体よりも BMS ナンバーが 0.38 高いことが判明した。(P<0.01)

しかしながら、育種改良を行っていく上で一つの脂肪交雑原因遺伝子だけでは選抜に用いるには不十分である。そこで第二第三の脂肪交雑責任遺伝子を発見し、ED+166 と併せて効果の判定及び育種への応用が出来るかどうか検討する。

【材料と方法】

「糸福」の体細胞クローン牛とホルスタイン種をそれぞれ 2 頭ずつ用意し、肥育期間中 2 ヶ月おきにバイオプシーを行い、mRNA の発現量の差をディファレンシャル・ディスプレイ法により調べた。

(図 1 および図 2)

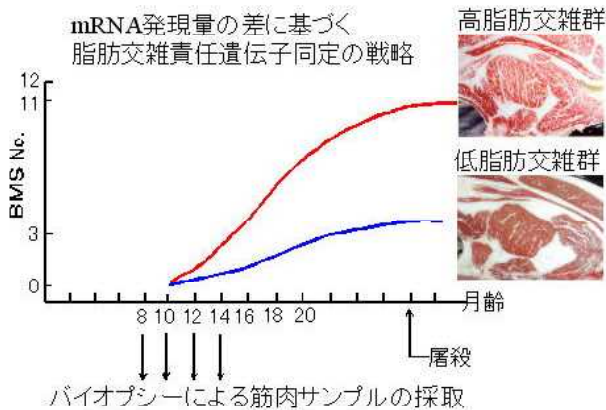


図 1



図 2

脂肪交雑に関連すると思われる SNP があれば、種雄牛及び肥育牛を用いて効果検証と検定を行った。

作業分担としては、京都大学が主にプライマー設計・タイピング法確立・統計学的解析、家畜改良事業団が主に PCR-SSR 法の確立・シーケンス作業・肥育牛のタイピング、日本ハムが主にシーケンス作業・肥育牛のタイピング、大分県が主にホルスタインのタイピング作業を行った。

【結果及び考察】

新たな脂肪交雑責任遺伝子として 2007 年度に ED-1736、TT-652、MB1-22220 を、そして 2009 年

度に C2-5354 を発見した。

ED-1736、TT-652、MB1-22220 が脂肪交雑育種価に対する寄与率の推定値はそれぞれ 5.01%、2.35%、6.29%であり、これら 3 つの SNP を合わせると 14% に達した。

またそれぞれの SNP を肥育牛の育種価について解析を行った結果、ED-1736 は遺伝子型が TT のものは GG より育種価が 0.47 優れており、5%水準で有意であった。TT-652 では TT 型が CC 型より 0.56 優れており 5%水準で有意であった。MB1-22220 では AA 型が GG 型より 0.31 優れており、5%水準で有意であった。

近年発見した C2-5354 では糸福後代 217 頭で TT 型が CT 型より 0.39 優れており、5%水準で有意であった。また糸治後代 195 頭の解析では CT 型が CC 型より 0.25 優れており、同じく 5%水準で有意であった。(表 1)

表 1

遺伝子	遺伝子型	BMSNo育種価 最小二乗平均値±SD	BMS向上 期待効果
ED+166	GG	2.39±0.10a	+0.29
	GA	2.30±0.08ab	+0.20
	AA	2.10±0.12b	0
ED-1736	TT	3.40±0.11a	+0.47
	GT	3.10±0.90b	+0.17
	GG	2.93±0.13b	0
TT-652	TT	3.76±0.17a	+0.56
	CT	3.27±0.10b	+0.07
	CC	3.20±0.11b	0
MB1+22220	AA	2.29±0.07c	+0.31
	AG	2.20±0.05cd	+0.22
	GG	1.98±0.08d	0
C2-5354	TT	3.58±0.12a	+0.64
	CT	3.19±0.08b、 3.31±0.09a	+0.25
	CC	3.06±0.09b	0

a,b : 同一遺伝子の異符号間に有意差あり (P<0.05)

c,d : 同一遺伝子の異符号間に有意差あり (P<0.01)

また、今回得られた結果を用いて共通の父母から産まれた直接検定牛 4 頭の選抜を行った。(図 3)

大分県有種雄牛「隆茂 38」の子である植 4 5 5、植 4 5 6、植 4 6 0、植 4 8 7 は母親も共通であるため、現在広く使用されている育種化による選抜法だと全く同じ能力と見なされてしまう。

$$\text{子の能力} = \{(\text{父の能力}) + (\text{母の能力})\} / 2$$

しかしながら父母が共通であっても、実際にそれぞれの産子が受け継いだ遺伝子は異なるので能力も異なる(メンデルアンサンプリング)。

それが今回のように SNP を調べることによって

図 3



優劣をつけることが出来た。

雄種牛造成には長い年月と莫大な費用がかかるため、より正確な選抜法が要求される。そのためこのように DNA を用いた検査により選抜強度を高めることの意義は非常に大きい。

また現在は都道府県をはじめ、各研究機関で枝肉重量や脂肪酸組成に関する遺伝子などの研究も行われている。

今後研究が進むことによって、遺伝子診断により改良目的に合致した選抜法を行えるようになることが期待される。